

Lieseback, Mirko (Ed.); Tröber, Ute (Ed.)

Proceedings

Wald der Zukunft - Beitrag von Forstgenetik und
Forstpflanzenzüchtung: 8. Tagung der Sektion Forstgenetik/
Forstpflanzenzüchtung vom 11. bis 13. September 2024 in Freiburg i.
Br. ; Tagungsband

Thünen Report, No. 119

Provided in Cooperation with:

Johann Heinrich von Thünen Institute, Federal Research Institute for Rural Areas, Forestry and
Fisheries

Suggested Citation: Lieseback, Mirko (Ed.); Tröber, Ute (Ed.) (2024) : Wald der Zukunft -
Beitrag von Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung: 8. Tagung der Sektion Forstgenetik/
Forstpflanzenzüchtung vom 11. bis 13. September 2024 in Freiburg i. Br. ; Tagungsband, Thünen
Report, No. 119, ISBN 978-3-86576-285-6, Johann Heinrich von Thünen-Institut, Braunschweig,
<https://doi.org/10.3220/253-2025-23>

This Version is available at:

<https://hdl.handle.net/10419/319870>

Standard-Nutzungsbedingungen:

Die Dokumente auf EconStor dürfen zu eigenen wissenschaftlichen
Zwecken und zum Privatgebrauch gespeichert und kopiert werden.

Sie dürfen die Dokumente nicht für öffentliche oder kommerzielle
Zwecke vervielfältigen, öffentlich ausstellen, öffentlich zugänglich
machen, vertreiben oder anderweitig nutzen.

Sofern die Verfasser die Dokumente unter Open-Content-Lizenzen
(insbesondere CC-Lizenzen) zur Verfügung gestellt haben sollten,
gelten abweichend von diesen Nutzungsbedingungen die in der dort
genannten Lizenz gewährten Nutzungsrechte.

Terms of use:

*Documents in EconStor may be saved and copied for your personal
and scholarly purposes.*

*You are not to copy documents for public or commercial purposes, to
exhibit the documents publicly, to make them publicly available on the
internet, or to distribute or otherwise use the documents in public.*

*If the documents have been made available under an Open Content
Licence (especially Creative Commons Licences), you may exercise
further usage rights as specified in the indicated licence.*

Wald der Zukunft - Beitrag von Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung

**8. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung
vom 11. bis 13. September 2024 in Freiburg i. Br.**

Tagungsband

Mirko Liesebach, Ute Tröber (eds.)

Thünen Report 119

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:

Liese M, Tröber U (eds) (2025) Wald der Zukunft - Beitrag von Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung : 8. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 11. bis 13. September 2024 in Freiburg i. Br. ; Tagungsband. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, 228 p, Thünen Rep 119, DOI:10.3220/253-2025-23

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 119

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 978-3-86576-285-6
DOI:10.3220/253-2025-23
urn:nbn:de:gbv:253-2025-000055-9

Wald der Zukunft - Beitrag von Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung

**8. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung
vom 11. bis 13. September 2024 in Freiburg i. Br.**

Tagungsband

Mirko Liesebach, Ute Tröber (eds.)

Thünen Report 119

Mirko Liesebach

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

Ute Tröber

Staatsbetrieb Sachsenforst
Bonnewitzer Str. 34
01796 Pirna OT Graupa

VERANTWORTLICHE AUTOREN:
Mirko Liesebach, Ute Tröber (eds.)

Thünen Report Lfd.Nr. 119

Braunschweig/Germany, April 2025

Inhalt

Zusammenfassung	4
Abstract	5
Trockenstresstoleranz	
HANNAH S. MITTELBERG, KRISTIN KLENKE, KATHARINA J. LIEPE, HEIKE LIESEBACH, MIRKO LIESEBACH	
Erste Ergebnisse eines 55-tägigen Trockenstresses an Herkünften der Hainbuche (<i>Carpinus betulus</i> L.) in der Jungwuchsphase	6
OLIVER CARÉ, ANDRÉ HARDTKE, JEREMIAS GÖTZ, OLEKSANDRA KUCHMA, BERNHARD HOSIUS, WILFRIED STEINER, OLIVER GAILING, LUDGER LEINEMANN	
Geografisch/genetische Variation der Küstentanne (<i>Abies grandis</i>) im amerikanischen Ursprungsgebiet im Vergleich zu deutschen Herkünften	18
FRANK BECKER, ERIC FRANK, RALF KÄTZEL	
Phänotypisierung und Stresserkennung von Baumschulpflanzen mittels UAV-Thermal und Multispektral-Imaging	24
Biotischer Stress	
KATJA LIEDEL, KRISTIN MORGENSTERN, CHARLEEN M. LODE, BERNHARD SCHULDT	
Schnelltest zur Erkennung von <i>Lophodermium seditiosum</i> in forstlichem Saatgut: Etablierung einer Loop-mediated isothermal AMPlification (LAMP) zur Pathogendetektion	41
Forstliches Vermehrungsgut	
HEIKE LIESEBACH, CORNELIA BÄUCKER, BIRTE PAKULL, KATHARINA LIEPE, HANNAH MITTELBERG, PASCAL EUSEMANN	
Ist Anpassungsfähigkeit quantifizierbar? Schlussfolgerungen zur Gewinnung von genetisch hochwertigem forstlichem Vermehrungsgut	46
LINA TRILLER, JAKOB QUEGWER, ANNABELL POPP, UTE TRÖBER, MATTHIAS MEYER	
Herausforderungen für das sächsische Samenplantagenprogramm im Hinblick auf die Saatgutverfügbarkeit für die zukünftige Waldzusammensetzung	57
MIRKO LIESEBACH	
Eine EU-Verordnung für forstliches Vermehrungsgut?	67
Neue Saatgutquellen	
SIMON JANSEN, PELIN ACAR, FILIPPOS A. ARAVANOPOULOS, ASIYE ÇİFTÇİ, COLETTE BLYTH, FUNDA ÖZDEMİR DEĞİRMENCI, ÖZLEM MAVİ İDMAN, ÇİĞDEM KANSU, ZEKİ KAYA, JÖRG KLEINSCHMIT, DEBORAH MARIE LEIGH, LARS LITTMANN, CHRISTIAN RELLSTAB, DEVRİM SEMİZER-CUMING, NIKOS TOURVAS, CHARALAMBOS NEOPHYTOU	
Auf der Spur klimaresistenter Saatgutquellen: Genetische Variation und Anpassungspotenzial von Weißeichen	73
REBEKKA STÜWE	
Vorstellung des QPFC-Projekts: Bewertung der Anbaueignung von Herkünften der drei mediterranen Eichenarten Flaumeiche, Ungarische Eiche und Zerreiche in Süddeutschland	83
Genetische Analysen	
GIANG THI HA VU, HIEU XUAN CAO, MARTIN HOFMANN, WILFRIED STEINER, OLIVER GAILING	
Untersuchung der genetischen, epigenetischen und phänotypischen Variation in Douglasien-Nachkommenschaften aus deutschen Saatguterntebeständen und aus Originalherkünften	96

BIRGIT REICHE, JULIANE RASCHKE, MADLEN WALTHER, SOPHIE MAIWALD, TONY HEITKAM, MATTHIAS MEYER, UTE TRÖBER, HEINO WOLF, RICARDO JOFFE, SILVAN LIEBSCH, HARDY DEMBNI, JULIUS DAWYDOW, BERNHARDT SCHULDT, ANDREA RUPPS

Bereitstellung von Lärchenvermehrungsgut mit hoher Qualität und Diversität zur Erhöhung der waldbaulichen Flexibilität 105

Rot-Eiche

JONATHAN M. KORMANN, MARIEKE VAN DER MAATEN-THEUNISSEN, MIRKO LIESEBACH, KATHARINA J. LIEPE, ERNST VAN DER MAATEN

Intraspezifische Unterschiede in der Reaktion auf Klimaeinflüsse bieten Möglichkeiten für die Herkunftswahl der Roteiche (*Quercus rubra* L.) 115

CHARALAMBOS NEOPHYTOU, SIMON JANSEN, FLORENCE LEE, MARIE BRÜCKNER, SILVIJA BILELA-ECKERT, UTE TRÖBER
Untersuchung der Herkunft und genetischen Vielfalt der Roteiche (*Quercus rubra* L.) in Mitteleuropa als Grundlage für zukünftige Züchtung 123

JULIA WENZEL, MIRIAM WATERMEIER, EVA ARDAO RIVERA, FRANK BECKER, SILVIJA BILELA-ECKERT, ALEXANDER BRAUN, MARIE BRÜCKNER, JÖRN ERBACHER, RALF KÄTZEL, JÖRG KLEINSCHMIT, SONJA LÖFFLER, MATTHIAS MEYER, CHARALAMBOS NEOPHYTOU, DORIT RIEDEL, WILFRIED STEINER, MARTHA TÖPPE, UTE TRÖBER, MARTIN HOFMANN

Anlage einer Pflanzlings-Samenplantage zur Erzeugung von hochwertigem Vermehrungsgut am Beispiel der Roteiche (*Quercus rubra* L.) 138

RALF KÄTZEL, FRANK BECKER, ERIC FRANK, HENRIETTE HÄUSER, JULIA BING UND SONJA LÖFFLER†

Phänotypisierung und Differenzierung von Plusbäumen der Rot-Eiche 148

RANDOLF SCHIRMER, MARTIN TUBES

Verbesserung der Saatgutversorgung bei der Alternativbaumart Roteiche 168

MARIE BRÜCKNER, MATTHIAS MEYER, UTE TRÖBER, FLORIAN LASSIG

Phänologische und physiologische Bonitur von Plusbaum-Nachkommenschaften der Rot-Eiche in der Sämlingsphase 181

Anpassung

KATHARINA J. LIEPE, CHRISTOPH RIECKMANN, JONATHAN KORMANN, MIRKO LIESEBACH

Standortspezifische Herkunftsunterschiede der Rot-Buche in Überleben und Wachstum entlang eines Nord-Süd Gradienten in Deutschland 194

Innovative Ansätze

TOBIAS BRÜGMANN, VIRGINIA ZAHN, ALEXANDER FENDEL, MATTHIAS FLADUNG

Biotechnologische Innovationen an Rotbuchen und weiteren Baumarten 211

SOFIA RUBIN, MARTIN HOFMANN

Epigenetische Untersuchungen an der Kiefer (*Pinus sylvestris*) - Klimaplan Hessen (KPH-Epigenetik) 217

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

Auf der Geschäftssitzung im Jahr 2024 wechselte die Sektionsleitung in jüngere Hände. MIRKO LIESEBACH (Thünen-Institut für Forstgenetik) und UTE TRÖBER (Staatsbetrieb Sachsenforst) dankten für die vertrauensvolle Zusammenarbeit und wünschen ihren Nachfolgern KATHARINA J. LIEPE (Thünen-Institut für Forstgenetik) und CHARALAMBOS NEOPHYTOU (Forstliche Versuchsanstalt Baden-Württemberg) weiterhin erfolgreiche Tagungen.

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

At the business meeting in 2024, the section leadership changed hands. MIRKO LIESEBACH (Thünen Institute of Forest Genetics) and UTE TRÖBER (Staatsbetrieb Sachsenforst) expressed their thanks for the trustful cooperation and wish their successors KATHARINA J. LIEPE (Thünen Institute of Forest Genetics) and CHARALAMBOS NEOPHYTOU (Forest Research Institute Baden-Württemberg) continued successful meetings.

Zusammenfassung

Vom 11. bis 13. September 2024 richteten die Sektion Forstgenetik / Forstpflanzenzüchtung, die Deutsche Dendrologische Gesellschaft (DDG) und die Forstliche Versuchsanstalt Baden-Württemberg (FVA) die 8. Tagung in Freiburg im Breisgau / Baden-Württemberg aus. Die dreitägige Veranstaltung stand unter dem Thema „*Wald der Zukunft - Beitrag von Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung*“. Anlass für die Tagung gab es mehr als genug. Der Klimawandel wird immer offensichtlicher. Die Auswirkungen der in weiten Teilen Deutschlands zunehmend zu trockenen und zu warmen Jahre stellen Waldbesitzer und -bewirtschafter vor Herausforderungen. Mit der Veranstaltung versuchten wir auf einige der anstehenden Fragen eine Antwort zu geben.

Auf der Tagung wurden 51 Vorträge und Poster vorgestellt, die 10 Blöcken zugeordnet waren: Trockenstresstoleranz, biotischer Stress, Alternativbaumarten, forstliches Vermehrungsgut, neue Saatgutquellen, genetische Analysen, Rot-Eiche I und II, Anpassung und innovative Ansätze.

Die Tagung endete mit einer halbtägigen Exkursion zu Baumarten, die im Klimawandel Potenzial haben sollen. Zuerst ging es in das Versuchsgelände Liliental am Kaiserstuhl, wo am Objekt Wissen und praktische Erfahrungen über weniger bekannte Baumarten Ostasiens, wie Sichelanne, Lindenblättrige Birke, Kuchenbaum und Hiba-Lebensbaum, ausgetauscht wurden. Gezeigt wurden auch Anbauten mit den drei Mammutbaumarten (Riesen-, Küsten- und Urweltmammutbaum) und dem Tulpenbaum. Vorgestellt wurden desweiteren zwei jüngere Versuchsflächen aus den internationalen Projekten MyGardenOfTrees, in dem das Wachstum und die Regenerationsfähigkeit verschiedener Herkünfte von Tannen- und Buchenarten in Versuchsgärten in ganz Europa bewertet werden, und ACORN, wo Nachkommenschaften verschiedener Eichenarten beobachtet werden. Abschließender Exkursionspunkt war ein Naturschutzgebiet mit einem autochthonen Flaum-Eichen-Bestand. An dem extrem trockenen Standort wachsen neben der Flaum-Eiche die baumförmige Gehölze Elsbeere, Ahorn und Linde.

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

- Nachhaltige Rohstoffversorgung: Flächenproduktivität und -management, Anbau produktiver Baumarten, Sicherung der Nadelrohholzversorgung, Forstpflanzenzüchtung/Forstgenetik
- Schutz durch nachhaltige Nutzung: Risikominimierung (Forstschutz, Umtriebszeiten, Waldumbau), Anpassung der Wälder an den Klimawandel, Krisenmanagement

Um die Ergebnisse der mit 85 Teilnehmerinnen und Teilnehmern aus Deutschland und Österreich gut besuchten Veranstaltung einer breiten Öffentlichkeit zugänglich zu machen, werden für die Veröffentlichung im Tagungsband eingereichten Präsentationen im Folgenden wiedergegeben. Den Autoreinnen und Autoren wird ausdrücklich gedankt.

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

Schlüsselworte: Forstgenetik, Forstpflanzenzüchtung, Klimawandel, Nachhaltigkeit

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

Abstract

The 8th meeting of the “Section Forest Genetics / Forest Tree Breeding”, the German Dendrology Society (DDG) and the Forest Research institute Baden-Württemberg (FVA) took place in Freiburg im Breisgau / Baden-Württemberg from September 11–13, 2024. The focus of the three-day lecture event was on " Forests of the Future - Contribution of Forest Genetics and Forest Tree Breeding". There were more than enough reason for the conference. Climate change is becoming more and more obvious. The effects of the excessively dry and warm years in large parts of Germany pose challenges for forest owners and managers. With the meeting we tried to answer some of the questions.

At the conference, 51 presentations were given, which were assigned to 10 blocks: drought stress tolerance, biotic stress, alternative tree species, forest reproductive material, new seed sources, genetic analyses, red oak I and II, adaptation and innovative approaches.

The conference ended with a half-day excursion to tree species that should have potential in climate change. The first stop was the Liliental trial site in Kaiserstuhl, where knowledge and practical experience of lesser-known tree species of East Asia, such as *Cryptomeria japonica*, *Betula maximoviciana*, *Cercidiphyllum japonicum* and *Thujaopsis dolabrata*, were exchanged. Cultivations with the three redwood species (*Sequoiadendron giganteum*, *Sequoia sempervirens* and *Metasequoia glyptostroboides*) and *Liriodendron tulipifera* were also shown. Two more recent trial plots from the international MyGardenOfTrees project, in which the growth and regenerative capacity of different origins of fir and beech species are being assessed in trial gardens throughout Europe, and ACORN, where the offspring of various oak species are being monitored, were also presented. The final excursion stop was a natureprotected area with an autochthonous stand of *Quercus pubescens*. In addition to *Q. pubescens*, the tree-like wood plants *Sorbus torminalis*, *Acer* sp. and *Tilia* sp. grow in this extremely dry location.

The meeting has been 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 Charta's field of action “Resource Forest and Wood”:

Sustainable wood supply: productivity and management, cultivation of productive tree species, securing the supply of softwood, forest tree breeding / forest genetics

Conservation through sustainable use: risk minimization (forest conservation, rotation length, forest conversion), adaptation of forests to climate change, crisis management

In order to make the results of the event, which was well attended by 85 participants from Germany and Austria, accessible to a broad public, the presentations submitted for publication in the conference proceedings are reproduced below. The authors are expressly thanked.

The authors are responsible for the content of the contributions.

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

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

Erste Ergebnisse eines 55-tägigen Trockenstresses an Herkünften der Hainbuche (*Carpinus betulus* L.) in der Jungwuchsphase

HANNAH S. MITTELBERG, KRISTIN KLENKE, KATHARINA J. LIEPE, HEIKE LIESEBACH, MIRKO LIESEBACH

Zusammenfassung

Vor dem Hintergrund der Klimaveränderungen und der daraus resultierenden, weitgreifenden Probleme für die heimischen (Haupt-)Baumarten, wird innerhalb des Projektes „Hainbuche“ das Potenzial dieser als Nebenbaumart geführten Art untersucht. Neben zahlreichen ökologisch vorteilhaften Eigenschaften wird der Hainbuche eine gute Trockenstresstoleranz attestiert. Diese wurde innerhalb des Projektes mit Fokus auf der kritischen Jungwuchsphase an verschiedenen Herkünften untersucht. Für einen geplanten Herkunftsversuch wurden bereits 43 Saatgutpartien aus 14 Ländern akquiriert und befinden sich in der Anzucht. Auf dieser günstigen Grundlage wurden eine Samenplantage sowie sieben Bestände, die hinsichtlich ihres Ursprungsklimas eine möglichst große Bandbreite abdecken, für das Trockenstressexperiment ausgewählt. Nach einer mehrwöchigen Eingewöhnungsphase startete das Experiment im Juni 2024. Für eine Dauer von 55 Tagen wurden die einjährigen Sämlinge variantenabhängig bewässert. Im Vergleich zu einer Kontrolle mit optimaler Bewässerung wurden zwei Trockenstress-Varianten untersucht: ein extremer Trockenstress mit 55-tägiger Dürre (0 % Wasser) und ein starker Trockenstress, der parallel mit der Kontrolle 25 % der optimalen Bewässerung erhielt. Nach 55 Tagen wurden alle Varianten rehydriert um den Wiederaustrieb im kommenden Jahr zu betrachten. Im Verlauf des Sommers, wurden während den Phasen der Eingewöhnung (Frühsommer), des applizierten Trockenstresses (Hochsommer) und der Rehydrierung (Spätsommer) Untersuchungen an den Pflanzen durchgeführt. Dafür wurden nicht-invasive Methoden angewandt, wie z. B. die Bonitierung der Blattmerkmale oder optische Messungen der Blattgesundheit. Erste Ergebnisse zur Reaktion der untersuchten Herkünfte der Hainbuche auf den applizierten Trockenstress werden vorgestellt.

Abstract

First results of a 55-day drought stress on hornbeam (*Carpinus betulus* L.) in the young growth phase

The potential of European Hornbeam (*Carpinus betulus* L.), managed as a secondary tree species, is investigated in the light of climate change and the resulting severe problems for native (primary) tree species. In addition to many ecologically beneficial properties, European Hornbeam is said to have good drought stress tolerance. As this is crucial in the early growth phase, this trait will be investigated in more detail. As part of the preparations for a provenance trial, 43 seed lots from 14 countries have been collected and are currently cultivated at the nursery in Großhansdorf. On this favourable basis, one seed orchard and seven stands, representing a wide range of climatic conditions of origin, were selected for the drought stress experiment. After several weeks of acclimatisation, the experiment started in June 2024. The one-year-old seedlings were watered according to three irrigations regime over a period of 55 days. The control treatment with optimal irrigation was used to study two drought stress treatments: an extreme drought stress with 55 days of drought (0 % water) and a severe drought stress that received 25 % of the optimal irrigation in parallel with the control. After 55 days, all treatments were rehydrated to observe the plants' ability to recover. During the summer, acclimatisation (early summer), drought stress (midsummer) and rehydration (late summer) phase, various traits were recorded at individual plant level. Only non-invasive methods were used, such as assessment of leaf characteristics, gas exchange analysis or optical measurements of leaf health. Preliminary results on the response of the studied hornbeam provenances to the applied drought stress are presented.

1 Einleitung

Die Dringlichkeit des Waldumbaus wird durch die Zunahme von Klimaextremen offensichtlich. Die Ergebnisse der Waldzustandserhebungen der letzten Jahre sind ernüchternd und zeigen nach wie vor eine hohe Kronenverlichtung bei allen Arten (BMEL 2024). Der klimastabile Wald der Zukunft benötigt eine Erweiterung des Baumartenportfolios, die auf wissenschaftlichen Erkenntnissen aus Versuchsanbauten gestützt sein sollte. Neben der Förderung von Naturverjüngung gilt es den Anteil klimastabiler Baumarten und Herkünfte aktiv zu erhöhen um strukturreiche Mischwälder zu erziehen. Gerade auf gefährdeten Standorten fehlt es häufig an Voranbauten mit erwünschten Eigenschaften. Ein aktiver Waldumbau erfordert künstliche Verjüngung mit ausgewähltem und geprüftem genetischem Material.

Doch gerade bei künstlicher Verjüngung können frisch etablierte Jungpflanzen von Dürre stark getroffen werden, wenn der Bodenschluss noch nicht erfolgt ist. In dieser Phase sind Pflanzen einem erhöhten Risiko ausgesetzt, da sich das Wurzelgeflecht noch in der Entwicklung befindet und in Dürrephasen z. B. noch nicht auf Wasserreserven des Bodens zugreifen kann. Das Ereignis einer Dürre in natürlichen Ökosystemen ist ein Prozess, der sich in einem Zeitraum von Monaten oder Jahren entwickelt (ZARGAR et al. 2011). Abseits von aufwendigen Monitoringflächen mit Wasserhaushaltsmodell und quantifizierbaren Zu- und Abflüssen sind für die Jungwuchsphase Topfversuche die einzige Möglichkeit Fragestellungen zur Trockenstressreaktion zu beantworten. Die Übertragung der Gegebenheiten einer Dürrephase in Versuche stellt dabei immer nur eine Annäherung dar und aufgrund ihrer Komplexität müssen je nach Fragestellung Versuchsbedingungen angepasst werden (POORTER et al. 2012). Auch wenn Studien mit Topfversuchen die komplexen, heterogenen Faktoren, die im Freiland vorliegen, nicht adäquat reproduzieren können, ist die allmähliche Intensivierung des Wasserdefizits über einen Zeitraum von mehreren Wochen eine bewährte Praxis (SNOW UND TINGEY 1985).

Die Hainbuche weist eine Vielzahl ökologisch vorteilhafter Eigenschaften auf und steht auf der Liste relevanter Alternativbaumarten im Klimawandel (LIESEBACH et al. 2021). Ihre Trockenstresstoleranz wurde in verschiedenen Studien in Beständen und in Topfversuchen beobachtet (GULDER 1996, LEUZINGER et al. 2005, SCHMUCKER et al. 2023, HNEE 2019), konnte jedoch nicht in allen Untersuchungen bestätigt werden (MAYER 1992, ETH ZÜRICH 2002). Seit Oktober 2021 beschäftigt sich das Projekt „Hainbuche“ mit Fragestellungen zur Hainbuche im Kontext künftiger Klimabedingungen: neben Themen der Genetik und Waldwachstum, liefert das Projekt auch die Rahmenbedingungen für den hier beschriebenen Trockenstressversuch. Hier soll der Fokus auf Herkünften und ihre Trockenstresstoleranz liegen. Durch die Auswahl von Herkünften mit möglichst extremen und unterschiedlichen klimatischen Bedingungen an ihrem ursprünglichen Wuchsort, soll geprüft werden, ob diese sich auch in ihrer Reaktion auf Trockenstress unterscheiden.

2 Material und Methoden

2.1 Auswahl der Herkünfte

Für das Projekt Hainbuche wurde Saatgut in 43 Beständen (davon 3 Samenplantagen) geerntet. Aus diesem Gesamtkollektiv wurden sieben Bestände sowie eine deutsche Samenplantage für den Trockenstressversuch ausgewählt, die im Folgenden vereinfacht als „Herkünfte“ bezeichnet werden. Neben den Vitalparametern der Samen, wie beispielsweise der Hohlkornanteil, stellten die klimatischen Bedingungen am Ursprungsort das Hauptkriterium zur Auswahl dar (Tabelle 1). Ziel war es eine möglichst große Bandbreite an geografischen und klimatischen Parameter (der klimatologischen Referenzperiode 1991 – 2020) in den Versuch aufzunehmen. Der Niederschlag während der Vegetationszeit (*May to September precipitation*, MSP) variiert beispielsweise von 272 bis 754 mm. Für die Auswahl wurden neben messbaren Parametern auch Indices, wie beispielsweise der Ellenberg Quotient, herangezogen. Dieser wird aus der mittleren Temperatur im Juli sowie dem jährlichen Mittel an Niederschlag (*mean annual precipitation*, MAP) errechnet und wurde unter anderem von BOLTE ET AL. 2016 zur Charakterisierung von Herkünften genutzt.

Tabelle 1: Klimatische Parameter der ausgewählten Saatgutpartien: neben 7 Herkünften wurde auch eine Samenplantage (SPI Jettenbach) ausgewählt. Auf Basis der Koordinaten (Lat: geogr. Breite, Long: geogr. Länge und Höhe [m]: Höhe in Meter über Normalhöhennull), wurden die folgenden klimatischen Parameter mittels ClimateEU (MARCHI et al. 2020) extrahiert: mittlere jährliche Temperatur [°C] (MAT: *mean annual temperature* [°C]), mittlerer jährlicher Niederschlag [mm] (MAP: *mean annual precipitation* [mm]), mittlerer Niederschlag [mm] während der Vegetationszeit Mai bis September (MSP: *mean summer precipitation* [mm]). Ellenberg Quotient ($EQ = (1.000 \times T_{07}) / MAP$) als Beispiel für weitere klimatische Indices, die aus den Daten berechnet werden können.

Land	Ort	Abk.	Lat	Long	Höhe [m]	MAT [°C]	MAP [mm]	MSP [mm]	EQ
DE	Bad Mergentheim	DE-BM	49,40	9,82	420	8,4	723	356	24,1
DE	Coburg	DE-CO	50,34	10,96	410	7,5	675	328	24,1
DE	Randowtal	DE-RT	53,20	13,71	105	8,1	570	289	30,4
DE	SPI Jettenbach	DE-SP	49,52	7,55	418	7,7	722	334	22,2
FR	Compiègne	FR	49,42	2,83	105	10,0	622	272	28,3
HU	Magas-Bakony	HU	47,33	17,83	401	8,8	612	319	30,6
RO	Plăieșii de Sus	RO	46,26	26,14	845	6,0	665	408	23,8
SI	Bela Krajina	SI	45,70	15,24	448	9,4	1.402	754	13,7

Quelle: Thünen-Institut (H.S. MITTELBERG).

2.2 Stratifikation und Pflanzenanzucht

Unter natürlichen Bedingungen keimen Samen der Hainbuche nach ein bis zwei Jahren im Waldboden. Um die Keimhemmung künstlich zum gewünschten Zeitpunkt zu beenden, wird das Saatgut einer etwa 7-monatigen Stratifikation mit Kalt- und Warmphasen unterworfen (SCHMALEN 1996). Die Anzucht der Versuchspflanzen erfolgte in der Gärtnerei des Thünen-Instituts für Forstgenetik (Großhansdorf, Schleswig-Holstein). Ab Februar 2023 wurden Samen von sieben Herkünften, mit Ausnahme der rumänischen Herkunft, in Anzuchtplatten ausgelegt und unter gleichen Bedingungen angezogen. Die rumänische Herkunft wurde zunächst getrennt nach Einzelbaumabsaaten in Aussaatschalen ausgesät. Im Winter 2023/24 wurden alle Pflanzen in Anzuchtplatten (im Weiteren QP genannt; QuickPot Platten der Maße 65 x 65 x 150 mm) mit 15 Einzeltöpfen (Volumen pro Topf 380 cm³) umgetopft, die im Versuch als Wiederholung dienen. Als Substrat wurde ein Baumschulsubstrat (GRAMOFLORE GmbH und Co. KG, Topf+TonL Artikelnr. 10955), vermischt mit gewaschenem Sand im Verhältnis 5:1, verwendet und zur mittelfristigen Nährstoffabgabe mit Baumschuldünger (BECKMANN Provita® Baumschuldünger) versetzt. Aufgrund des guten Aufbaus der rumänischen Herkunft und ihrer klimatischen Parameter, die eine interessante Ergänzung der bereits ausgewählten Saatgutpartien darstellten, wurde diese Herkunft zusätzlich in den Versuch aufgenommen. Dafür wurden die Einzelbaumabsaaten vermischt und repräsentieren damit ebenfalls einer Bestandesabsaat. Ende April 2024 wurden die einjährigen Pflanzen zur Vorbereitung des Versuchs in ein Folienhaus überführt.

2.3 Versuchsaufbau

In einem Folienhaus mit Orientierung nach Süd-Ost/Nord-West wurde der Versuch auf Tischen eingerichtet (Abb. 1). Die Tische wurden zentral im Folienhaus aufgestellt und die Parameter der Umgebung mittels Wetterstation (Verlauf von Außentemperatur, Außenhelligkeit, Lichtsumme, Globalstrahlung, Wind- bzw.

Böengeschwindigkeit und -richtung sowie Niederschlag) und Kleingeräten (Thermohygrograph, Luxmeter, Temperaturdatenlogger) aufgezeichnet.

In der Eingewöhnungsphase (Näheres siehe Abschnitt Versuchsablauf) wurden die Herkünfte zunächst zusammengestellt, um Reaktionen auf die Bewässerung leichter beobachten zu können. Während des Trockenstressversuchs wurden die Gefäße dann allerdings in vier Blöcken (Wiederholungen) randomisiert aufgestellt, und ein Konzept zur Rotation erarbeitet, bei dem alle zwei Tage ein Positionswechsel der Gefäße durchgeführt wurde, um Unterschiede im Mikroklima (z. B. Randeffekte durch Sonneneinstrahlung) auszugleichen. Zum Ende des Versuchs standen alle Gefäße mindestens einmal an allen Positionen ihres Blocks.

Um eine definierte Bewässerung der Pflanzen sicherzustellen, wurden die 15er QP in Wannen gestellt, die zur gleichmäßigen Wasserverfügbarkeit innerhalb der Wanne mit einem Bewässerungsvlies ausgelegt wurden. Zur Vermeidung von Begleitvegetation, insbesondere Moose, wurde das Substrat mit Sägespänen bedeckt.

Abbildung 1: Aufstellung der Trockenstresspflanzen während der Eingewöhnungsphase (noch ohne Sägespäne).



Quelle: H.S. MITTELBERG.

2.4 Versuchsablauf und Aufnahmen

Um die Pflanzen an die Bewässerung von unten in den Wannen zu gewöhnen, wurde dem Trockenstressversuch eine vierwöchige Eingewöhnungsphase vorangestellt. Diese begann mit einer **Vollsättigung** der QP, indem die Wannen komplett mit Wasser gefüllt wurden und Substrat sowie Pflanzen Zeit hatten sich vollzusaugen. Nach der Vollsättigung wurden die QP auf Gitter gestellt, damit das Überschusswasser ablaufen konnte (Erreichen von 100 % Feldkapazität). Nach Ablaufen wurden die QP gewogen und in die Wannen gestellt. Ab diesem Zeitpunkt wurden alle QP werktäglich gewogen und bei Bedarf bewässert. Als Grenzwert zur Bewässerung wurde ein mittleres Gewicht der Wannen mit Bewässerungsvlies und Restwassergehalt (ohne QP) von 250 g definiert. Bei Unterschreiten des Grenzwertes bekamen alle Wannen eine Wassermenge von 1000 ml. Da in der Eingewöhnungsphase deutlich wurde, dass die Herkünfte einen unterschiedlichen Wasserbedarf aufwiesen, wurde der Zeitpunkt der Bewässerung der Pflanzen im Weiteren herkunftsabhängig festgelegt.

Der Startpunkt des Trockenstressversuchs wurde durch eine Vollsättigung gesetzt, um für alle Pflanzen zu Beginn dieselben Bedingungen herzustellen. Während der Versuchslaufzeit wurden die Kontrollen täglich gewogen, um das Bewässerungsregime zu gewährleisten. Die Einwaage der Trockenstress-Varianten erfolgte zweimal die Woche. Die vier zufällig ausgewählten **Kontrollen (D0)** der Herkünfte wurden während der Versuchslaufzeit wie in der Eingewöhnungsphase behandelt und bei Unterschreiten des Grenzwertes mit 1.000 ml (optimale Bewässerung: 100 %) bewässert. Parallel zur Bewässerung der Kontrolle wurde die Bewässerungsvariante des **starken Trockenstresses (D1)** mit 25 % der Kontrolle (250 ml) bewässert. Die **extreme Trockenstress** Variante

(D2) bekam über die komplette Versuchslaufzeit kein Wasser (0 %). Um den verfügbaren Wassergehalt der QP zu den Messzeitpunkten abschätzen zu können, wurden die Endwerte des jeweiligen D2-QP nach Stagnation der Gewichte als Nullwerte sowie die Mittelwerte aller D2-QP als Nullwerte der D0- und D1-QP angenommen.

Zu Beginn sowie zum Abschluss des Versuchs wurden die Pflanzenhöhen gemessen. Um den Messfehler möglichst gering zu halten, wurde ein Höhenmesser gebaut, der auf dem Gefäßrand des jeweiligen QP-Zapfens aufsitzt und somit eine einheitliche Nullposition für alle Messungen zu gewährleisten. Während des Trockenstressversuchs wurden regelmäßige nicht-destruktive Erhebungen durchgeführt. Darunter Aufnahmen der Blattmerkmale (zweimal pro Woche), der Blattgesundheit (alle zwei Wochen), sowie normale und multispektrale Fotos (verschiedene Methoden, mehrmals pro Woche) gemacht. Der Gasaustausch wurde mittels Porometer (SC-1 Porometer) aufgenommen. Die Porometermessungen konnten aufgrund des hohen Zeitaufwands nur an vier Herkunftten und in zweiwöchigem Abstand an allen Varianten vorgenommen werden, dazwischen wurde eine reduzierte Aufnahme an D0 und D2 bei drei Herkunftten durchgeführt. Zudem konnte für zwei Wochen ein Porometer/Fluorometer (LI-600, Li-Cor, Inc., Lincoln, Nebraska, USA) ausgeliehen werden, mit dem alle Wiederholungen zu vier Messzeitpunkten aufgenommen wurden. In einem Vorversuch 2023 wurde ein Boniturschlüssel für die Klassifizierung der Blattmerkmale erarbeitet, der in Abbildung 2 anhand einer Pflanze dargestellt ist. Der Boniturschlüssel teilt die beobachteten Stadien der Trockenstressmerkmale von einer vitalen Pflanze (Boniturstufe 0), über anfängliches (1) und stärkeres Hängen (2) der Blätter, erste trockene Blätter (3: <50 % Trockenheit; 4: 50 – 99 % Trockenheit) bis hin zu 100 % trockene Blätter (5). Weiterhin wurden mit dem optischen Sensor Dualex Scientific™ die Blattinhaltsstoffe Chlorophyll, Flavonole und Anthocyane gemessen sowie der NBI (*Nitrogen Balanced Index*) aufgenommen. Als Wärmebildkamera wurde der FLIR ONE® Gen 3 (Teledyne FLIR LLC) Smartphone Aufsatz genutzt. Eine Aufnahme des Wiederaustriebs soll im kommenden Jahr durchgeführt werden.

Abbildung 2: Boniturschlüssel. *Da Verfärbungen möglich, jedoch sehr selten auftraten, spielte neben dem allgemeinen Eindruck der Vitalität (sehr subjektiv), vor allem der Anteil trockener Blätter sowie die Fühlprobe der Blätter eine Rolle. Verfärbungen traten hier erst bei Boniturnote 4 auf.

					
0	1	2	3	4	5
- vital - Fühlprobe der Blätter (B) fest	- einzelne B beginnen zu hängen - Fühlprobe der B teilweise weich, ansonsten fest	- alle B hängen - Fühlprobe der B weich	- einzelne B trocken, <50% - Fühlprobe zeigt Trockenheit - Verfärbungen der B möglich*	50 – 99 % trockene B - Fühlprobe zeigt Trockenheit, übrige B weich - Verfärbungen der B möglich*	100 % trockene B - Fühlprobe zeigt Trockenheit

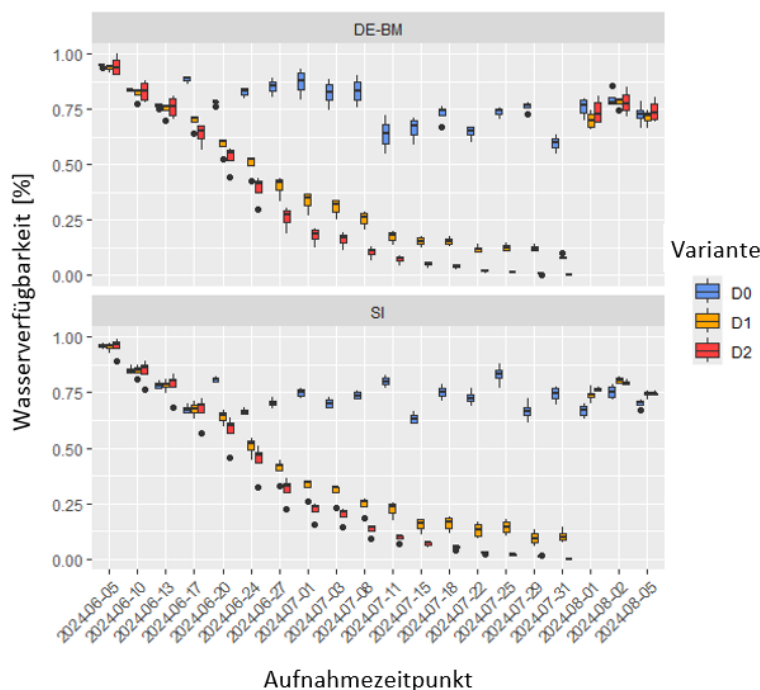
Quelle: Thünen-Institut (H.S. MITTELBERG).

3 Ergebnisse

Es liegen erste Ergebnisse aus dem Trockenstressversuch vor, von denen im Folgenden eine Auswahl beschrieben wird. Die Einstellung des Bewässerungsregimes erfolgte über die optimale Bewässerung der Kontrolle (D0) sowie der variantenabhängigen Bewässerung zum selben Zeitpunkt wie D0: Der starke Trockenstress (D1) erhielt zeitgleich 25 % von D0, der extreme Trockenstress (D2) erhielt kein Wasser (0 % von D0). Aus den zweimal wöchentlich aufgenommenen Gewichten der QP kann die Wasserverfügbarkeit abgeleitet werden. Dabei

schwankte auch für D0 die Wasserverfügbarkeit, sank jedoch nie unter den optimalen Bereich. Aufgrund der voranschreitenden Trocknung des Substrats fand eine stetige Gewichtsabnahme und Wasserverfügbarkeit bei D2 statt. Diese Entwicklung fand auch bei D1 statt, jedoch etwas abgeschwächt im Verhältnis zu D2. Als Beispiel für die Einstellung des Bewässerungsregimes sollen hier die Werte von DE-BM und SI betrachtet werden. In Abb. 3 sind zu den Zeitpunkten der Kompletteinwaage, die zweimal wöchentlich stattfanden, die daraus abgeleiteten Daten der Wasserverfügbarkeit dargestellt. Zu Beginn kann ein ähnliches Level der Varianten festgestellt werden, das sich im Verlauf des Versuchs differenziert. D0 bleibt dabei auf einem ähnlich hohen Level (Gewicht der jeweiligen D0 bei optimalem Wassergehalt des Substrats). Bei D2 kann beobachtet werden, dass das Gewicht stetig abnimmt, bis es stagniert. Die im Bewässerungsregime dazwischen liegende D1 mit 25 % Bewässerung verliert wie D2 stetig an Gewicht, bis sich ein Level eingestellt hat, das etwas über dem von D2 liegt. In diesem Vergleich wird deutlich, dass die Streuung von SI insgesamt relativ gering ist, DE-BM zeigt eine etwas größere Streuung der Werte bei D2. Nach Ende des Versuchs am 31.07.2024 zeigen die drei Folgewerte eine erfolgreiche Rehydrierung aller Varianten. Auch hier werden die unterschiedlichen Levels der Wiederholungen in der Streuung der Varianten von DE-BM deutlich.

Abbildung 3: Verlauf der Wasserverfügbarkeit [%] der Varianten des Trockenstressversuchs über den Zeitraum von 55 Tagen: Kontrolle (D0) bei optimaler Bewässerung, starker Trockenstress (D1) bei 25 % von D0 und extremer Trockenstress (D2) bei Dürre (0 % Wasser) über die Versuchslaufzeit von DE-BM und SI.

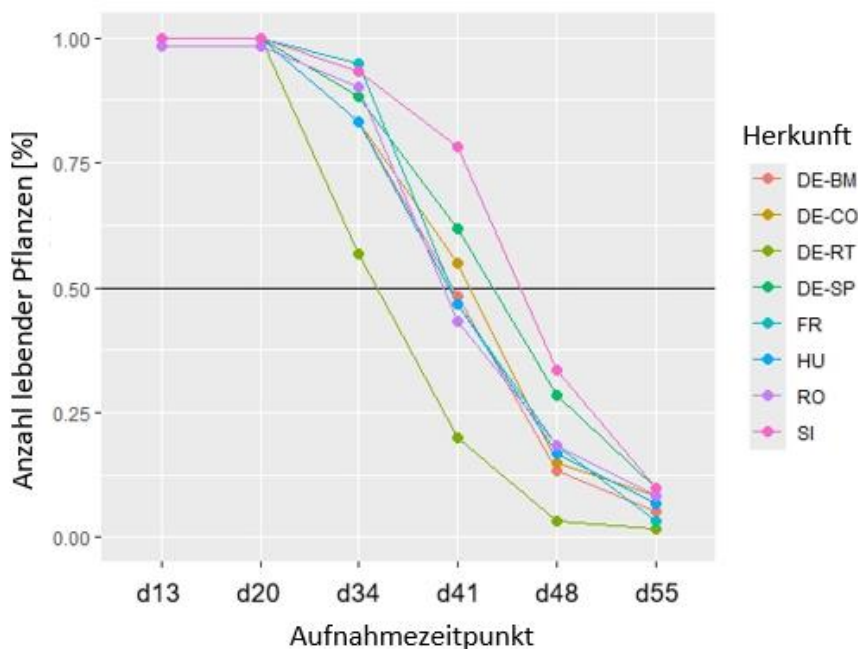


Quelle: Thünen-Institut (H.S. MITTELBERG).

Die vorläufigen **Daten des Überlebens** (Abb. 4) zeigen die Entwicklung der Anzahl nicht trockener Pflanzen der Variante D2, d. h. diese haben immer noch grüne Blätter, bzw. Blattanteile. Vereinfacht sollen die die Pflanzen im Folgenden als lebendig und nicht lebendig beschrieben werden. Welche Pflanzen tatsächlich abgestorben sind oder im Folgejahr wieder austreiben können, ist jedoch noch zu ermitteln. Nach 34 Tagen zeigen 7 der 8 Herkünfte noch >75 % lebender Pflanzen. Ab diesem Zeitpunkt nehmen Ausfälle bei allen Herkünften zu: zum Aufnahmezeitpunkt d41 unterschreiten 5 der 8 Herkünfte den kritischen Wert von 50 % Ausfall. Diese Entwicklung setzt sich noch verstärkt fort, sodass eine Woche später (d48), mit Ausnahme von DE-SP und SI, alle

Herkünfte <25 % lebendiger Pflanzen zeigen. Betrachtet man die Entwicklung der Herkünfte, wird deutlich, dass es ein Mittelfeld mit 5 Herkünften (DE-BM, DE-CO, FR, HU, RO) gibt, die eine ähnliche Zunahme an Ausfällen verzeichnen. DE-RT zeigt ein früheres Absterben als die übrigen Herkünfte, weist jedoch auch zum Ende des Versuchs noch einzelne lebendige Pflanzen auf. Positiv sind zwei Herkünfte herauszustellen, die später als das Gros der Herkünfte ausfallen: Slowenien (SI) und die deutsche Samenplantage Jettenbach in Rheinland-Pfalz (DE-SP) haben nach 48 Tagen Trockenheit immer noch >25% lebende Pflanzen.

Abbildung 4: Verlauf der Anzahl lebender Pflanzen [%] der Variante D2 (extremer Trockenstress, 0 % Wasser) über den Trockenstressversuch (d55: 55. Tag des Versuchs). Abkürzungen der Herkünfte s. Tabelle 1.

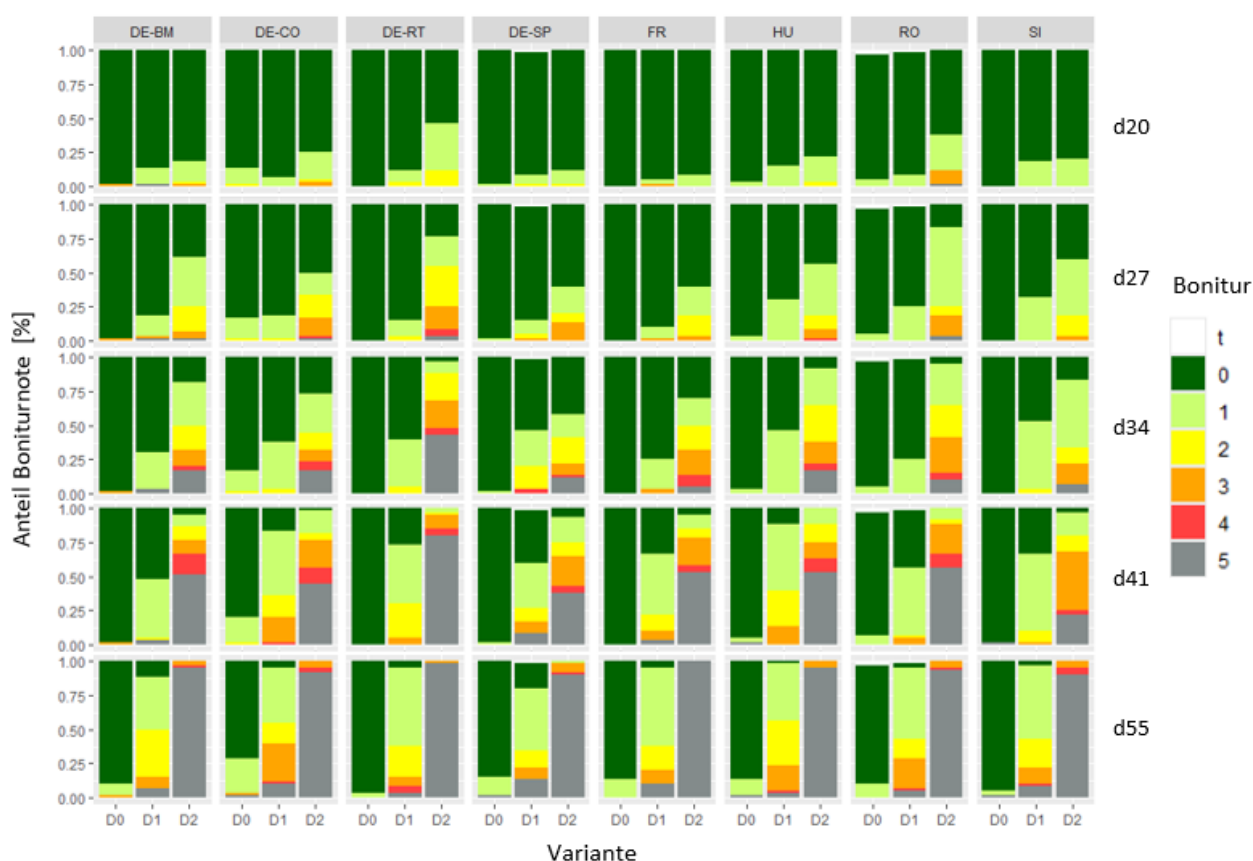


Quelle: Thünen-Institut (H.S. MITTELBERG).

Im zeitlichen Verlauf des Versuches war erwartungsgemäß eine fortschreitende Verschlechterung des Pflanzenzustandes der Trockenstressvarianten zu beobachten. Bei D2 (0 % Wasser) trat dies früher und deutlicher auf als bei D2 (25 % Wasser). Der fast durchgehend positive Blattzustand der Kontrollen bestätigt, dass das angewandte Bewässerungsregime funktioniert hat. Die in Abbildung 5 dargestellten fünf **Aufnahmezeitpunkte der Blattbonitur** wurden repräsentativ für die Entwicklung der Herkünfte ausgewählt. Die erste Zeile zeigt die Aufnahme vom 20. Tag des Versuchs, an dem D0 keine Trockenstressmerkmale zeigt, die Varianten D1 sowie D2 jedoch erste Anzeichen erkennen lassen: teilweise hängende Blätter (Bonitur 1 und 2) und erste trockene Blätter (Bonitur 3) bei DE-BM, DE-CO, FR und RO. Die zweite Zeile zeigt die Aufnahme eine Woche später, am 27. Tag: bis zu 25 % der D2-Pflanzen zeigen bei DE-CO, DE-RT und RO Trockenheit und vereinzelt Ausfälle. Bei DE-BM, FR und SI finden sich nur wenige D2-Pflanzen mit trockenen Blättern. Am 34. sowie 41. Tag hat sich das jeweils vorangegangene Bild verstärkt und insbesondere bei DE-RT liegen viele Ausfälle vor. Zu diesem Zeitpunkt finden sich auch bei D1 von DE-CO, DE-RT und HU vermehrt trockene Blätter, bei DE-SP und FR zudem vertrocknete Pflanzen. Zum Ende des Versuchs ist keine D2-Variante der untersuchten Herkünfte ausgefallen. Die D1-Varianten zeigen zwar im Vergleich zur Kontrolle fast vollständig erste Trockenstress-Hinweise bis hin zu vertrockneten Pflanzen, jedoch nur in geringem Maße. Die Herkünfte unterscheiden sich nur in geringem Umfang: DE-SP zeigt die meisten und HU die wenigsten trockenen Pflanzen (Bonitur 5). DE-CO weist

die meisten Pflanzen mit Trockenstressmerkmalen (Boniturnoten ab 3) auf, DE-BM und DE-RT zeigen hingegen die geringste Anzahl an Pflanzen mit Trockenstressmerkmalen.

Abbildung 5: Ausgewählte Aufnahmezeitpunkte der Blattbonituren. Jede Zeile stellt einen Aufnahmezeitpunkt während des Versuchs dar: die erste Zeile zeigt die Aufnahme vom 20. Tag des Versuchs (d20). Für die Varianten D0 (Kontrolle), D1 (starker Trockenstress) und D2 (extremer Trockenstress) der Herkünfte sind die folgenden Boniturnoten vergeben worden: t (tot, nicht Trockenstress-bedingt), 0 (vital), 1 (einzelne hängende Blätter), 2 (alle Blätter hängen), 3 (<50 % trockene Blätter), 4 (>50 % trockene Blätter) sowie 5 (100 % trockene Blätter). Abkürzungen der Herkünfte s. Tabelle 1.

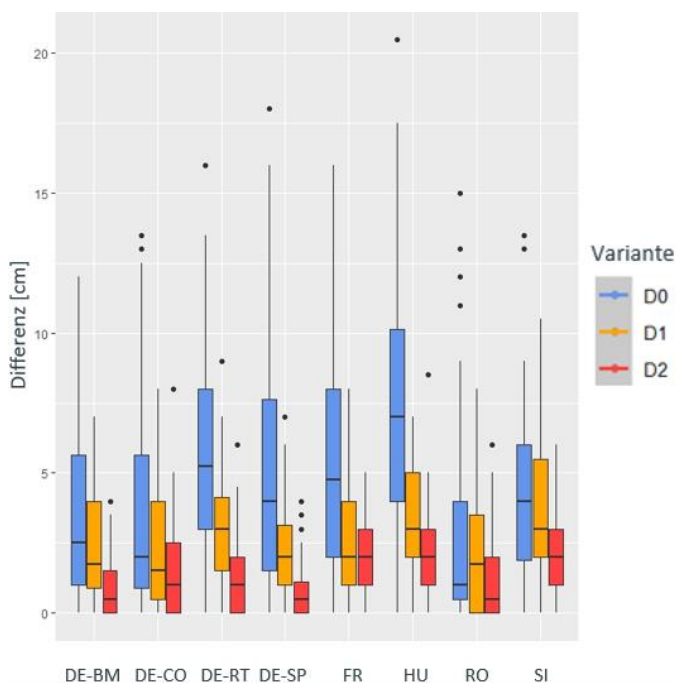


Quelle: Thünen-Institut (H.S. MITTELBERG).

Die Höhenaufnahmen wurden zu Beginn und zum Ende des Versuchs durchgeführt. Wie anzunehmen war, zeigen die Kontrollen der Herkünfte nach optimaler Bewässerung den höchsten Zuwachs. In Abhängigkeit zur Herkunft und Variante findet sich eine absteigende Leistung bei D1 (25 % Wasser) und D0 (0 % Wasser) mit jeweils etwas geringeren Zuwächsen. Beispielhaft für die aufgenommenen Höhendaten sind in Abbildung 6 die Differenzen aus den Anfangs- und Endhöhen der Pflanzen dargestellt. Insgesamt ist zu sagen, dass die Werte der Kontrolle eine starke Streuung zeigen und die Mittelwerte generell relativ gering sind. Es wird deutlich, dass der Zuwachs im Verhältnis zur Kontrolle variantenabhängig geringer ausfällt. D1 zeigt mit Ausnahme von RO geringere Mittelwerte als die Kontrolle. D2 wiederum geringere Werte als D1, jedoch mit Ausnahme von FR, bei der D1 und D2 gleichauf sind. Den größten Zuwachs konnte HU verzeichnen, darauf folgen DE-RT und FR, jedoch alle mit starker Streuung der Werte. Die bereits angesprochene starke Streuung der Werte erschwert den Vergleich der Herkünfte. Unter anderem stellt dabei die unterschiedliche Ausgangslage (z. B. Größe und Blattzahl) der Pflanzen innerhalb der Herkünfte eine Rolle. RO weicht wie beschrieben von den übrigen Herkünften ab: die Pflanzen sind

insgesamt sehr klein und die Kontrolle liegt im Zuwachs sogar hinter den Werten von D1. Dies könnte einen Hinweis darauf geben, dass die Wassermenge der D1-Variante für RO eher einer optimalen Bewässerung entsprach, als die über alle Herkünfte angewandte Menge pro Bewässerungseinheit. Außerdem zu erwähnen ist FR, bei der sich keine Unterschiede in den Mittelwerten von D1 und D2 finden lassen, was aber auch an den insgesamt geringen Zuwächsen sowie den bei Höhenmessungen größeren Messfehlern liegen kann.

Abbildung 6: Differenz [cm] der Höhenaufnahmen vor Versuchsbeginn und nach Ende des Versuchs.
Abkürzungen der Herkünfte s. Tabelle 1.



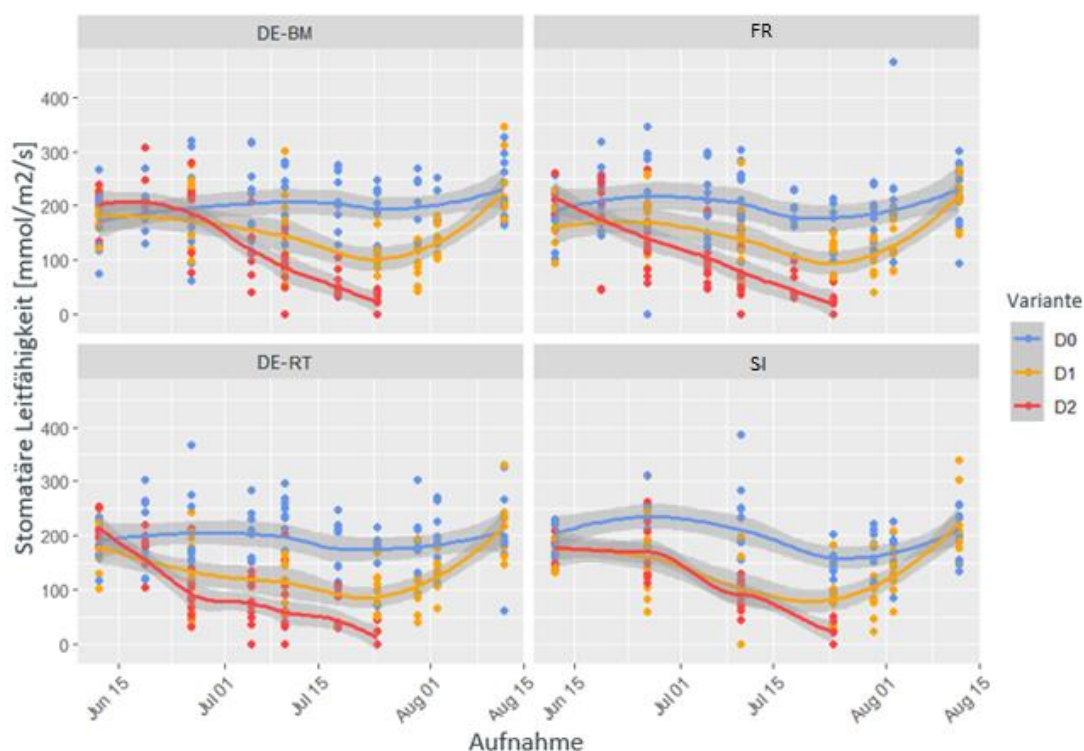
Quelle: Thünen-Institut (H.S. MITTELBERG).

Ebenfalls kann ein erster Blick in die Daten der stomatären Leitfähigkeit geworfen werden. Die stomatäre Leitfähigkeit ist ein Maß für die Diffusion von Gasen durch die Stomata (Spaltöffnungen der Epidermis) von Pflanzen. Sie beschreibt somit eine wesentliche Determinante für den Photosynthese-Komplex, bei dem, vereinfacht beschrieben, CO₂ aufgenommen und im Prozess der Photosynthese zu Zucker und Sauerstoff umgewandelt wird. Pflanzen können durch Öffnen und Schließen der Stomata auf den Gasaustausch und somit auf ihre Photosyntheseaktivität Einfluss nehmen. Die im Rahmen des Versuchs durchgeführten Aufnahmen geben die Aktivität der Stomata wieder: die Kontrollen zeigen sanfte Wellenbewegungen, während die Varianten mit Trockenstress deutlich in ihrer Aktivität abfallen. Dabei befinden sich die Varianten bei drei der vier untersuchten Herkünfte erneut im Verhältnis zueinander: je niedriger die Wasserverfügbarkeit, desto geringer ist auch der Wert der stomatären Leitfähigkeit. Aufgrund des großen Aufwandes für die Datenaufnahme musste hier ein reduziertes Aufnahmeschema angewandt werden, weshalb nur vier der acht Herkünfte betrachtet wurden und nur alle zwei Wochen auch Slowenien (SI) sowie die D1-Varianten der Herkünfte aufgenommen wurde. Aufgrund des offenen Versuchs und dadurch starkem Einfluss des Wetters im Sommer 2024, das leider sehr wechselhaft war, waren die Aufnahmen mit einigen Problemen verknüpft. Dies schlägt sich auch in den Daten nieder und hat eine relativ starke Streuung der Werte zur Folge. Somit wurde für die Darstellung die Einzelwerte der Pflanzen ausgewählt, die mittels Regressionskurve veranschaulicht werden sollen (Abb. 7). Die ersten Werte stammen vom 12. Juni, dem 7. Tag des Versuchs. Hier zeigt D2 bei drei der vier Herkünften eine stärkere Aktivität als die Kontrolle und D1. Die Kontrollen zeigen bei den deutschen Herkünften nur geringe Schwankungen, bei FR und SI tendenziell etwas stärkere Schwankungen. Im Verlauf sehen wir eine Abnahme der

stomatären Leitfähigkeit bei D1 aller Pflanzen sowie eine starke Abnahme bei allen D2. Bei FR sehen wir bei D2 eine stetige und starke Abnahme der Aktivität, bei den übrigen Herkünften mit leichten Schwankungen. Die letzte Aufnahme der D2-Variante war am 24. Juli (49. Versuchstag) möglich, danach waren alle Pflanzen größtenteils vertrocknet. Nach Ende des Versuchs am 30. Juli wurden 3 sowie 13 Tage später weitere Aufnahmen durchgeführt. Nach Ende des Versuchs ist eine Zunahme der Aktivität der D1 aller Pflanzen zu verzeichnen, sodass sich D1 wieder auf dem Level der Kontrolle befindet.

Eine statistische Absicherung der Ergebnisse steht noch aus. Die Streuung der Ergebnisse innerhalb einer Herkunft erschwert die Auswertung. Unterschiede der Herkünfte, aber auch eine deutliche Variation der Pflanzen innerhalb einer Herkunft bzw. einer Wiederholung müssen in die Auswertungen einbezogen werden.

Abbildung 7: Leitfähigkeit der Herkünfte DE-BM, FR, DE-RT und SI in den 3 Trockenstressvarianten: Kontrolle (D0, optimale Bewässerung = 100 %), starker Trockenstress (D1, 25 % von D0) sowie extremer Trockenstress (D2, 0 % Wasser). Die erste Aufnahme ist vom 12.07.2024 (7. Versuchstag), nach der Wiederbewässerung (30.07.2024) zeigen drei Aufnahmen die weitere Entwicklung. Die letzte Aufnahme fand am 12.08.2024, etwa 2 Wochen nach Wiederbewässerung, statt. Abkürzungen der Herkünfte s. Tabelle 1.



Quelle: Thünen-Institut (H.S. MITTELBERG).

4 Diskussion und Ausblick

Ein erfolgreicher Waldumbau kann nicht allein durch Naturverjüngung an Waldstandorten erfolgen, wenn beispielsweise gebietsfremde Hölzer gepflanzt wurden oder die Bedingungen nicht den Ansprüchen eines klimastabilen Mischwaldes entsprechen. In diesen Fällen ist die künstliche Verjüngung durch Pflanzung ratsam und ermöglicht auch, Arten und Herkünfte zu fördern, die ansonsten nur einen geringen Anteil am Wald ausmachen. Der Einsatz von qualitativ hochwertigem und anpassungsfähigem Ausgangsmaterial kann dazu beitragen, biologisch stabile, struktur- und ertragreiche sowie betriebswirtschaftlich vorteilhafte Bestände aufzubauen. Auch die Hainbuche gehört zu den Baumarten, die in Deutschland bislang nicht im Fokus der

Forstwirtschaft standen, nun aber als eine der heimischen Alternativbaumarten verstärkt untersucht werden. Insbesondere die Trockenstresstoleranz ist hier von großem Interesse.

Durch die großräumige Abdeckung des Verbreitungsgebietes der Hainbuche konnten Herkünfte anhand ihrer klimatischen Gradienten für ein Trockenstressexperiment in der Jungwuchsphase ausgewählt werden, um im besten Fall die Trockenstresstoleranz mit einem Herkunftsparameter zu verknüpfen (Tabelle 1). Die Einstellung des Bewässerungsregime war erfolgreich und zeigt im Verlauf, wie in Abbildung 2 exemplarisch dargestellt, die gewünschte Entwicklung: D0 bleibt in einem optimalen Bereich, D2 mit einer 55-tägigen kompletten Dürre zeigt nach einer stetigen Abnahme ein Stagnieren der QP-Gewichte auf einem als Nullpunkt hinsichtlich des Wasseranteils anzusehenden Level. Variante D1 folgt der Entwicklung von D2, ohne dass der jeweilige Nullpunkt erreicht wird, sondern hält sich auf einem geringen Level.

Betrachtet man die Grafik der Ausfälle der Variante ohne Bewässerung (D2) über die Zeit (Abb. 3), so wird deutlich, dass alle Herkünfte nach 55 Tagen stark beeinflusst sind, jedoch keine der Herkünfte komplett ausfällt (Abb. 4). Insgesamt konnte, wie auch in der Literatur (z. B. POORTER et al. 2012, EZIZ et al. 2017) zu finden, beobachtet werden, dass große Pflanzen als Erste Trockenstressmerkmale zeigen und in der Folge ausfallen. Kleine Pflanzen aufgrund u.a. kleinerer oder weniger Blätter und tendenziell dadurch geringerem Wasserbedarf reagieren erst verzögert auf Trockenstress, da der Substratwassergehalt als längere Reserve dient. Um der Komplexität von Trockenstressversuchen sowie Herkunftsanalysen gerecht zu werden, müssen die Untersuchungen im Weiteren auch Einflussfaktoren wie Herkunft bzw. Merkmale der Einzelpflanze berücksichtigen. Ob zudem Unterschiede mit geografischen oder klimatischen Daten der Ursprungsorte der Herkünfte verknüpft werden können, soll ebenfalls betrachtet werden.

Die Varianten mit 25 % der optimalen Bewässerung zeigen über alle Herkünfte hinweg nur geringe Ausfälle und erst in der letzten Woche des Trockenstressversuchs erste Anzeichen von Trockenstress (Verlust des Blattturgors, Abb. 4). Der Trockenstress der D1-Variante kann in den Aufnahmen der stomatären Leitfähigkeit (Abb. 6) festgestellt werden, führte jedoch größtenteils nicht zu einem Abtrocknen der Pflanzen. Die teilweise Schließung der Stomata stellt eine der frühesten beobachtbaren Reaktionen auf Wasserdefizit dar und kann innerhalb weniger Tage erfolgen. Akklimatisierungsreaktionen, wie die osmotische Anpassung, erfordern hingegen eine längere Dauer des Trockenstresses (HARB et al. 2010). Die Fähigkeit sich osmotisch an veränderte Bedingungen anzupassen, ist nicht bei allen Pflanzenarten zu finden (BARTLETT et al. 2014). Die HNEE stellte in ihrem Abschlussbericht fest, dass die Hainbuche in ihren Versuchen bereits verhältnismäßig früh die Transpiration über den Schluss der Stomata einschränkt (Isohydrie), was zudem zu einer reduzierten Photosyntheserate führte (HNEE 2019). Diese Beobachtung konnte auch in diesem Versuch direkt und indirekt getätigt werden. Trotz der beobachteten Verminderung des Gasaustauschs, konnte keine Abnahme in der Vitalität beobachtet werden. Jedoch wurde ein reduziertes Wachstum zu verzeichnen. Die vorliegenden Ergebnisse stützen die bisherigen Beobachtungen, dass die Hainbuche eine gewisse Toleranz gegenüber einer starken Reduktion der Wasserverfügbarkeit aufweist. Die 55-tägige Periode des starken Trockenstress konnte von allen Herkünften gemäß aktuellem Stand gut überstanden werden. Die Auswertung hinsichtlich möglicher Unterschiede zwischen den Herkünften ist derzeit noch in Arbeit geplant und wird im Frühjahr 2025 durch die Aufnahme des Wiederaustriebs weiter ergänzt.

Referenzen

- BARTLETT MK, ZHANG Y, KREIDLER N, SUN SW, ARDY R, CAO KF et al. (2014): Global analysis of plasticity in turgor loss point, a key drought tolerance trait. *Ecol. Lett.* 17 (12): 1580–1590. DOI: 10.1111/ele.12374
- BMEL [Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft] (Hrsg.) (2022): Ergebnisse der Waldzustandserhebung 2023
- BOLTE A, CZAJKOWSKI T, COCOZZA C, TOGNETTI R, DE MIGUEL M, PŠIDOVÁ E, DITMAROVÁ L, DINCA L, DELZON S, COCHARD H, RÆBILD A, DE LUIS M, CVJETKOVIC B, HEIRI C, MÜLLER J (2016): Desiccation and mortality dynamics in seedlings of different

- European beech (*Fagus sylvatica* L.) populations under extreme drought conditions. *Frontiers in Plant Science* 7: 1–12. DOI: 10.3389/fpls.2016.00751
- ETH ZÜRICH (2002): Mitteleuropäische Waldbaumarten: Artbeschreibung und Ökologie unter besonderer Berücksichtigung der Schweiz. ETH Zürich 248.
- EZIZ A, YAN Z, TIAN D, HAN W, TANG Z, FANG J (2017): Drought effect on plant biomass allocation: A meta-analysis. *Ecol Evol.* 7 (24): 11002–11010. DOI: 10.1002/ece3.3630
- GULDER H-J (1996): Das Wurzelwerk der Hainbuche. Beiträge zur Hainbuchentagung 1996: 30-37.
- HARB A, KRISHNAN A, AMBAVARAM MMR, PEREIRA A (2010): Molecular and physiological analysis of drought stress in *Arabidopsis* reveals early responses leading to acclimation in plant growth. *Plant Physiol.* 154 (3): 1254–1271. DOI: 10.1104/pp.110.161752
- HNEE (2019): Abschlussbericht HNEE-SHB - Dendroökologische und ökophysiologische Untersuchungen zur Klimasensitivität seltener heimischer Waldbaumarten - Akronym: HNEE-SHB
- LEUZINGER S, ZOTZ G, ASSHOFF R, KÖRNER C (2005): Responses of deciduous forest trees to severe drought in Central Europe. *Tree Physiology* 25 (6): 641–650. DOI: 10.1093/treephys/25.6.641
- LIESEBACH M, WOLF H, BEEZ J, DEGEN B, ERLEY M, HAVERKAMP M, JANßen A, KÄTZEL R, KAHLERT K, KLEINSCHMIT J, LEMMEN P, PAUL M, VOTH W (2021): Identifizierung von für Deutschland relevanten Baumarten im Klimawandel und länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten - Empfehlungen der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ zu den Arbeitsaufträgen der Waldbaureferenten. Thünen Working Paper 172, 51 S. DOI: 10.3220/WP1617712541000
- MARCHI M, CASTELLANOS-ACUÑA D, HAMANN A, WANG T, RAY D, MENZEL A (2020): ClimateEU, scale-free climate normals, historical time series, and future projections for Europe. *Scientific Data* 7 (1): 1–9. DOI: 10.1038/s41597-020-00763-0
- MAYER H (1992): Waldbau auf soziologisch-ökologischer Grundlage. Stuttgart: Gustav Fischer Verlag. 522 S.
- POORTER H, FIORANI F, STITT MARK, SCHURR U, FINCK A, GIBON Y, USADEL B, MUNNS R, ATKIN O K., TARDIEU F, PONS T L (2012): The art of growing plants for experimental purposes: a practical guide for the plant biologist. *Functional Plant Biology* 39: 821-838. DOI: 10.1071/FP12028
- ROLOFF A, GRUNDMANN B (2008). Bewertung von Waldbaumarten anhand der KlimaArtenMatrix. *Allgemeine Forstzeitschrift* 63: 1086–1088.
- SCHMALEN W (1996): Die Hainbuche (*Carpinus betulus* L.) - Beerntung und Nachzucht. In: SCHMIDT, O., (Hrsg.) Beiträge zur Hainbuche. Freising: LWF-Wissen 12: 46-49.
- SCHMUCKER J, UHL E, SCHMIED G, PRETZSCH H (2023): Growth and drought reaction of European hornbeam, European white elm, field maple and wild service tree. *Trees - Structure and Function* 37 (5): 1515–1536. DOI: 10.1007/s00468-023-02441-1
- SNOW MD, TINGEY DT (1985): Evaluation of a system for the imposition of plant water stress. *Plant Physiol.* 77 (3): 602–607. DOI: 10.1104/pp.77.3.602
- ZARGAR A, SADIQ R, NASER B, KHAN FI (2011): A review of drought indices. *Environ. Rev.* 19: 333–349. DOI: 10.1139/a11-013

Autorinnen und Autor

HANNAH S. MITTELBERG, KATHARINA J. LIEPE, HEIKE LIESEBACH, MIRKO LIESEBACH
Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
Kontakt: hannah.mittelberg@thuenen.de

KRISTIN KLENKE
Universität Hamburg, Mittelweg 177, 20148 Hamburg

Geografisch/genetische Variation der Küstentanne (*Abies grandis*) im amerikanischen Ursprungsgebiet im Vergleich zu deutschen Herkunft

OLIVER CARÉ, ANDRÉ HARDTKE, JEREMIAS GÖTZ, OLEKSANDRA KUCHMA, BERNHARD HOSIUS, WILFRIED STEINER, OLIVER GAILING, LUDGER LEINEMANN

Zusammenfassung

Die Küstentanne (*Abies grandis* (Doug. ex D. Don) Lindl.) ist hinsichtlich ihrer Ökologie, der Wuchsdynamik und waldbaulichen Behandlung relativ gut untersucht. Auch einige Erkenntnisse zur Anbaueignung einzelner amerikanischer Provenienzen für die Verwendung in Deutschland liegen bereits vor. Für eine Baumart, die im Ursprungsgebiet aber auch in anderen Ländern eine große ökonomische Bedeutung besitzt, ist es jedoch erstaunlich, dass Informationen über die geografisch-genetische Variation kaum vorhanden sind. Bisher wurde auf der Basis von Isoenzymen eine großräumige geografisch/genetische Differenzierung beschrieben und anhand weniger SSRs und Organellen-Markern wurde die Hybridisierung zwischen *A. grandis* und *A. concolor* beleuchtet.

Das von der FNR geförderte Projekt „Entwicklung genetischer Methoden zur Bestimmung der Herkunft und des adaptiven Potentials von Küstentanne (*Abies grandis*) in Deutschland als Basis für Auswahl und Aufbau hochwertiger Saatgutquellen“ möchte unter anderem eine belastbare Grundlage zur Beschreibung der genetischen Variation der Küstentanne schaffen. Dazu wurden aus der IUFRO-Versuchsserie der Jahre 1978 und 1979 verteilt insgesamt 58 Provenienzen über das gesamte Verbreitungsgebiet mit 2022 Einzelproben analysiert. Die genetische Variation wurde mittels 17 Kernmikrosatellitenmarkern ermittelt. Zusätzlich wurde an 500 Proben die genetische Variation an 17 neuentwickelten Chloroplastenmikrosatelliten Markern untersucht.

Die Beschreibung und Zuordnung deutscher Bestände erfolgte anhand von 22 Beständen in Niedersachsen (13), Hessen (4), Schleswig-Holstein (3), Mecklenburg-Vorpommern (1) und Brandenburg (1). Die Ergebnisse können für Saatgutbestände genutzt werden, um über die Schätzung der Herkunftsregion Ableitungen zur Anbaueignung anhand der Wuchsdaten aus der IUFRO-Versuchsserie zu ermöglichen.

Abstract

Geographical/genetic variation of the grand fir (*Abies grandis*) in the natural distribution area in American compared to German provenances

Grand fir (*Abies grandis* (Doug. ex D. Don) Lindl.) has been relatively well studied in terms of its ecology, growth dynamics and silvicultural treatment. Some findings on the suitability of individual American provenances for cultivation for use in Germany are already available. For a tree species that is of great economic importance in its area of origin but also in other countries, it is surprising that there is hardly any information on the geographical-genetic variation. So far, a large-scale geographical/genetic differentiation has been described on the basis of isoenzymes and the hybridization between *A. grandis* and *A. concolor* has been examined using a few SSRs and organelle markers.

The project "Development of genetic methods for determining the origin and adaptive potential of grand fir (*Abies grandis*) in Germany as a basis for the selection and development of high-quality seed sources" funded by the FNR aims, among other things, to create a reliable basis for describing the genetic variation of the grand fir. For this purpose, a total of 58 provenances from the IUFRO test series of 1978 and 1979 were analyzed across the entire distribution area with 2022 individual samples. The genetic variation was determined using 17 nuclear microsatellite markers. In addition, the genetic variation was examined on 500 samples using 17 newly developed chloroplast microsatellite markers.

The description and allocation of German stocks was carried out using 22 stocks in Lower Saxony (13), Hesse (4), Schleswig-Holstein (3), Mecklenburg-Western Pomerania (1) and Brandenburg (1). The results can be used for

seed stocks to enable deductions to be made about suitability for cultivation based on the growth data from the IUFRO test series by estimating the region of origin.

1 Einleitung

Die Küstentanne (*Abies grandis* (Doug. ex D. Don) Lindl.) ist hinsichtlich ihrer Ökologie, der Wuchsdynamik und der waldbaulichen Behandlung relativ gut untersucht. Auch einige Erkenntnisse zur Anbaueignung einzelner amerikanischer Provenienzen für die Verwendung in Deutschland liegen bereits vor (KLEINSCHMIT et al. 1997, RAU und SCHÖNFELDER 2008, RAU et al. 2008, HARDTKE et al. 2023). Für eine Baumart, die im Ursprungsgebiet aber auch in anderen europäischen Ländern eine ökonomische Bedeutung (FOILES et al. 1990, MASON 2012) besitzt und vor allem als vielversprechender Alternativbaum betrachtet wird (KULEJ und SOCHA 2008, SPELLMANN et al. 2015, Frýdl et al. 2018, WELLER 2018, HUBER et al. 2023, NOVOTNÝ et al. 2023), ist es jedoch erstaunlich, dass kaum Informationen über die geografisch-genetische Variation vorhanden sind. Bisher wurde lediglich eine großräumige geografisch-genetische Differenzierung anhand von Isoenzymen (KONNERT und RUETZ 1997) und anhand weniger SSRs und Organellen-Markern eine Hybridisierung zwischen *Abies grandis* und der Colorado-Tanne (*Abies concolor*) (OTT et al. 2015) nachgewiesen.

Das von der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe (FNR) geförderte Projekt „Entwicklung genetischer Methoden zur Bestimmung der Herkunft und des adaptiven Potentials von Küstentanne (*Abies grandis*) in Deutschland als Basis für Auswahl und Aufbau hochwertiger Saatgutquellen“ möchte nun eine belastbare Grundlage zur Beschreibung der genetischen Variation der Küstentanne schaffen. Unter anderem wurde die Herkunftseignung (HARDTKE et al. 2023) bewertet, wobei insbesondere Provenienzen aus den nordwestlichen Herkunftsregionen überdurchschnittliche Wuchsleistungen zeigen. Auf Grundlage der umfangreichen IUFRO-Versuchsserie wurden im Projektzeitraum ebenfalls Plusbäume ausgewählt, vegetativ vermehrt und mit dem Material Samenplantagen angelegt. Da für deutsche Bestände keine Informationen zur ursprünglichen Herkunft vorliegen, wird mittels genetischer Methoden geprüft, ob eine Zuordnung zu den Herkunftsregionen in Amerika möglich ist. Mit dem Vergleich zu den erhobenen Leistungsmerkmalen aus der deutschen IUFRO-Versuchsserie ließe sich so eine Einschätzung der Eignung und der Leistungsfähigkeit geben.

2 Material und Methoden

Aus der IUFRO-Versuchsserie der Jahre 1978 und 1979 wurden insgesamt 58 Provenienzen über das gesamte Verbreitungsgebiet mit insgesamt 2022 Einzelproben analysiert. Die genetische Variation wurde mittels 17 Kernmikrosatellitenmarkern (gSRRs) ermittelt. Das Set umfasst gSRRs, die bereits in anderen *Abies* spp. zum Einsatz gekommen sind (HANSEN et al. 2005, SAITO et al. 2005, LIAN et al. 2007, POSTOLACHE et al. 2014, ORESHKOVA et al. 2023), oder an der Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung für *Abies alba* entwickelt wurden (unveröffentlicht). Als Referenzproben für die Colorado-Tanne wurden zwei Saatgutproben aus dem Handel (*A. concolor* var. *concolor* und var. *lowiana*) analysiert.

Die Analysen zur genetischen Variation und Provenienz deutscher Vorkommen erfolgten auf der Basis von Stichproben aus 22 Beständen aus Niedersachsen (13), Hessen (4), Schleswig-Holstein (3), Mecklenburg-Vorpommern (1) und Brandenburg (1).

Anhand der SSR-Genotypen wurden mittels des Programms NEWHYBRIDS (ANDERSON und THOMPSON 2002) die Artzugehörigkeit und Hybridisierungsanteile der Einzelproben bestimmt. Zur Darstellung wurden die Mittelwerte des Anteils der Küstentanne je Provenienz räumlich über die Koordinaten der originalen Herkunftsorte interpoliert. Dies wurde in R 4.2.2. (R CORE TEAM 2022) über ein räumliches ordinäres Kriging im Paket gstat 2.1-1 durchgeführt (PEBESMA 2004, GRÄLER et al. 2016). Zusätzlich kamen für die Datenaufbereitung und die grafische

Erstellung die Pakete sf 1.0-16 (PEBESMA 2018, PEBESMA UND BIVAND 2023), terra 1.7-18 (HUMANS 2023), sp 1.6-0 (PEBESMA und BIVAND 2005, BIVAND et al. 2013) und rnaturlaearth 0.3.3 (SOUTH und MASSICOTTE 2023) zur Anwendung.

3 Ergebnisse und Diskussion

Die Schätzung der Artzugehörigkeit und der Hybridanteile innerhalb der Provenienzen zeigt eine deutliche Beeinflussung der Küstentanne durch Introgression der Colorado-Tanne. Hierbei sind die südlichen Herkunftsregionen deutlich stärker von der Colorado-Tanne beeinflusst, während in den nördlichen Herkunftsregionen nahezu reine Küstentanne vertreten ist. Eine grobe Einschätzung in dieser Richtung lieferte auch OTT et al. (2015), wobei die Autoren auch im Binnenland und im Küstengebirge von Oregon reine Küstentannenvorkommen verorteten. Dies kann hier nicht bestätigt werden. Alle untersuchten IUFRO Herkünfte aus diesen Regionen weisen einen nicht unerheblichen F_2 -Hybridanteil auf (Tabelle 1, Abb. 1). Da die Pflanzen der IUFRO-Serie aus Saatgut aus den USA gezogen wurden, lässt dies auf entsprechende Anteile an F_1 -Hybriden in den Ursprungsbeständen schließen. Selbst in Provenienzen mit einem Anteil reiner Colorado-Tanne wurden keine F_1 Hybriden festgestellt. Ob hier ein statistisches Artefakt vorliegt oder tatsächlich keine F_1 -Hybriden beobachtet wurden bleibt offen.

Besonders heterogen ist die Herkunftsregion der Ostkaskaden von Oregon. Insgesamt wurde in dieser Herkunftsregion ein Küstentannen-Anteil von 61% ermittelt. Die sechs dort untersuchten Einzelherkünfte weisen jedoch ein starkes Nord-Süd-Gefälle auf. Hierbei sind die beiden nördlichen Herkünfte mit 90 % bzw. 87 % Küstentanne als nahezu rein, die drei Zentralen als intermediär (59-50 %) anzusprechen, während eine Südliche mit lediglich 25 % Küstentannenanteil vorwiegend aus F_2 -Hybriden besteht. Anteile der reinen Colorado-Tanne wurden in nahezu allen Herkünften der Regionen Hoch- und Ostkaskaden und der Küste Süd-Oregons festgestellt. Innerhalb der deutschen Bestände sind ebenfalls deutliche Unterschiede der Artanteile festzustellen, wobei hauptsächlich Küstentanne oder F_2 -Hybriden identifiziert wurden. Über die 22 Bestände liegt der Anteil der Küstentanne im Mittel bei 74 %. Der niedrigste Wert mit 40% wurde bei der DKV Sonderherkunft Lensahn, Schleswig-Holstein ermittelt. Die höchsten Werte wurden bei der Sonderherkunft Radelübbe, Mecklenburg-Vorpommern (94%) und einem Niedersächsischen Bestand bei Fuhrberg (95%) gefunden.

Tabelle 1: Schätzung der Art- und Hybridanteile anhand der SSR-Genotypen mittels NEWHYBRIDS.

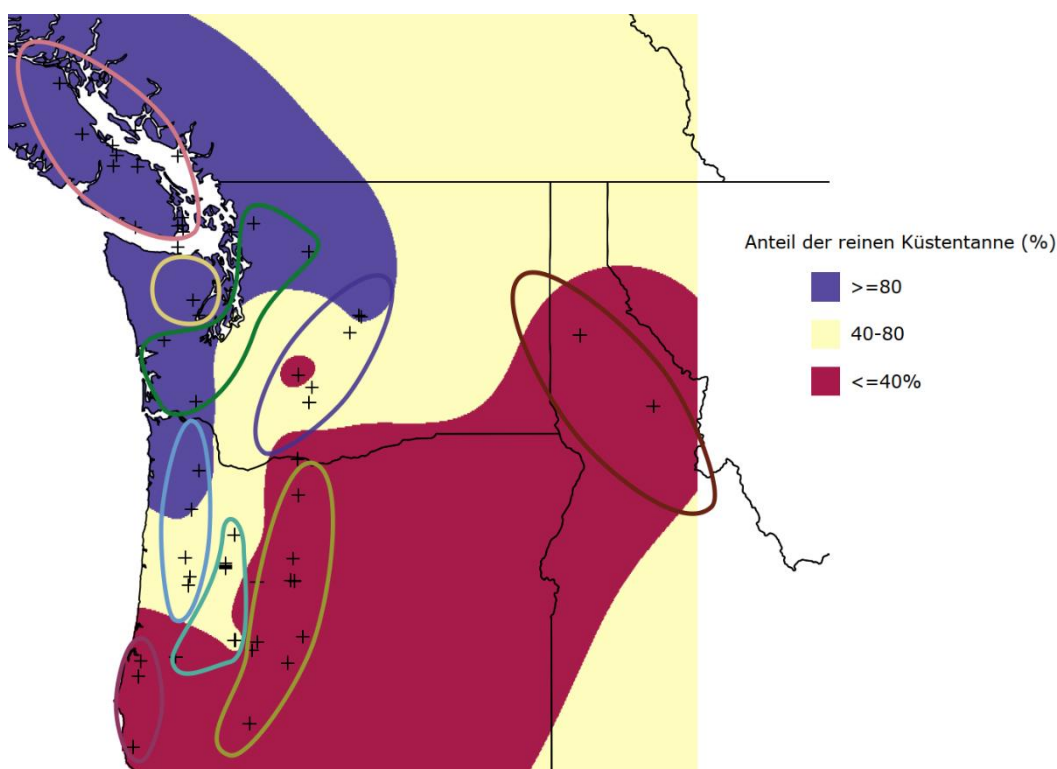
Herkunftsregion	Art-Anteile (%)		
	<i>A. grandis</i>	<i>A. concolor</i>	F_2 -Hybriden
Vancouver Island, British Columbia	98	0	2
Olympische Halbinsel, Washington	94	0	6
Puget Sound, Westkaskaden, Washington	91	0	8
Ostkaskaden, Washington	61	1	38
Küstengebirge, Oregon	71	1	28
Westkaskaden, Oregon	55	1	71
Hoch- und Ostkaskaden, Oregon	12	16	73
Küste Süd-Oregon	17	13	71
Binnenland Idaho / Montana / Ost-Washington	29	3	68

Quelle: Georg-August-Universität Göttingen (O. CARÉ).

Innerhalb der natürlichen Verbreitung zeigen sich nach der vereinfachten Einteilung mit Artanteilen der Küstentanne von $\geq 80\%$, $80-40\%$ und $\leq 40\%$ deutlich die beschriebenen großräumlichen Unterschiede (Abb. 1).

Daraus kann für die deutschen Herkünfte abgeleitet werden, dass Bestände mit einem Küstentannenanteil $\geq 80\%$ vermutlich aus Regionen stammen, denen eine überdurchschnittliche Anbaueignung zugesprochen werden kann. Während Herkunftsn mit geringeren Küstentannenanteilen eine geringere Anbaueignung eingeräumt werden muss.

Abbildung 1: Räumliche Interpolation der Anteile der Küstentanne an den IUFRO-Herkünften über die Herkunftsorte in Amerika. Die Einzelherkünfte sind mit einem Kreuz, die Herkunftsregionen mit Polygonen markiert, die der Einteilung in RAU et al. (2008) folgen.



Quelle: Georg-August-Universität Göttingen (O. CARÉ).

4 Schlussfolgerungen

Anhand der genetisch bestimmten Artzugehörigkeit oder Hybridanteilen können zumindest großräumig amerikanische Herkunftsregionen unterschieden werden. Die genetischen Muster decken sich ebenfalls grob mit der Anbaueignung der Provenienzen.

Zukünftig können genetische Analysen in deutschen Beständen Aussagen über die Anbaueignung liefern. Somit können Bestände, die dem südöstlichen Verbreitungsgebiet zugeordnet werden können und eine vermutlich geringere Anbaueignung vorweisen, für die Saatgutproduktion ausgeschlossen werden.

Dank

Die Autoren danken FITZ VON BAUMBACH und allen beteiligten Förstern und Waldbesitzern für die Unterstützung bei der Probennahme. Für die Laborarbeiten bedanken wir uns bei KATHARINA ZIESING. Das Projekt wurde vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe, FNR, Förderkennzeichen: 2220NR313A) gefördert.

Literatur

- ANDERSON EC, THOMPSON EA (2002): A model-based method for identifying species hybrids using multilocus genetic data. *Genetics* 160: 1217–1229.
- Bivand RS, Pebesma E und Gomez-Rubio V (2013): *Applied Spatial Data Analysis with R*. Springer.
- FOILES MW, GRAHAM RT, OLSON DFJ (1990): *Abies grandis* (Dougl. ex D. Don) Lindl. grand fir. In BURNS RM, HONKALA BH (eds). *Silvics of North America: 1. Conifers, Agriculture Handbook 654*. U.S. Department of Agriculture, Forest Service: Washington DC: 52-59.
- FRÝDL J, DOSTÁL J, BERAN F, ČÁP J, FULÍN M, FRAMPTON J, BOŽIČ G, MÁTYÁS C (2018): Exotic *Abies* species in Czech provenance trials: Assessment after four decades. *Acta Silvatica et Lignaria Hungarica* 14: 9–34.
- GRÄLER B, PEBESMA E, HEUVELINK G (2016) Spatio-temporal interpolation using gstat. *R Journal* 8: 204–218.
- HANSEN OK, VENDRAMIN GG, SEBASTIANI F, EDWARDS KJ (2005): Development of microsatellite markers in *Abies nordmanniana* (Stev.) Spach and cross-species amplification in the *Abies* genus. *Molecular Ecology Notes* 5: 784–787.
- HARDTKE A, CARÉ O, RUBIN S, STEINER W, LEINEMANN L, GAILING O (2023): Wuchsleistung und genetische Variation unterschiedlicher Küstentannenherkünfte. *Thünen report* 105: 204–217.
- HIJMANS RJ (2023): terra: Spatial Data Analysis. R package version 1.7-18.
- HUBER C, LANGMAIER M, STADLMANN A, HOCHBICHLER E, GRABNER MAXIMILIAN, TEISCHINGER A, KONNERTH J, GRABNER MICHAEL, MÜLLER U, PRAMREITER M (2023): Potential alternatives for Norway spruce wood: a selection based on defect-free wood properties. *Annals of Forest Science* 80.
- KLEINSCHMIT J, SVOLBA J, RAU HM, WEISGERBER H (1997): The IUFRO *Abies grandis* provenance experiment in Germany - Results at age 18/19. *Silvae Genetica* 45: 311–317.
- KONNERT M, RUETZ W (1997): Genetic variation among provenances of *Abies grandis* from the Pacific northwest. *Forest Genetics* 4: 77–84.
- KULEJ M, SOCHA J (2008): Effect of provenance on the volume increment of grand fir (*Abies grandis* Lindl.) under mountain conditions of Poland. *Journal of Forest Science* 54: 1–8.
- LIAN C, GOTO S, HOGETSU T (2007) Microsatellite markers for Sachalin fir (*Abies sachalinensis* Masters). *Molecular Ecology Notes* 7: 896–898.
- MASON WL (2012): the role of true fir species in the silviculture of British forests: past, present and future. *Kastamonu Univ., Journal of Forestry Faculty*: 15–26.
- NOVOTNÝ S, GALLO J, BALÁŠ M, KUNEŠ I, FUCHS Z, BRABEC P (2023): Silvicultural potential of the main introduced tree species in the Czech Republic - Review. *Central European Forestry Journal* 69: 188–200.
- ORESHKOVA N V., BONDAR EI, SHAROV V V., DHUNGANA SP, GAILING O, KRUTOVSKY K V. (2023): Population genetic variation of microsatellite markers developed for Siberian fir (*Abies sibirica* Ledeb.) and European silver fir (*Abies alba* Mill.) using whole genome sequencing data. *Plant Genetic Resources: Characterisation and Utilisation* 21(2): 149-158.
- OTT TM, STRAND EK, ANDERSON CL (2015): Niche divergence of *Abies grandis*–*Abies concolor* hybrids. *Plant Ecology* 216: 479–490.
- Pebesma E (2018): Simple Features for R: Standardized Support for Spatial Vector Data. *The R Journal* 10: 439.
- Pebesma E, Bivand R (2023): *Spatial Data Science: With Applications*. R. Chapman and Hall/CRC: New York.
- Pebesma EJ (2004): Multivariable geostatistics in S: The gstat package. *Computers and Geosciences* 30: 683–691.
- Pebesma EJ, Bivand RS (2005): Classes and methods for spatial data in {R}. *R News* 5: 9–13.

- POSTOLACHE D, LEONARDUZZI C, PIOTTI A, SPANU I, ROIG A, FADY B, ROSCHANSKI A, LIEPELT S, VENDRAMIN GG (2014): Transcriptome versus genomic microsatellite markers: Highly informative multiplexes for genotyping *Abies alba* Mill. and congeneric species. *Plant Molecular Biology Reporter* 32: 750–760.
- R CORE TEAM (2022): R: A language and environment for statistical computing.
- RAU H, KÖNIG A, RUETZ W (2008): Ergebnisse des westdeutschen IUFRO- Küstentannen-Provenienzversuches im Alter 27. Beiträge aus der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt, Band 4: 62 S.
- RAU HM, SCHÖNFELDER E (2008): Experiences of cultivation with Grand fir (*Abies grandis* LINDL.) provenances in Western Germany - Results of assessments on 18 sites at age 27. *Austrian Journal of Forest Science* 125: 201–216.
- SAITO Y, LIAN CL, HOGETSU T, IDE Y (2005): Development and characterization of microsatellite markers in *Abies firma* and interspecific amplification in other Japanese *Abies* species. *Molecular Ecology Notes* 5: 234–235.
- SOUTH A, MASSICOTTE P (2023:): rnatuarearth: World map data from Natural Earth R package version 0.3.3.
- SPELLMANN H, BRANG P, HEIN S, GEB M (2015): Große Küstentanne (*Abies grandis* Dougl. ex D. Don. Lindl.). Göttinger Forstwissenschaften, Band 7: 29-46.
- WELLER A (2018): Analyse des Wachstums von Großer Küstentanne und Douglasie. *Austrian Journal of Forest Science* 135: 53–89.

Autorin und Autoren

OLIVER CARÉ, OLIVER GAILING, LUDGER LEINEMANN

Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Büsgenweg 2, 37077 Göttingen,

Kontakt: oliver.care@forst.uni-goettingen.de

OLIVER CARÉ, JEREMIAS GÖTZ, OLEKSANDRA KUCHMA, BERNHARD HOSIUS, LUDGER LEINEMANN

ISOGEN GmbH und Co KG, Büsgenweg 2, 37077 Göttingen

ANDRÉ HARDTKE, WILFRIED STEINER

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

Phänotypisierung und Stresserkennung von Baumschulpflanzen mittels UAV-Thermal und Multispektral-Imaging

FRANK BECKER, ERIC FRANK, RALF KÄTZEL

Zusammenfassung

Lässt sich der Einfluss unterschiedlicher Behandlungen von Forstpflanzen während der Anzuchtphase in der Baumschule großflächig mittels drohnengetragenen Infrarot- oder Multispektralkameras kontrollieren? Diese Frage wurde in den Jahren 2022 und 2023 in einem Eichenbeet (*Quercus petraea*, ein- und zweijährig) der Forstbaumschule „Stadtsee“ (Eberswalde, Brandenburg) untersucht. Das Eichenbeet wurde in zwölf (1 x 2 m große) Parzellen unterteilt, die mit dreimaliger Wiederholung mit den Varianten „Praxiskontrolle / Kreisregner“, „Wassermangel / Folienzelt“, „Zusatzbewässerung“ und „N-Düngung“ behandelt wurden.

Der Behandlungseffekt wurde auf der Grundlage von Blattinhaltsstoffen überprüft. Hierzu wurden während der Vegetationsperiode an jeweils 3-4 Probenahmeterminen (Juli, August, September) je Parzelle drei Mischproben von Blättern entnommen. Die Eichen reagierten auf die unterschiedlichen Behandlungen z. B. mit deutlich erhöhten oder erniedrigten relativen Blattwasseranteilen, Gehalten an Chlorophyllen, löslichen Aminosäuren und Kohlenhydraten.

Gleichzeitig wurden die Parzellen mit einer drohnengetragenen RGB-, Infrarot- sowie einer Multispektralkamera überflogen. Der drohnengetragene Thermalsensor konnte mit einer Auflösung von ca. 3 cm die Parzellen mit unzureichender Wasserversorgung eindeutig identifizieren, deren Blattoberflächentemperatur um maximal 13 grad über denen der anderen Parzellen lag. Der *Normalized Difference Red Edge* (NDRE) -Index reagierte auf die erhöhten Chlorophyllgehalte der Stickstoffvarianten. Der häufig verwendete *Normalisierte Vegetations Index* (NDVI) konnte dagegen die Parzellen nicht differenzieren.

Im Nebenergebnis wies die Drohnenüberwachung eine uneinheitliche und teilweise unzureichende Bewässerung mit Kreisregnern im praktischen Baumschulbetrieb nach.

Abstract

Phenotyping and stress detection of nursery plants using UAV thermal and multispectral imaging

Is it possible to monitor the influence of different treatment methods during the cultivation phase on a large scale using drone-mounted infrared or multispectral cameras? This question was investigated in 2022 and 2023 in an oak plot (*Quercus petraea*, one- and two-year-old) at the forestry nursery (Eberswalde, Brandenburg). The oak plot was divided into twelve (1 x 2 m) parcels, treated in triplicate with the following variants: practical control / sprinkler, water deficit / foil tent, supplemental irrigation, and nitrogen fertilization.

The success of the treatments was assessed based on leaf constituents. For this purpose, during the growing season, three composite leaf samples were taken per parcel on 3-4 sampling dates (July, August, September). The oaks responded to the different treatments with significant changes, such as increased or decreased relative leaf water content, chlorophyll content, and contents of soluble amino acids and carbohydrates.

Simultaneously, the parcels were surveyed using a drone-mounted RGB, infrared, and multispectral camera. The drone-mounted thermal sensor, with a resolution of 3 cm, clearly identified parcels with insufficient water supply, where leaf surface temperatures were approximately 13 grd higher than those of other parcels. The *Normalized Difference Red Edge* (NDRE) Index responded to nitrogen-induced increases in chlorophyll levels in the nitrogen treatment variants. However, the commonly used *Normalized Difference Vegetation Index* (NDVI) failed to differentiate between the parcels.

As an additional finding, drone monitoring revealed inconsistent and partially insufficient irrigation using sprinklers in the practical nursery operation.

1 Forschungshintergrund und Untersuchungsziele

Aufwendige baumphysiologische Untersuchungen beruhten in der Vergangenheit häufig auf relativ wenigen Individuen, so dass immer wieder die Repräsentativität der Ergebnisse z. B. für eine Population kritisch hinterfragt wurde. Ebenso gleicht die Selektion von Baumindividuen mit spezifischen phänotypischen Eigenschaften aus einer großen Population meist der berühmten „Suche nach der Stecknadel im Heuhaufen“. Moderne drohnengetragenen (UAV) Sensoren, die bestimmte physiologische Leistungen detektieren, flächige Aufnahmen in kürzester Zeit und gleichzeitig räumliche Auflösungen von wenigen cm² erlauben, würden einen neuen innovativen Selektionsansatz erlauben. Ebenso könnte die Vitalität z. B. von Baumschulpflanzen über große Flächen detektiert und Ursachen von Blattschäden ermittelt werden. Allerdings setzt dies einen eindeutigen Ursache-Wirkungs-Zusammenhang zwischen der gärtnerischen Behandlung (z. B. Bewässerung, Düngung, Pflege), biochemischen Blattveränderungen und der strahlungsabhängigen Detektierbarkeit dieser Veränderungen durch physikalische Sensoren „aus der Ferne“ voraus. Die Möglichkeiten bodennaher Fernerkundungsverfahren zur Bewertung der Vitalität von Gehölzen wurden und werden in zahlreichen Studien untersucht und deren Ergebnisse von euphorisch bis kritisch diskutiert (Übersichten bei LAUSCH et al. 2018, ACKERMANN et al. 2022, ARBEITSGRUPPE FORSTLICHE FERNERKUNDUNG DER LÄNDER 2023).

Als gesichert kann gelten, dass Unterschiede im Chlorophyll- und Wassergehalt von Blättern durch physikalische Sensoren aus der Ferne detektiert werden können (Übersicht GALIENI et al. 2020). Somit sollte der Erfolg von baumschulischen Arbeiten, die unmittelbar auf diese beiden Blattkomponenten wirken, auch durch drohnengetragene Sensoren erkannt werden. Aus einer Vielzahl früherer Studien ist bekannt, dass sich Stickstoff(über)düngungen (KÄTZEL et al. 1995, TAUSZ et al. 2005) und Wassermangelbedingungen unmittelbar auf den Chlorophyll- und Blattwassergehalt, sowie auf zahlreiche andere Blattinhaltsstoffe auswirken (KÄTZEL und LÖFFLER 2014).

In wie weit sich derartige Behandlungen auf Traubeneichensämlinge in einem Baumschulbeet auswirken, wurde über zwei Jahre (2022, 2023) in der Forstbaumschule „Stadtsee“ (Eberswalde Bundesland Brandenburg) untersucht. Hierzu wurden in einem Baumschulbeet unterschiedlich behandelte Parzellen (N-Düngung, Trockenstress, Zusatzbewässerung, Kontrolle unbehandelt) mit dreifacher Wiederholung mit verschiedenen drohnengetragenen Sensoren (RGB, Thermalinfrarot, Multispektral) überflogen und jeweils gleichzeitig Blattproben der ein- bzw. zweijährigen Eichen entnommen und deren Inhaltsstoffe (Chlorophylle a+b, Carotinoide, Blattwassergehalt, Aminosäuren, Kohlenhydrate) analysiert.

Im Fokus der Untersuchungen standen folgende Forschungsfragen:

1. Wie wirken sich unterschiedliche Behandlungen auf potenziell UAV-detektierbare Blattinhaltsstoffe der Eichen aus?
2. Können die vier Behandlungsvarianten mittels gewonnener Bilddaten (RGB, thermal, multispektral) sicher voneinander unterschieden werden?
3. Welche Zusammenhänge bestehen zwischen unterschiedlichen Blatteigenschaften und ausgewählten Indizes der Fernerkundung?
4. Lässt sich der Vitalitätszustand von Baumschulpflanzen über den Einsatz von Drohnen einfacher und qualitativ sicher bewerten?

2 Material und Methoden

2.1 Untersuchungsstandort und Pflanzenmaterial

Der Versuch wurde im Mai 2022 in der landeseigenen Forstbaumschule „Stadtsee“ bei Eberswalde im Bundesland Brandenburg angelegt. In einem einjährigen Quartier mit Trauben-Eichen (*Quercus petraea* Matt., Herkunft 818 04) wurden dazu je vier Parzellen je 2x1 m mit Hilfe eines Differential-GPS-Empfängers (D-GPS) (Firma Alberding) Zentimeter-genau eingemessen. Zwischen den Parzellen betrug der Abstand ein Meter. Dieses Schema wurde zweimal wiederholt, so dass für die anschließenden Untersuchungen drei Wiederholungen zur Verfügung standen. Der Abstand zwischen den Wiederholungen betrug 5 Meter.

Abbildung 1: Anordnung der 12 Untersuchungsparzellen (1 x 2 m, 4 Varianten x 3 Wiederholungen, 5 m Abstand zwischen den Varianten) in einem Eichenbeet



Quelle: LFE (F. BECKER).

2.2 Behandlungsvarianten

Die angelegten Parzellen wurden während der beiden Vegetationsperioden in den Jahren 2022 und 2023 mit je vier unterschiedlichen Varianten behandelt. Die Variante „P“ (Baumschul-Praxis, Kontrolle (K)) erfuhr keine weitere spezielle Behandlung außerhalb des laufenden Baumschulbetriebs. Die Variante „Zusätzliche Bewässerung (W)“ dagegen wurde zusätzlich zur baumschuleigenen Kreisregner-Bewässerung mittels eines auf der Fläche aufgestellten 1.000 Liter Fasses mit Gießkannen regelmäßig und gleichmäßig gegossen. Im Jahr 2023 betrug die zusätzliche auf die Parzellen „W“ ausgebrachte Wassermenge rund 150 Liter pro Quadratmeter. Die Variante „Zusätzliche Stickstoffdüngung (N)“ wurde mit einem NPK-Dünger in dreifacher der empfohlenen Menge gedüngt. Die Variante „Trockenstress (TS)“ wurde mit Hilfe eines seitlich offenen Folienzeltens vor Niederschlag geschützt. Ein 100 %iger Schutz vor Niederschlägen wurde allerdings nicht erreicht, da Sickerwasser von den Seiten aus an die Pflanzen gelangen konnte.

Instrumentierung: Neben den drei Parzellen der Variante „Zusätzliche Bewässerung (W)“ wurden je ein Regenmesser nach HELLMANN aufgestellt. An zwei Regenmessern und in zwei Trockenstress-Zelten wurden vier Temperaturlogger installiert. Alle installierten Temperaturlogger waren in weißen Wetterschutz-Ummantelungen aus Plastik positioniert und somit nicht dem direkten Sonnenlicht ausgesetzt. Als Vergleichsstation für die eigenen meteorologischen Messungen diente die rund 20 Kilometer nordöstlich gelegene Klimastation Angermünde des DWD.

Die Lufttemperatur im Zelt der Variante T3 wich im Extremfall bis zu 13 grd von der Temperatur auf den übrigen Varianten ab. Nachts war ein schwach ausgeprägtes umgekehrtes Verhalten zu beobachten, die Temperaturen im Trockenstress-Zelt lagen unter denen der Freifläche.

2.3 Befliegung

Zur Aufnahme der luftgestützten Daten kamen handelsübliche unbemannte Luftfahrzeuge („Unmanned Aircraft Systems“, UAS, „Drohne“) des chinesischen Herstellers DJI zum Einsatz. Ein UAV des Typs Mavic 2 Pro für RGB-Daten, eine Mavic 2 Enterprise RTK mit Thermal-Kamera und im Jahr 2023 eine Matrice 300 RTK mit einer Micasense-Altum Kamera der TU-Berlin zur Aufnahme von RGB- und Multispektraldaten. Zur Georeferenzierung der mittels UAV gewonnenen Daten wurden auf der Versuchsfläche fünf luftbildsichtbare Passpunkte (Ground Control Points, GCPs) dauerhaft installiert und mittels D-GPS vermessen. Um die Passpunkte auch sicher im

Thermalbild zu erkennen, wurde auch „heiße“ Passpunkten angelegt. Dazu wurde unmittelbar vor der Befliegung heißes Wasser auf die Passpunkte gegossen. Zur Verifizierung der Parzellen wurden zusätzlich vor jeder Befliegung Markierungen im DIN-A4 Format ausgelegt und mit Bodennägeln verankert. Die Flüge fanden jeweils in Höhen von 5- 60 m statt, die Bodenauflösung (*ground sampling distance*, GSD) schwankte dadurch im Bereich zwischen 1 und 5 cm. Es wurden sowohl Einzelbilder als auch Serienaufnahmen für die Erzeugung flächiger True-Ortholuftbilder, sowohl Thermal- als auch RGB-Bilder, erstellt. Die Überlappung der Serienbilder betrug 80 % jeweils horizontal als auch vertikal. Die Befliegungen wurden immer an den Terminen der Blatt-Probennahme durchgeführt.

Zur Auswertung der thermalen Einzelbilder wurde die Software „Thermal Analysis Tool 2“ des Herstellers DJI verwendet. Für die Eichung der Bilder wurden die auf der Fläche erhobenen meteorologischen Daten genutzt. Die Software ermöglicht die Visualisierung der Temperaturen über mehrere Farbpaletten und erlaubt punkt-, transekt- und flächiges Messen der Temperatur im Einzelbild (Abb. 9). Flächige RGB- und thermale Ortho-Luftbilder wurden mit Hilfe der Software „Open Drone Map“ erstellt. Die verwendeten thermalen Einzelbilder wurden dazu mit Hilfe eines R-Skriptes (KATTENBORN 2023) zuvor kalibriert. Die Auswertung der flächigen Bilder erfolgte in der GIS-Software QGIS Vers. 3.26. In QGIS wurden gängige Indices wie NDVI, NDRE, GNDV und weitere berechnet und mit den Ergebnissen der Laboranalysen verglichen.

2.4 Blattprobennahme und Analyse der Blatteinhaltsstoffe

An sieben Terminen (4x 2022 und 3x 2023) innerhalb der Vegetationsperiode (Juni bis September) wurden pro Parzelle jeweils drei Zufalls-Mischproben à 15 Blättern aus dem oberen, besonnten Bereich der Beetpflanzen ohne Stiel abgeschnitten und unmittelbar in Trockeneis (-78,5°C) eingefroren.

Die Bestimmung des relativen Blattwassergehaltes, der Blatttrockenmassen, der Gehalte an Chlorophyllen, Carotinoiden, Kohlenhydraten und Aminosäuren erfolgte so wie bei KÄTZEL et al. (2025) beschrieben.

3 Ergebnisse

3.1 Biochemischen Blatteinhaltsstoffe in Abhängigkeit von den Behandlungsvarianten

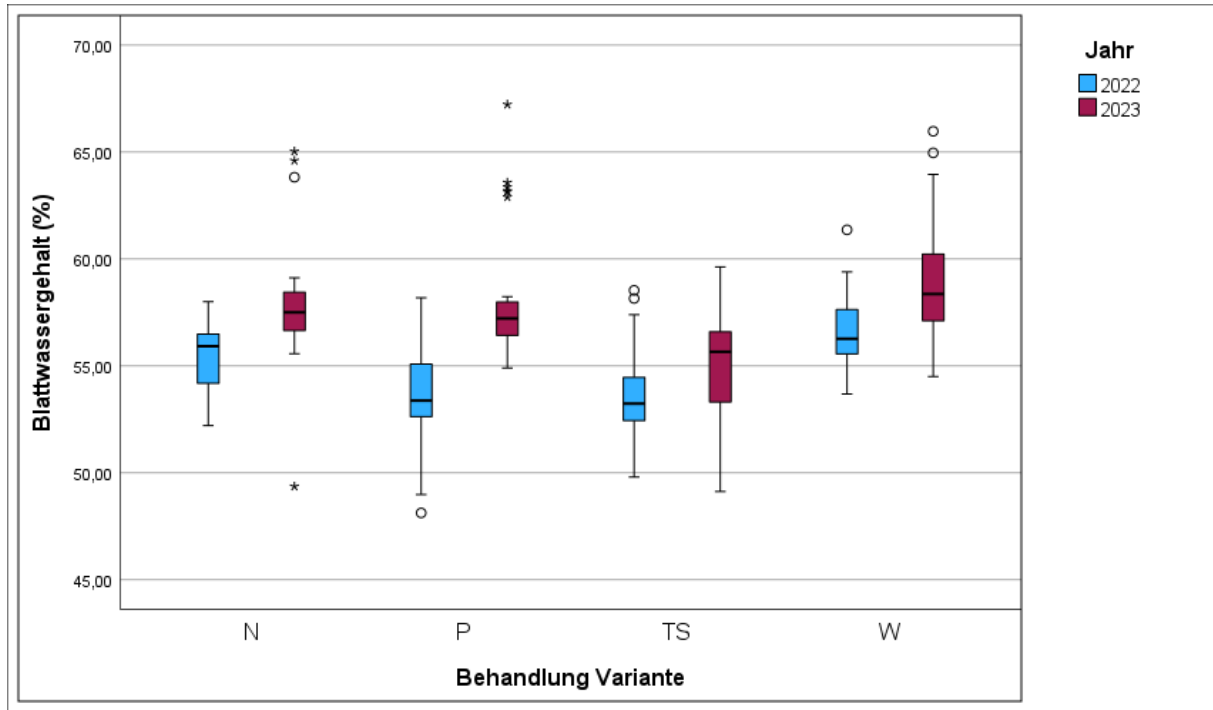
Die biochemischen Untersuchungen sollten zum einen den baumschulischen Behandlungserfolg der N-Düngung, Zusatzbewässerung und des Wasserentzugs überprüfen und zum anderen eine Bewertungsgrundlage für die physikalischen Sensoren bieten.

Die unterschiedliche Bewässerung spiegelte sich deutlich im Blattwassergehalt und im Falle des induzierten Trockenstress im prozentualen Anteil des Prolingehaltes an der Gesamtmenge der löslichen Aminosäuren wider. Die Referenzbereiche der Blattwassergehalte vitaler Traubeneichen liegen oberhalb von 55,9 %FM mit einem unteren Grenzwert von 54,4 %FM. Die Zunahme des Blattwassergehaltes in Folge der Zusatzbewässerung fiel im Jahr 2023 (MW=59,0± 3,0 %FM) höher aus als 2022 (MW=56,6 %FM). Insgesamt waren die Blattwassergehalte bei allen Varianten in 2023 höher als 2022. Mit Mittelwerten von 53,7 ± 2,3 %FM im Jahre 2022 lagen die Blattwassergehalte der Trockenstressvariante (TS) auf dem Niveau der Praxiskontrolle (P; MW=53,5 ± 2,2 %FG) und damit unterhalb des Referenzbereichs. Mit der Verbesserung der Bewässerung im Jahre 2023 waren die Unterschiede zwischen den Varianten deutlich größer [MW(2022)= 55,0 ± 2,6 %FG; MW(2023)=58,3 ± 3,2 %FG]. Die N-Düngung führte im Trockenjahr 2022 zu leicht höheren Blattwassergehalten (MW=55,5 %FG ± 1,5%FG) (Abb. 2).

Dass der Wasserentzug (TS) unter dem Foliendach die Eichen einem erheblichen Trockenstress aussetzte, zeigte u.a. der hohe prozentuale Prolingehalt (Bezugsgröße Gesamtgehalt aller löslichen Aminosäuren: GAS) in den Blättern, der mit einem Mittelwert (2023) von 32,3 %GAS und hohen individuellen Streuungen (s=17,4 %GAS)

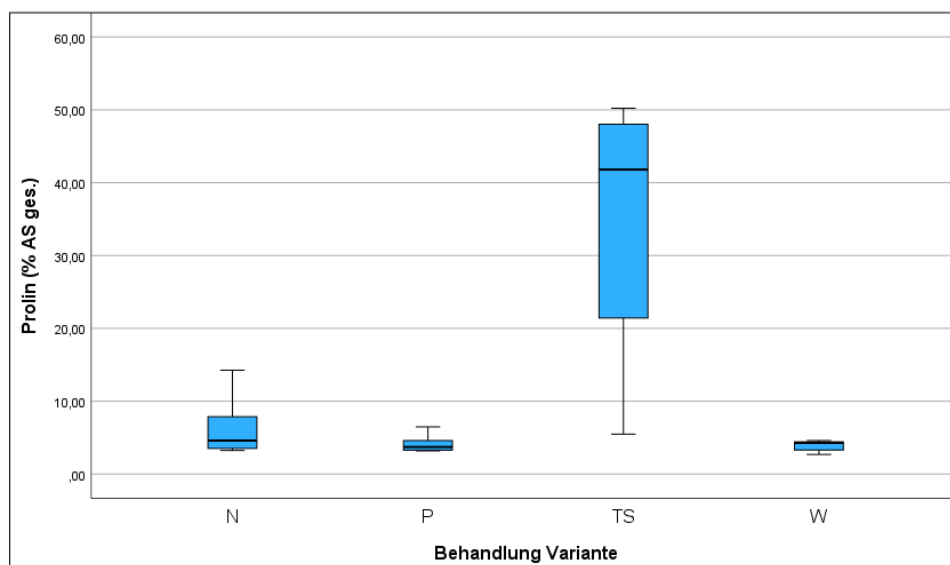
signifikant ca. 5-7fach über den Gehalten der Praxiskontrolle (P; $MW=5,8 \pm 5,2$ %GAS) und Bewässerungsvariante (W; $MW=4,2 \pm 1,1$ %GAS) lag. Einzelne Blattproben der gedüngten Eichen hatten ebenfalls erhöhte Prolinanteile (N; $MW=6,3 \pm 4,0$ %GAS) mit hohen Streuungen (Abb. 3).

Abbildung 2: Anteil (%) des Blattwassergehaltes an der Frischmasse der Blätter in beiden Untersuchungsjahren in Abhängigkeit von der Behandlungsvariante.



Quelle: LFE (F. BECKER).

Abbildung 3: Anteil (%) der Aminosäure Prolin an den Gesamtaminosäuregehalten in Abhängigkeit von der Behandlungsvariante im Jahr 2023 (je Variante 3 Probenahmeterminale mit jeweils 3 Mischproben, n=9).



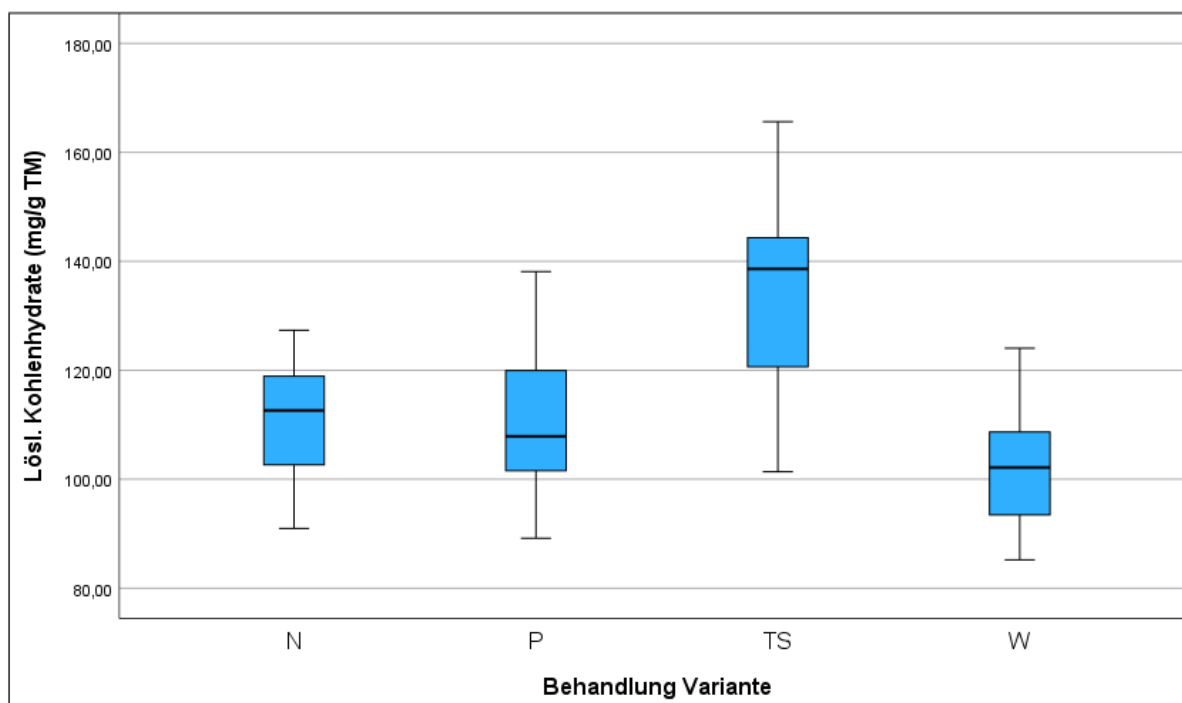
Quelle: LFE (F. BECKER).

Gleichfalls waren die Gesamtgehalte der löslichen Kohlenhydrate (Abb. 4), löslichen Aminosäuren (Abb. 5) und Gamma-Amino-Buttersäure (GABA) der trockengestressten Eichen signifikant erhöht.

Die Chlorophyllgehalte der eng im Saatbeet stehenden Eichen mit sich überlappenden Blätter unterlagen ebenfalls einer großen Streuung. Allgemein liegt der Referenzbereich vitaler Trauben-Eichen oberhalb von 4,9 mg/gTM mit einem unteren Grenzwert von 4,4 mg/gTM. Im Jahresvergleich waren die Gesamtchlorophyllgehalte der Blätter aus dem Jahr 2023 (MW=4,2 ± 1,1 mg/gTM) in allen Varianten höher als in 2022 (MW=3,2 ± 0,6 mg/gTM) und lagen damit unter den Referenzbereichen. Der Trockenstress führte bei den Eichen jedoch noch zu keinem signifikanten Chlorophyllabbau gegenüber der Bewässerungsvariante. Die dreifache Stickstoffüberdüngungen sollte bei den Eichen ein Anstieg des Chlorophyllgehaltes auslösen, was in beiden Untersuchungsjahren, aber insbesondere 2023, gelang (2022: MW=3,6 ± 0,4 mg/gTM; 2023: MW=5,2 ± 0,9 mg/gTM (Abb. 6).

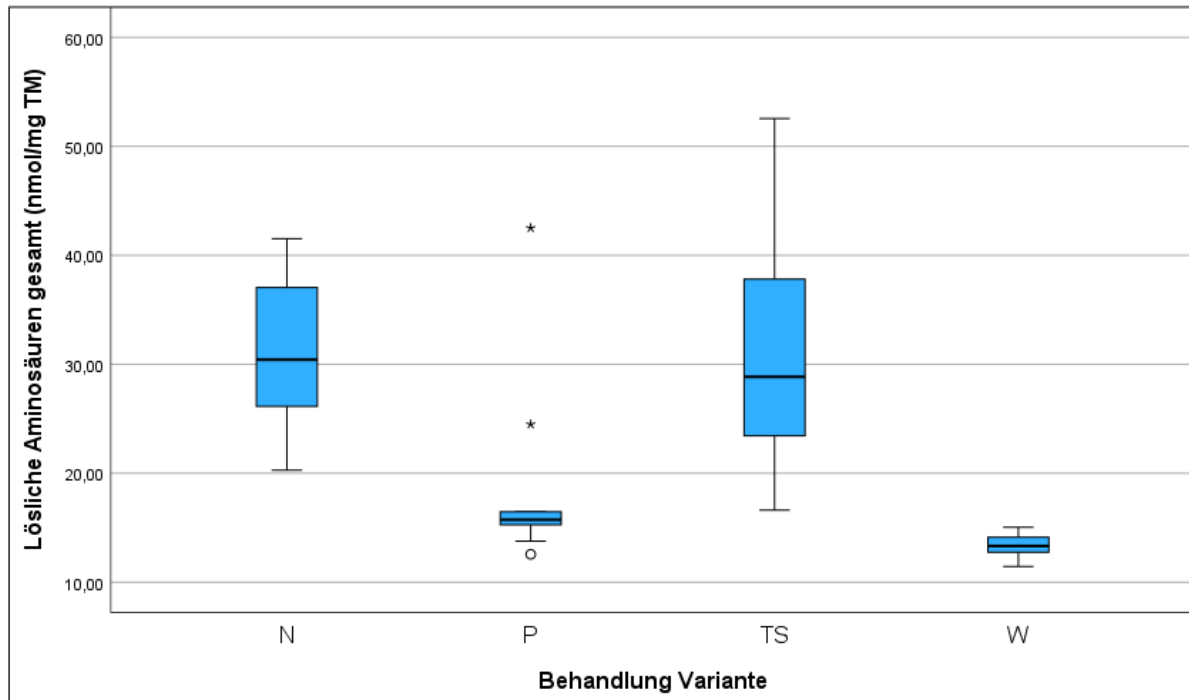
Der physiologische Effekt der N-Überdüngung zeigte sich in einem signifikant erhöhten Gehalt an löslichen Aminosäuren (Abb. 5) und insbesondere mehr als 2fach überhöhten Gehalt der löslichen Aminosäure Arginin, die mit einem Mittelwert (2023) von 0,29 ± 0,11 nmol/mg TM signifikant über den Gehalten der anderen drei Varianten lag (MW 0,13-0,17 ± 0,04 nmol/mg TM (Abb. 6).

Abbildung 4: Gesamtgehalte an löslichen Kohlenhydraten in Abhängigkeit von der Behandlungsvariante im Jahr 2023 (je Variante 3 Probenahmeterminale mit jeweils 3 Mischproben, n=9).



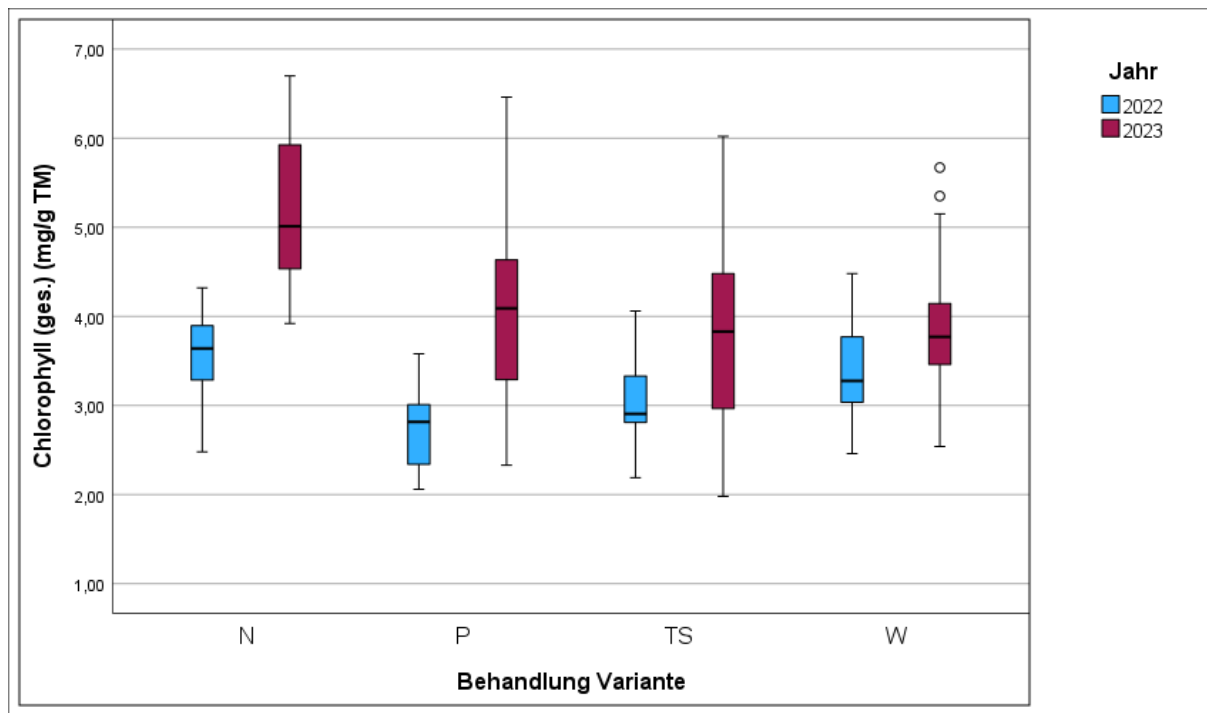
Quelle: LFE (F. BECKER).

Abbildung 5: Gesamtgehalte an löslichen Aminosäuren in Abhängigkeit von der Behandlungsvariante im Jahr 2023 (je Variante 3 Probenahmeterminale mit jeweils 3 Mischproben, n=9).



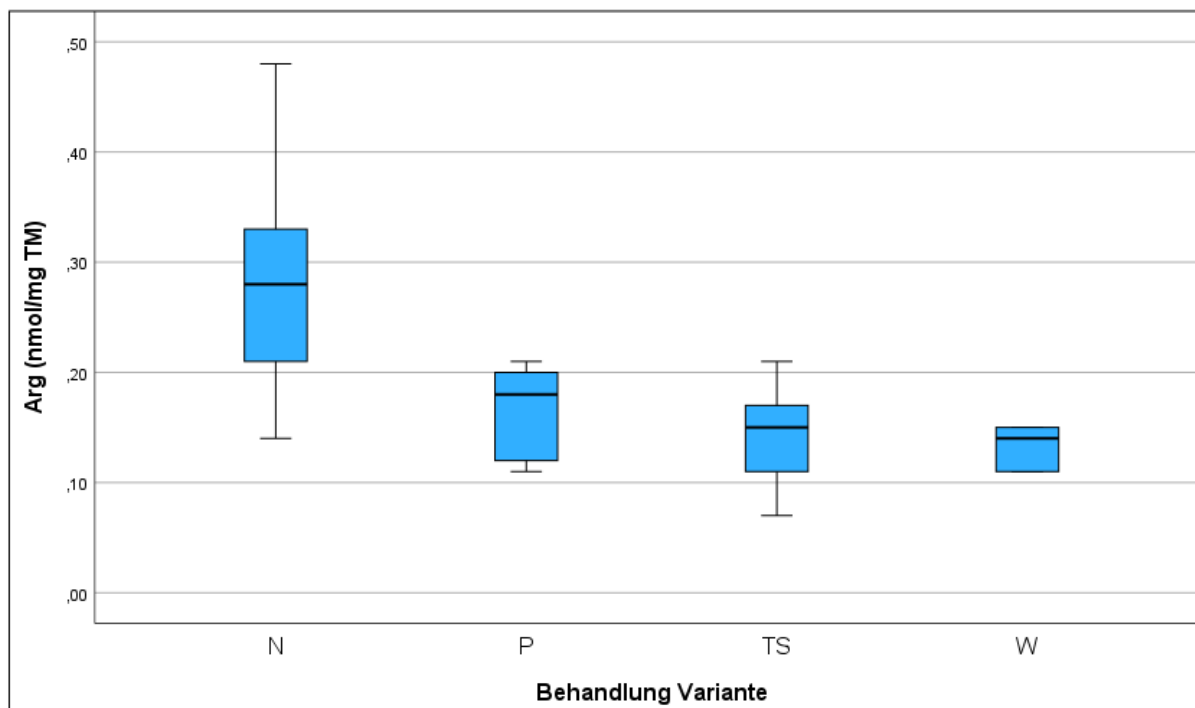
Quelle: LFE (F. BECKER).

Abbildung 6: Gesamtgehalt an den Chlorophyllen a und b der Blätter in beiden Untersuchungsjahren in Abhängigkeit von der Behandlungsvariante.



Quelle: LFE (F. BECKER).

Abbildung 7: Gehalt der Aminosäure Arginin der Blätter in beiden Untersuchungsjahren in Abhängigkeit von der Behandlungsvariante.



Quelle: LFE (F. BECKER).

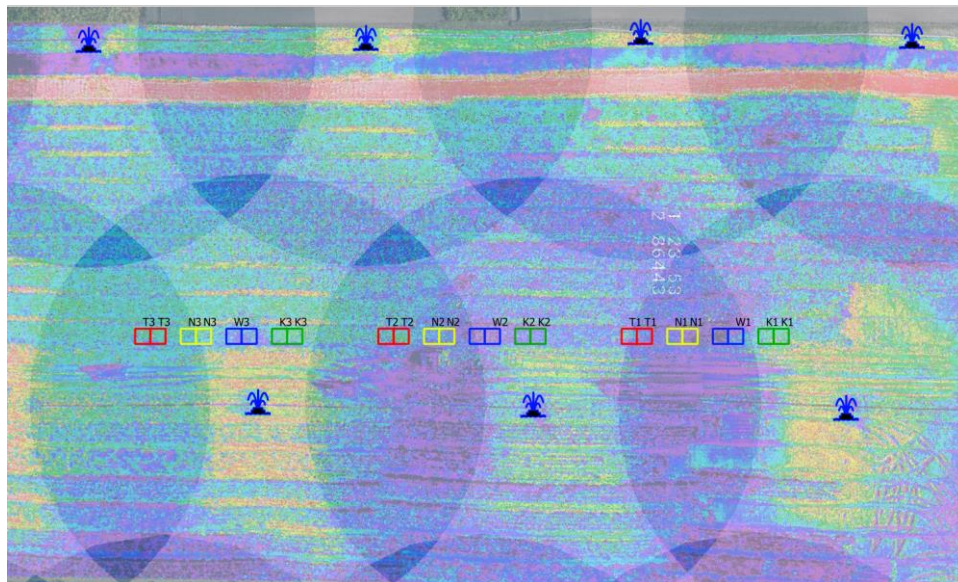
3.2 Ergebnisse der physikalischen Sensoren in Abhängigkeit von den Behandlungsvarianten

Die Aufnahmen mit Thermal-Infrarot-Sensoren folgen der These, dass sich in Abhängigkeit von der Wasserverfügbarkeit und der Transpirationsintensität die Oberflächentemperaturen der Blätter ändern. Transpirierende Pflanzen mit einer ausreichenden Wasserversorgung haben geringere Blatttemperaturen als Eichen, denen das Wasser entzogen wurde.

Alle Beete der Baumschule werden in Trockenperioden obligatorisch mit Kreisregner bewässert, wobei die Wassergabe relativ gleichmäßig erfolgen sollte. Die mit drohnengetragenen IR-Kameras flächig erfassten Beeten zeigen jedoch ein differenziertes Bild. Die Baumschulpflanzen wurden durch die Anordnung der Kreisregner mit 3-fach unterschiedlichen Intensitäten bewässert (Abb. 8). Die Aufnahmen vom 16. August 2022 zeigen, dass die Kontrollparzellen, die die praxisübliche Bewässerung in der Baumschule repräsentieren, unterdurchschnittlich bewässert wurden.

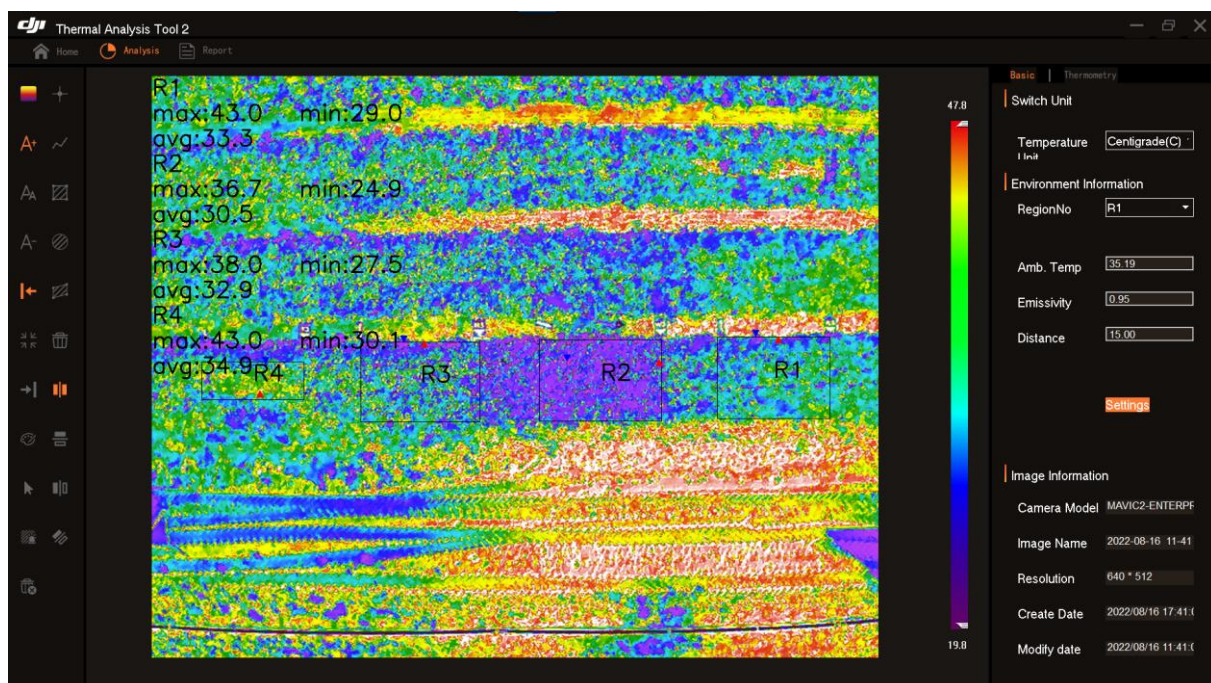
Vergrößert man die Auflösung, so zeigt das durch die Mavic 2Ea aufgenommene Thermalbild, z. B. der Parzelle 3, eine deutliche Temperaturdifferenzierung zwischen den vier Behandlungsvarianten (Abb. 9). Es ist zu erkennen, dass z. B. die Variante P3 (Durchschnittstemperatur 33,3 °C) auf einem ähnlichen Niveau wie Variante N3 (Durchschnittstemperatur 32,9 °C) liegt. Die zusätzlich bewässerte Parzelle W3 weist eine Durchschnittstemperatur von 30,5 °C auf. Diese kühlere Blatttemperatur lässt auf einen Kühlungseffekt durch erhöhte Verdunstung aufgrund der besseren Wasserversorgung schließen. Die höchste durchschnittliche Temperatur der Trockenstressparzelle T3 wurde mit 34,9 °C erreicht.

Abbildung 8: Beregnungsintensität und Thermalbild vom 16. August 2022.



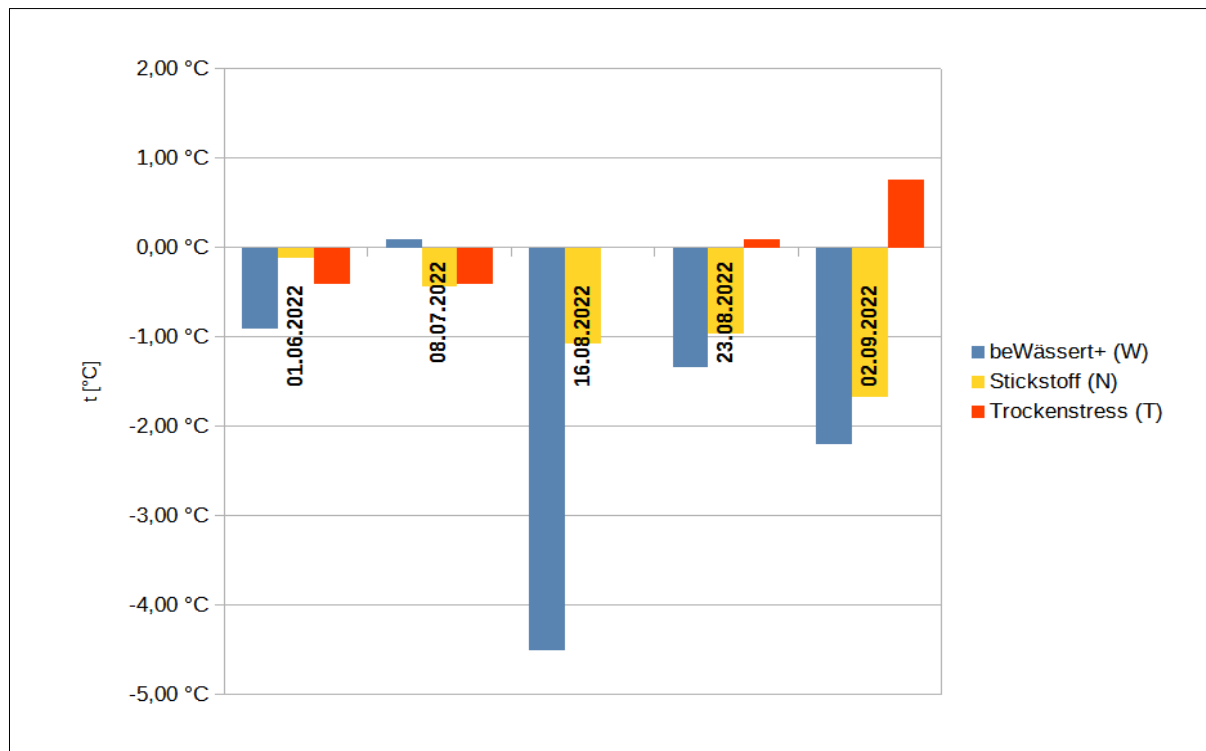
Quelle: LFE (F. BECKER).

Abbildung 9: Einzelnes Thermalbild aus 15 Metern Flughöhe vom 16. August 2022, (Beispiel Parzelle 3, Das Rechteck R1 entspricht der Behandlungsvariante P3; R2 der Variante W3; R3 der Variante N3 und R4 entspricht T3). Aufgrund einer geringen Neigung der Parzelle R2=W3 dehnt sich der Effekt noch etwas in westlicher Richtung aus.



Quelle: LFE (F. BECKER).

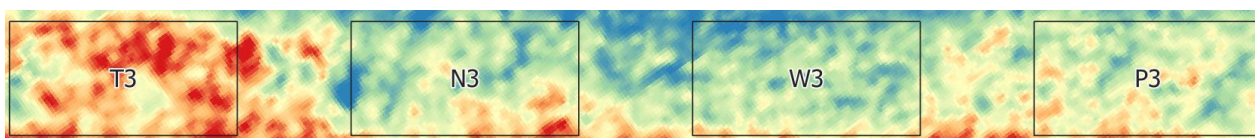
Abbildung 10: Abweichung der mittleren Temperatur der Behandlungsvarianten von dem Mittelwert der Praxis-Variante P an den Probenahme-Terminen im Jahr 2022.



Quelle: LFE (F. BECKER).

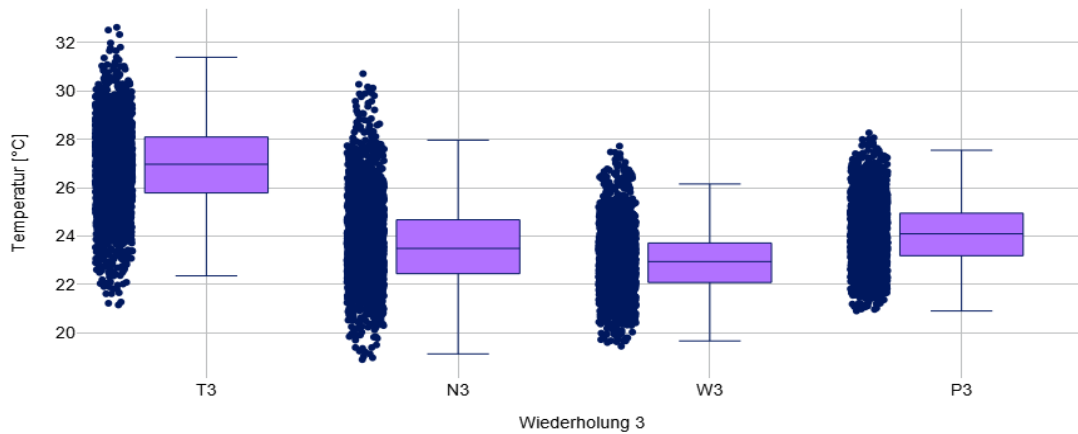
In Abbildung 11 repräsentieren die blauen Farbtöne tiefere, dagegen gelbe und rötliche Farbgebungen wärmere Temperaturen. Im Prinzip zeigte sich 2023 ein ähnliches Bild wie in der Abbildung 9 aus dem Vorjahr. Die Parzellen P3 und N3 zeigen leicht erhöhte Blatttemperaturen, in der Trockenstress Variante T3 überwiegen deutlich die rötlichen Farbtöne; die zusätzliche Bewässerungsvariante W3 war ausgeglichen. Aus den mit hoher Überlappung geflogenen einzelnen Bildern wurde nach einer Kalibrierung mittels R-Script ein flächiges Thermal-Orthobild, das mit der *Open Drone Map*-Software erstellt wurde (Abb. 11).

Abbildung 11: Thermal-Orthobildbild vom 14. September 2023, (Beispiel Parzelle 3, 3. Probennahme, Bodenauflösung 3 cm pro Bildpixel).



Quelle: LFE (F. BECKER).

Durch die Auflösung von ca. 3 cm je Bildpixel fallen in einer Variante rund 2.150 Temperaturwerte an, die statistisch ausgewertet wurden (Abb. 12).

Abbildung 12: Temperaturwerte der Parzellen der 3. Wiederholung am 14. September 2023.

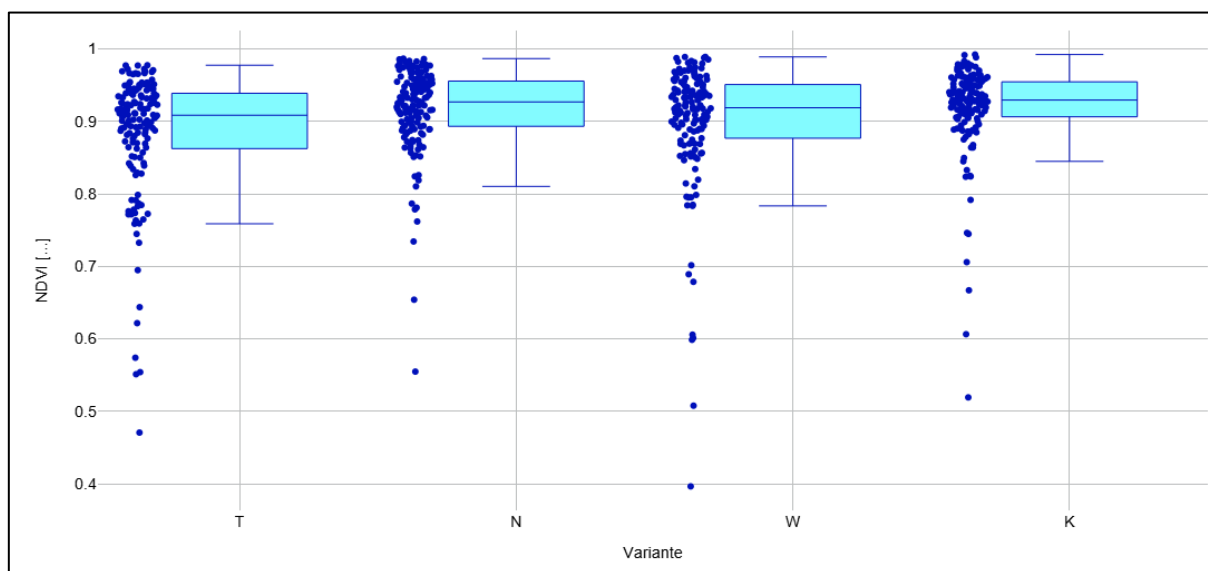
Quelle: LFE (F. BECKER).

3.3 Auswertung der Indizes

Die ursprünglich für satellitenbasierte Bilddaten entwickelten Reflektions-Indizes können auch auf hochauflösende, durch Drohnen gewonnene Bilder angewandt werden. Sie ermöglichen u.a. eine Normalisierung der Reflexionswerte für bestimmte Wellenlängen(-bereiche) (Bänder). Für den Baumschulversuch wurden drei Indizes berechnet: (1) der häufig verwendete „*Normalisierte Vegetations Index*“ (NDVI, Rouse, J.W., Haas, R.H., Schell, J.A., Deering, D.W. 1974), (2) der NDRE-Index („*Normalized difference red edge Index*“) und (3) der GNDV-Index („*Green Normalized Difference Vegetation Index*“), der statt dem roten Band den grünen Spektralbereich zur Berechnung benutzt.

Der NDVI wird oft für die „Vitalität“ der betrachteten Vegetation herangezogen. In der Abbildung 13 ist jedoch kein signifikanter Unterschied zwischen den Behandlungsvarianten zu erkennen, obwohl die biochemischen Werte für die Variante T deutlichen Trockenstress zeigten.

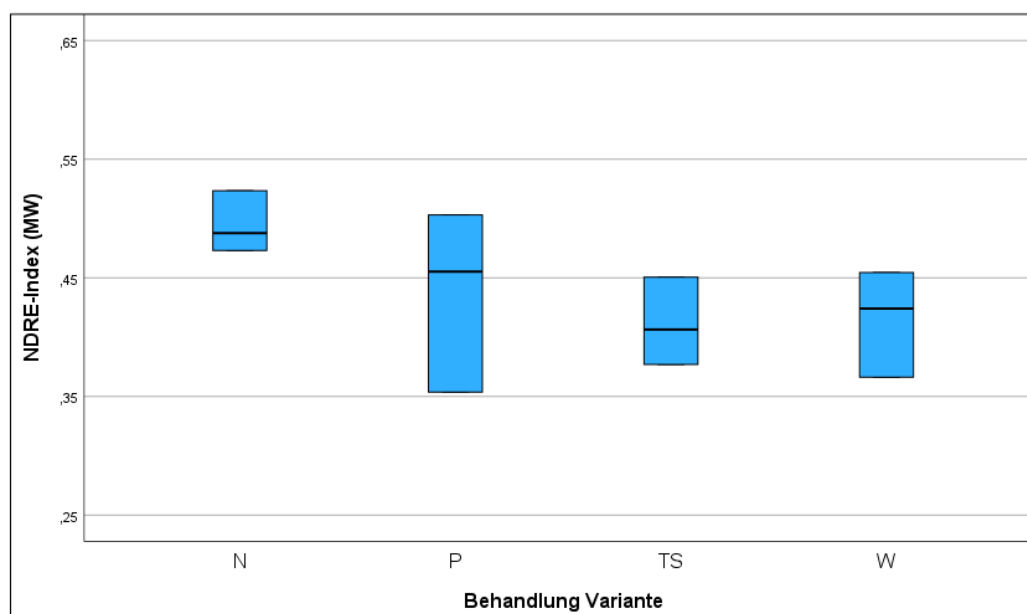
Abbildung 13: Beispielhafte Berechnung des NDVI-Index für die vier Varianten auf Grund der Befliegung vom 14. September 2023.



Quelle: LFE (F. BECKER).

Der NDRE-Index benutzt zusätzlich zu dem beim NDVI verwendeten nahen Infrarot-Bereich den sogenannten „Red Edge“-Bereich. Dies ist ein Spektralbereich zwischen 670-760 nm im Übergang zwischen dem sichtbaren Rot und dem nahen Infrarot ($NDRE = (NIR - RedEdge)/(NIR + RedEdge)$). Bei dem Baumschulversuch zeigte sich ein Anstieg des NDRE bei der mit Stickstoff überdüngten Variante (N). Die von Trockenstress betroffenen Parzellen (TS) blieben wie schon bei NDVI unauffällig (Abb. 14).

Abbildung 14: Beispielhafte Berechnung des NDRE-Index für die vier Behandlungsvarianten auf Grundlage der Befliegung vom 14. September 2023.



Quelle: LFE (F. BECKER).

Der GNDVI-Werte ähnelten dem NDRE-Index, wenn auch mit höheren absoluten Werten und einer größeren Streuung. Die Trockenstressvariante war auf dem Niveau der Kontrolle (P) und der gut wasserversorgten Variante (W), so dass der Index keinen Beitrag zur Differenzierung dieser Varianten lieferte. Wie beim NDRE wurden bei der Variante Stickstoff-Düngung (N) leicht erhöhte Werte ermittelt.

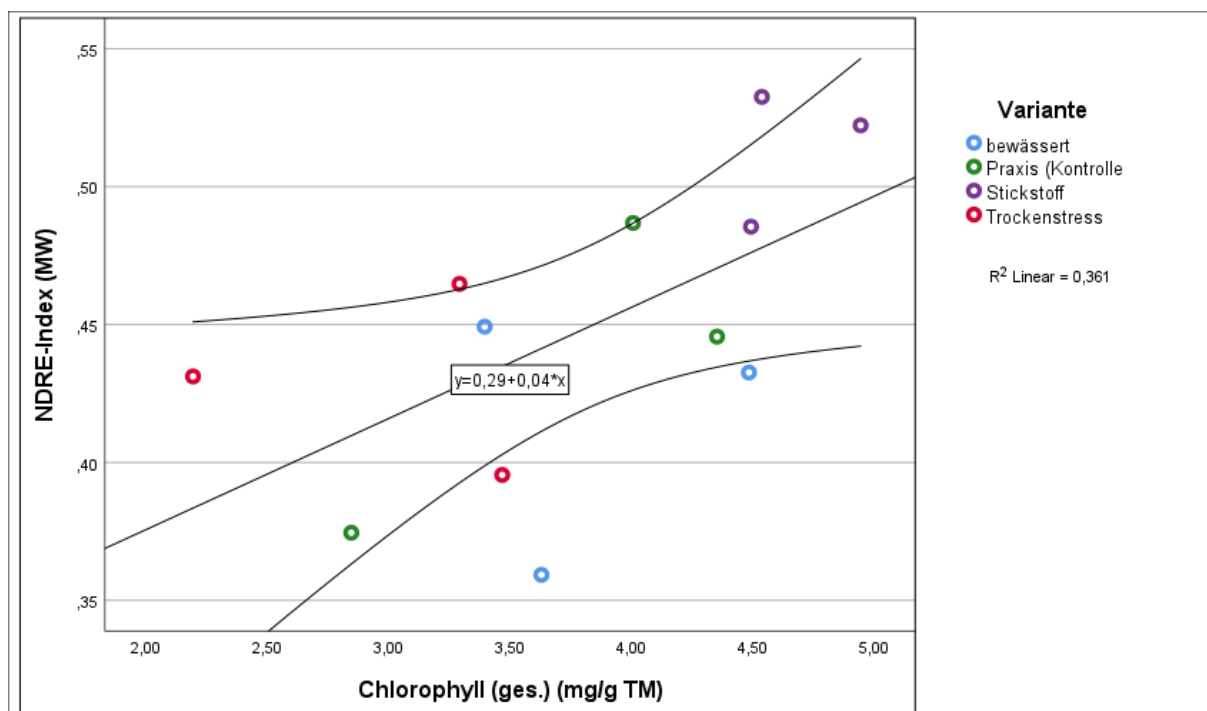
3.4 Integrative Auswertung zwischen Behandlungsvarianten, Fernerkundungsindizes und Biomarkern

Zusammenhänge zwischen den untersuchten Blattinhaltsstoffen und den abgeleiteten Indexwerten bestanden nur zwischen dem Gesamtgehalt an Chlorophyllen und dem NDRE-Index ($r^2=0,36$, Abb. 15).

Darüber hinaus bestand ein Zusammenhang zwischen der mittels Drohne gemessenen Blattoberflächentemperatur und dem relativen Blattwassergehalt der Eichenpflanzen. Da sich die beiden Untersuchungsperioden (Sommer 2022 und 2023) sehr unterschieden, wurden die Zusammenhänge jahresweise getrennt ausgewertet. Wie erwartet, sank in beiden Jahren die Blattoberflächentemperatur mit steigenden relativen Blattwassergehalt ($r^2= 0,46$ und $0,63$; Abb. 16).

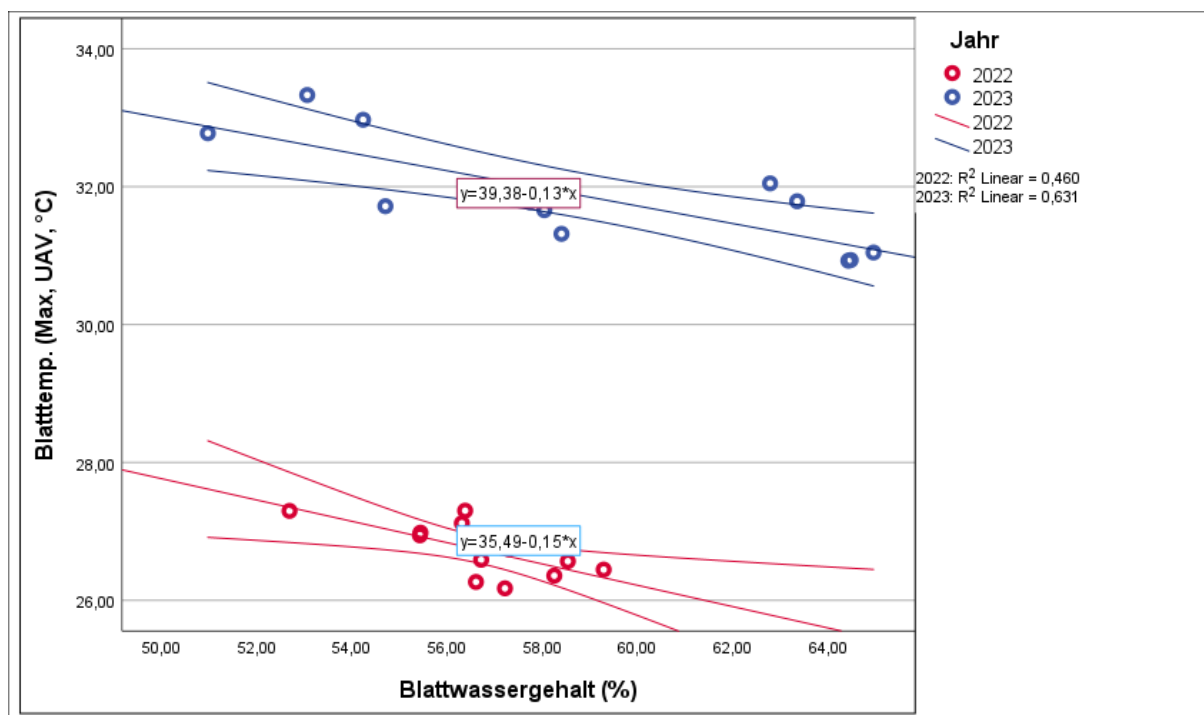
Wie die Abb. 17 zeigt, lieferte der häufig verwendete NDVI-Wert keine Information über die Wasserversorgung der Eichen, solange der Chlorophyllgehalt nicht beeinträchtigt wird.

Abbildung 15: Beziehungen zwischen dem NDRE-Index und dem Chlorophyllgehalt. Jeder Punkt repräsentiert den Mittelwert aller sieben Probennahmetermine einer Parzelle.



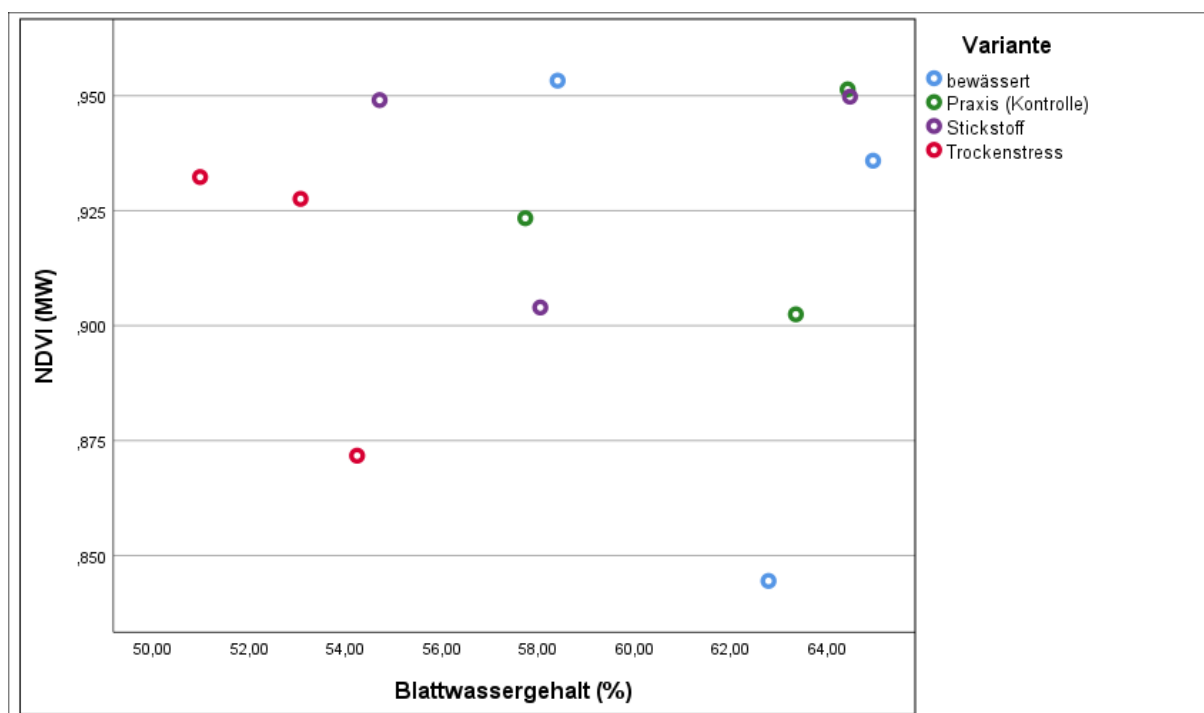
Quelle: LFE (F. BECKER).

Abbildung 16: Beziehungen zwischen Blattoberflächentemperatur (UAV) und Blattwassergehalt (%FG), differenziert nach Untersuchungsjahren 2022 und 2023. Die Punkte repräsentieren die Mittelwerte aller Parzellen und Probenahmen unabhängig von der Behandlungsvariante.



Quelle: LFE (F. BECKER).

Abbildung 17: Beziehungen zwischen dem NDVI und dem relativen Blattwassergehalt. Jeder Punkt repräsentiert den Mittelwert aller sieben Probennahmetermine einer Parzelle differenziert nach Behandlungsvariante

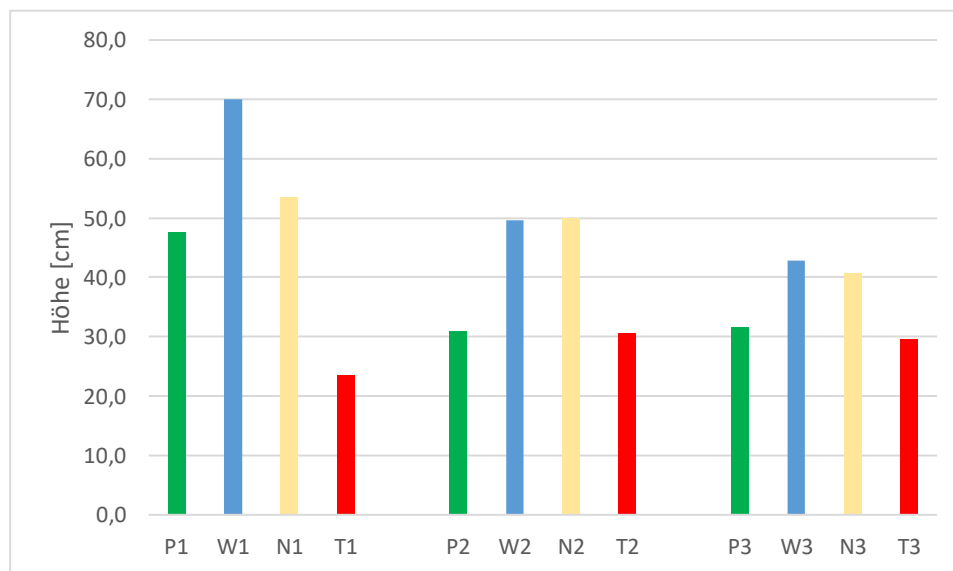


Quelle: LFE (F. BECKER).

3.5 Baumhöhen

Zu Beginn des Versuches und am 30.06.23 wurden die durchschnittlichen Baumhöhen je Parzelle gemessen. Die Baumhöhen sollte neben den biochemischen Blattinhaltsstoffe weitere Informationen über die Wirkungen der unterschiedlichen Behandlungen liefern. Danach blieb das Höhenwachstum der Eichen auf allen Trockenstress-Parzellen hinter den Varianten „Bewässerung“ und „Stickstoff-Düngung“ zurück. Bedingt durch die (ungünstigen) Positionen der Parzellen 2 und 3 in Abhängigkeit von der künstlichen Beregnung der Kreisregner, lagen die Baumhöhen der „Trockenstressvariante“ und der „Praxisvariante“ gleich auf. Die Parzelle P1 könnte zusätzlich durch die Seitenbeschattung (nur vormittags) des östlich angrenzenden Alt-Baumbestandes im Höhenwachstum gefördert worden sein (Abb. 18).

Abbildung 18: Durchschnittliche Baumhöhen der Trauben-Eichen in den zwölf Parzellen am 30.06.2023.



Quelle: LFE (F. BECKER).

4 Diskussion

Die zweijährige Studie diente als Vorversuch für ein umfassendes Forschungsprojekt, das die Möglichkeiten von „*Fernerkundungsbasierten Monitoringverfahren auf Grundlage einer physiologisch fundierten Vitalitätsbewertung*“ von Waldbäumen in Mischbeständen (FeMoPhys: <https://femophys.lup-umwelt.de/>) untersuchen soll. Aus dem Blickwinkel der Forstgenetik sollte getestet werden, ob es mit praxisüblichen Verfahren der drohnenbasierten Fernerkundung möglich ist, Anpassungsreaktionen von Bäumen an Stresssituationen zu erkennen und ggf. einzelne Individuen zu selektieren. Obwohl bei einer Bodenauflösung von 3 cm auch einzelbaumorientierte Auswertungen möglich gewesen wären, lag der Schwerpunkt des Versuches auf der Unterscheidung von parzellenweisen Behandlungsvarianten.

Zunächst war es eine überraschende Feststellung, dass die „Kontrollvariante“ des Versuchs, die einer optimalen Baumschulbehandlung entsprechen sollte, durch eine unzureichende Bewässerung der Kreisregner unter Wassermangel litt, was sich letztlich auch in der Wuchshöhen der Eichen widerspiegelte. Die ursprünglich geplanten „Kontrollvarianten“ entsprachen daher eher einer „Praxisvariante“ mit eingesparter Bewässerung. Dieses unerwartete Ergebnis zeigt, dass thermale hochaufgelöste Luftbilder einen wertvollen Beitrag für die Überprüfung des Bewässerungsmanagements von Baumschulen leisten können.

Um abzusichern, dass die vier Behandlungsvarianten auch tatsächlich physiologische Anpassungsreaktionen auslösen, wurden an sieben Terminen Blattproben genommen, zu Mischproben vereint und biochemisch

untersucht. Die Biomarker der Eichenblätter spiegelten die gewünschten Reaktionen sehr gut wider, was sich an zahlreichen Veränderungen in den Blattinhaltsstoffen zeigte, und denen der Literatur entsprach (z. B. (Kätzel und Löffler 2014). D. h. die Parzellen ließen sich nach biochemischen Indikatoren differenzieren. So führte die Stickstoffüberdüngung zu einer geplanten Akkumulation von Chlorophyllen und Arginin, während der Wassermangel zahlreiche Veränderungen (Blattwassergehalt, Kohlenhydrate, GABA, Prolin etc.) der Blattinhaltsstoffe bewirkte. Allerdings war der Trocken- (und Hitze-)stress. Auch im Trockensommer 2022 nicht so intensiv, dass es zu Blattvergilbungen, d. h. zu einem Chlorophyllabbau kam. Die Pigmente des Photosyntheseapparates gelten allgemein über viele Stressphasen als hoch konserviert.

Im Gegensatz dazu zeigten sich nur wenige Zusammenhänge zwischen den Blattinhaltsstoffen und den drohnengetragenen Sensoren. Die Untersuchungen bestätigen die bereits aus Satellitenuntersuchungen bekannten Befunde, dass die verwendeten Sensoren und abgeleiteten Indizes vor allem die Chlorophyllgehalte widerspiegeln und die Blattoberflächentemperaturen messen können. Zwischen den vielen anderen Blattinhaltsstoffen, die durch die Behandlung in ihren Konzentrationen bzw. ihren stöchiometrischen Verhältnisse verändert wurden, konnten keine Zusammenhänge gefunden werden.

Am deutlichsten trat der Kühlungseffekt der Blatttranspiration resp. des Blattwassergehaltes gut wasserversorgter Eichen (Parzellen W) zu Tage. Da wie bereits dargestellt, die Varianten P und N durch die ungenügende Beregnung ebenfalls an Trockenstress litten, begann sich die Trockenstress-Variante TS erst zum Ende des Versuchs von den anderen beiden Varianten abzuheben.

Unterschiedliche Indizes ermöglichen ein Normalisieren, Quantifizieren und Klassifizieren der unterschiedlichen Farb- und Infrarotkanäle mit ihrer jeweiligen spektralen Bandbreite. Der erste Index, der „*Ratio Vegetation Index*“, wurde bereits 1969 durch JORDAN vorgeschlagen (JORDAN 1969). Im Jahre 1974 wurde der bis heute bekannteste Vegetations-Index, der „*Normalisierte Vegetations Index*“ (NDVI) durch (ROUSE et al. 1974) entwickelt. Dieser wurde vielfach modifiziert, indem der ursprünglich zur Berechnung benutzte rote Farbkanal durch den blauen oder grünen Farbkanal ersetzt wurde. Andere Ansätze brachten Sensor-spezifische Koeffizienten in die Formeln mit ein, ein Beispiel hierfür ist der „*Enhanced Vegetation Index*“ (HUETE et al. 2002). Vielversprechende Ansätze für die Trockenstress Detektion durch die Verwendung einer einzelnen Wellenlänge, statt wie üblich eine gewisse Bandbreite zu nutzen, konnten in diesem Versuch nicht berücksichtigt werden, da die hierfür notwendige Sensortechnik nicht zur Verfügung stand (D’ODORICO et al. 2021).

Dass der sehr häufig verwendete NDVI die unterschiedlichen physiologischen Zustände der Eichen infolge der verschiedenen Behandlungsvarianten nicht signifikant widerspiegelte, war überraschend. Solange sich die Pigmentgehalte der Blätter nicht stark verändern, ist der NDVI für die genannten Fragestellungen offensichtlich ungeeignet. Deutlich besser konnte der NDRE-Index den stickstoffbedingten Anstieg der Pigmente widerspiegeln.

Aus dem Blickwinkel der Genetik sind die teilweise recht hohen Streuungen der Werte interessant, da sie aus individuellen Variationen hervorgegangen sein können. Hierzu lohnen sich weitergehende Untersuchungen in der Zukunft.

Literatur

- ACKERMANN J, ADLER P, KOUKAL T, WASER LT (2022): Fernerkundungsdaten zur Schaderfassung in der forstlichen Praxis. AFZ-Der Wald (2): 20-24.
- AFFEL [Arbeitsgruppe Forstliche Fernerkundung der Länder] (2023): Möglichkeiten der satellitenbasierten Forstlichen Fernerkundung zur Unterstützung der bundesweiten Waldzustandserfassung (WZE).
- D’ODORICO P, SCHÖNBECK L, VITALI V et al. (2021): Drone-based physiological index reveals long-term acclimation and drought stress responses in trees. *Plant, Cell and Environment*: 3552–3570.
- GALIENI A, D’ASCENZO N, STAGNARI F et al. (2020): Past and Future of Plant Stress Detection: An Overview From Remote Sensing to Positron Emission Tomography. *Front Plant Sci* 11: 609155.

- HUETE A, DIDAN K, MIURA T et al. (2002): Overview of the radiometric and biophysical performance of the MODIS vegetation indices. *Remote Sensing of Environment* 83: 195–213.
- JORDAN CF (1969): Derivation of Leaf-Area Index from Quality of Light on the Forest Floor. *Ecology* 50: 663–6.
<http://dx.doi.org/10.2307/1936256>
- KATTENBORN T (2023): DJI thermal rpeg to tif (v. 0.5). https://github.com/tejakattenborn/dji_h20t_rpeg_to_tif, 2023.
 DJI thermal rpeg to tif (v. 0.5). https://github.com/tejakattenborn/dji_h20t_rpeg_to_tif.
- KÄTZEL R, MÖLLER K, SCHOPF R. 1995. Zum Einfluß stickstoffbelasteter Kiefern (*Pinus sylvestris* L.) auf den Entwicklungserfolg des Kiefernspanners (*Bupalus piniarius* L. [Lep.; Geometridae]). *Journal of Applied Entomology* 119: 21–28.
- KÄTZEL R, BECKER F, FRANK E, HÄUSER H, BING J, LÖFFLER S (2025): Phänotypisierung und Differenzierung von Plusbäumen der Rot-Eiche. *Thünen Report* 119: 148-167. DOI:10.3220/253-2025-23
- KÄTZEL R, LÖFFLER S (2014): Physiologische Indikatoren zur Bewertung von Trockenstress bei Bäumen. *Wasserhaushalt und Pflanzen - Historische Gärten im Klimawandel – Empfehlungen zur Bewahrung*. Generaldirektion der Stiftung Preußische Schlösser und Gärten Berlin-Brandenburg (Hrsg.).
- LAUSCH A, BORG E, BUMBERGER J et al. (2018): Understanding Forest Health with Remote Sensing, Part III: Requirements for a Scalable Multi-Source Forest Health Monitoring Network Based on Data Science Approaches. *Remote Sensing* 10: 1120.
- ROUSE JW, HAAS RH, SCHELL JA, DEERING DW (1974): Monitoring Vegetation Systems in the Great Plains with ERTS. Third ERTS-1 Symposium NASA, NASA SP-351, Washington DC: 309-317.
- TAUSZ M, LÖFFLER S, POSCH S et al. (2005): Do Photoprotective Pigments and Antioxidants in Needles of *Pinus sylvestris* relate to high N or water availability at field plots in a dry year? *Phyton* 45: 107–16.

Autoren

FRANK BECKER, ERIC FRANK, RALF KÄTZEL

Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE), Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde

Kontakt: frank.becker@lfb.brandenburg.de

Schnelltest zur Erkennung von *Lophodermium seditiosum* in forstlichem Saatgut: Etablierung einer Loop-mediated isothermal AMPlification (LAMP) zur Pathogendetektion

KATJA LIEDEL, KRISTIN MORGENSTERN, CHARLEEN M. LODE, BERNHARD SCHULDIT

Zusammenfassung

Die Kiefernschütte, ausgelöst durch den Pilz *Lophodermium seditiosum* MINTER, STALEY UND MILLAR, verursacht erhebliche Schäden in Kiefernbeständen. Unter Nutzung des Verfahrens der Loop-mediated isothermal amplification (LAMP) wurde ein zuverlässiger Schnelltest entwickelt, mit dem der Erreger dieser Krankheit im Saatgut der Bäume nachgewiesen werden kann. Zu diesem Zweck wurden insgesamt 12 pilzspezifische Primer designet, in 8 verschiedenen Kombinationen getestet und ein optimiertes LAMP-Test-Protokoll erstellt. Mittels dieses finalen Protokolls können geringste Konzentrationen der Schaderreger-DNA von bis zu 1 fg/μl in unter 30 min nachgewiesen werden.

Der neu entwickelte LAMP-Schnelltest wurde genutzt, um Jungpflanzen und Saatgut von *Pinus sylvestris* L. auf einen Befall mit *L. seditiosum* zu überprüfen.

Abstract

Rapid test for the detection of *Lophodermium seditiosum* in forest seed: Establishment of a loop-mediated isothermal AMPlification (LAMP) for pathogen detection

The *Lophodermium* needle cast, caused by the fungus *Lophodermium seditiosum* MINTER, STALEY UND MILLAR, causes considerable damage in pine stands. Using the method of loop-mediated isothermal amplification (LAMP), a reliable rapid test was developed with which the pathogen can be detected in the seeds of pine trees. For this purpose, a total of 12 fungus-specific primers were designed and tested in 8 different combinations, and an optimised LAMP test protocol was created. Using this final protocol, concentrations of the pathogen DNA of up to 1 fg/μl can be detected in less than 30 minutes.

The newly developed LAMP rapid test was used to screen young plants and seeds of *Pinus sylvestris* for an infestation with *Lophodermium seditiosum*.

1 Einleitung

Schäden und Ausfälle im Baumbestand durch die pflanzenschädigende Wirkung diverser Pilzarten stellen ein ernstzunehmendes Risiko in der Forstwirtschaft dar. Auch die Waldkiefer (*Pinus sylvestris* L.), die häufigste Baumart in Deutschland (BMEL 2024), ist von diesem Problem betroffen. Einer der phytopathogenen Pilze, die in Kiefernbeständen erhebliche Schäden verursachen können, ist *Lophodermium seditiosum* MINTER, STALEY UND MILLAR, der Erreger der Kiefernschütte. Diese Krankheit macht sich zu Beginn lediglich durch gelbe, später gelbbraune Infektionsflecken auf den jüngsten Nadeln eines Baumes bemerkbar (BUTIN 2011). Ist eine Nadel stark geschädigt, färbt sie sich zunächst komplett braun und wird schließlich verfrüht abgeworfen. Durch den Verlust der photosynthetisch aktiven Organe führt die Krankheit daher insbesondere bei jungen Bäumen oft zu erheblichen Zuwachsverlusten (JANSONS et al. 2016). Im Extremfall kann die Krankheit zum Absterben eines Baumes führen, wovon allerdings fast ausschließlich junge Kiefern betroffen sind. Daher ist der frühzeitige

Nachweis in Saatguterntebeständen und Jungpflanzen von besonderem Interesse. Für diesen Zweck werden effiziente und praxistaugliche Diagnoseverfahren benötigt.

Methoden, die auf dem Nachweis des Erregererbguts im Samen basieren, bieten sich für diesen Zweck besonders an. Im Gegensatz zu zeitintensiven mikroskopisch-morphologischen Untersuchungen der Pilze auf infiziertem Material, ermöglichen molekulare Methoden einen hohen Probendurchsatz und eine schnelle und zuverlässige Artbestimmung des Pathogens. Ein Verfahren, das diesen Ansprüchen besonders gut entspricht, ist die Loop-mediated isothermal amplification (LAMP). Mit dieser Methode wird DNA bei gleichbleibender Temperatur vervielfältigt (NOTOMI et al. 2000). Voraussetzung dafür ist die Erkennung von 6 Regionen der Ziel-DNA durch 2 Primerpaare, gemeinhin als FIP und BIP sowie F3 und B3 bezeichnet. Optional kann zudem ein sogenanntes Loop-Primerpaar verwendet werden, das 2 weitere Regionen der Ziel-DNA bindet und zusätzliche Startpunkte für die DNA-Replikation bietet (NAGAMINE 2002). Durch die Notwendigkeit der Erkennung mehrerer Zielsequenzen der DNA und der Verwendung von bis zu 4 Replikationsstartpunkten zeichnet sich das LAMP-Verfahren durch eine hohe Effizienz, Sensitivität und Spezifität aus.

2 Material und Methoden

Als Zielsequenz der DNA-Vervielfältigung via LAMP diente die internal transcribed spacer (ITS)-Region der rDNA-codierenden Sequenzen des Schaderregers. Mithilfe der Software PrimerExplorer V5 (<http://primerexplorer.jp/e/>; Eiken Chemical Co., Ltd.; Tokio, Japan) wurden 12 für *L. seditiosum* spezifische Primer designt und in 8 verschiedenen Kombinationen getestet. Mit der Primerkombination, die die besten Ergebnisse lieferte (Tabelle 1), wurde das LAMP-Protokoll anschließend optimiert. Dafür wurden verschiedene Reaktionstemperaturen, Primerkonzentrationen und -volumenverhältnisse sowie der Zusatz von Additiven wie BSA und Betain getestet und im Anschluss Spezifität und Sensitivität des Tests sowie dessen Funktionalität bei Beimischung von *Pinus*-DNA untersucht. Für das finale Protokoll wurden je Probenansatz 15 µl Isothermal Master Mix (ISO-001; OptiGene Ltd.), 7 µl Primermix (Mischungsverhältnis siehe Tabelle 1), 2 µl Wasser und 1 µl DNA verwendet und der Reaktionsansatz für 30 min bei 67 °C inkubiert. Mit diesem Protokoll wurden 5 verschiedene *L. seditiosum*-Kulturen sowie 23 weitere, artverschiedene Pilzkulturen getestet, um die Zuverlässigkeit des Schnelltests zu überprüfen.

Tabelle 1: Sequenzen der verwendeten LAMP-Primer mit ITS-Region als angestrebter Binding-Site und Zusammensetzung des LAMP-Primer-Mixes des finalen Protokolls zur Detektion von *L. seditiosum*.

Primername	Primer-typ	Sequenz (5'-3')	Konzentration [µM]	Volumen je Probe [µl]
Lop2-F3	F3	GCCTGTTTCGAGCGTCATT	10	2,0
Lop2-B3	B3	ATCCCTACCTGATCCGAGG	10	2,0
Lop2-FIP-T	FIP	CCACTGATTTTGAGGCAGGCCTTTTC CTCAAGCTCTGCTTGGTG	10	0,5
Lop2-BIP-T	BIP	GTCCGACCTTCAGCGCAGTAATTTT GTGTGTGGGGGTTGTG	10	0,5
Lop2-LF166	LF	TGACGAAGGCGAGCCCA	10	1,0
Lop2-LB166	LB	TAGGGAAGGACAGCAGGTGC	10	1,0

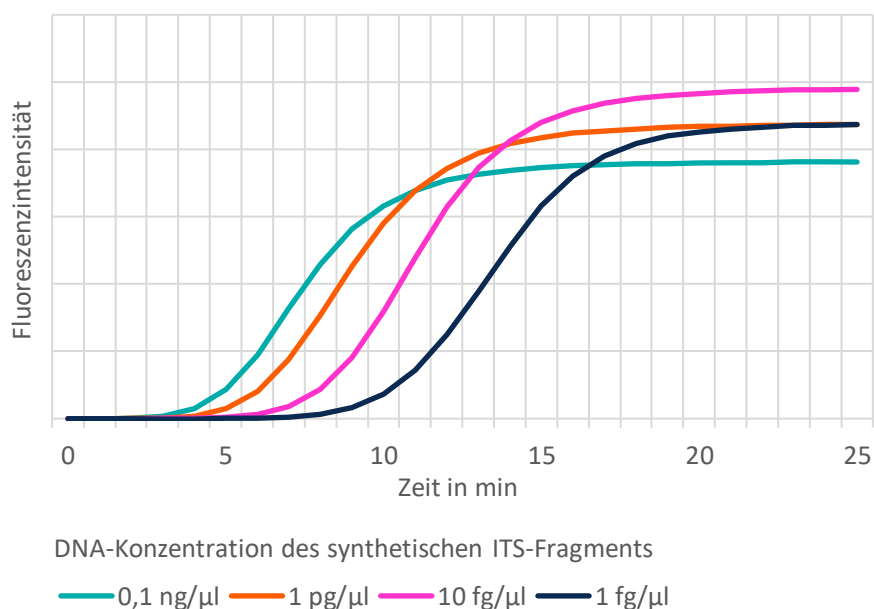
Quelle: TU Dresden (K. LIEDEL).

Für das Screening auf den Befall mit *L. seditiosum* wurden 24 junge *P. sylvestris*-Pflanzen aus 4 der 23 forstlichen Herkunftsgebiete in der Bundesrepublik Deutschland und 23 Saatgutlieferungen aus 19 Herkunftsgebieten getestet. Für die Untersuchung des Saatguts wurden dabei zunächst Keimpflanzen aus den Samen angezogen und pro Saatgutlieferung jeweils 30 der Jungpflanzen für das Screening verwendet. Im Anschluss daran wurde die DNA unter Verwendung des mit innuPREP Plant DNA-Kits (Innuscreen GmbH, Ref.: 845-KS-1060250) aus dem Pflanzenmaterial isoliert. Das Screening wurde mit dem oben beschriebenen finalen LAMP-Protokoll durchgeführt.

3 Ergebnisse

Im Rahmen des vorgestellten Projekts wurde erfolgreich ein LAMP-Schnelltest zur Detektion von *L. seditiosum* in Pflanzenmaterial von *P. sylvestris* entwickelt. Dabei werden LAMP-Primer, die an die ITS-Region der Pilz-DNA binden, verwendet. Die FIP- und BIP-Primer besitzen jeweils einen T-Spacer und zusätzlich zu den FIP-, BIP-, F3- und B3-Primern wird ein Loop-Primerpaar zur Effizienzsteigerung eingesetzt. Mit diesem Verfahren kann die DNA des Schaderregers bis zu einer Konzentration von 1 fg/μl innerhalb von 30 min nachgewiesen werden (Abbildung 1). Der LAMP-Test lieferte dabei für alle 5 getesteten *L. seditiosum*-Kulturen positive Ergebnisse, zeigte jedoch keine Kreuzreaktionen mit den weiteren untersuchten Pilzarten.

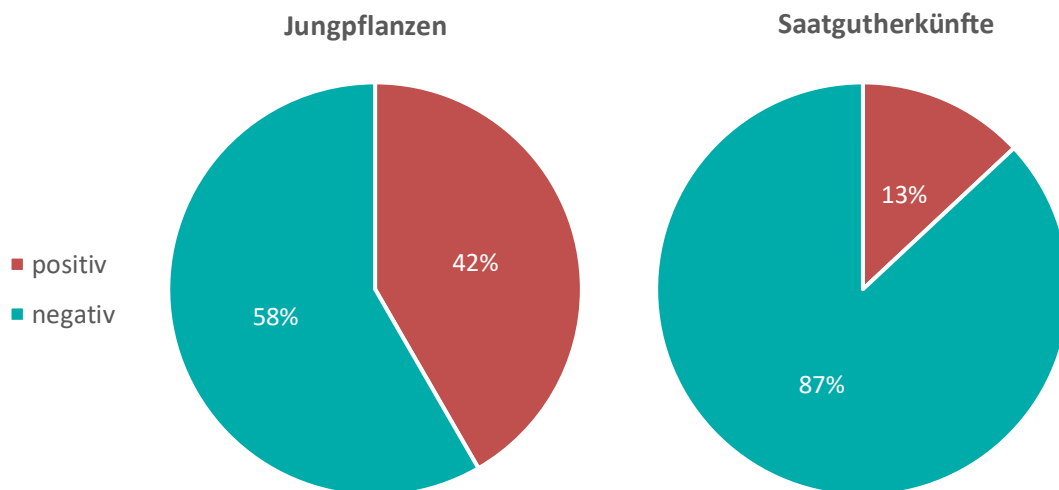
Abbildung 1: Amplifikationskurven der Verdünnungsreihe mit verschiedenen Konzentrationen eines synthetischen *L. seditiosum*-ITS-Fragments unter Verwendung des optimierten LAMP-Schnelltests.



Quelle: TU Dresden (K. LIEDEL).

Bei der Untersuchung des Waldkiefersaatguts auf einen Befall mit *L. seditiosum* wurde der Schaderreger in 3 der 23 Saatgutlieferungen nachgewiesen. Dabei waren jeweils eine, sechs und fünfzehn der 30 getesteten Keimpflanzen mit dem Pilz infiziert. Zudem wurde in 10 der 24 untersuchten *P. sylvestris*-Jungpflanzen eine Infektion mit dem Schadpilz nachgewiesen.

Abbildung 2: Resultate des Saatgut- und Jungpflanzenscreenings mit dem LAMP-Schnelltest zur Detektion von *L. seditiosum*. Untersucht wurden 24 Jungpflanzen und je 30 Keimpflanzen aus 23 Saatgutlieferungen von *P. sylvestris*.



Quelle: TU Dresden (K. LIEDEL).

4 Diskussion

Die Ergebnisse illustrieren eindrücklich das Potential des neuen LAMP-Tests zum frühen und zuverlässigen Nachweis des Kiefernscütte-Erregers und damit zur Prävention der Verbreitung des Pilzes. Durch die Detektion von *L. seditiosum* bereits vor der Aussaat können zum einen Ausfälle bei der Pflanzenanzucht vorgebeugt werden, zum anderen wird die Übertragung des Erregers von neu gepflanzten Jungbäumen auf vorhandene Bestände verhindert. Dies kann langfristig zu einer effektiven Eindämmung der Kiefernscütte führen. Der LAMP-Test ist zudem aufgrund seines geringen Arbeits-, Kosten- und Zeitaufwands bestens für einen großflächigen Einsatz in Forstbetrieben, bei Saatgutlieferanten und in Baumschulen nutzbar. Vergleichbare LAMP-Testkits für andere Schadpilze wie *Chalara fraxinea* T. KOWALSKI, dem Erreger des Eschentriebsterbens, oder *Dothistroma septosporum* (DOROG.) M. MORELET, der die Nadelbräune verursacht, sind bereits auf dem Markt verfügbar (OptiGene Ltd. 2024). Neben diesen kommerziell erhältlichen Tests gibt es zahlreiche weitere Forschungsarbeiten, die sich mit der Erforschung der Pathogendetektion per LAMP-Verfahren auseinandersetzen. So wurden an der Professur für Forstbotanik der TU Dresden bereits LAMP-Tests für die Detektion der Rostigen Douglasienscütte, hervorgerufen durch den Pilz *Rhabdocline pseudotsugae* SYD., sowie für die durch *Nothophaeocryptopus gaeumannii* (T. ROHDE) VIDEIRA, C. NAKASH., U. BRAUN UND CROUS verursachte Rußige Douglasienscütte entwickelt (MORGENSTERN et al. 2021, 2023). All diese Beispiele untermauern das innovative Potential, das das LAMP-Verfahren in Bezug auf die Optimierung der Forst- und Waldhygiene birgt.

Literatur

- BMEL [Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft] (2024): Der Wald in Deutschland - Ausgewählte Ergebnisse Der Vierten Bundeswaldinventur. BMEL, Berlin.
- BUTIN H (2011): Krankheiten Der Wald- und Parkbäume: Diagnose, Biologie, Bekämpfung. 4th ed. Eugen Ulmer KG.
- JANSONS Ā, NEIMANE U, POLMANIS K, ZAĻUMA A, GAITNIEKS T, BAUMANIS I (2016): Cumulative effect of needle cast on scots pine saplings. *Forestry Studies* 65: 5-15. doi:10.1515/fsmu-2016-0007
- NOTOMI T, OKAYAMA H, MASUBUCHI H et al. (2000): Loop-mediated isothermal amplification of DNA. *Nucleic Acids Res.* 28 (12): 63. doi:10.1093/nar/28.12.e63

NAGAMINE K, HASE T, NOTOMI T (2002): Accelerated reaction by loop-mediated isothermal amplification using loop primers. *Mol Cell Probes*. 16 (3): 223-229. doi:10.1006/mcpr.2002.0415

OptiGene Ltd. (2024): Plant health and pests diagnostics. Accessed August 20, 2024.
<https://www.optigene.co.uk/plant-health-and-pests-diagnostics/>

MORGENSTERN K, POLSTER JU, REICHE B, SCHÜTZEL P, HUTTER I, KRABEL D (2021): Role of phytopathogenic fungi in forest plant breeding – Development of DNA-based quick tests for quality assurance in forest plant production. *Environ Sci Proc*. 3 (1). doi:10.3390/IECF2020-07898

MORGENSTERN K, POLSTER JU, KRABEL D (2023): Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP): Eine einfache und kostengünstige Methode zum DNA-basierten Nachweis von phytopathogenen Pilzen in forstlichem Pflanzenmaterial. *Thünen Report* 105: 16-21.

Autorinnen und Autor

KATJA LIEDEL, KRISTIN MORGENSTERN, CHARLEEN M. LODE, BERNHARD SCHULDT
TU Dresden, Fakultät Umweltwissenschaften, Institut für Forstbotanik und Forstzoologie, Pienner Straße 19,
01737 Tharandt
Kontakt: Katja.Liedel@tu-dresden.de

Ist Anpassungsfähigkeit quantifizierbar? Schlussfolgerungen zur Gewinnung von genetisch hochwertigem forstlichem Vermehrungsgut

HEIKE LIESEBACH, CORNELIA BÄUCKER, BIRTE PAKULL, KATHARINA LIEPE, HANNAH MITTELBERG, PASCAL EUSEMANN

Zusammenfassung

Für den Erhalt und die Entwicklung resilienter, anpassungsfähiger und produktiver Wälder wird überall dort, wo Naturverjüngung nicht angezeigt ist, genetisch hochwertiges forstliches Vermehrungsgut aus Saatguterntebeständen oder Samenplantagen benötigt. Die Zulassung dieser Ernteeinheiten erfolgt dabei auf Grundlage von Regularien (FoVG, FoVZV, FoVDV und Empfehlungen des gGA), in denen Kriterien für „Resilienz“ und „Produktivität“ festgeschrieben sind. Das Kriterium „Anpassungsfähigkeit“, das unter den Bedingungen des Klimawandels eine entscheidende Bedeutung hat, findet darin aktuell jedoch noch keine ausreichende Berücksichtigung.

Anpassungsfähigkeit kann nicht direkt gemessen werden, sie kann aber indirekt über die genetische Diversität als Indikator geschätzt werden (Angepasstheit natürlich vorausgesetzt). Neue Erkenntnisse aus forstgenetischen Forschungsprojekten der letzten 10 – 15 Jahre zeigen, dass bei Naturverjüngungen die genetische Diversität des Elternbestandes annähernd repräsentiert ist. Dagegen beträgt die genetische Diversität bei Saatgut, das unter praxisnahen Bedingungen geerntet wurde, nur ca. $\frac{1}{3}$ bis $\frac{1}{2}$ derjenigen des Elternbestandes. Als direkt umsetzbare Maßnahmen zur Erhöhung der Anpassungsfähigkeit und zur Gewinnung von genetisch hochwertigem Vermehrungsgut aus Saatguterntebeständen empfehlen wir, deutlich mehr Individuen als bisher mindestens vorgeschrieben und räumlich gut verteilt pro Erntebestand zu beernten. Dazu sollen auch verbesserte Zulassungskriterien hinsichtlich größerer Ernteeinheiten sowie die Entwicklung von Erntebeständen bzw. deren Bewirtschaftung ohne vorherige Zielstärkennutzung beitragen. Darüber hinaus sind Saatgutmischungen aus mehreren Jahren und mehreren Erntebeständen sowie Mischungen bei der Pflanzung als Möglichkeiten zur Erhöhung der Diversität in Betracht zu ziehen. Für die Neuanlage von Samenplantagen wird eine deutlich höhere Klonzahl empfohlen.

Abstract

Is adaptability quantifiable? Conclusions on the production of genetically high-quality forest reproductive material

In order to maintain and develop resilient, adaptable and productive forests, genetically diverse, high-quality forest reproductive material is required wherever natural regeneration is not appropriate. Criteria for “resilience” and “productivity” are applied in our current regulations (FoVG, FoVZV, FoVDV and recommendations of the gGA) for the approval of seed stands and seed orchards. However, the criterion of “adaptability”, which is of crucial importance under the conditions of climate change, is currently not sufficiently considered.

Adaptability cannot be measured directly, instead it can be estimated indirectly using genetic diversity as an indicator (under assumption of adaptedness, of course). New findings from forest genetics research projects over the last 10-15 years show that the genetic diversity of the parent generation is approximately represented in natural regeneration, whereas in the case of seed harvest under practical conditions the genetic diversity is only approx. $\frac{1}{3}$ to $\frac{1}{2}$ of that of the parent stock.

The conclusions for the production of genetically high-quality reproductive material focus primarily on the harvesting of more and spatially well-distributed trees than previously required, on mixtures of seed from several crop years and several seed stands or mixtures during planting, as well as on enhanced approval criteria with

larger harvest units and a focused development and management as seed stands (without prior extraction of trees reaching target diameter). A significantly higher clone number is recommended when establishing new seed orchards.

1 Erhalt und Entwicklung resilienter, anpassungsfähiger und produktiver Wälder

Wälder haben eine herausragende Bedeutung für die Milderung der Folgen des Klimawandels und den Schutz der Biodiversität auf allen Ebenen. Den Erhalt und die Entwicklung resilienter, anpassungsfähiger und produktiver Wälder hat auch Deutschland als Ziel formuliert (Waldstrategie 2050, Gutachten des wissenschaftlichen Beirats für Waldpolitik beim BMEL „Die Anpassung von Wäldern und Waldwirtschaft an den Klimawandel“ (BAUHAUS et al. 2021), BMEL-Förderprogramm „Klimaangepasstes Waldmanagement“). Naturverjüngung ist dabei eine wichtige Grundlage. Allerdings wird überall dort, wo Naturverjüngung im Wald schwer möglich, nicht ausreichend oder unerwünscht ist, genetisch hochwertiges forstliches Vermehrungsgut benötigt. Dieses Vermehrungsgut wird in Deutschland in zugelassen Saatguterntebeständen oder Samenplantagen geerntet. Die Zulassung als Ernteeinheit erfolgt dabei auf Grundlage folgender Gesetze und darauf aufbauenden Verordnungen: Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG), Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung (FoVZV), Forstvermehrungsgut-Durchführungsverordnung (FoVDV) sowie den Empfehlungen des gemeinsamen Gutachterausschusses (gGA). Die Zulassungskriterien für Saatguterntebestände basieren überwiegend auf der Begutachtung phänotypischer Merkmale (Wuchsleistung, Qualität, Gesundheit). Diese Kriterien sind weiterhin wichtig und notwendig. Die Erfüllung der aktuell vorgeschriebenen Mindestanforderungen, die u. a. minimale Bestandesgrößen festlegen, führen jedoch nicht automatisch zu qualitativ hochwertigem Vermehrungsgut, das gleichzeitig genetisch hinreichend divers ist.

Neben der **Produktivität**, die anhand von Wuchsleistung und Holzproduktion (einschließlich CO₂-Fixierung) unter bisherigen Bedingungen bewertbar ist, werden die Kriterien **Resilienz und Anpassungsfähigkeit** für unsere Wälder immer wichtiger. Laut Definition ist Resilienz die Fähigkeit eines Systems zum Selbsterhalt. Dies bedeutet, existierende Wälder einschließlich potentieller Saatguterntebestände hinsichtlich ihres Vitalitätszustandes als an bisherige Bedingungen angepasste Ökosysteme mit allen Funktionen zu beurteilen. Das Kriterium der Anpassungsfähigkeit von Waldbaumpopulationen geht jedoch darüber hinaus und beinhaltet das Potential, auch unter sich ändernden Bedingungen zu überleben, zu wachsen sowie sich reproduzieren zu können. Obwohl der Klimawandel mit verschiedenen Szenarien modelliert wird, bleibt er doch mit großen Unsicherheiten behaftet, da z. B. Extremwetterereignisse und vor allem unbekannte biotische Faktoren kaum vorhergesagt werden können. Um Aussagen zum Anpassungspotential von Waldbaumpopulationen zu treffen, ist deshalb die Wissenschaft der Forstgenetik gefragt.

Ein möglicher Ansatz wird hier seit längerem mit der Entwicklung adaptiver genetischer Marker verfolgt. Dabei werden anpassungsrelevante phänotypische Merkmale von Individuen, u. a. Trockenstresstoleranz, Resistenzen gegen Pathogene (z. B. Eschentriebsterben), Frostresistenz, Austriebsverhalten usw. mit deren DNA-Sequenzen assoziiert. Die gefundenen signifikanten Assoziationen (z. B. LASIC et al. 2024, PFENNIGER et al. 2020) reichen aber wegen der polygen vererbten und komplexen Merkmalsstrukturen mit eher geringen Heritabilitäten nicht aus, phänotypische Merkmale vorherzusagen. Aus diesem Grund existiert gegenwärtig noch kein markerbasiertes Screening für eine adaptive Eigenschaft, und selbst wenn das in Zukunft gelingt, bliebe die genomische Vorhersage zukünftiger Anpassungsfähigkeit auf das jeweilige Merkmal bezogen und würde andere, neue oder kombinierte Faktoren nicht berücksichtigen.

Ein anderer Ansatz stützt sich auf die genetische Diversität, die als Indikator für die Anpassungsfähigkeit betrachtet wird. Eine hohe genetische Diversität innerhalb von Populationen verbunden mit einer hohen Individuenzahl bietet Spielraum für Selektion und dient damit der allgemeinen Risikominimierung unter der

Prämisse unsicherer zukünftiger Bedingungen, da sie nicht auf bestimmte vorher ausgewählte Merkmale gerichtet ist. Im Folgenden soll deshalb dargestellt werden, welche Erkenntnisse zur genetischen Diversität von Altbaumpopulationen und deren Nachkommen als Naturverjüngung bzw. Saatgut vorliegen, und welche Schlussfolgerungen daraus für die Gewinnung von forstlichem Vermehrungsgut abgeleitet werden können.

2 Material und Methoden

2.1 Material

Im Rahmen zahlreicher geförderter Forschungsprojekte wurden umfangreiche Datensätze zu verschiedenen Baumarten erarbeitet: Buche (Verbundprojekt „GenMon“, Projekt „BuchenSaatgut“), Fichte (Verbundprojekt „GenMon“), Traubeneiche (Verbundprojekt „AdaptForClim“), Douglasie (Verbundprojekt „FitForClim“), Spitzahorn (Projekt „SpitzAhorn“), Robinie (Verbundprojekt „FastWood“) und Hainbuche (Projekt „Hainbuche“).

Für alle diese Baumarten wurden jeweils ausgewählte Altbaumpopulationen auf bestimmten Untersuchungsflächen nahezu vollständig beprobt und deren Naturverjüngung und/oder Saatgut nach verschiedenen Stichprobenverfahren genetisch analysiert. So können für die hier dargestellten Beispiele jeweils Eltern- und ihre Nachkommengeneration hinsichtlich ihrer genetischen Diversität direkt miteinander verglichen werden. Bei den Monitoringflächen von Buche und Fichte existieren sogar Daten zu Altbäumen, Naturverjüngung und Samen aus denselben Populationen. Bei Altbeständen wurden Genotypen von ca. 250-500 und bei den Nachkommen von ca. 100-500 Individuen ermittelt. Ähnliches wurde auch für einige Samenplantagen durchgeführt. Insgesamt liegen der hier dargestellten Auswertung mehr als 32.000 individuelle Genotypen zugrunde.

2.2 Methoden zur Quantifizierung der genetischen Diversität

Für die genannten Baumarten existieren etablierte Mikrosatelliten-Markersets, teilweise auch SNP-Marker, die inzwischen in vielen forstgenetischen Laboren für sehr große Probenzahlen im Routineeinsatz sind. Diese Marker liefern aufgrund ihrer großen innerartlichen Variabilität gute Informationen zur genetischen Diversität und erlauben detaillierte Analysen der Reproduktionsprozesse in Populationen. Es handelt sich dabei um neutrale Marker, das heißt, dass sie nicht mit wachstums- oder anpassungsrelevanten Eigenschaften verbunden sind.

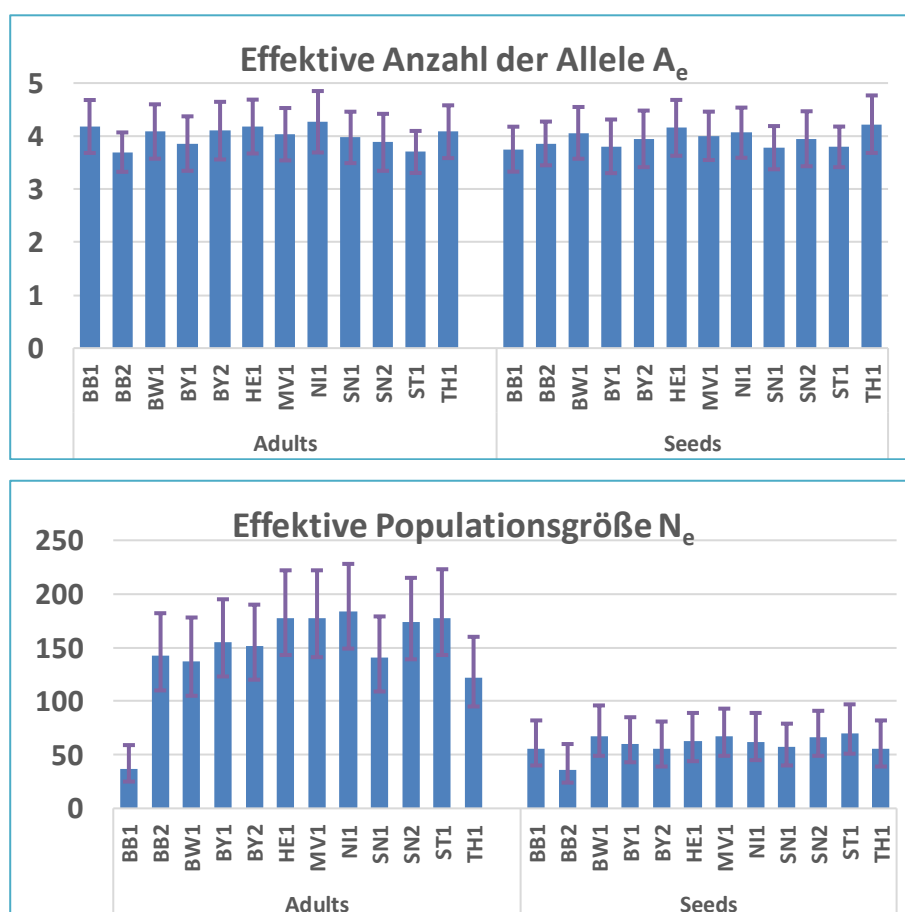
Zur Quantifizierung der genetischen Diversität stehen verschiedene Parameter zur Verfügung. Zunächst können Anzahlen und relativen Häufigkeiten von genetischen Varianten (Allelen und Genotypen) am jeweiligen Marker ermittelt werden. Als Mittelwerte über die Marker hinweg werden dann z. B. die mittlere Anzahl der Allele, die mittlere effektive Anzahl der Allele, der mittlere beobachtete und mittlere erwartete Heterozygotiegrad usw. errechnet. Generell sagen Diversitätsparameter als einzelne Zahl aber wenig aus. Bewertungen ergeben sich immer aus Vergleichen zwischen Stichproben, z. B. zwischen verschiedenen Populationen einer Art oder zwischen Eltern und Nachkommen.

Darüber hinaus können Informationen zur genetischen Diversität auch aus demographischen Daten gewonnen werden, wie z. B. der Anzahl an Klonen, der Anzahl an Erntebäumen oder an Populationen. Dabei spielt jedoch deren Verwandtschaft untereinander eine große Rolle. So ist die genetische Diversität umso größer, je geringer der Verwandtschaftsgrad ist. Idealerweise kann der Verwandtschaftsgrad, der bei experimentell gewonnenem Probenmaterial zunächst meist unbekannt ist, mit Hilfe der genetischen Marker ermittelt werden (Bedingung: ausreichende Anzahl und Variabilität der Marker). Die daraus errechnete sog. effektive Populationsgröße N_e hat sich als der wichtigste und daher unverzichtbare Parameter zur Quantifizierung der genetischen Diversität herausgestellt.

Zur Veranschaulichung wird an einem Beispiel in Abbildung 1 die effektive Anzahl der Allele (oben) mit der effektiven Populationsgröße (unten) verglichen, wobei beide Parameter auf identischen Datensätzen basieren. Dargestellt sind die Daten für 12 über Deutschland verteilte Buchenaltbestände und deren Saatgutproben von je

20 Bäumen (Verbundprojekt „GenMon“). Die mittlere effektive Anzahl der Allele zeigt praktisch keine Unterschiede zwischen den 12 Buchenaltbeständen von je 1 ha Größe ($N = 250...500$) und den 12 Saatgutproben (je $N = 400$), bedingt durch ausreichend große Stichproben. Das gleiche gilt im Wesentlichen auch für alle anderen aus Mittelwerten berechneten Parameter. Die genetische Diversität gemessen als effektive Populationsgröße (sibship based, Software COLONY: JONES und WANG 2010) dagegen ist in 11 von 12 Buchenaltbeständen erheblich größer als in deren Saatgutproben. Der Verlust an genetischer Diversität im Saatgut ist durch die sehr enge Verwandtschaft mit einer ausgeprägten Halbgeschwisterstruktur im Vergleich zur Elterngeneration bedingt. Trotz vergleichbarer Mittelwerte kommen die genetischen Varianten im Saatgut immer wieder in ähnlicher Kombination vor, was deren Anpassungspotential reduziert.

Abbildung 1: Vergleich von Parametern zur Quantifizierung der genetischen Diversität von Eltern und Nachkommen aus 12 Buchenpopulationen. Oben: Effektive Anzahl der Allele A_e , unten: Effektive Populationsgröße N_e , Erklärungen im Text.



Originalpublikation: LIESEBACH et al. 2024

Quelle: Thünen-Institut (H. LIESEBACH).

3 Ergebnisse

In den hier zusammengefassten Ergebnissen wird der Übersichtlichkeit halber nur der Parameter effektive Populationsgröße N_e , jeweils für die Eltern- und die Nachkommengeneration, gezeigt. Das Verhältnis der N_e -Werte zwischen diesen beiden Generationen dient dabei als Maß dafür, inwieweit die genetische Diversität der Elterngeneration an die Nachkommen, das Saatgut bzw. die Naturverjüngung, weitergegeben wurde. Auf die Darstellung der aus Mittelwerten berechneten Diversitätsparameter wird hier verzichtet, da diese bei den

vorhandenen relativ großen Stichprobenumfängen weniger informativ sind. Sie können jedoch in den zitierten Originalpublikationen bzw. in den Projektabschlussberichten nachgelesen werden.

3.1 Vergleich Elterngeneration – Naturverjüngung

Zum Vergleich zwischen Elterngeneration und Naturverjüngung liegen Daten von insgesamt 23 Populationen zu drei Baumarten vor (Tabelle 1). Die effektiven Populationsgrößen beider Generationen der Traubeneiche sind relativ ausgeglichen. Die Naturverjüngung wurde hier in 25 Probekreisen und damit sehr repräsentativ über die Fläche verteilt gesammelt. Bei den Monitoringflächen der Buche und der Fichte dagegen wurden die Naturverjüngungsproben zur Hälfte in vier Verjüngungskegeln und zur Hälfte über die Fläche verteilt gewonnen. Dabei ist zu berücksichtigen, dass innerhalb der Verjüngungskegel generell eine relativ enge Verwandtschaft besteht, die die effektive Populationsgröße tendenziell verringert. Bei diesen Monitoringflächen beträgt die effektive Populationsgröße der Naturverjüngung im Mittel ca. 86 – 96 % der Elterngeneration. Die Verjüngung muss jedoch auch als Prozess betrachtet werden, der mehrere Reproduktionsereignisse (Samenjahre) umfasst und noch weiter andauern wird. Somit kann für diese 23 Populationen festgestellt werden, dass die Naturverjüngung etwa die genetische Diversität der Elterngeneration repräsentiert oder sich dieser annähert.

Tabelle 1: Vergleich der genetischen Diversität gemessen als effektive Populationsgröße zwischen Elterngeneration und Naturverjüngung bei 23 Waldbaumpopulationen. Abkürzungen: N = Analysierter Stichprobenumfang, N_e = Effektive Populationsgröße (sibship based).

Baumart	Design	Eltern		Naturverjüngung		Ratio N_e Nachk : Eltern
		N	N_e	N	N_e	
Eiche ¹ AdaptForClim	1 Population Schlaubetal 1 ha	246	169	487	173	102 %
Buche ² GenMon	12 Monitoring- flächen je 1 ha	250 ... 546	148 ± 12	400	128 ± 13	86 %
Fichte ² GenMon	10 Monitoring- flächen je 1 ha	250 ... 425	228 ± 22	400	219 ± 22	96 %

Originalpublikationen: ¹ EUSEMANN und LIESEBACH 2021, ² LIESEBACH et al. 2024

Quelle: Thünen-Institut (H. LIESEBACH).

3.2 Vergleich Elterngeneration – Saatgut

Zum Vergleich zwischen Elterngeneration und Saatgutstichproben können hier Daten von sechs Baumarten zugrunde gelegt werden. Insgesamt wurden 27 Altbaumbestände und deren Saatgut (tlw. zwei Erntejahrgänge), zusätzlich fünf Samenplantagen und weitere vier Proben von Saatgut der Kategorie „Quellengesichert“ analysiert. Die wichtigsten Informationen zur Struktur der Elterngeneration und zur Methode der Saatgutgewinnung sowie die jeweiligen Stichprobenumfänge und ermittelten effektiven Populationsgrößen sind in Tabelle 2 aufgeführt. Die errechneten Relationen der effektiven Populationsgrößen als Maßstab für die Übertragung der genetischen Diversität von der Elterngeneration auf das Saatgut sind hier deutlich geringer als für die Naturverjüngungen. Trotz der verschiedenen Baumarten und unterschiedlichen experimentellen Designs ergibt sich das relativ übereinstimmende Bild, dass die genetische Diversität nur in der Größenordnung von ca. ⅓ bis ½ der Elterngeneration auf das Saatgut übertragen wurde. Noch geringere Werte zeigt die Robinie, die aber mit ihrer klonal aufgebauten Bestandesstruktur eine Besonderheit darstellt und deshalb nicht direkt mit den anderen Baumarten zu vergleichen ist.

Tabelle 2: Vergleich der genetischen Diversität gemessen als effektive Populationsgröße zwischen Elterngeneration und Saatgutproben bei 6 Baumarten. Abkürzungen: N = Analysierter Stichprobenumfang, N_e = Effektive Populationsgröße (sibship based).

Baumart	Design	Eltern		Saatgut		Ratio N _e Samen : Eltern	
		N	N _e	N	Ernte	N _e	
Buche ¹	Erntebestand Oechtringen 7 ha	461	364	200	Netze (2014)	166	46 %
Buche ¹	Erntebestand Oechtringen 7 ha	461	364	3000	27 Bäume (2016)	159	44 %
Buche ²	12 Monitoring- flächen je 1 ha	300	148 ± 12	400	20 Bäume	60 ± 3	41 %
Fichte ²	10 Monitoring- flächen je 1 ha	285	228 ± 22	400	20 Bäume	61 ± 5	27 %
Douglasie ³	Erntebestand Chorin	253	116	234	28 Bäume	52	45 %
Douglasie ⁴	Samenplantage Niederfinow	40 Klone	52	281	30 Klone	27	52 %
Douglasie ⁴	Samenplantage Harsefeld	116 Klone	170	365	unbekannt	41	24 %
Spitzahorn ⁵	Erntebestand Neuzelle	251	102	134	16 Bäume (2022)	33	32 %
Spitzahorn ⁵	Erntebestand Neuzelle	251	102	100	10 Bäume (2020)	31	30 %
Spitzahorn ⁵	Samenplantage Schönhorst	66 Klone	61	170	11 Klone	26	43 %
Spitzahorn ⁶	Samenplantage Waldsiefersdorf	30 Klone	46	236	21 Klone	22	48 %
Spitzahorn ⁵	4x Quellengesichert (3x HU, 1x FR)	-	-	100	6 – 10 Bäume	6 – 15	-
Robinie ⁷	Bestand 3ha Gottesgabe	32 Klone	34	433	0,25 ha	4	12 %
Robinie ⁷	Samenplantage Graeff	14 Klone	40	581	11 Klone	9	23 %
Hainbuche ⁸	2 Erntebestände	447	316	400	Netze	113 – 138	28 %

Originalpublikationen: ¹ EUSEMANN et al. (2019), ² LIESEBACH et al. (2024), ³ WOJACKI et al. (2019), ⁴ PAKULL et al. (2022), ⁵ BÄUCKER et al. (unveröffentlicht), ⁶ LIESEBACH und SCHNECK (2021), ⁷ PAKULL et al. (2024), ⁸ MITTELBERG et al. (unveröffentlicht)

Quelle: Thünen-Institut (H. LIESEBACH).

3.3 Ursachen für Unterschiede in der genetischen Diversität von Naturverjüngungen und Saatgut

Generell sind die Unterschiede zwischen einer Naturverjüngung und geerntetem Saatgut beträchtlich. Wie in Tabelle 3 dargestellt, gibt es im Wesentlichen drei Gründe, die für die so deutlich geringere genetische Diversität im Saatgut im Vergleich zur Naturverjüngung verantwortlich zu sein scheinen.

Tabelle 3: Vergleich einer Saatguternte mit einer Naturverjüngung hinsichtlich ihrer Entstehung.

	Saatgut	Naturverjüngung
Zeitraum der Reproduktion	Sexuelle Reproduktion aus nur einem Jahr	Längerer Verjüngungszeitraum
Anzahl beteiligter Individuen	Begrenzte Anzahl an Erntebäumen	Alle blühfähigen Bäume sind beteiligt
Räumliche Verteilung beteiligter Individuen	Räumliche Clusterung der Erntebäume	Verjüngung potentiell auf der gesamten Fläche

Quelle: Thünen-Institut (H. LIESEBACH).

So entsteht bei einem längeren Verjüngungszeitraum die nächste Waldgeneration aus mehreren genetisch und epigenetisch unterschiedlich zusammengesetzten Samenjahren. Genetisch unterschiedlich zusammengesetzte Samenjahrgänge resultieren z. B. aus der jährlich schwankenden individuellen Überlappung der Blühzeiträume bei unterschiedlichen Witterungsverläufen oder auch aus unterschiedlichen Hauptwindrichtungen bei windbestäubten Baumarten. Neben der Begrenzung der Baumanzahl bei der Ernte werden aus Effektivitätsgründen außerdem reichtragende Bäume bevorzugt und schwächer behangene Bäume benachteiligt, die aber ebenfalls zur Vielfalt beitragen und anpassungsrelevante Merkmale vererben können. Zusätzlich gibt es bei Forstsaatguternten aus technischen Gründen oft eine räumliche Clusterung der Erntebäume, die, vor allem in naturverjüngten Beständen mit Familienstrukturen, dazu führen kann, dass nicht die Vielfalt des gesamten Erntebestandes im Saatgut repräsentiert ist. Im geernteten Saatgut sind dadurch deutlich weniger verschiedene genetische Kombinationen der Elternbäume vorhanden als in Naturverjüngungen, teilweise sogar in sehr unausgewogenen Anteilen, was am besten anhand des Parameters der effektiven Populationsgröße ausgedrückt wird.

4 Diskussion und Schlussfolgerungen

Die Regelungen in FoVG, FoVZV, FoVDV und die Empfehlungen des gGA berücksichtigen bei der Zulassung und der Ernte hauptsächlich die Kriterien Resilienz und Produktivität, und sorgen damit für gute Mindeststandards. Das Kriterium der Anpassungsfähigkeit jedoch ist auf diese Weise noch nicht ausreichend berücksichtigt. Zur Übertragung der genetischen Diversität auf die nachfolgende Generation gibt es bei Waldbaumarten mittlerweile gute Datengrundlagen. Diese erlauben Verallgemeinerungen und Schlussfolgerungen zur Erhöhung der Anpassungsfähigkeit mit der genetischen Diversität als Indikator (siehe z. B. auch LEFÈVRE et al 2014, FADY et al. 2016). Der in der Forstgenetik in Deutschland noch nicht so verbreitete Parameter der effektiven Populationsgröße spielt dabei eine wichtige Rolle (Literatur zum theoretischen Hintergrund und zu verschiedenen Modellen WAPLES 2016, WAPLES 2022, zur Anwendung im Bereich Forstgenetik siehe auch LIESEBACH et al. 2024). Da die genetische Diversität im geernteten Saatgut nur ca. $\frac{1}{3}$ bis $\frac{1}{2}$ der der Elterngeneration beträgt, muss das Anpassungspotential neu begründeter Populationen aus Saatgut als kleiner als das der Elterngeneration und als kleiner als bei Naturverjüngung bewertet werden. Genetisch hochwertiges Vermehrungsgut, das dem Anspruch gerecht wird, klimaresiliente, anpassungsfähige und produktive Wälder zu entwickeln, braucht mehr als die aktuellen Mindeststandards. Herkunftsgebiete und Herkunftsgebietsempfehlungen sind und bleiben weiterhin wichtig, weil sie die Grundlage für die Beurteilung

der Angepasstheit bilden. Die darüberhinausgehende Anpassungsfähigkeit an sich verändernde und unbekannte Umweltbedingungen kann aber durch eine möglichst hohe Vielzahl von Elternkombinationen im Saatgut verbunden mit einer hohen Individuenzahl als Spielraum für Selektionen gefördert werden.

Schon einfache, praktisch sofort umsetzbare Maßnahmen können die genetischen Eigenschaften von Saatgutpartien denen von Naturverjüngungen annähern:

- Mehr und räumlich gut verteilte Bäume beernten (z. B. DEGEN et al. 2012, BLANC-JOLIVET UND DEGEN 2014, KRAMER et al. 2016)
- Mischungen von Saatgut mehrerer Erntebestände bzw. mehrerer Jahrgänge (dies würde allerdings Kontrolle und Zertifizierung erschweren)
- Mischung bei der Pflanzung
- Saat anstatt Pflanzung, wenn möglich

Weitere Maßnahmen würden die genetische Diversität im Saatgut erst mittelfristig erhöhen:

- Zulassungskriterien anpassen: größere Ernteeinheiten, Entwicklung zu und Bewirtschaftung als Erntebestände, ohne vorherige Zielstärkennutzung (z. B. EUSEMANN et al. 2019, LIESEBACH et al. 2019, LIESEBACH et al. 2020, WOJACKI et al. 2019)
- Neue Samenplantagen: ausreichende Klonzahl, Mischung aus mehreren Populationen (Kooperationen zwischen Landesanstalten/Bundesländern), Mischung regionaler mit z. B. „südlicheren“ Klonen für Kombination in der sexuellen Reproduktion als eine Form der *assisted migration* (z. B. GÖMÖRY et al. 2021)

Alle diese Aktivitäten sind nicht nur für die derzeit dem FoVG unterliegenden Baumarten relevant, sondern natürlich auch für weitere Baumarten, die als potentiell wichtig im Klimawandel betrachtet werden (BLAG 2021: Hainbuche, Elsbeere, Winterlinde, Spitzahorn, Flaumeiche, Nordmannstanne, Orientbuche, Atlaszeder).

Viele dieser Überlegungen und Vorschläge sind nicht neu, aber da sie oft mit einem höheren Aufwand und Kosten verbunden sind, werden sie noch zu selten umgesetzt. Die in Tabelle 4 dargestellten Empfehlungen aus populationsgenetischer Sicht sind jedoch keine Maximalwünsche, sondern stellen einen Kompromiss mit der praktischen Realisierbarkeit dar.

Die Forschungen zum genomischen Hintergrund von Merkmalsausprägungen für Wachstum und Resistenzen bleiben unverzichtbar, um überhaupt Mechanismen der Anpassung zu verstehen, sowohl auf individueller als auch auf Populationsebene, und um das Anpassungspotential von Arten und Populationen und dessen Grenzen einzuschätzen. Die genannten Schlussfolgerungen sind jedoch jetzt schon zu ziehen und kurz- bis mittelfristig umzusetzen, um das Anpassungspotenzial im Saatgut zu verbessern, ohne dass dafür auf praktikable adaptive Marker gewartet werden muss.

Tabelle 4: Vorgeschlagene Maßnahmen zur Erhöhung der genetischen Diversität im forstlichen Vermehrungsgut und damit zur Erhöhung der Anpassungsfähigkeit, gruppiert nach dem Reproduktionsverhalten von verschiedenen Baumarten.

Reproduktion	Artbeispiele	Empfehlung für Zulassung "Ausgewählt"	Samenplantagen
Bestandesbildende, windbestäubte Baumarten, große Populationen, nicht isoliert	Buche Eiche Fichte Kiefer	Mehrere 100 fruktifikationsfähige Bäume, mehrere ha groß, mind. 40 gut verteilte Erntebäume	Mind. 60 – 80 Klone
Windbestäubte Baumarten, kleine und/oder isolierte Populationen	Hainbuche Douglasie Roteiche	Mind. 100 fruktifikationsfähige Bäume, mind. 30 – 40 gut verteilte Erntebäume	Mind. 60 Klone
Seltener, zerstreut vorkommend in Mischbeständen, insektenbestäubt	Spitzahorn Bergahorn Linde	Mind. 60 – 80 fruktifikationsfähige Bäume, mind. 20 – 30 gut verteilte Erntebäume	Mind. 60 Klone
Klonales Wachstum, wind- oder insektenbestäubt	Robinie Feldulme	Mind. 10 Erntebäume mit > 50 m Abstand	Mind. 20 – 30 Klone

Quelle: Thünen-Institut (H. LIESEBACH).

Dank

Wir danken allen unseren beteiligten Kolleginnen und Kollegen in den Laboren, den Gärtnereien, Baumschulen und auf den Versuchsflächen des Thünen-Instituts für Forstgenetik in Großhansdorf und Waldsieversdorf. Des Weiteren danken wir auch allen unseren langjährigen Projektpartnern in den forstlichen Versuchsanstalten der Länder. Ohne die Mitarbeit aller wäre eine solche umfangreiche Datengrundlage nicht zustande gekommen. Ebenso danken wir den Bundesministerien für Ernährung und Landwirtschaft sowie für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz für die finanzielle Förderung der Verbund- und Forschungsprojekte BuchenSaatgut, FitForClim, AdaptForClim, GenMon, SpitzAhorn, FastWood und Hainbuche über den Waldklimafonds und weitere Förderprogramme.

Literatur

- BAUJUS J, SEELING U, DIETER M, FARWIG N, HAFNER A, KÄTZEL R, KLEINSCHMIT B LANG F, LINDNER M, MÖHRING B, MÜLLER J, NIEKISCH M, RICHTER K, SCHRAML U (2021): Die Anpassung von Wäldern und Waldwirtschaft an den Klimawandel: Gutachten des Wissenschaftlichen Beirates für Waldpolitik-Okttober 2021. Berichte über Landwirtschaft-Zeitschrift für Agrarpolitik und Landwirtschaft.
- BLANC-JOLIVET C, DEGEN B (2014): Using simulations to optimize genetic diversity in *Prunus avium* seed harvests. Tree Genetics and Genomes 10: 503-512.
- BML-Förderprogramm Klimaangepasstes Waldmanagement
<https://www.bmel.de/DE/themen/wald/klimaangepasstes-waldmanagement.html>
- BML (2021): Waldstrategie 2050. Nachhaltige Waldbewirtschaftung – Herausforderungen und Chancen für Mensch, Natur und Klima, 55 S.
- EUSEMANN P, LIESEBACH H (2021): Small-scale genetic structure and mating patterns in an extensive sessile oak forest (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.). Ecol Evol 11 (12): 7796–7809.

- DEGEN B, JOLIVET C, ROGGE M, FUSSI B, KONNERT M, CREMER E, BECKER F, KÄTZEL R (2012): Etablierung einer Standardmethode zur genetisch nachhaltigen Ernte von forstlichem Vermehrungsgut in zugelassenen Saatgutbeständen, Endbericht eines Verbund- Modell- und Demonstrationsvorhabens des BMEL.
- EUSEMANN P, PREUSS A, LIESEBACH M, LIESEBACH H (2019): Genetische Diversität im Vermehrungsgut der Rotbuche. AFZ Der Wald 74 (1): 35-37.
- FADY B, COTTELL J, ACKZELL L, ALÍA R, MUYS B, PRADA A, GONZÁLEZ-MARTÍNEZ SC (2016): Forests and global change: What can genetics contribute to the major forest management and policy challenges of the twenty-first century? Regional Environmental Change 16 (4): 927-939.
- GÖMÖRY D, HIMANEN K, TOLLEFSRUD MM, UGGLA C, KRAIGHER H, BORDACS S, ALIZOTI P, A'HARA S, FRANK A, PROSCHOWSKY F, FRÝDL J, GEBUREK T, GUIBERT M, IVANKOVIĆ M, JURŠE A, KENNEDY S, KOWALCZYK J, LIESEBACH H, MAATEN T, PILIPOVIĆ A, PROIETTI R, SCHNECK V, SERVAIS A, SKÚLASON B, SPERISEN C, WOLTER F, YÜKSEL T, BOZZANO M (2021): Genetic aspects linked to production and use of forest reproductive material (FRM): Collecting scientific evidence for developing guidelines and decision support tools for effective FRM management. European Forest Institute, European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN), European Forest Institute. 216 S.
- JONES OR, WANG J (2010): COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. Mol Ecol Resour 10 (3): 551-555.
- KRAMER K, GEBUREK T, BURCZYK J, DEGEN B (2016): Guidelines for seed harvesting in forest seed stands. FORGER 2016.
- LAZIC D, GEßNER C, LIEPE KJ, LESUR-KUPIN I, MADER M, BLANC-JOLIVET C, GÖMÖRY D, LIESEBACH M, GONZALEZ-MARTINEZ SC, FLADUNG M, DEGEN B, MÜLLER NA (2024): Genomic variation of European beech reveals signals of local adaptation despite high levels of phenotypic plasticity. Nature Communications 15 (1): 8553.
- LEFÈVRE F, BOIVIN T, BONTEMPS A, COURBET F, DAVI H, DURAND-GILLMANN M, FADY B, GAUZERE J, GIDOIN C, KARAM MJ, LALAGÜE H, ODDOU-MURATORIO S, PICHOT S, PICHOT C (2014): Considering evolutionary processes in adaptive forestry. Annals of Forest Science 71: 723-739.
- LIESEBACH H, EUSEMANN P, HÖLTGEN AM, TRÖBER U, KUCHMA O, KAROPKA M, BECKER F, KÄTZEL R, FUSSI, B (2024): Effective population size of adult and offspring cohorts as a genetic monitoring tool in two stand-forming and wind-pollinated tree species: *Fagus sylvatica* L. and *Picea abies* (L.) Karst. Conservation Genetics 25: 739-753.
- LIESEBACH H, PREUSS A, LIESEBACH M, DÖBBELER H, EUSEMANN P (2019): Bereitstellung von genetisch hochwertigem Vermehrungsgut. AFZ Der Wald 74 (1): 38-40.
- LIESEBACH H, SCHNECK D (2022): Flowering behavior of clones in a Norway maple (*Acer platanoides*) seed orchard and mating system analysis using nuclear SSR markers. Eur J Forest Res 141: 561-569.
- LIESEBACH H, WOJACKI J, PAKULL B, EUSEMANN P (2020): Genetische Diversität von Douglassaatgut aus zugelassenen Erntebeständen und Samenplantagen - Schlussfolgerungen für die Praxis. Thünen Rep 76: 246-259.
- PAKULL B, EUSEMANN P, WOJACKI J, AHNERT D, LIESEBACH H (2021): Genetic diversity of seeds from four German Douglas fir (*Pseudotsuga menziesii*) seed orchards. Eur J Forest Res 140: 1543-1557.
- PAKULL B, SCHNECK V, LIESEBACH H (2024): Clonality in black locust (*Robinia pseudoacacia* L.) and implications for seed production. Ann Forest Sci 81: 39.
- PFENNINGER M, REUSS F, KIEBLER A, SCHÖNNENBECK P, CALIENDO C, GERBER S, COCCHIARARO B, REUTER S, BLÜTHGEN N, MODY K, MISHRA B, BALINT M, THINES M, FELDMAYER B (2020): Genomic basis of drought resistance in *Fagus sylvatica*. bioRxiv, 2020-12.
- WAPLES RS (2016): Making sense of genetic estimates of effective population size. Mol Ecol 25(19):4689-4691.
- WAPLES RS (2022): What is N_e , anyway? J Hered 113 (4): 371-379.
- 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 Ecol Manag 438: 18-24.

Autorinnen und Autor

HEIKE LIESEBACH, BIRTE PAKULL, KATHARINA LIEPE, HANNAH MITTELBERG, PASCAL EUSEMANN
Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
Kontakt: heike.liesebach@gmx.de

CORNELIA BÄUCKER

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

Herausforderungen für das sächsische Samenplantagenprogramm im Hinblick auf die Saatgutverfügbarkeit für die zukünftige Waldzusammensetzung

LINA TRILLER, JAKOB QUEGWER, ANNABELL POPP, UTE TRÖBER, MATTHIAS MEYER

Zusammenfassung

Samenplantagen sind ein wichtiges Instrument, um dem steigenden Bedarf an hochwertigem und genetisch geeignetem Forstsaatgut für den ökologischen Waldumbau und für Anpassungen der Baumartenzusammensetzung an vorhergesagte Standortbedingungen zu begegnen. Aus diesem Grund wurde 2023 im Freistaat Sachsen ein befristetes Samenplantagenprogramm begonnen, um den Anteil an forstlichem Vermehrungsgut aus Samenplantagen langfristig zu erhöhen.

Das Vorhaben umfasst drei Schwerpunkte. (1.) Die Evaluierung des aktuellen Samenplantagenbestandes ist bereits abgeschlossen und ergab, dass derzeit bestehende Samenplantagen im Freistaat Sachsen überwiegend in gepflegtem oder mäßig gepflegtem Zustand sind. Etwa zwei Drittel der 66 Samenplantagen dienen der Versorgung mit Forstsaatgut der Nadelbaumarten. Das betrifft überwiegend die Gemeine Fichte und Kiefer (*Picea abies* (L.) H. Karst, *Pinus sylvestris* L.), aber zunehmend auch die Weiß-Tanne oder die Hybrid-Lärche (*Abies alba* Mill., *Larix × eurolepis* A. Henry). (2.) Nach Ertüchtigung und Pflege der vorhandenen Samenplantagen, die den Anforderungen im Sinne des Forstvermehrungsgutgesetzes (FoVG) entsprechen, sollen diese zur Erzeugung von Vermehrungsgut der Kategorien „qualifiziert“ bzw. „geprüft“ zugelassen werden. Es kam bereits zur Neuzulassung von einer Winter-Linden Samenplantage (*Tilia cordata* Mill.), nachdem die Überprüfung der Klonidentität mittels DNA-Fingerprinting und Entnahme unerwünschter Individuen stattfand. (3.) Zum anderen sollen mindestens sechs neue Samenplantagen für heimische Laubbaumarten angelegt werden. Es wurden Arten priorisiert, für die eine höhere Plastizität gegenüber den vorhergesagten Klimaveränderungen vermutet wird und für die es derzeit nur wenige Forstvermehrungsgutquellen in Sachsen gibt. Im Moment wird an der Etablierung von Samenplantagen der Baumarten Spitz-Ahorn (*Acer platanoides* L.), Hainbuche (*Carpinus betulus* L.), Sommer-Linde (*Tilia platyphyllos* Scop.) und Stiel-Eiche (*Quercus robur* L.) gearbeitet. Eine zentrale Rolle spielt hierbei die Plusbaumsuche als Grundlage für die Neuanlage von Samenplantagen. Ziel ist es, die genetische Variation aus den geeigneten Ursprungsbeständen bestmöglich in die neu angelegten Samenplantagen zu übertragen sowie dabei einen genetischen und züchterischen Gewinn für die jeweilige Baumart zu realisieren. Dafür sind, je nach Verbreitung und Häufigkeit der Arten, unterschiedlich große Ursprungsareale für die Suche zu wählen.

Abstract

Challenges for the Saxon seed orchard programme regarding to seed availability for the future forest composition

Seed orchards are important to cover the increasing demand for high-quality and genetically suitable forest seeds for ecological forest transformation and climate adaptation of the forest tree species composition. Beyond the seed supply to state-owned forests, the Saxon state forest enterprise, Sachsenforst, takes the responsibility for the entire Saxon forests by implementing a 5-year seed orchard programme. The over-all aim is a sustainable increase of the forest seed supply contributed by means of seed orchards.

The programme has been striving for three distinct objectives. (i.) The evaluation of the existing seed orchards in Saxony has been finalized. The majority of the seed orchards is properly maintained or in acceptable condition. Approx. two thirds of the 66 seed orchards deliver conifer seeds, mainly Norway spruce or Scots pine (*Picea abies* (L.) H. Karst., *Pinus sylvestris* L.), but increasingly also silver fir or hybrid larch (*Abies alba* Mill., *Larix × eurolepis* A. Henry). (ii.) After refitting and maintenance of those seed orchards that meet the legal requirements (German

Forest Reproductive Material Act, FoVG), their approval should be requested from the responsible authority for FRM. The approval of a small-leaved linden seed orchard (*Tilia cordata* Mill.) has already been achieved after DNA-fingerprinting all clones and after the respective maintenance for removing incorrect individuals. (iii.) Another objective is the establishment of at least six new seed orchards under given species prioritization. Currently, the seed orchard programme focuses Norway maple (*Acer platanoides* L.), hornbeam (*Carpinus betulus* L.), large-leaved linden (*Tilia platyphyllos* Scop.) and pedunculate oak (*Quercus robur* L.). One central challenge is the proper selection of plus-tree collectives for the new seed orchards that should provide both, an optimum representation of the genetic variation of existing forest stands in Saxony for adaption capability as well as genetic gain for good growth or stem and wood quality. Species-dependent approaches are required in order to consider the respective species' occurrence and abundance within the administrative regions of provenance.

1 Einleitung

Die Forstwirtschaft in Sachsen steht vor zunehmend komplexen Herausforderungen beispielsweise durch langanhaltende Trockenperioden in zeitlich kürzer werdenden Abständen kombiniert mit weiteren Extremwetterereignissen (LfULG 2024). Neben den Bestandsstrukturen muss vor allem die Baumartenzusammensetzung der Waldentwicklungszieltypen für eine bestmögliche Klimastabilität angepasst werden (EISENHAEUER et al. 2008).

Die sächsischen Wälder werden derzeit zu ca. 70 Prozent von Nadelbaumarten wie Gemeiner Fichte (*Picea abies* (L.) H. Karst.) oder Gemeiner Kiefer (*Pinus sylvestris* L.) dominiert. Die wichtigsten Laubbaumarten sind zurzeit mit Anteilen von jeweils ca. 6,0 Prozent die Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.) und die Eichenarten (*Quercus* spec.) (SMEKUL 2024a). Insbesondere Fichtenreinbestände sind häufig Ausgangspunkt von großflächigen Borkenkäferkalamitäten. Im Freistaat Sachsen kam es so zum großflächigen Ausfall als bestandsbildende Baumart (SMEKUL 2024b). Die entstandenen Kahlfelder eignen sich teilweise als Ausgangspunkt, um besser angepasste und diversere Waldgesellschaften zu begründen und diese weiter zu etablieren.

Geeignetes und qualitativ hochwertiges Forstvermehrungsgut ist Grundlage für die Kunstverjüngung bei Wiederaufforstung und Waldumbau. In Sachsen wird derzeit das Forstvermehrungsgut hauptsächlich aus zugelassenen Saatguterntebeständen gewonnen. Jedoch verlieren auch die zugelassenen Saatguterntebestände an Vermehrungsgut-Erntekapazität. Dies wird zum einen bedingt durch Vitalitätsverluste und sich ändernde Fruktifikationsmuster, und zum anderen durch die altersbedingt notwendige forstliche Nutzung. Aufgrund der herrschenden Knappheit an spezialisiertem Personal und anderen Ressourcen werden zudem immer öfter Saatguterntebestände mit der bestmöglichen Erreichbarkeit oder gut zugängliche und stark fruktifizierende Bäume im Bestand bevorzugt beerntet. Dadurch kann es zu einer unerwünschten Einengung der genetischen Vielfalt des Vermehrungsgutes kommen (PAUL et al. 2022).

Zusätzliches Forstvermehrungsgut kann aus Plusbaum-Samenplantagen gewonnen werden. Das Saatgut aus Samenplantagen weist bei optimaler Plusbaum-Auswahl und einer ausreichenden Anzahl Genotypen eine sehr hohe genetische Vielfalt auf (LIESEBACH et al. 2021a). Es hat einen standörtlich breiten Anwendungsbereich und lässt eine höhere Anpassungsfähigkeit der künftigen Kulturen erwarten. Anders als Waldbestände können Samenplantagen einfacher intensiv und maschinell mit dem Ziel der regelmäßigen und effizienten Saatguternte auf vergleichsweise kleinem Raum bewirtschaftet werden. Nachteilig sind der hohe Arbeitsaufwand und die Kosten mit denen die Plusbaumsuche, die Pflanzfreiergewinnung, die Veredlung sowie die Neuanlage und langjährige Pflege von Samenplantagen verbunden sind. Zudem steht das produzierte Saatgut, je nach Baumart, erst nach 10 bis 20 Jahren der Anlage zur Verfügung. Aus diesem Grund gelten Samenplantagen als langfristige Investition, für deren Erfolg die forstbetriebliche Pflege und Dokumentation der Bewirtschaftungsziele teils generationenübergreifend zu sichern ist.

Aufgrund der vorhergesagten zunehmenden Rolle von Samenplantagen wurde im Freistaat Sachsen ein befristetes Samenplantagenprogramm mit den Zielen initiiert, deren Anteil an der Produktion forstlichen Vermehrungsgutes nachhaltig zu steigern und neue Plantagen für Arten mit künftig dringlichem Bedarf zu schaffen. Die Teilziele des Vorhabens sind (1.) die Evaluierung des aktuellen Samenplantagenbestandes, (2.) die Ertüchtigung und Zulassung bestehender Samenplantagen einschließlich der Entwicklung eines Pflegekonzeptes für die Samenplantagen sowie (3.) die Neuanlage von Samenplantagen, um das Baumartenspektrum nachhaltig und dem heute vorhersagbaren, künftigen Vermehrungsgutbedarf entsprechend zu erweitern.

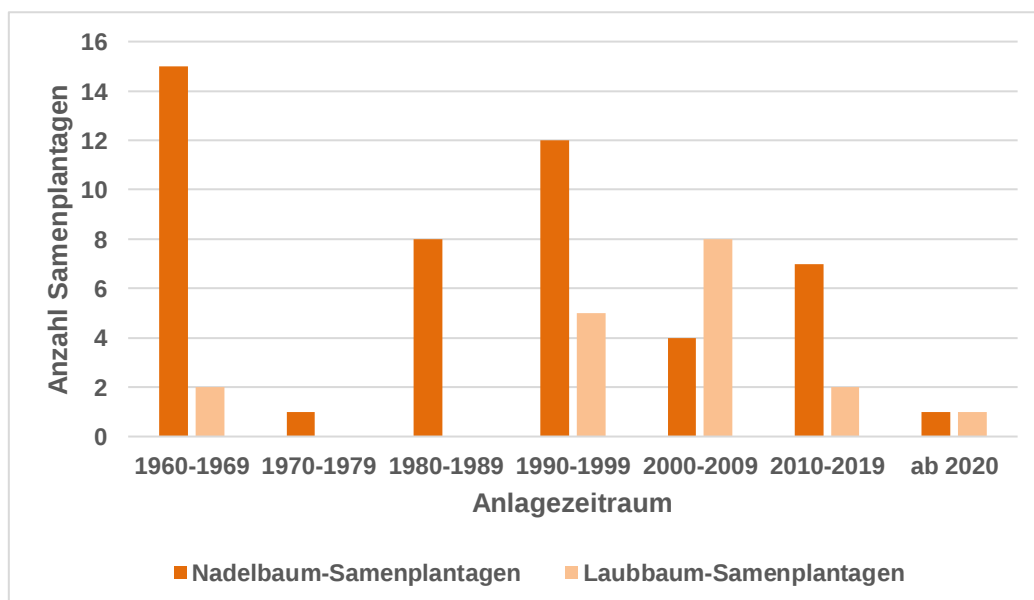
2 Material und Methoden

2.1 Aktueller Samenplantagenbestand im Freistaat Sachsen

Derzeit existieren 66 Samenplantagen von 20 verschiedenen Baumarten in Sachsen (Merbitz, 2022). Diese umfassen neun Nadel- und elf Laubbaumarten. Ca. zwei Drittel aller Samenplantagen in Sachsen sind Nadelholz-Samenplantagen, die 18 übrigen Flächen sind Laubholz-Samenplantagen. Insgesamt sind 34 der 66 Samenplantagen in Sachsen nach Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) bzw. Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung (FoVZV) zugelassen.

Seit den 1960er Jahren werden in Sachsen Samenplantagen angelegt (WOLF et al. 2021). Zu Beginn wurden infolge der hohen industriellen Nachfrage nach Holz in den Jahrzehnten nach dem Zweiten Weltkrieg vor allem Samenplantagen der Haupt-Nadelbaumarten angelegt. Eine immer wichtigere Rolle spielen seit den 1990er Jahren auch die Weiß-Tanne und die Laubholz-Samenplantagen, jedoch vornehmlich aufgrund der Ausrichtung auf *ex situ* Generhaltungsmaßnahmen (Abb. 1). In Sachsen wurden Samenplantagen für Wild-Apfel (*Malus sylvestris* (L.) Mill.), Ulmen-Arten (*Ulmus minor* Mill., *U. glabra* Huds.), Elsbeere (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz), Vogel-Kirsche (*Prunus avium* L.) und jüngst für Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.), aber auch für einen Trauben-Eichenbestand (*Quercus petraea* (Mattuschka) Liebl.) des ehemaligen Urwaldes Weißwasser angelegt, der in den 2000er Jahren dem Braunkohlentagebau im Lausitzer Revier weichen musste (WOLF et al. 2021).

Abbildung 1: Vergleich der Anzahlen und Anlagezeiträume von Nadelholz- (dunkelbraun) und Laubholz-Samenplantagen (hellbraun) im Freistaat Sachsen.

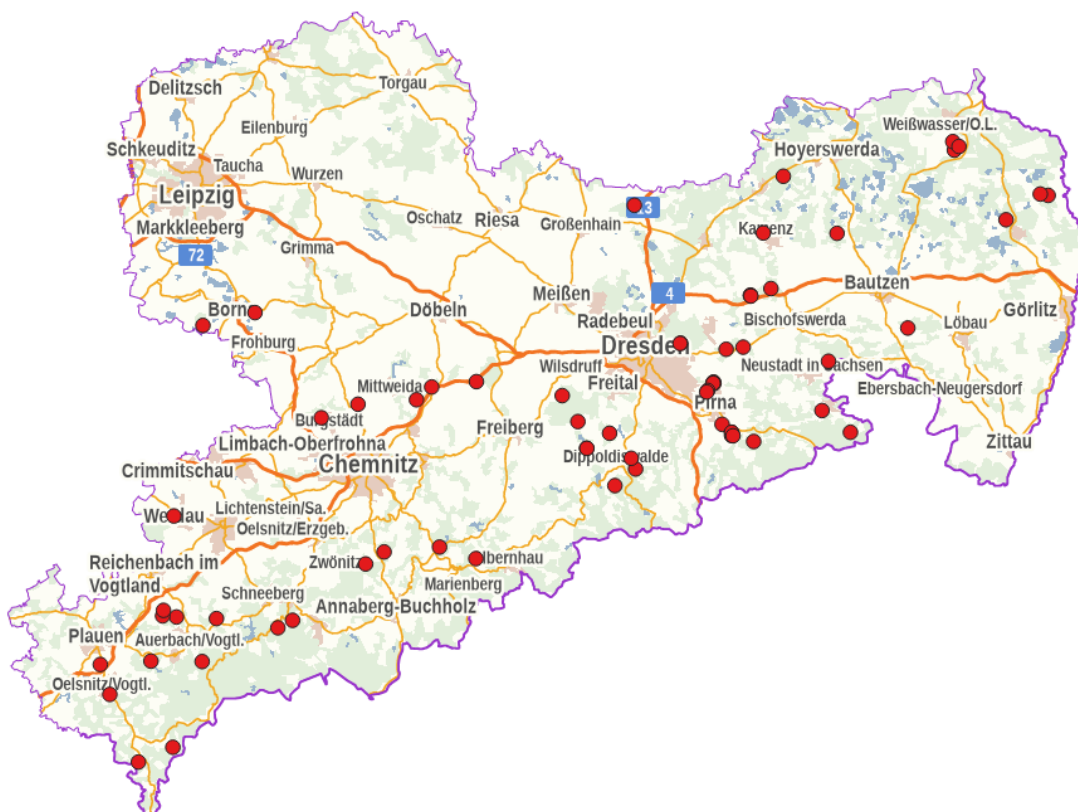


Quelle: Staatsbetrieb Sachsenforst (L. TRILLER).

Zwei Drittel aller Samenplantagen befinden sich im Staatswald, gefolgt von Samenplantagen im Privat- und Kommunalwald. Die aktuell existierenden Samenplantagen sind über ganz Sachsen verteilt angelegt (MERBITZ 2022) (Abb. 2).

Die aktuellen Zustände der Samenplantagen unterscheiden sich teilweise sehr stark voneinander. Der Großteil aller Flächen ist in einem guten Pflegezustand (MERBITZ 2022). Häufige Ursachen für einen schlechten Zustand von Samenplantagen sind teils hohe Ausfälle innerhalb der Plantage infolge abiotischen Stresses oder der Befall mit Schädlingen beziehungsweise Infektionen mit phytopathogenen Mikroorganismen.

Abbildung 2: Verteilung ausgewählter Standorte von Samenplantagen (= rote Markierungen - teils mehrere Samenplantagen je Standort) in Sachsen (MERBITZ 2022, ergänzt). Basiskarte Landwirtschaft- und Umweltinformationssystem für Geodaten (LUIS): Darstellung auf der Grundlage von Daten und mit Erlaubnis des Sächsischen Landesamtes für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie.

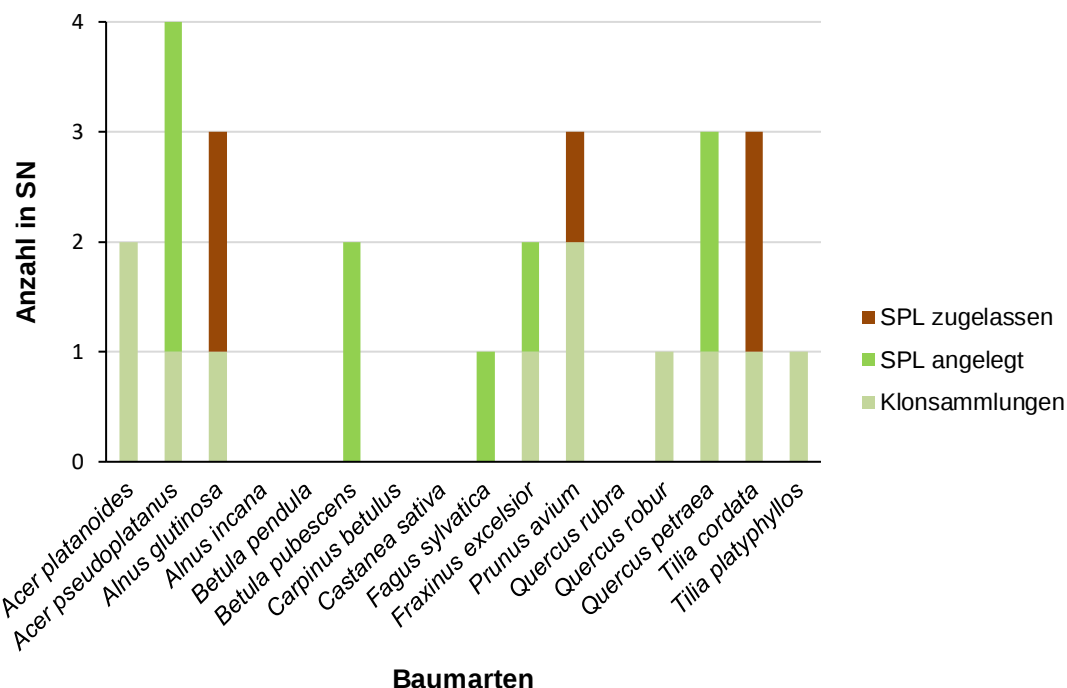


Quelle: Staatsbetrieb Sachsenforst (L. TRILLER).

2.2 Baumartenwahl für zukünftige Samenplantagen

Zur Baumartenwahl für zukünftige Samenplantagen werden verschiedene Entscheidungskriterien berücksichtigt. Die Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ erarbeitete eine Liste, der als zukunftsfähig erachteten Baumarten für klimawandelangepasste Waldgesellschaften in Deutschland (LIESEBACH et al. 2021b). Einerseits folgt auch das Samenplantagenprogramm diesen Empfehlungen. Zum anderen werden bereits vorhandene Ressourcen Sachsens wie vorhandene Genarchive und zugelassene Saatguterntebeständen (Abb. 3) als Quelle für Plusbäume benutzt. Außerdem wird berücksichtigt, für welche Laubbaumarten noch keine Samenplantage in Sachsen existiert.

Abbildung 3: In Sachsen existierende, nach Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung (FoVZV) zugelassene (dunkelbraun) und noch nicht zugelassene (grün) Samenplantagen sowie Klonsammlungen (hellgrün) für die unter das Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) fallenden Laubbaumarten.



Quelle: Staatsbetrieb Sachsenforst (L. TRILLER).

2.3 Plusbaumauswahl

Die Plusbaumsuche wird baumartenspezifisch konzipiert, da sich die Laubbaumarten hinsichtlich ihrer Häufigkeit und Dichte der Verteilung voneinander sehr unterscheiden. Ziel ist, eine geografische, und dadurch genetisch möglichst breite Abdeckung der Bestände in Sachsen zu gewährleisten. Es muss eine ausreichend hohe Anzahl an Plusbäumen pro Baumart identifiziert werden, damit 60 bis 80 Klone nach genetischen Aspekten kombiniert und auf den zukünftigen Samenplantagen etabliert werden können. Dadurch wird eine adäquate genetische Vielfalt und hohe Anpassungsfähigkeit gewährleistet. (LIESEBACH et al. 2023).

Die Plusbaumsuche orientiert sich zudem an den forstlichen Herkunftsgebieten (BLE 2024). Die außerhalb Sachsens befindlichen Teile von Herkunftsgebieten in angrenzenden Bundesländern sollen mit berücksichtigt werden. Diese sollen für die Auswahl herangezogen werden, um die genetische Diversität innerhalb der Samenplantage zu erhöhen. Insbesondere für Laubbaumarten, die in Sachsen nicht häufig vorkommen, bestehen Kooperationen mit benachbarten Bundesländern zum Austausch von Material.

Für die Plusbaumsuche werden verschiedene Ursprungsressourcen berücksichtigt, die sich je nach Baumart unterscheiden können. Saatguterntebestände, Generhaltungsbestände bzw. -objekte, Einzelbaummeldungen von Waldbesitzenden und Forstbediensteten oder auch in Vorgängerprojekten (WOLF et al. 2019) identifizierte Individuen werden für die Plusbaumauswahl herangezogen und vom zuständigen Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung gesammelt. Die Plusbäume werden nach dem Phänotyp in den jeweiligen Beständen ausgewählt. Dabei sollen die Bäume vital und widerstandsfähig gegenüber Schadorganismen und Umwelteinflüssen sein. Zudem erweist sich ein Mindestalter von ca. 50 Jahren als sinnvoll, da hier bereits die äußeren Merkmale der Bäume weitestgehend ausgereift sind. Die Bäume sollen ein überdurchschnittliches

Volumenwachstum und gute Qualitätseigenschaften wie Geradschaftigkeit, Wipfelschäftigkeit, geringen Drehwuchs, ausbleibende Zwieselbildung usw. aufweisen (SCHRÖCK et al. 1954, CLARK UND WILSON 2005). Unabhängig von der Standortgüte werden nach der Plusbaumsuche die Individuen so weiter berücksichtigt, dass möglichst alle Klone der zukünftigen Plantage nicht miteinander verwandt sind (SCHRÖCK et al. 1954, LIESEBACH et al. 2023).

3 Aktueller Stand

3.1 Neuanlage von Samenplantagen

Innerhalb des Samenplantagenvorhabens werden pro Jahr zwei Laubbaumarten intensiv bearbeitet. Im Jahr 2023 standen die Baumarten Spitz-Ahorn und Hainbuche im Fokus. Im Jahr 2024 wurden die Baumarten Sommer-Linde und Stiel-Eiche bearbeitet. Welche Baumarten in der kommenden Projektlaufzeit bearbeitet werden, steht momentan noch nicht endgültig fest.

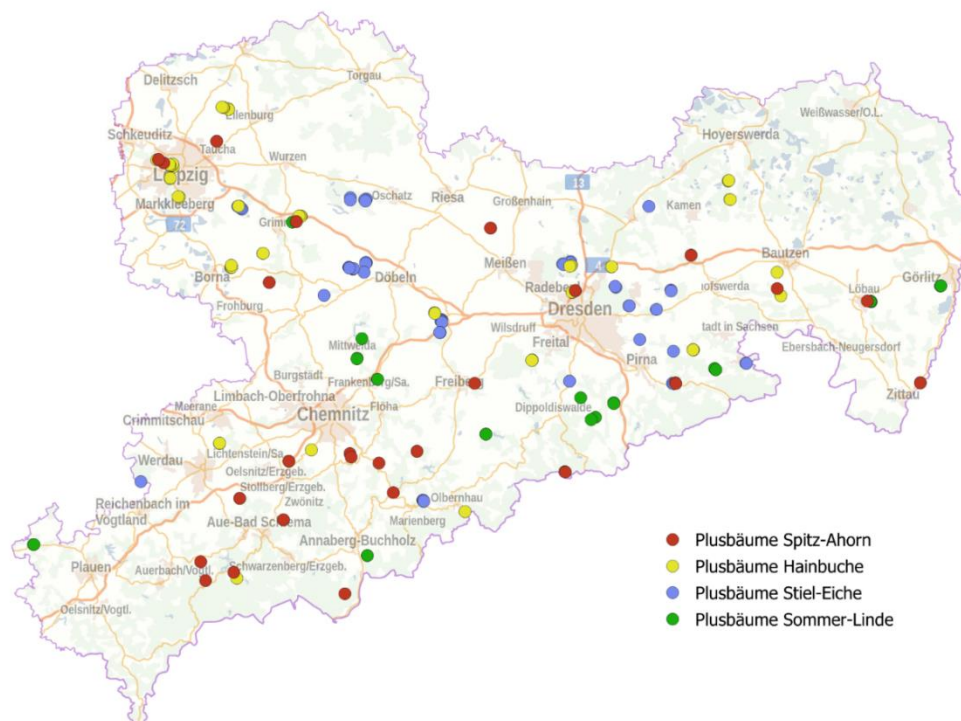
Bis zur Neuanlage der Samenplantagen sind aufwändige Teilschritte zu durchlaufen. Aus diesem Grund wird eine Vorlaufzeit von circa zwei bis drei Jahren bis zur Anlage der Samenplantagen benötigt. Für die Baumart Hainbuche wurden nach einer finalen Auslese 60 Plusbäume identifiziert. Für die Baumart Spitz-Ahorn wurden insgesamt 41 Plusbäume in Waldbeständen gefunden und 23 weitere Klone aus zwei Genarchiven herangezogen, sodass insgesamt 64 Genotypen zur Verfügung stehen.

Für die Plusbaumsuche bei Sommer-Linde und Stiel-Eiche wurden neben den bereits genannten Ressourcen weitere Quellen berücksichtigt. Insbesondere für die in sächsischen Wäldern nur mit geringer Dichte vorkommende Sommer-Linde wurden für die Plusbaumsuche auch Naturdenkmäler und die Waldbiotopkartierung (SBS 2018) herangezogen. Für die Baumart Sommer-Linde konnten insgesamt 37 Plusbäume neu identifiziert werden und weitere 16 Klone standen bereits in Form eines Klonarchives zur Verfügung. Diese Sommer-Linden-Plusbäume stammen aus einem deutlich über Sachsen hinausgehend gewählten Suchgebiet aus den Herkunftsgebieten 824 02 „Mittel- und Ostdeutsches Tief- und Hügelland“ sowie 824 03 „Südostdeutsches Hügel- und Bergland“ (BLE 2024).

Für die forstliche Haupt-Baumart Stiel-Eiche wurden insgesamt 64 Plusbäume aus den zwei Herkunftsgebieten 817 05 „Mitteldeutsches Tief- und Hügelland“ und 817 08 „Südostdeutsches Hügel- und Bergland“ identifiziert (Abb. 4). Aufgrund der hohen Vorkommensdichte dieser Haupt-Baumart über Sachsen hinweg und aufgrund des vorhersehbar höheren Bedarfs an Stiel-Eichensaatgut, wurde eine herkunftsgebietsweise Samenplantagenneuanlage, zuerst für das Herkunftsgebiet 817 08, beschlossen. In der Wintersaison 2024/25 werden zuerst die Reiser von den betroffenen 37 Plusbäumen gewonnen.

Das vorgestellte Samenplantagenvorhaben bezieht nicht nur den Staatswald ein. Mit dem Ziel der bestmöglichen Abdeckung der vorhandenen genetischen Strukturen werden alle Eigentumsformen berücksichtigt. Aus diesem Grund wurden auch Meldungen aus dem Privat-, Körperschafts- und Kirchenwald in die Plusbaumauswahl einbezogen. Bezüglich der Eigentumsverteilung der Bestände, aus denen Plusbäume ausgewählt werden konnten, zeichnet sich für die Baumarten Spitz-Ahorn und Hainbuche ein sehr ähnliches Bild ab. Mehr als die Hälfte der Plusbäume stammen aus dem Staatswald, gefolgt von Anteilen aus dem Privat- und Körperschaftswald. Nur wenige Individuen wurden im Kirchenwald identifiziert. Somit ähneln die Anteile an der Eigentumsverteilung der Plusbaum-Ursprungsbestände den tatsächlichen Flächenanteilen der Eigentumsformen an der Waldfläche Sachsens, was für eine gleichmäßige Abdeckung genetischer Strukturen spricht. Bisher stammen die Stiel-Eichen allesamt aus dem Staatswald. Bei den Sommer-Linden stammen hingegen die Hälfte aller Plusbäume aus kommunalen Wäldern. Die restlichen Bäume teilen sich fast gleichmäßig auf den Staats- und Privatwald auf.

Abbildung 4: Übersicht Plusbaumverteilung im Freistaat Sachsen (Farbcode kennzeichnet die im sächsischen Samenplantagenvorhaben bisher bearbeiteten Arten; Punkte zeigen die Standorte der im Verlauf des Samenplantagenvorhabens neu ausgewählten Plusbäume für die Jahre 2023 und 2024). Basiskarte Landwirtschaft- und Umweltinformationssystem für Geodaten (LUIS): Darstellung auf der Grundlage von Daten und mit Erlaubnis des Sächsischen Landesamtes für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie.



Quelle: Staatsbetrieb Sachsenforst (L. TRILLER).

3.2 Reiserernte

Die Ernte der Pflöpfreier von den ausgewählten Plusbäumen fand 2023/24 bzw. 2024/25 ausschließlich an stehenden Bäumen statt. Die Witterungsverhältnisse sind wegen der erforderlichen winterlichen Dormanz der Reiser wesentlich, jedoch kaum planbar. Die rechtliche und durch den Bodenzustand bedingte Zugänglichkeit der Bestände sowie die Verfügbarkeit geeigneter Dienstleister sind weitere Faktoren, die die Reiserernte beeinflussen. Im Jahr 2023/24 wurden die Reiser ausschließlich mittels baum- und bodenschonender Seilklettertechnik beerntet. Der Einsatz von Hubsteigern könnte zeitliche Ersparnisse bieten, erfordert jedoch andere Genehmigungen für den Zugang in den Bestand. Die Standsicherheit auf Waldböden ist nur in Einzelfällen gut vorhersehbar. Der Hubsteigereinsatz wird zudem von den betreffenden Waldeigentümern zum Teil abgelehnt und ist unter dem Grundsatz des bodenschonenden Vorgehens derzeit nicht vorgesehen.

Für die Samenplantagenneubegründung müssen mindestens fünf, besser mehr Pflöpfingspflanzen je Klon (= Plusbaum) vorhanden sein. Bei dem hohen physiologischen Alter der Plusbaumkronen wird aus Erfahrung im Betrieb, je nach Baumart, mit einem Veredelungserfolg von nur 10 bis 50 % gerechnet. Daher hat sich in der Praxis des hier vorgestellten Samenplantagenvorhabens die Mindestanzahl von 30 bis 40 Pflöpfreisern pro Plusbaum aus der Lichtkrone ergeben. Die Auswahl wird am Boden bei Zuarbeit des Baumsteigers anhand einer

Qualitätsprüfung getroffen, und die Reiser werden umgehend für die anschließende Lagerung vorbereitet. Dabei werden die Pfropfreiser in feuchte Tücher eingeschlagen und bis zum Zeitpunkt der Veredelung bei -5,0 °C gelagert. Einen Tag vor der Veredelung werden die Reiser aufgetaut.

3.3 Veredelung

Die Veredelung wurde an drei Tagen pro Woche durchgeführt und hat insgesamt vier Wochen Zeit in Anspruch genommen. Ein externer Partner, der beste Referenzen in der Veredelungspraxis an Forstgehölzen bzw. Plusbäumen vorwies, wurde beauftragt, da die Qualität der Reiser im Gegensatz zu jener bei der Produktion von Veredelungspflanzen im industriellen Zier- und Obstgehölzbereich sehr inhomogen und gering ausfällt. Im Wirtschaftsbaumschulbereich können häufig sehr hohe Stückzahlen von nur wenigen Klonen bzw. Obstsorten produziert werden, für welche dazu optimierte Klonmutterquartiere als Ausgangsmaterial bewirtschaftet werden. Dies ist im Bereich der forstgenetischen Erhaltungs- und Samenplantagenzucht nicht möglich. Die Veredelung wurde zur Minimierung von Transportwegen, welche neben hohem Aufwand weitere Verlustrisiken bergen, am Standort Graupa durchgeführt, da dort die weitere Aufschulung der erfolgreich veredelten Pflanzen nach der Gewächshausanzucht erfolgt. Aufgrund der physiologisch bedingten und üblicherweise gering ausfallenden Veredlungserfolge wurden pro Klon je 20 bis 30 Ramets angefertigt. Dadurch sind schlussendlich 1133 Spitz-Ahorn-Veredelungen und 1539 Hainbuchen-Veredelungen entstanden. Das Veredlungsverfahren wurde individuell vom Veredler passend zur Unterlage und den Edelreisern gewählt.

Der Anwuchs der Veredelungen wurde regelmäßig in sehr kurzen zeitlichen Abständen nach dem Veredeln im Gewächshaus überprüft und zugleich notwendig werdende Schnitte an der Belaubung, den Unterlagen- oder Reiser-Sprossachsen einzelpflanzenweise durchgeführt. Die Schnittstärke und Zeitpunkte wurden am Ermessen des erfahrenen Veredlers und dem Zustand der Einzelpflanze orientiert. Dennoch gestaltete sich der Erfolg klonspezifisch je nach dessen Veredelungs- und Unterlagenverträglichkeit oder auch Kallusentwicklung und Pathogensituation an der Veredelungsstelle. Letztendlich ergab sich für den Spitz-Ahorn eine Anwuchsrate von 26 % und für die Hainbuche von 27 % am Ende der Vegetationsperiode im Veredelungsjahr. Plusbäume mit besonders niedrigen Anwuchsraten werden im Winter 2024/2025 erneut veredelt. Zusätzlich wurde im August 2024 eine Sommerveredelung im Veredlungsverfahren der Okulation bei ausgewählten Spitz-Ahornklonen durchgeführt. Hierbei sind 61 % aller Veredelungen angewachsen. Der verbesserte Erfolg bei der Sommerveredlung 2024 des Spitz-Ahorns im hier beschriebenen Samenplantagenvorhaben lässt sich nicht generalisieren. Art- und verfahrensspezifische Faktoren, aber auch individuelle Eigenheiten des Plusbaums, wie das Vorhandensein von Milchsaft (Spitz-Ahorn) oder Harz, die Häufigkeit von Unverträglichkeiten, die Fähigkeit der Art zur Re-Juvenilisierung von Reisern, das Alter des Plusbaums und die Position des beernteten Kronenteils können Einfluss auf den Anwuchserfolg gehabt haben, was jedoch in der Praxis meist nicht aufgeklärt werden kann.

4 Ausblick

Samenplantagen sind und bleiben auch künftig ein wichtiges Instrument zur Erzeugung von hochwertigem Forstvermehrungsgut. Insbesondere für Neben-Baumarten sind Samenplantagen sinnvoll, da der steigende Bedarf auch zukünftig nicht allein aus Saatguterntebeständen gedeckt werden kann.

Durch die Einführung des Samenplantagenvorhabens des Staatsbetrieb Sachsenforst eröffnen sich Möglichkeiten, intensiv an der Neuanlage und Etablierung von Samenplantagen zu arbeiten. Momentan wird intensiv an der Etablierung von Samenplantagen für die Laubbaumarten Spitz-Ahorn, Hainbuche, Sommer-Linde und Stiel-Eiche gearbeitet. Dadurch soll der zukünftige Bedarf an Forstvermehrungsgut dieser und weiterer Neben-Baumarten weiter abgedeckt werden. Jedoch muss hierbei auch die Langfristigkeit von Samenplantagen berücksichtigt werden. Denn die Neuanlage einer Samenplantage stellt nur einen Schritt in die richtige Richtung dar. Eine Samenplantage muss nach der Anlage weiterhin regelmäßig gepflegt und kontrolliert werden, damit

die Plantage, nachdem sie das fruktifikationsfähige Alter und die gesetzlich vorgeschriebene Zulassung erreicht hat, dem Saatgutproduktionsziel gerecht wird und sich der hohe Investitions- und Pflegeaufwand in der Zukunft rentiert. Je nach Baumart wird erst nach 10 bis 20 Jahren das erste Saatgut aus der Samenplantage erzeugt und erst, wenn ausreichend viele Bäume blühen, kann die Samenplantage nach Forstvermehrungsgutrecht zugelassen werden. Dafür zuständig wird dabei auch künftig das Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung sein. Das Vorhaben bietet einen guten Ausgangspunkt, um die Anzahl an Samenplantagen in Sachsen zu erhöhen. Jedoch muss über den Projektrahmen hinaus weiterhin die Etablierung, Pflege und Kontrolle langfristig sichergestellt werden.

Literatur

- BLE [Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung] (Hrsg.) (2024): Herkunftsgebiete, online, Abruf 2.12.2024: <https://fgrdeu.genres.de/nationales-inventar/herkunftsgebiete>
- CLARK J, WILSON T (2005): The importance of plus-tree selection in the improvement of hardwoods. *Quarterly Journal of Forestry* 99 (1): 45-50.
- EISENHÄUER D-R, SONNEMANN S (2008): Waldentwicklungstypen – Grundlage für die Entwicklung regionaler Waldbaurichtlinien in Sachsen. *AFZ/Der Wald* 63 (10): 12–17.
- LfULG [Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie] (Hrsg.) (2024). Ereignisanalyse Trockenheit in Sachsen 2014 – 2020. Online, Abruf 13.01.2025 <https://publikationen.sachsen.de/bdb/artikel/45582>
- LIESEBACH H, LIEPE KJ, BÄUCKER C (2021a): Towards new seed orchard designs in Germany. *Silvae Genetica* 70: 84-98.
- LIESEBACH H, LIEPE KJ, BÄUCKER C (2023): Neue Samenplantagen für Deutschland – Empfehlungen auf Basis internationaler Erkenntnisse. *Thünen Report* 105: 274-281.
- LIESEBACH M et al. (2021b): Identifizierung von für Deutschland relevanten Baumarten im Klimawandel und länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten – Empfehlungen der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ zu den Arbeitsaufträgen der Waldbaureferenten. Johann Heinrich von Thünen-Institut, Thünen Working Paper 172.
- MERBITZ L (2022): Zwischenbericht über den aktuellen Zustand und Pflegebedarf von Samenplantagen im Freistaat Sachsen. (unveröffentlicht)
- PAUL M, PREuß H, HAUSKELLER H-M (2022): Samenplantagen bilden entscheidende Grundlage für die Zukunft. *WALD* (2022): 12-13. Online: [paul_2022_samenplantagen_bilden_entscheidende.pdf](https://www.nw-fva.de/paul_2022_samenplantagen_bilden_entscheidende.pdf) (nw-fva.de)
- SBS [Staatsbetrieb Sachsenforst] (Hrsg.) (2018): Waldbiotopkartierung in Sachsen. Online, Abruf 15.01.2025: <https://publikationen.sachsen.de/bdb/artikel/32019>
- SCHRÖCK O, KOOTZ FW, HOFFMANN K (1954): Forstliche Samenplantagen: Ein Beitrag zu ihrer Anlage. Neumann Verlag, Radebeul und Berlin, 79 S.
- SMEKUL [Sächsisches Staatsministerium für Energie, Umwelt und Landwirtschaft] (Hrsg.) (2024a): Daten zum Wald: Wald, Forstwirtschaft, Jagd. Online, Abruf 02.12.2024: <https://www.wald.sachsen.de/daten-zum-wald-4834.html>
- SMEKUL [Sächsisches Staatsministerium für Energie, Umwelt und Landwirtschaft] (Hrsg.) (2024b): Waldzustandsbericht 2024. Online, Abruf 13.01.2025: <https://publikationen.sachsen.de/bdb/artikel/46382>
- WOLF H, TRÖBER U (2019): Schlussbericht zum Vorhaben: Bereitstellung von leistungsfähigem und hochwertigem Forstvermehrungsgut für den klima- und standortgerechten Wald der Zukunft (FitForClim) – Teilprojekt 3. Staatsbetrieb Sachsenforst (unveröffentlicht)
- WOLF H, TRÖBER U, SCHILDBACH M (2021): Forstliche Genressourcen im Freistaat Sachsen. *Schriftreihe*, Heft 32. Online, Abruf 13.01.2025: <https://publikationen.sachsen.de/bdb/artikel/18532>

Autorinnen und Autoren

LINA TRILLER, JAKOB QUEGWER, ANNABELL POPP, UTE TRÖBER, MATTHIAS MEYER

Staatsbetrieb Sachsenforst (SBS), Referat Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Straße 34,
01796 Pirna OT Graupa;

Kontakt: lina.triller@smekul.sachsen.de

Eine EU-Verordnung für forstliches Vermehrungsgut?

MIRKO LIESEBACH

Zusammenfassung

Die EU-Kommission beabsichtigt die Richtlinie über den Verkehr mit forstlichem Vermehrungsgut durch eine Verordnung abzulösen und hat dazu im Sommer 2023 einen Entwurf vorgelegt, der seitdem im Rat der EU diskutiert wird. Im Beitrag wird das Rechtssetzungsverfahren der EU vorgestellt. Es folgt der aktuelle Stand zur EU-Verordnung über forstliches Vermehrungsgut. Abschließend werden Auswirkungen auf Waldbesitzer, Unternehmen und Behörden aufgezeigt.

Abstract

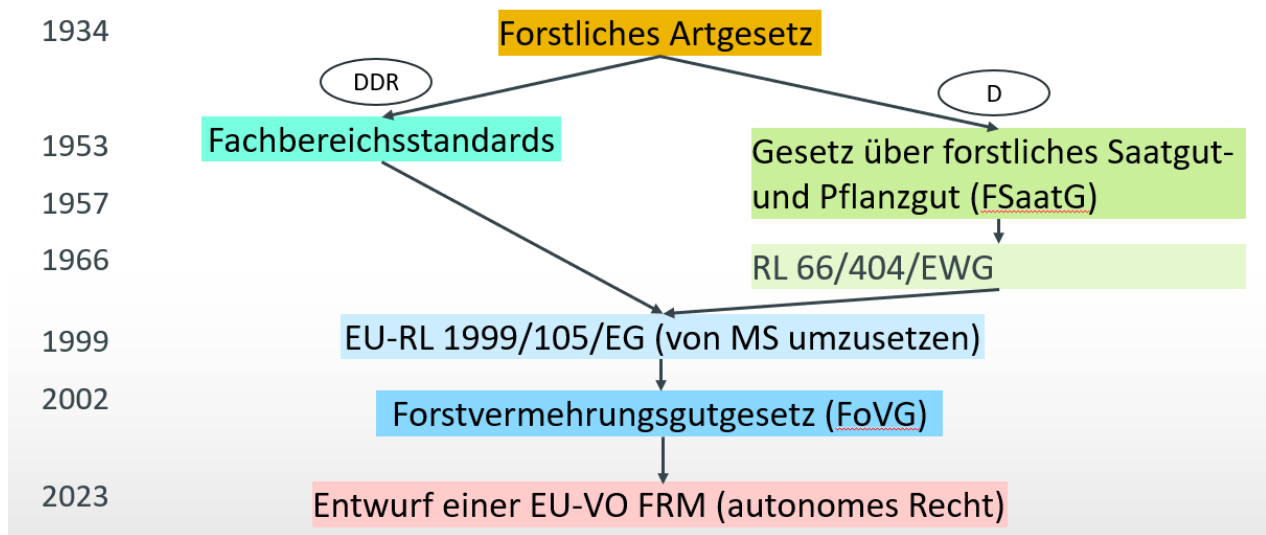
The EU Commission intends to replace the directive on the marketing of forest reproductive material with a regulation and presented a draft in summer 2023, which has since been discussed in the EU Council. In the following article, the EU legislative procedure is outlined. This is followed by the current status of the EU regulation on forest reproductive material. Finally, the effects on forest owners, companies and authorities are outlined.

1 Einleitung - Bedeutung von forstlichem Vermehrungsgut (FRM)

Unsere Waldbäume sind im Vergleich zu den meisten landwirtschaftlichen Kulturpflanzen durch Langlebigkeit, Ortsgebundenheit und eine im höheren Alter beginnende Reproduktion gekennzeichnet. Im Laufe ihres Lebens haben sie mit wechselnden Umweltbedingungen zurechtzukommen und folglich an spezielle Standortbedingungen angepasste Herkünfte ausgebildet. Anders als in der Landwirtschaft arbeitet die Forstwirtschaft mit Populationen und nur in Ausnahmefällen mit Klonen oder Sorten. Auch wenn die Ergebnisse der jüngsten Bundeswaldinventur 2022 einen Naturverjüngungsanteil von über 90 % ausweist, ist forstliches Vermehrungsgut insbesondere bei der Neuwaldbegründung und beim Waldumbau gefragt. Hierfür ist die Bereitstellung von hochwertigem Vermehrungsgut zur Versorgung der Baumschulen und Forstbetriebe von besonderer Bedeutung. Die Erzeugung, Kennzeichnung und der Vertrieb von forstlichem Vermehrungsgut sind daher schon seit längerem rechtlich geregelt (Abb. 1). In Deutschland erfolgt dies über das Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG), das auf der Richtlinie 1999/105/EG über den Verkehr mit forstlichem Vermehrungsgut basiert.

Im Mai 2013 hatte die EU-Kommission einen Vorstoß unternommen und einen Verordnungsentwurf zur Erzeugung von Pflanzenvermehrungsmaterial und dessen Bereitstellung vorgelegt. In einer Verordnung wollte die EU pflanzliches (landwirtschaftliches) und forstliches Vermehrungsgut regeln. Dieser Entwurf wurde im März 2014 mit großer Mehrheit vom Parlament der EU abgelehnt. Rund zehn Jahre später hat die EU-Kommission einen neuen Vorstoß unternommen und für den Vermehrungsgutbereich zwei getrennte Verordnungsentwürfe einen über pflanzliches und einen über forstliches Vermehrungsgut vorgelegt. Im Gegensatz zur EU-Richtlinie 1999/105/EG, die durch das FoVG in nationales Recht umgesetzt ist, gilt eine EU-Verordnung direkt in allen Mitgliedstaaten, ohne dass regionale Besonderheiten hinreichend berücksichtigt werden können.

Abbildung 1: Entwicklung der rechtlichen Regelungen zu forstlichem Vermehrungsgut in Deutschland (vereinfacht).



Quelle: Thünen-Institut (M. LIESEBACH).

2 Beschlussfassungsorgane der EU-Verwaltung

Zum Verständnis der Abläufe bei der EU werden die vier zentralen Beschlussfassungsorgane der EU-Verwaltung vorgestellt: Europäischer Rat, EU-Kommission, Rat der EU und EU-Parlament.

Der **Europäische Rat** entscheidet über die allgemeine Ausrichtung der EU-Politik und ihre Prioritäten. Er setzt sich aus den Staats- und Regierungschefs der Mitgliedstaaten, dem Präsidenten des Europäischen Rates und dem Präsidenten der Europäischen Kommission zusammen. Er ist die **höchste Ebene** der politischen Zusammenarbeit zwischen den MS. Der Europäische Rat kann zu jedem Thema die EU-Kommission ersuchen einen Lösungsvorschlag zu erarbeiten.

Die **EU-Kommission** vertritt die gemeinsamen Interessen der EU und ist das wichtigste Exekutivorgan. Sie nutzt ihr sogenanntes Initiativrecht, um Vorschläge für neue Rechtsvorschriften vorzulegen, die anschließend vom EU-Parlament und vom Rat der EU geprüft und angenommen werden.

Im **Rat der EU** (landläufig „der Rat“ genannt) kommen Minister/innen aus allen MS zusammen, um Rechtsvorschriften zu diskutieren, zu ändern und anzunehmen. Jeder MS übernimmt wechselnd den Ratsvorsitz für sechs Monate.

Das **EU-Parlament** wird von Bürger/innen der Mitgliedstaaten für 5 Jahre direkt gewählt. Es ist zuständig für die Gesetzgebung, die Kontrolle und den Haushalt. Gemeinsam mit dem Rat der EU verabschiedet das EU-Parlament EU-Rechtsvorschriften auf der Basis von Vorschlägen der EU-Kommission.

Parlament und Rat beraten unabhängig voneinander die Kommissionsvorschläge und kommen daher zu abweichenden Ergebnissen. Am Ende müssen sie sich auf einen gemeinsamen Text einigen, was in sogenannten **Trilog** geschieht. Ein Trilog ist eine informelle Verhandlung, an der Vertreter des EU-Parlaments, des Rates der EU und der EU-Kommission teilnehmen. Ziel eines Trilogs, der in jeder Phase des Gesetzgebungsverfahrens organisiert werden kann, ist es, eine vorläufige Einigung über einen Vorschlag zu erzielen, der sowohl für das Parlament als auch für den Rat annehmbar ist. Diese vorläufige Vereinbarung muss dann von beiden Organen in förmlichen Verfahren angenommen werden.

Ein Trilog ist nicht mit Sitzungen des Vermittlungsausschusses zu verwechseln, die ein formeller Schritt des ordentlichen Gesetzgebungsverfahrens sind.

3 Einordnung des EU-Vorstoßes

Für die Periode 2019 bis 2024 hatte sich die EU-Kommission sechs Prioritäten gesetzt, eine davon ist der am 11. Dezember 2019 vorgelegte Green Deal (Europäische Grüne Deal) ein weitreichendes Programm für mehr Klima- und Umweltschutz in der Europäischen Union. Eine von der EU-Kommission geführten Zeitleiste enthält für den Green Deal 109 Einträge (URL1). So legte am 5. Juli 2023 die EU-Kommission ein Maßnahmenpaket, das auch die Verbesserung von forstlichem Vermehrungsgut enthält (EU-KOMMISSION 2023), vor (60. Eintrag). Darunter verbirgt sich unter anderem der Entwurf einer EU-Verordnung über die Erzeugung und das Inverkehrbringen forstlichen Vermehrungsguts.

Als Ziele für die Umstellung auf eine EU-Verordnung führt die EU-Kommission unter anderem die Harmonisierung zwischen den Mitgliedstaaten, eine Angleichung an das weiterentwickelte OECD-Zertifizierungssystem sowie die Berücksichtigung des wissenschaftlichen und technischen Fortschritts an.

4 Inhalte der EU-Verordnungsentwurfs

Ein Blick in den Verordnungsentwurf zeigt, dass auf den ersten Blick einiges aus der bewährten Richtlinie übernommen wurde. Dies gilt insbesondere für die Regelungen zur Zulassung von Ausgangsmaterial. Es wird weiterhin Registerzeichen geben, die Anforderung an Vermehrungsgut sind weitgehend unverändert. Neu aufgenommen sind Anforderung für forstliches Vermehrungsgut für die Ausweisung von Ausgangsmaterial für den Zweck der Erhaltung forstgenetischer Ressourcen.

Die Arten von Ausgangsmaterial (Samenquelle, Bestand, Samenplantage, Familienelter, Klon, Klonmischung) sind ebenso wie die Arten des Vermehrungsguts (Saatgut, Pflanzenteile, Pflanzen) und die Kategorien (quellengesichert, ausgewählt, qualifiziert, geprüft) unverändert von der Richtlinie übernommen. Es gibt auch weiterhin Herkunftsgebiete, einer der wenigen Bereiche, für deren Ausgestaltung die Mitgliedstaaten zuständig bleiben. Auch Stammzertifikate gibt es weiterhin, wobei die EU-Kommission sich vorbehält, noch Durchführungsrechtsakte zu erlassen.

Letzteres zeigt, dass vieles in der Verordnung nicht abschließend geklärt wird und damit nicht abzusehen ist, was bei Umsetzung der Verordnung letztendlich einzuhalten ist. Ein weiterer Punkt ist, dass einiges in der Verordnung offen formuliert ist und damit nicht zu einer Harmonisierung zwischen den Mitgliedstaaten führen kann.

Dieses beginnt bereits beim Geltungsbereich: Während Wieder- und Erstaufforstung, Waldumbau sowie Direktsaat im Wald eindeutig sind, besteht bei anderen Baumpflanzungen oder anderen Aktivitäten zur Erreichung der in Artikel 2 aufgelisteten Ziele, wie z. B. Klimaschutz oder Klimaanpassung oder Bodenschutz, Interpretationsfreiheit.

Die Liste der von der Verordnung geregelten Baumarten wird erweitert (Tabelle 1), auch wenn die EU-Kommission dies erst nach Inkrafttreten der Verordnung in weiteren Rechtsakten umsetzen wollte. Auf Vorschlag der Mitgliedstaaten war die Liste auf 115 Arten und Gattungen angestiegen. Als Ergebnis weiterer Verhandlungen wurde die Baumartenliste auf derzeit 82 gekürzt. Neu wäre, dass der Verordnungsentwurf alle Hybriden regeln würde, was sicherlich pragmatisch ist.

Für die Unternehmen (Saatguthandel, Baumschulen usw.) gibt es künftig nur noch eine Betriebsnummer. So ist ausschließlich eine Anmeldung über den Pflanzenschutz vorgesehen und nicht wie bisher als Forstsamen- oder -pflanzenbetrieb und beim Pflanzenschutz.

Tabelle 1: Zusammenstellung der durch die Verordnung geregelten Arten- und Gattungsanzahl.

	Baumarten	Gattungen	Hybriden
bislang	45	1 (<i>Populus</i>)	Hybridlärche, alle Hybridpappeln
zwischenzeitlich	110	5 (<i>Eucalyptus</i> , <i>Juglans</i> , <i>Paulownia</i> , <i>Populus</i> , <i>Salix</i>)	Hybridlärche, alle weiteren Hybriden
derzeitiger Diskussionsstand	78	4 (<i>Eucalyptus</i> , <i>Juglans</i> , <i>Paulownia</i> , <i>Populus</i>)	alle Hybriden

Quelle: Thünen-Institut (M. LIESEBACH).

Der derzeitige Pflanzenpass wird durch ein amtliches Etikett abgelöst, auch wenn auf dem Etikett der Name Pflanzenpass erhalten bleibt. Das amtliche Etikett enthält zusätzliche Informationen und könnte wie in Abbildung. 2 dargestellt aussehen. Das genaue Aussehen wird per Rechtsverordnung zu einem späteren Zeitpunkt festgelegt. Die Vorstellung der EU-Kommission war, dass das amtliche Etikett später über Jahre aufbewahrt wird. Dies konnte in den Verhandlungen abgewendet werden. Im derzeitigen Entwurf konnte stattdessen ein Unternehmersdokument verankert werden. Dahinter verbirgt sich der Lieferschein bzw. die Rechnung.

Nach dem Willen der EU-Kommission soll auch eine umfangreiche Kennzeichnung der Partien vorgeschrieben werden, die in der Form nicht nachvollziehbar ist. Daneben ergeben sich noch weitere Änderungen für die Unternehmen, auf die hier nicht weiter eingegangen wird.

Abbildung 2: Gegenüberstellung der Inhalte des derzeitigen Pflanzenpasses (links) und des künftigen Etiketts (rechts).

 Pflanzenpass / Plant <u>Passport</u> A (Botanischer Name) B (Registernummer Betrieb) DE-SH3-110093 C (Rückverfolgbarkeitscode) GH- D (Herkunftsland) DE	 Pflanzenpass / Plant <u>Passport</u> - Partienummer (= C) - Stammzertifikatscode - Wissenschaftliche Name (= A) - Kategorie - Registernummer - Betriebsnummer (= B darin D enthalten) - ggf. bei „Geprüft“ GMO/NGT - ggf. weitere Informationen des Unternehmersdokuments - Codes des Unternehmersdokuments - Alter und Sortiment bei Pflanzen
---	---

Quelle: Thünen-Institut (M. LIESEBACH).

Auch auf die zuständigen Behörden kommen nicht unerhebliche Änderungen zu. So ist für alle Zulassungseinheiten der Verwendungszweck zu ändern. Bislang ist der überwiegende Teil der Zulassungseinheiten für die Erzeugung von forstlichem Vermehrungsgut für den Zweck „multifunktionale Forstwirtschaft“ ausgewiesen. Künftig ist eines oder mehrere der sieben in Artikel 2 genannten Ziele vorgesehen. Für die meisten dieser Ziele gibt es aber in den Anhängen keine Kriterien nach denen das Ausgangsmaterial zugelassen werden kann. Die Kriterien in den Anhängen sind ausschließlich auf die Holzproduktion und den Erhalt

forstgenerischer Ressourcen ausgelegt. Die Verordnung enthält jedoch keine Kriterien für die aufgeführten Ziele einer nachhaltigen Erzeugung, Vermarktung und Rückverfolgbarkeit, dem Aufbau von resilienten Wäldern, der Anpassung von forstlichem Vermehrungsgut und Wäldern an den Klimawandel, der Minderung des Klimawandels und des Bodenschutzes sowie der Produktion von anderen (Nichtholz-)Produkten. Weder Verwaltung noch Wissenschaft können diese Kriterien kurzfristig gerichtsfest definieren.

Die EU-Kommission begründet die detaillierte Zweckausweisung damit, dass der Waldbesitzer so mehr Informationen über das Vermehrungsgut erhält und damit den richtigen Baum an den richtigen Ort pflanzen kann.

Die Berichtspflichten der Mitgliedstaaten an die EU-Kommission nehmen zu. Alle fünf Jahre hat Deutschland zu melden, wieviel forstliches Vermehrungsgut je Kategorie und Jahr erzeugt wurde, welche Mengen aus Drittländern eingeführt wurden, welche Sanktionen verhängt wurden und wie hoch die Anzahl der registrierten Unternehmen ist.

Unklar ist, wie die Kontrolle künftig erfolgen soll. Die EU-Kommission verfolgt den Ansatz einer Harmonisierung zwischen den Sektoren (Landwirtschaft, Lebens- und Futtermittel, Forst usw.) und will das forstliche Vermehrungsgut einer eigenständigen, für alle Sektoren geltenden Kontrollverordnung unterwerfen. Deutschland setzt sich dafür ein, dass die Kontrolle die forstspezifischen Belange stärker berücksichtigend, zwischen den Mitgliedstaaten harmonisiert in der Verordnung für forstliches Vermehrungsgut reguliert wird.

5 Fazit

In Bezug auf forstliches Vermehrungsgut will die EU-Kommission mit der neuen Verordnung sicherstellen, dass der richtige Baum am richtigen Ort gepflanzt wird, um die Wälder besser gegen den Klimawandel zu wappnen. Die Grundaussage der EU-Kommission, dass der richtige Baum am richtigen Platz gepflanzt werden soll, ist zu begrüßen. Genaugenommen handelt es sich hierbei bereits um die Verwendung von forstlichem Vermehrungsgut, die aber nicht Gegenstand der Verordnung ist. Die EU-Verordnung regelt nur Erzeugung, Handel, Kennzeichnung und Nachverfolgbarkeit von forstlichem Vermehrungsgut.

Bei den meisten Waldbesitzern und Forstleuten ist sich die Botschaft angekommen, dass Buche nicht gleich Buche ist, sondern die Herkunft entscheidend ist. Durch die Vielzahl an Informationen, mit denen das forstliche Vermehrungsgut versehen werden soll, wird es für den Waldbesitzer unübersichtlicher. Die Masse der Waldbesitzer hat mit ihrem Wald Einkommen zu erzielen.

Den Unternehmen des Samenhandels und der Forstbaumschulen wird mit der Verordnung mehr Verantwortung übertragen. Dies bedingt einen höheren Bürokratieaufwand in den Unternehmen.

Für die zuständigen Behörden erhöht sich der Aufwand bei den Zulassungen und den Kontrollen sowie den Berichtspflichten.

Der Beitrag gibt den aktualisierten Stand zum Zeitpunkt des Vortrags wieder. Wir befinden uns in einem laufenden Prozess, in dem sich von Sitzung zu Sitzung Inhalte zum Teil gravierend ändern. Dennoch kann zum gegenwärtigen Stand festgehalten werden,

- dass der Verordnungsentwurf für forstliches Vermehrungsgut eine Überregulierung darstellt,
- dass eine Harmonisierung zwischen den Mitgliedstaaten durch eine Vielzahl von unbestimmten Rechtsbegriffen nicht gegeben ist,
- dass die EU-Kommission eine Harmonisierung zwischen Sektoren und nicht zwischen den Mitgliedstaaten im Bereich FRM anstrebt,

- dass der nationale deutsche Standard nicht immer gehalten werden kann und
- dass ein Mehrwert im Vergleich zur Richtlinie nicht ersichtlich ist.

Man muss sich daher die Frage stellen, ob die Umstellung auf eine Verordnung gerechtfertigt ist. Eine Novellierung der Richtlinie wäre ausreichend und würde die lokalen Gegebenheiten der europäischen Wälder besser berücksichtigen. Mit einer EU-Verordnung, wie sie im Entwurf vorliegt, würde der von vielen Seiten angemahnte Bürokratieabbau nicht erreicht werden.

Dank

Den Mitgliedern der Arbeitsgruppe, KARIN GERSTENDÖRFER (Bayer. Staatsministerium), JOHANN HENRICH (BLE), INA HERBERT (Landesverwaltungsamt Sachsen-Anhalt), DIRK MÜLLER (Vorsitz der Kontrollbeauftragten), DAGMAR SCHNECK (Vorsitzende des gGA), JULIANE HENRY (BMEL) und STEPHANIE SALZMANN (BFW, Wien) sowie weiteren nichtgenannten Personen, die in Vertretung eingesprungen sind, sei für die Bereitschaft zur Teilnahme an Videokonferenzen, die wegen der kurzen Fristen oft kurzfristig anberaumt werden, gedankt. Mittlerweile fanden über 55 Videokonferenzen der Arbeitsgruppe statt, in denen Stellungnahmen und Sprechzettel für die Sitzungen in Brüssel oder informelle Videositzungen der Ratsarbeitsgruppe vorbereitet wurden.

Quellen

URL1: https://commission.europa.eu/strategy-and-policy/priorities-2019-2024/european-green-deal_de (Aufruf 29.1.2025)

EU-KOMMISSION (2023): Vorschlag über eine Verordnung des europäischen Parlaments und des Rates über die Erzeugung und das Inverkehrbringen forstlichen Verkehrsguts. COM(2023)415 final 2023/0228 (COD) vom 05.07.2023

Autor

MIRKO LIESEBACH

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

Kontakt: mirko.liesebach@thuenen.de

Auf der Spur klimaresistenter Saatgutquellen: Genetische Variation und Anpassungspotenzial von Weißeichen

SIMON JANSEN, PELIN ACAR, FILIPPOS A. ARAVANPOULOS, ASIYE ÇİFTÇİ, COLETTE BLYTH, FUNDA ÖZDEMİR DEĞİRMENCI, ÖZLEM MAVİ İDMAN, ÇİĞDEM KANSU, ZEKİ KAYA, JÖRG KLEINSCHMIT, DEBORAH MARIE LEIGH, LARS LITTMANN, CHRISTIAN RELLSTAB, DEVRİM SEMİZER-CUMING, NIKOS TOURVAS, CHARALAMBOS NEOPHYTOU

Zusammenfassung

Der rasch voranschreitende Klimawandel unterstreicht, neben der Wahl geeigneter Baumarten, die Bedeutung der Verwendung anpassungsfähiger Herkünfte für ein nachhaltiges Waldmanagement. Klimaprognosen zeigen erhebliche Änderungen, z. B. zunehmende Trockenheit, die die geschätzte Geschwindigkeit für lokale Anpassungen deutlich überschreiten. Um negative Effekte des Klimawandels zu mildern, wird verstärkt über die Verwendung vorangepasster Herkünfte, beispielsweise aus südlicheren Regionen diskutiert (Stichwort: „unterstützter Genfluss“). Da viele anpassungsrelevante Merkmale einem komplexen Zusammenspiel aus Umwelt und genetischen Konstitution unterliegen, besteht durch eine solche Saatgutverfrachtung auch das Risiko einer Fehlanpassung. Daher ist es von großer Bedeutung, die innerartliche genetische Variation, ihre räumliche Verteilung und die Anpassungsmuster potenziell klimaresistenter Baumarten zu erforschen und in die Bewertung anpassungsfähiger Saatgutquellen miteinzubeziehen. Die heimischen Weißeichenarten *Quercus robur*, *Q. petraea* und *Q. pubescens* zeichnen sich durch ihre breite ökologische Amplitude und ihre Trockenheitstoleranz aus und bieten daher im Rahmen des Klimawandels ein großes Potenzial für die heimische Waldwirtschaft. Im Rahmen des BiodivERSA-Projekts 'ACORN' wurden daher über 120 Populationen dieser Eichenarten beprobt, die ein breites geografisches Spektrum von Mitteleuropa bis zum östlichen Mittelmeerraum abdecken und verschiedene Standortbedingungen auf regionaler Ebene repräsentierten. Ziel ist es, mittels genetischer und genomischer Untersuchungen Populationen auf kontinentaler, regionaler, wie lokaler Ebene zu identifizieren, die ausreichend Anpassungspotential an künftige Klimabedingungen haben. Die ersten Ergebnisse, basierend auf nuklearen und chloroplastischen Mikrosatellitenmarkern, bieten Einblicke in die neutrale genetische Struktur, Demografie und Diversität der drei Arten sowohl auf regionaler Ebene als auch im gesamten Verbreitungsgebiet, einschließlich Refugialpopulationen, die bisher wenig Beachtung fanden. Weitere kommende Ergebnisse sollen darüber Aufschluss geben über die Auswirkungen von Evolutionsmechanismen auf die Genpools der drei Eichenarten und die Faktoren (z. B. geografische Barrieren, Kreuzungen und Rückkreuzungen, nacheiszeitliche Rückwanderung), welche die neutrale genetische Struktur und Vielfalt geprägt haben. Durch genomweite Umweltassoziationsanalysen werden Signaturen lokaler Anpassung untersucht. Insbesondere soll überprüft werden, ob bestimmte Gene und genomische Regionen mit Trockenheitsbezogenen Umweltparametern korelieren, sowie ob gemeinsamen Anpassungssignaturen an Trockenheit zwischen den Populationen bestehen. Die Studie bietet wertvolle Einblicke in die genetische Vielfalt und das Anpassungspotenzial der drei Weißeichenarten, die als Leitfaden für zukünftige Saatgutauswahl- und Zuchtprogramme dienen können.

Summary

On the way of climate-resistant seed sources: Potential of genetic variation and adaptation in white oaks

Rapidly advancing climate change emphasizes the importance of using adaptable provenances for sustainable forest management, in addition to the selection of suitable tree species. Climate projections show significant changes, e. g. increasing drought, which clearly exceed the estimated speed for local adaptation. In order to mitigate the negative effects of climate change, the use of pre-adapted origins, for example from more southern regions, is increasingly being discussed (keyword: “assisted gene flow”). As many adaptation-relevant traits are

subject to a complex interplay of environment and genetic constitution, there is also a risk of maladaptation through such seed transportation. It is therefore of great importance to research the intra-species genetic variation, its spatial distribution and the adaptation patterns of potentially climate-resistant tree species and to include this in the evaluation of adaptable seed sources. The native white oak species *Quercus robur*, *Q. petraea* and *Q. pubescens* are characterized by their broad ecological amplitude and drought tolerance and therefore offer great potential for native forestry in the context of climate change. As part of the BiodivERsA project 'ACORN', more than 120 populations of these oak species were therefore sampled, covering a broad geographical spectrum from Central Europe to the eastern Mediterranean and different locations. As part of the BiodivERsA project 'ACORN', over 120 populations of these oak species were therefore sampled, covering a broad geographical spectrum from Central Europe to the eastern Mediterranean and representing different site conditions at regional level. The aim is to use genetic and genomic studies to identify populations at continental, regional and local levels that have sufficient potential to adapt to future climate conditions. The initial results, based on nuclear and chloroplastic microsatellite markers, provide insights into the neutral genetic structure, demography and diversity of the three species at both regional and range-wide levels, including refugial populations that have received little attention to date. Further forthcoming results will shed light on the effects of evolutionary mechanisms on the gene pools of the three oak species and the factors (e. g. geographical barriers, interbreeding and backcrossing, post-glacial return migration) that have shaped the neutral genetic structure and diversity. Signatures of local adaptation will be investigated by genome-wide environmental association analyses. In particular, we will examine whether specific genes and genomic regions correlate with drought-related environmental parameters and whether common drought adaptation signatures exist among populations. The study provides valuable insights into the genetic diversity and adaptive potential of the three white oak species that can guide future seed selection and breeding programs.

1 Einleitung

Der Klimawandel stellt Waldökosysteme und deren Bewirtschaftung vor große Herausforderungen. Zunehmende Trockenheit und die Häufung klimatischer Extremereignisse führen vermehrt zu Waldschäden und werfen die Frage nach der Resilienz heimischer Waldbaumarten auf und ob sich diese an die sich verändernden Umweltbedingungen anpassen können (z. B. SENF et al. 2020, FRANK et al. 2015). Klimawandelbedingte Verschiebungen von Standorteigenschaften können die lokale Anpassung von derzeitigen Beständen beeinträchtigen, wodurch der Leitsatz, dass lokales Vermehrungsgut am besten geeignet sei, in Frage gestellt wird. Dennoch konzentrieren sich Herkunftsempfehlungen weiterhin auf regionale Quellen, meist aus ökologisch optimalen Standorten, deren Anpassungspotenzial an den Klimawandel begrenzt sein könnte. Schlussfolgernd wird zunehmend der Transfer von Saatgut aus z. B. südlicheren oder ariden Standorten diskutiert, um die Anpassungsfähigkeit zukünftiger Wälder aktiv zu unterstützen (KONNERT et al. 2015).

Eichenarten wie die Stiel-, Trauben- und Flaumeiche gelten als heimische Hoffnungsträger für die zukünftige Forstwirtschaft. Sie zeichnen sich durch eine hohe genetische Diversität und breite ökologische Amplitude aus, die es ihnen ermöglicht, in verschiedenen Klimazonen und Standorten – von ozeanisch bis kontinental und von trockenen bis gut wasserversorgten Böden – zu gedeihen (KREMER 2010). Trotz ihrer Anpassungsfähigkeit stellen die prognostizierten bioklimatischen Änderungen erhebliche Herausforderungen dar. Simulationen zeigen, dass die Traubeneiche ihr Verbreitungsgebiet um 200–500 km nordwärts verschieben müsste, um weiterhin unter heutigen Bedingungen wachsen zu können. Dies steht im starken Gegensatz zu ihrer natürlichen Wanderungsrate von etwa 100 km pro Jahrhundert (KREMER 2010). Diese Diskrepanz verdeutlicht die Notwendigkeit gezielter Maßnahmen wie der Einführung vorangepasster Herkünfte. Zudem können sich im Verbreitungsgebiet innerartliche adaptive Unterschiede zwischen Populationen herausgebildet haben, welche einen grossen Einfluss auf die speziellen Wuchseigenschaften haben.

Ein künstlich erzeugter Genfluss muss daher mit Bedacht gemacht werden, nachdem die Anbaueignung von vielen oft unbekannten Umweltvariablen abhängt und auch Anpassungsmechanismen von Baumarten und deren Wechselbeziehungen noch nicht ausreichend erforscht sind. Dies kann die lokale Anpassung beeinträchtigen, sei es positiv durch die Erhöhung der Häufigkeit vorangepasster Gene oder negativ, wenn fehlangepasste Gene einwandern (z. B. FAO 2014). Zudem bedeutet jede Translokation (der erfolgreiche Transfer von nicht-lokalen Vermehrungsgut) ein Verlust natürlicher genetischer Strukturen. Aus diesen Gründen ist es wichtig Informationen über die demografische Geschichte heutiger Eichenpopulationen miteinzubeziehen, da diese teils aus unterschiedlichen Rückwanderungslinien entstanden sind, nachdem sich die Gletscher langsam zurückgezogen haben. Während der Eiszeiten waren viele Teilpopulationen über lange Zeiträume isoliert und in ihrer Populationsgröße begrenzt, was im Zusammenspiel mit Evolutionsmechanismen in variierenden genetischen Strukturen und unterschiedlichen lokalen Anpassungen resultieren könnte. Da viele anpassungsrelevante Merkmale polygen sind – also von zahlreichen Genen und deren Interaktionen geprägt werden – könnten sich lokale Anpassungen, beispielsweise an Trockenheit, auf unterschiedliche Weise entwickelt haben.

Unter der allgemeinen Hypothese, dass natürliche Auslese zum Etablieren der trockentolerantesten Genotypen in Lagen mit ausgeprägtem Wasserdefizit beitrug, könnten die Eichen auf unterschiedlichen räumlichen Ebenen eine Widerstandsfähigkeit gegen Trockenheit entwickelt haben. Um dies zu überprüfen werden in ACORN rund 120 Populationen, von Mittel bis Südost Europa untersucht um Muster der Anpassung an Trockenheit zu identifizieren. Innerhalb des Studiengebiets wurden zudem, im Bezug auf die Wasserverfügbarkeit konträre Bestände ausgewählt um auch eine mögliche lokale Anpassung zu untersuchen. Die lokalen Bestandespaare der Stiel-, Trauben- und Flaumeiche wurden daher so ausgewählt, dass sie aus jeweils einem trockenen und einem gut wasserversorgten Standort in räumlicher Nähe bestehen. Laufende Untersuchungen zielen nun darauf ab, Anpassungsmuster auf drei geografischen Ebenen (kontinental, regional und lokal) zu identifizieren (für eine grobe zonale Gliederung siehe Abb. 1). Zudem sollen Zusammenhänge zwischen genomischer und standörtlicher Variation Aufschluss geben, welche Umweltfaktoren für die Anpassung relevant sind und welche Gene dabei involviert sind. Bestätigt sich die Hypothese, dass auch regional standörtliche Bedingungen zu einer Anpassung führen, könnten diese Informationen über Kleinstandorte und wichtige genetische Reservoirs genutzt werden um Empfehlungen über Vermehrungsgut weiter zu konkretisieren und auch auf lokaler Ebene vorangepasste Herkünfte zu inkludieren.

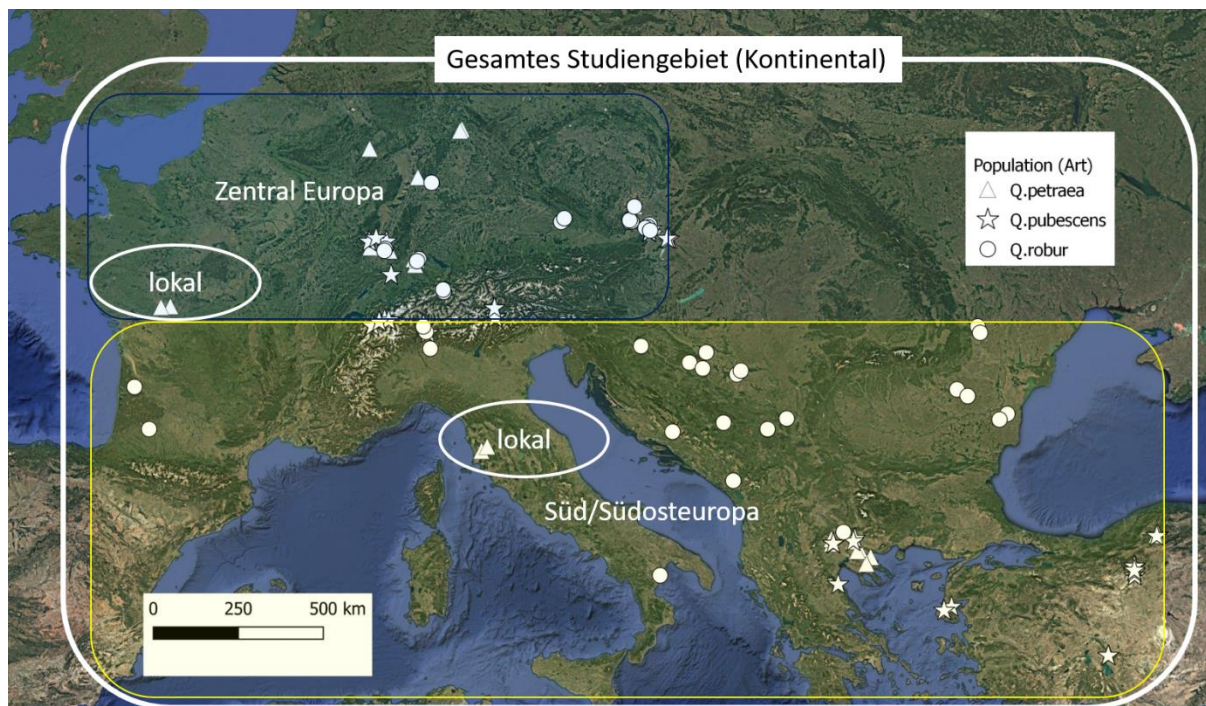
2 Material und Methoden

2.1 Populationen

Insgesamt wurden im Rahmen des Projektes 123 autochthone Eichenpopulationen in Mittel- und Südosteuropa beprobt, von denen 60 Bestandespaare gebildet wurden (für eine Übersicht der Populationen siehe Abb. 1). Diese Bestandespaare bestehen aus zwei Beständen, die (a) konträre Wassereigenschaften aufweisen und (b) in genetischem Austausch stehen (keine geographische Barriere; max. Entfernung Luftlinie: 25 km). Pro Population wurde von 25-30 Individuen Gewebe zur DNA-Extraktion entnommen. Insgesamt wurden so über 3500 Eichenindividuen mittels Kern- und Chloroplasten-DNA genotypisiert und auf ihre Art-Identität sowie ihre genetische Vielfalt und Diversität untersucht. Hierbei wurden neben den populationsgenetischen Diversitätsindikatoren (z. B. Fst, erwartete/beobachtete Heterozygotie; effektive Allelzahl) auch die räumlichen Verteilungsmuster der genetischen Struktur untersucht. Dazu wurden zunächst Bayessche Clusteranalysen mit der Software STRUCTURE (admixture model, unkorrelierte Allelfrequenzen, 50.000 Burn-in-Iterationen und 100000 MCMC-Iterationen) durchgeführt (PRITCHARD et al. 2000). Im Allgemeinen wurde von einer Anzahl von 1 bis 10 zu identifizierenden Clustern ausgegangen. Pro K-Wert wurden 20 unabhängige Läufe durchgeführt. Ein erster STRUCTURE Lauf, schloss alle Individuen unabhängig von ihrer Artzugehörigkeit ein. Ein weiterer STRUCTURE Lauf wurde aufgrund der starken Differenzierung der Stieleichenpopulationen im Vergleich zu den beiden anderen Arten durchgeführt, der nur Populationen der Trauben- und der Flaumeiche umfasste. Alle Läufe wurden anschliessend mit der CLUMPAK-Plattform (KOPELMAN et al. 2015) gruppiert, die die Methode

von JAKOBSSON UND ROSENBERG (2007) zur Identifizierung und Mittelung verschiedener Clusterlösungen sowie zur Visualisierung der Ergebnisse verwendet. Insgesamt wurden 16 nukleare Mikrosatelliten (nSSRs) verwendet, die zuvor zur Prüfung der Artidentität und räumlichen Struktur ausgewählt wurden (STEINKELLNER et al. 1997a, KAMPFER et al. 1998, UENO et al. 2008, DURAND et al. 2010). Für die Chloroplasten wurden insgesamt 8SSRs verwendet (WEISING UND GARDNER 1999, DEGUILLLOUX et al. 2003).

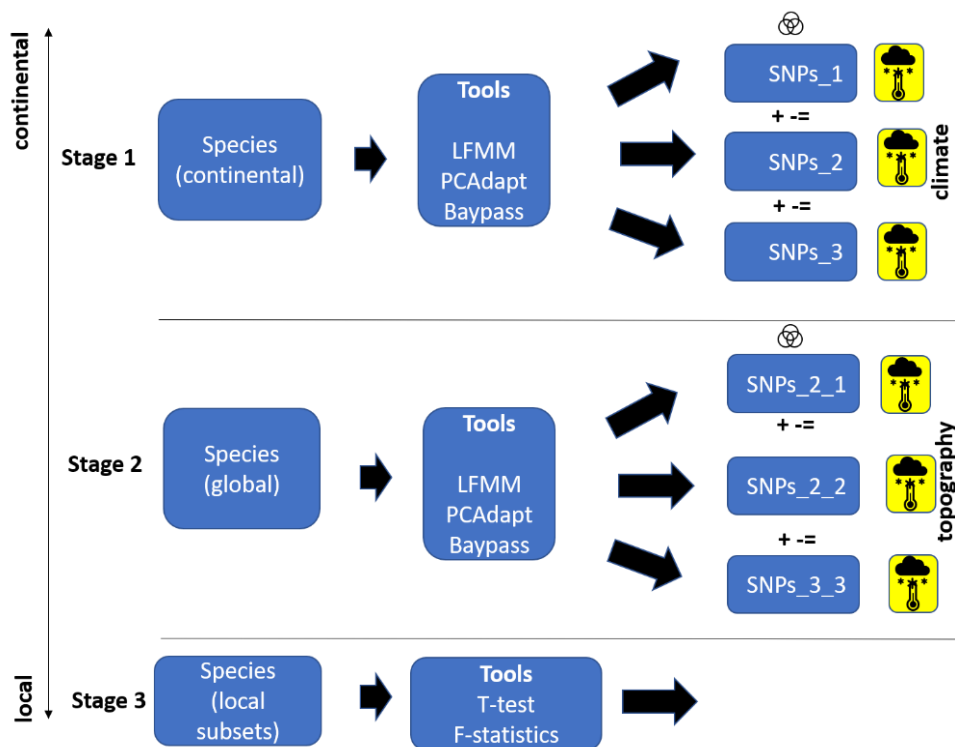
Abbildung 1: Übersicht über die untersuchten Populationen, sowie die unterschiedlichen Untersuchungsräume (Kontinental [alle Populationen], Zentral vs. Süd/Südosteuropa, lokal (exemplarisch)).



Quelle: BOKU (S. JANSEN).

Neben der Verwendung der SSRs, zur Identifikation der Art und der räumlichen genetischen Struktur, wurden im Projekt auch 120 Populationen verwendet für eine Genomweite Sequenzierung. Für diese Untersuchungen werden die beprobten Individuen eines Standorts „genetisch zusammengefasst“ (Pool-Sequenzierung), wobei die DNA von rund 20 Individuen zu gleichen Anteilen zusammengefügt wird, und anschließend Allelfrequenzen auf Populationsebene untersucht werden. Die Proben wurden mittels dem Referenzgenomes der Stieleiche (PLOMION et al. 2018) annotiert und variierende Genorte identifiziert. Eine Genomweite Assoziationsstudie mittels verschiedener statistischer Verfahren wie LFMM, PCAAdapt, oder Baypass werden nun Ausreiser identifiziert, die mit Umweltvariablen assoziiert sind. Diese Untersuchungen werden auf den drei unterschiedlichen geografischen Ebenen durchgeführt, um lokale, regionale, oder kontinentale Anpassungsmuster zu erkennen (für eine schematische Übersicht der geplanten Analysen siehe Abb. 2).

Abbildung 2: Übersicht der Analyseschritte zur Identifizierung anpassungsrelevanter Genorte auf den verschiedenen räumlichen Ebenen.



Quelle: BOKU (S. JANSEN).

Insbesondere soll geklärt werden, ob Gene oder Genomregionen spezifische oder gemeinsame Signaturen der Anpassung an Trockenheit auf regionaler (zwischen unterschiedlich wasserversorgten Standorten innerhalb einer Region) und interregionaler (zwischen klimatisch unterschiedlichen Regionen) Ebene aufweisen. Darüber hinaus sollen Untersuchungen der Zusammenhänge zwischen genomischer und standörtlicher Variation Aufschluss darüber geben, welche Umweltfaktoren für die Anpassung relevant sind und welche Gene daran beteiligt sind.

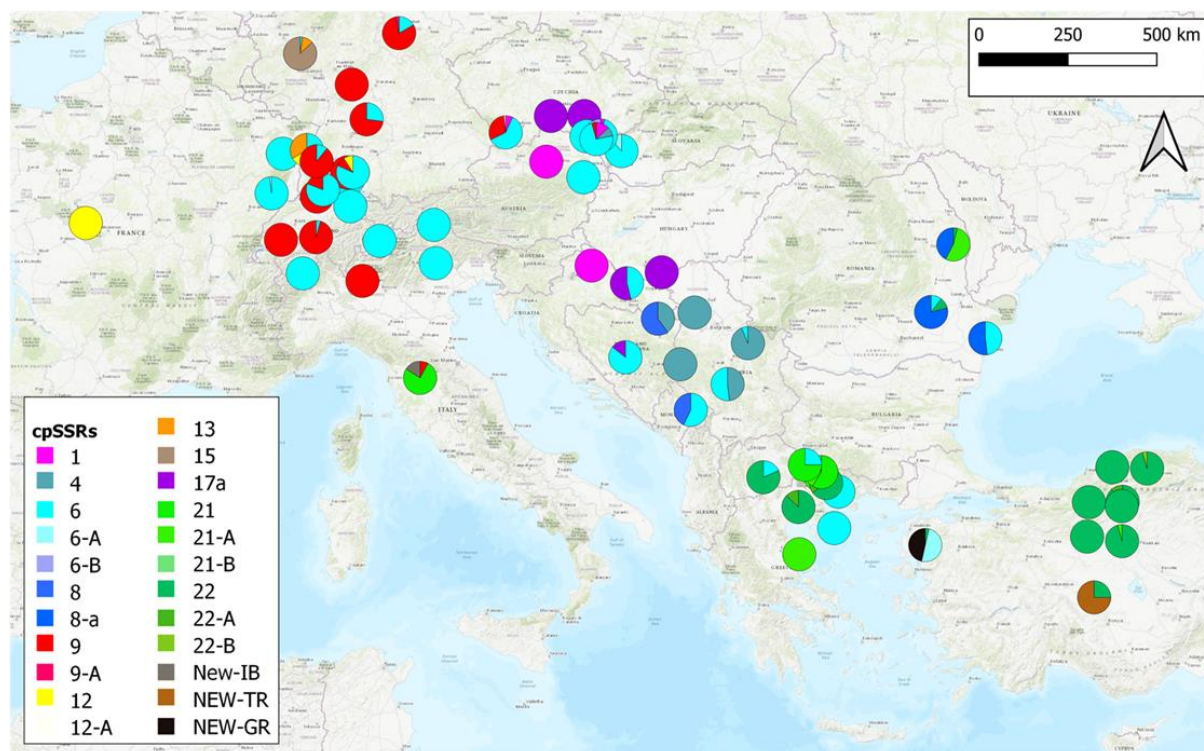
2.2 Nachkommenschaftsprüfung

Um verschiedene morphologische und physiologische Parameter (phänotypische Merkmale) der ausgewählten Populationen im gesamten Untersuchungsgebiet zu untersuchen, wurden zusätzlich drei Versuchsflächen mit Nachkommenschaften ausgewählter Populationen angelegt (Birmersdorf [Schweiz], Wien [Österreich], Ankara [Türkei]). Auf allen Flächen wurden die gleichen Herkünfte mit mehreren Bestandespaaren pro Art angepflanzt. Alle Eicheln wurden getrennt nach Mutterbäumen ausgebracht. Insgesamt wurden ca. 240 Sämlinge pro Art und Fläche angezogen. Alle Sämlinge wurden randomisiert auf der Fläche verteilt, um mikrostandörtliche Einflüsse auf die Sämlinge und Herkünfte möglichst auszugleichen. Ziel ist es, die Ursachen (Genetik vs. Umwelteinflüsse) für die Merkmalsausprägung des Phänotyps zu überprüfen und bis zu einem gewissen Grad zu beurteilen, ob die Herkünfte lokal (regional) angepasst sind. Darüber hinaus können morphologische und physiologische Merkmale identifiziert werden, die für die Anpassung an Trockenheit relevant sind. Wie die Genom-Umwelt-Assoziationsanalyse befinden sich die Daten der Nachkommenschaftsprüfung noch in der Auswertung, so dass die Ergebnisse nicht vor 2025 zu erwarten sind und daher in diesem Bericht nicht weiter dargestellt werden.

3 Erste Ergebnisse und Diskussion

Die ersten Analysen im Rahmen des Projektes hatten zum Ziel, die Artidentität der gesammelten Eichenindividuen zu untersuchen. Dazu wurde mit Hilfe von 16 nSSRs und der Software STRUCTURE die Zuordnung zu artspezifischen Clustern untersucht. Generell zeigte sich, dass die meisten Bestände auch bereits im Feld morphologische der richtigen Art zugeordnet wurden und auch die meisten Bäume dieser Zuordnung entsprachen. Die wenigen Individuen, die einer anderen Eichenart als der Bestandeszuordnung entsprachen, sowie einem Bestand der gemischt und je zur Hälfte aus *Q. pubescens* und *Q. petraea* bestand, wurden bei den weiteren Analysen ausgeschlossen. Zur Untersuchung der Autochthonität der ausgewählten Bestände wurde die Chloroplasten-DNA herangezogen (8 cpSSRs) und mit bereits bekannten geographischen Verbreitungsmustern verglichen (z. B.: PETIT et al. 2002; DANUSEVIČIUS et al. 2021). Dabei wurden ausschliesslich Haplotypen gefunden, die auch mit dem bisher bekannten Verbreitungsmuster übereinstimmen (Abb. 3). Durch dieses Ergebnis der Haplotypenverteilung und unter Einbeziehung der teilweise vorhandenen populationsgeschichtlichen Informationen kann ein anthropogener Samentransfer aus weit entfernten Gebieten ausgeschlossen werden.

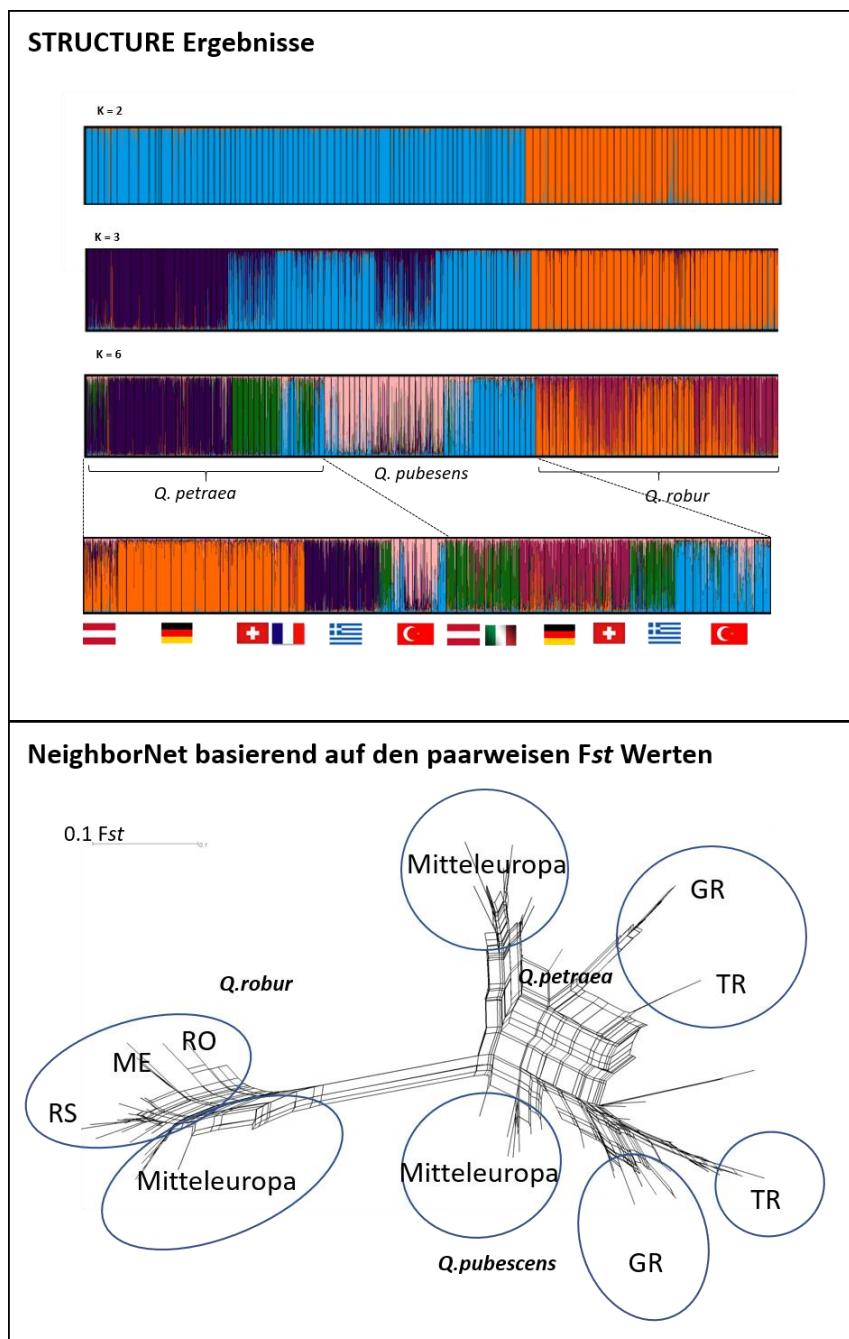
Abbildung 3: Die untersuchten Populationen und deren Haplotypenverteilung. Zur Darstellung der Haplotypenverteilung wurde nicht zwischen den drei Eichenarten unterschieden.



Quelle: BOKU (S. JANSEN).

Die STRUCTURE Analyse unter Einbeziehung aller Eichenindividuen zeigt zudem eine klare Differenzierung der Stieleichenpopulationen (siehe Abb. 4), die sich deutlich von allen Trauben- und Flaumeichenpopulationen unterscheidet. Diese interspezifische Differenzierung wurde auch anhand der paarweisen F_{ST} Werte (Abb. 4; unten) und einer Hauptkoordinaten Analyse bestätigt (Ergebniss nicht dargestellt). Auffällig ist, dass sich bei einer Erweiterung der möglichen Klassen ($K=3$) zunächst eine räumliche Struktur (Zentral Europa vs Südosteuropa) bei der Trauben- und Flaumeiche ausbildet, bevor die Populationen auf Artniveau unterschieden werden können. Um ein genaueres Bild der räumlichen Struktur der Eichenpopulationen zu bekommen wurden in Folge weitere STRUCTURE Läufe ohne die stark differenzierte Stieleiche durchgeführt. Die analysierten SSRs wurden in weiterer

Abbildung 4: (oben) Balkendiagramm mit Zuordnung zu fünf angenommenen Clustern nach der Methode STRUCTURE (16 SSRs). Die Cluster sind in verschiedenen Farben dargestellt. Jedes Individuum ist durch einen Balken dargestellt und die Populationen sind durch vertikale schwarze Linien abgegrenzt. Die Zahlen beziehen sich auf die jeweiligen Populationen. Die Flaggen beziehen sich auf den Standort der jeweiligen Population. NeighborNet basierend auf paarweisen Fst-Werten (unten) [Ländername = alpha2 code].



Quelle: BOKU (S. JANSEN).

Folge verwendet um die Bestände auf deren genetische Vielfalt/Differsität sowie die räumliche genetische Struktur zu untersuchen. Mit Blick auf die hier dargestellten Ergebnisse zeigt sich eine starke Differenzierung der untersuchten Trauben- und Flaumeichenpopulation für Zentral und Südosteuropa. Zudem zeigt sich eine Differenzierung zwischen griechischen und türkischen Populationen (nSSRs und cpSSRs). Mit Blick auf die

Struktur der Stieleichenbestände zeigt sich eine Untergliederung von Zentraleuropa und den gesammelten Proben in Südosteuropa (z. B. Serbien, Kroatien, Rumänien). Ein gerade veröffentlichter Artikel basierend auf den erhobenen Daten der Flaumeiche, beschreibt das genetische Muster von Populationen am nördlichen Rand ihres natürlichen Areals (PÜTZ/JANSEN et al. 2024).

4 Ausblick

Derzeit ist nur wenig über phänotypische Differenzierung und Anpassungsmerkmale bekannt, die mit Refugialgebieten in Verbindung stehen. Dies wird durch einen starken Genfluss sowie lokale Anpassungen erklärt (KREMER 2010), was darauf hindeutet, dass ein Großteil der in Herkunftsversuchen beobachteten Variation auf die jüngste Anpassungsgeschichte zurückzuführen ist (KREMER 2016). Beispiele wie die Roteiche (*Quercus rubra*) verdeutlichen, dass Anpassungen auch deutlich schneller erfolgen können: So unterscheiden sich die Phänologien des Knospenaustriebs zwischen Herkünften aus dem ursprünglichen Verbreitungsgebiet und aus Beständen, die Ende des 18. Jahrhunderts eingeführt wurden (DAUBREE UND KREMER 1993). Dies stützt die Hypothese, dass natürliche Selektion bereits zur Etablierung trockenheitstoleranter Genotypen in Regionen mit ausgeprägtem Wasserdefizit beigetragen hat. Dadurch könnten die untersuchten Eichenbestände lokal eine erhöhte Widerstandsfähigkeit gegenüber Trockenheit entwickelt haben. Auf Basis dieser Erkenntnisse soll ein Konzept entwickelt werden, das die aktuellen Herkunftsempfehlungen für Eichen an die Anforderungen des Klimawandels anpasst. Der Schwerpunkt liegt dabei auf der Identifikation von Herkünften, deren genetische Eigenschaften mit dem zukünftigen Klima am Anbauort kompatibel sind, um das Risiko von Fehlanpassungen bei Saatguttransfers zu minimieren. Ein zentrales Ziel des Projekts ist die Untersuchung des Potentials kleinräumiger Saatguttransfers aus regionalen Saatgutquellen im Vergleich zu weiträumigen Verbringungen. Dieser Ansatz könnte dazu beitragen, auf regionaler Ebene „vorausschauende“ Bestände zu identifizieren, deren Saatgut die lokale Anpassung fördern kann, ohne die genetischen Strukturen der Region erheblich zu verändern.

Sowohl auf nationaler als auch auf europäischer Ebene unterliegt die Nutzung und der Transfer von forstlichem Vermehrungsgut rechtlichen Regelungen. Daher ist es essenziell, dass Projekte, die einen Diskurs in diesem Themenfeld anstoßen, frühzeitig politische Entscheidungsträger sowie Akteure aus der forstwirtschaftlichen Praxis in den Prozess einbinden. Im Rahmen von ACORN wurde von Beginn an ein breites Netzwerk von Interessengruppen aus allen fünf teilnehmenden Ländern integriert. Dadurch wurden gesetzliche Vorgaben, marktrelevante Aspekte sowie die Perspektiven von NGOs bereits bei der Konzeption berücksichtigt. Dies soll sicherstellen, dass die geplante Forschung praxisrelevant ist und die Schnittstelle zwischen Wissenschaft und Anwendung gestärkt wird. Das Konzept für den Saatguttransfer, das im Projekt entwickelt wird, soll ab Projektende eine entscheidende Grundlage für die Entwicklung von Herkunftsempfehlungen für Eichen-Saatgut bilden. Die erarbeiteten Methoden können darüber hinaus auch auf andere Baumarten übertragen werden und als Basis für die Bearbeitung ähnlicher Fragestellungen dienen. Ein Stakeholder-Workshop, der sich diesem Themenfeld widmet, wird derzeit vom Projektkonsortium für März 2025 organisiert.

Für weitere Information zu ACORN:

www.acorn-biodiversa.net

Förderungen

“ACORN - Identifying seed sources for highly adaptable oak forests in a changing climate” wird gefördert innerhalb des BiodivERsA Netzwerks (BiodivClim, ERA-NET Cofund action) und erhält somit Förderungen aus dem EU-Programm Horizon 2020 unter der Fördervereinbarung 869237. Zudem erhält das Projekt Förderungen des österreichischen Wissenschaftsfonds (FWF: Grand ID: 10.55776/I5104), des General Secretariat for Research and

Innovation (GSRI; Griechenland), des Ministeriums für Land- und Forstwirtschaft (Türkei), des schweizerischen Nationalfonds zur Förderung der Wissenschaftlichen Forschung (SNF) und des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (Deutschland, Grant ID: 16LC2027 A).

Literatur

- DANUSEVIČIUS D, BALIUCKAS V, BUCHOVSKA J, KEMBRYTĖ R (2021): Geographical Structuring of *Quercus robur* (L.) Chloroplast DNA Haplotypes in Lithuania: Recolonization, Adaptation, or Overexploitation Effects? *Forest* 12, 831. <https://doi.org/10.3390/f12070831>.
- DAUBREE JB, KREMER A (1993): Genetic and phenological differentiation between introduced and natural populations of *Quercus rubra* L. *Annales des Sciences Forestières* 53: 775-782.
- Deguilloux, M. F., Dumolin-Lapègue, S., Gielly, L., Grivet, D., und Petit, R. J. (2003). A set of primers for the amplification of chloroplast microsatellites in *Quercus*. *Molecular Ecology Notes* 3(1):24-27
- Durand, J., Bodénès, C., Chancerel, E., Frigerio, J. M., Vendramin, G., Sebastiani, F., ... und Plomion, C. (2010). A fast and cost-effective approach to develop and map EST-SSR markers: oak as a case study. *BMC genomics* 11(1): 1-13
- FAO (2014): The State of the World's Forest Genetic Resources, E-ISBN 978-92-5-108403-8
- Frank, A., Howe, G.T., Sperisen, C., et al. (2017): Risk of maladaptation due to climate change in three major European tree species. *Glob Change Biol* 23: 5358-5371. DOI: 10.1111/gcb.13802
- Jakobsson, M., und Rosenberg, N. A. (2007). CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics*, 23:1801-1806
- KAMPFER S, LEXER, C, GLOSSL J, STEINKELLNER H (1998): Brief report characterization of (GA) n microsatellite loci from *Quercus robur*. *Hereditas* 129 (183): 1-86.
- Konnert, M., Fady, B., Gömöry, D., et al. (2015): Use and transfer of forest reproductive material in Europe in the context of climate change. European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN), Bioversity International, Rome, Italy
- Kopelman, N.M., Mayzel, J., Jakobsson, M., Rosenberg, N.A. (2015): CLUMPAK: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular Ecology Resources* 15: 1179-1191.
- Kremer, A (2010) Evolutionary Responses of European Oaks to Climate Change. *Irish Forestry* 67 (1und2).
- Kremer, A. Microevolution of European temperate oaks in response to environmental changes. *C.R. Biologies* 339: 263-267.
- Petit R.J., Csaikl U.M., Bordacs S., Burg K., Coart E., Cottrell J., Van Dam B., Deans J.D., Glaz I., Dumolin-Lapègue S., Fineschi S., Finkeldey R., Gillies A., Goicoechea P.G., Jensen J.S., König A.O., Lowe A.J., Matyas G., Munro R.C., Olalde M., Pemonge M.H., Popescu F., Slade D., Tabbener H., Turchini D., de Vries S.G.M., Ziegenhagen B., Kremer A. (2002a): Chloroplast DNA variation in European white oaks: Phylogeography and patterns of diversity based on data from over 2600 populations. *For. Ecol.Manage.* 156: 5-26.
- Plomion, C., Aury, J.M., Amselem, J., Leroy, T., Murat, F., Duplessis, S et al (2018) Oak genome reveals facets of long lifespan. *Nature Plants* 4: 440-452.
- PRITCHARD JK, STEPHENS M, DONNELLY P (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959.
- SENF C, BURAS A, ZANG CS et al. (2020): Excess forest mortality is consistently linked to drought across Europe. *Nat Commun* 11, 6200. DOI:10.1038/s41467-020-19924-1
- STEINKELLNER H, FLUCH S, TURETSCHKE E, LEXER C, STREIFF R, KREMER A, BURG K, GLÖSSL J (1997a): Identification and characterization of (GA/CT) n-microsatellite loci from *Quercus petraea*. *Plant Molecular Biology* 33 (6): 1093-1096.
- UENO S, TAGUCHI Y, TSUMURA Y (2008): Microsatellite markers derived from *Quercus mongolica* var. *crispula* (Fagaceae) inner bark expressed sequence tags. *Genes und Genetic Systems* 83 (2): 179-187.
- WEISING K, GARDNER RC (1999): A set of conserved PCR primers for the analysis of simple sequence repeat polymorphisms in chloroplast genomes of dicotyledonous angiosperms. *Genome* 42 (1): 9-19.

Autorinnen und Autoren

SIMON JANSEN, COLETTE BLYTH

Universität für Bodenkultur (BOKU), Institut für Waldbau, Wien, Österreich

Kontakt: simon.jansen@boku.ac.at

PELIN ACAR, ÖZLEM MAVİ İDMAN

Türkischer Nationaler Botanischer Garten Ankara (TAGEM), Türkei

FILIPPOS A. ARAVANOPOULOS, NIKOS TOURVAS

Aristoteles Universität Thessaloniki (AUTH), Griechenland

ASIYE ÇİFTÇİ, FUNDA ÖZDEMİR DEĞİRMENCI, ZEKİ KAYA

Technische Universität des mittleren Ostens Ankara (METU), Türkei

ÇİĞDEM KANSU, TEKİRDAĞ NAMIK

Kemal Universität, Türkei

JÖRG KLEINSCHMIT, LARS LITTMANN, DEVRIM SEMIZER-CUMING, CHARALAMBOS NEOPHYTOU

Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt BW (FVA), Deutschland

DEBORAH MARIE LEIGH, CHRISTIAN RELLSTAB

Eidgenössische Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft (WSL), Schweiz

DEVRIM SEMIZER-CUMING

Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG), Deutschland

Vorstellung des QPFC-Projekts: Bewertung der Anbaueignung von Herkünften der drei mediterranen Eichenarten Flaumeiche, Ungarische Eiche und Zerreiche in Süddeutschland

REBEKKA STÜWE

Zusammenfassung

Das Projekt QPFC (KlifW010, Zeitraum: 11. 2020 – 06.2025) schafft Grundlagen für die Bewertung der trockenheitstoleranten mediterranen Eichenarten Flaum-, Zerr- und Ungarische Eiche auf heimischen Standorten. Bei nachgewiesener Eignung könnten diese Arten die heimische Baumartenpalette erweitern und zur Risikostreuung im Klimawandel beitragen. Sie kommen, abgesehen von vereinzelten Reliktvorkommen der Flaumeiche, in Deutschland nicht natürlich vor.

Durch sechs in Bayern und Baden-Württemberg angelegte Herkunfts- und Standraumversuchsflächen soll die wissenschaftliche Bewertung von Trockentoleranz, Anbaueignung und Wuchsleistung erfolgen. Die Versuchsflächen sind Grundlage für die Erarbeitung von Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen (HuV) sowie von Empfehlungen zur waldbaulichen Behandlung.

Das Saatgut wurde in den Jahren 2021 und 2022 in acht Ländern gesammelt: Bulgarien, Frankreich, Griechenland, Italien (einschließlich Südtirol), Rumänien, Schweiz, Serbien und Ungarn. Insgesamt wurden 570 kg Saatgut von 19 verschiedenen Herkünften geerntet – darunter sieben der Flaumeiche, 11 der Zerreiche und eine der Ungarischen Eiche. Die Aufzucht der Jungpflanzen erfolgte im Pflanzgarten Stützpunkt der Bayerischen Staatsforsten (BaySF) in Laufen. Im Frühjahr 2024 wurden die sechs Versuchsflächen in Alzenau, Sailershausen, Hohnhausen, Elsendorf, Werneck und Emmendingen vollständig bepflanzt.

Das Projekt wird federführend durch das Amt für Waldgenetik (AWG) in Teisendorf koordiniert. Die Aufgabenbereiche sind auf folgende Institutionen verteilt:

- AWG Teisendorf: Erfassung von Erntebeständen, Saatgutbeschaffung, Pflanzenanzucht, genetische Analyse und Anlage von Herkunftsversuchen.
- Technische Universität München, Lehrstuhl für Waldwachstumskunde: Ertragskundliche Versuchsflächen sowie Anlage von Standraum- und Durchforstungsversuchen.
- LWF Freising: Klima- und standortkundliche Bewertungen sowie Umweltmonitoring.

Abstract

Presentation of the QPFC project: Evaluation of the suitability for cultivation of provenances of the three Mediterranean oak species downy oak, Hungarian oak and Turkey oak in southern Germany

The QPFC project (KlifW010, period: 11. 2020 - 06.2025) creates the basis for the evaluation of the drought-tolerant Mediterranean oak species downy oak, tressed oak and Hungarian oak on native sites. If their suitability is proven, these species could expand the native tree species palette and contribute to risk diversification in climate change. Apart from isolated relict occurrences of the downy oak, they do not occur naturally in Germany.

The scientific evaluation of drought tolerance, suitability for cultivation and growth performance is to be carried out in six provenance and stand trial areas established in Bavaria and Baden-Württemberg. The trial plots are the basis for the development of recommendations for origin and use (HuV) as well as recommendations for silvicultural treatment.

The seed was collected in eight countries in 2021 and 2022: Bulgaria, France, Greece, Italy (including South Tyrol), Romania, Switzerland, Serbia and Hungary. A total of 570 kg of seed was harvested from 19 different origins - including seven of downy oak, 11 of Turkey oak and one of Hungarian oak. The young plants were reared at the Bavarian State Forestry (BaySF) plant nursery in Laufen. The six trial areas in Alzenau, Sailershausen, Hohnhausen, Elsendorf, Werneck and Emmendingen were fully planted in spring 2024.

The project is coordinated by the Office for Forest Genetics (AWG) in Teisendorf. The areas of responsibility are divided between the following institutions:

- AWG Teisendorf: recording of harvest stands, seed procurement, plant cultivation, genetic analysis and creation of provenance trials.
- Technical University of Munich, Chair of Forest Growth Science: Yield research plots and establishment of stand and thinning trials.
- LWF Freising: Climate and site analyses and environmental monitoring.

1 Einleitung

Der fortschreitende Klimawandel stellt die Forstwirtschaft vor immense Herausforderungen. Zunehmende Trockenperioden und Extremwetterereignisse bringen viele einheimische Baumarten an ihre physiologischen Grenzen und gefährden die Stabilität sowie die Resilienz der heimischen Wälder. Eine strategische Anpassung der Baumartenzusammensetzung könnte die Widerstandsfähigkeit unserer Wälder gegenüber Trockenstress erhöhen und eine Risikostreuung begünstigen.

In diesem Kontext gewinnt die Einführung trockenheitstoleranter Baumarten zunehmend an Bedeutung. Das Projekt QPFC – kurz für „*Quercus pubescens*, *frainetto* und *cerris*“ – zielt darauf ab, die Anbaueignung der mediterranen Eichenarten Flaumeiche (*Quercus pubescens*), Zerreiche (*Quercus cerris*) und Ungarische Eiche (*Quercus frainetto*) auf heimischen Standorten zu bewerten. Diese Arten kommen natürlicherweise nicht in Deutschland vor, mit Ausnahme von Reliktvorkommen der Flaumeiche im Südwesten Deutschlands. Gelingt die Integration dieser Baumarten, könnte dies zur Diversifizierung und Stabilisierung unserer Wälder im Klimawandel beitragen.

Zur Bewertung der Trockentoleranz, Anbaueignung, und Wuchsleistung der drei Eichenarten wurden im Rahmen des Projekts fünf Versuchsflächen in Bayern und Baden-Württemberg angelegt. Diese befinden sich in Alzenau, Sailershausen, Hohnhausen, Elsendorf, Werneck und Emmendingen. Die Fläche in Emmendingen, Baden-Württemberg, wurde durch die Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt (FVA) in Freiburg angelegt und folgt einem identischen Versuchsdesign. Die Versuchsflächen dienen als Grundlage zur Erarbeitung von Herkunft- und Verwendungsempfehlungen (HuV) sowie zur Entwicklung waldbaulicher Behandlungsstrategien.

In den Jahren 2021 und 2022 wurde in insgesamt acht Ländern (Bulgarien, Frankreich, Griechenland, Italien (einschließlich Südtirol), Rumänien, Schweiz, Serbien und Ungarn) etwa 570 kg Saatgut von 19 Herkünften gesammelt. Davon sind sieben Herkünfte von der Flaumeiche, 11 der Zerreiche und eine der Ungarische Eiche.

Die Anzucht der Jungpflanzen erfolgte im Pflanzgarten des BaySF-Stützpunktes in Laufen. Parallel dazu wurden die sechs Versuchsflächen vorbereitet, die anschließende Pflanzung fand im Frühjahr 2024 statt. Um den Anwuchs-erfolg der aufwendig herangezogenen Pflanzen zu erhöhen, wurden in den besonders niederschlagsarmen Regionen Alzenau und Sailershausen Tröpfchenbewässerungssysteme installiert. Eine künstliche Bewässerung wurde hier als zwingend notwendig erachtet, um Wasserstress während der Anwuchsphase zu reduzieren und die Etablierung der Jungpflanzen zu sichern.

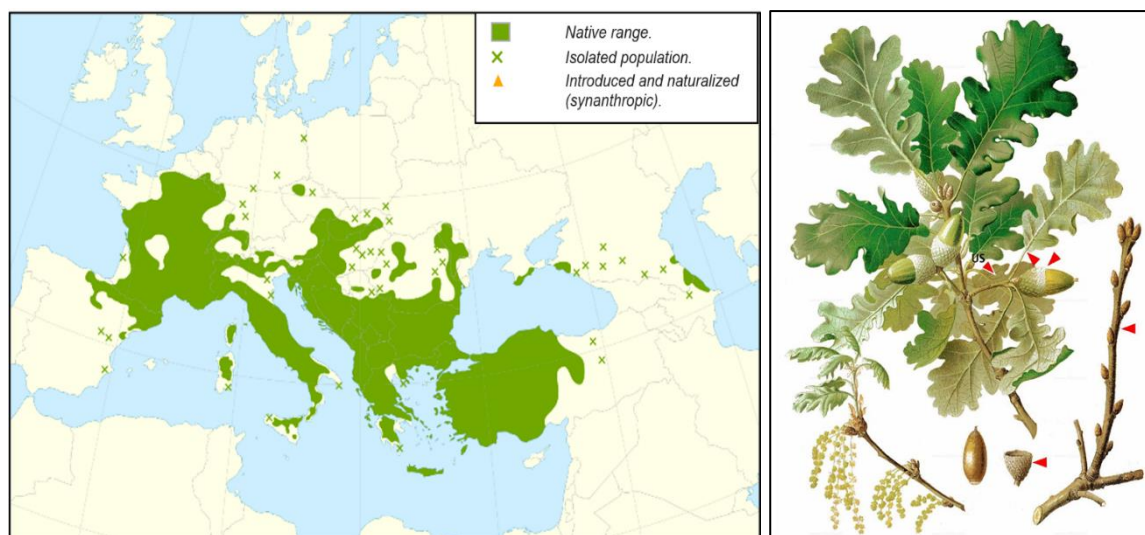
Das Projekt QPFC wird federführend vom Bayerischen Amt für Waldgenetik (AWG) in Teisendorf geleitet. Das AWG ist für die Projektkoordination, Saatgutbeschaffung, Anlage von Herkunftsversuchsflächen und Bewertung der Herkunftseignung verantwortlich. Der Lehrstuhl für Waldwachstumskunde der TU München betreut die parallel angelegten ertragskundlichen Standraumversuchsflächen. Die Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft (LWF) in Freising führt standortkundliche Bewertungen und Umweltmonitoring durch.

2 Anlage der Versuchsflächen

Das Projekt fokussiert sich auf die drei mediterranen Eichenarten Flaumeiche (Abb. 1), Zerreiche (Abb. 2) und Ungarische Eiche (Abb. 3).

Die **Flaumeiche** erreicht eine Höhe von bis zu 25 Metern und kann bis zu 500 Jahre alt werden (BUSSOTTI 1998). Sie bildet zunächst eine Pfahlwurzel, die sich später zu einem Herzwurzelsystem entwickelt. Bevorzugte Böden sind kalkreiche, trockene Standorte. Die Flaumeiche ist in Süd- und Südosteuropa weit verbreitet und insbesondere in Mittelmeerländern wie Frankreich und Italien eine häufige Baumart. Ihr Holz weist eine ähnliche anatomische Struktur wie das der einheimischen Stiel- und Traubeneichen auf. Trotz seiner hohen Dauerhaftigkeit wird es aufgrund der schwierigen Bearbeitbarkeit meist chemisch oder thermisch verwertet (FORSTER et al 2020).

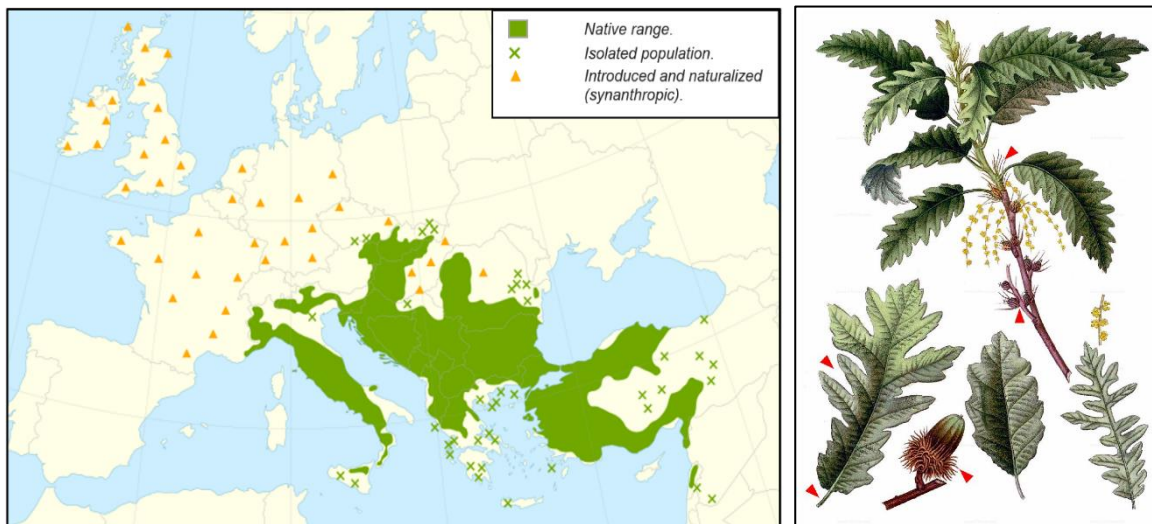
Abbildung 1: Verbreitungsgebiet der Flaumeiche (LINKS; CAUDULLO et al. 2017); Flaumeiche (rechts).



Quelle: AWG (HEMPEL und WILHELM 1889) gesäubert und optimiert durch TACKENBERG).

Die **Zerreiche** kann eine Höhe von bis zu 35 Metern erreichen und ein Alter von bis zu 200 Jahren. Sie ist in Italien und im Südöstlichen Mittelmeerraum weit verbreitet und häufig von wirtschaftlicher Bedeutung. Ihr Wurzelsystem besteht aus einer ausgeprägten Herzwurzel, die auch staunasse, lehmige Böden durchwurzeln kann, sie stockt jedoch auf Kalk- und Silikatgesteinen. Das Holz der Zerreiche ist nicht witterungsfest und weist eine geringere Dauerhaftigkeit auf, die Holzeigenschaften variieren jedoch je nach Herkunft stark (FORSTER et al 2020).

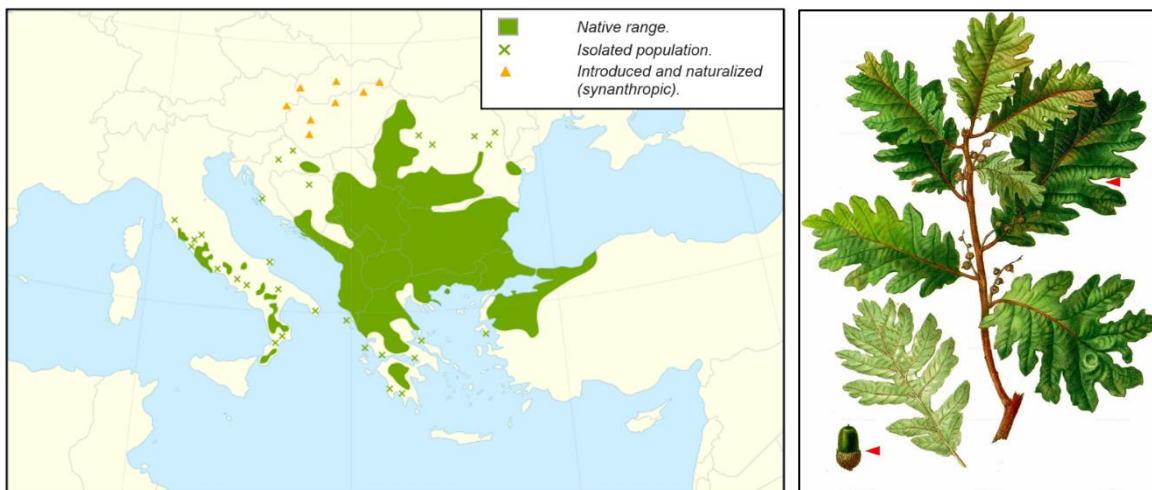
Abbildung 2: Verbreitungsgebiet der Zerreiche (links; CAUDULLO et al. 2027); Zerreiche (rechts).



Quelle: AWG (HEMPEL und WILHELM 1889) gesäubert und optimiert durch O.TACKENBERG).

Die **Ungarische Eiche** wird bis zu 35 Meter hoch und selten älter als 200 Jahre. Sie entwickelt ein kräftiges Pfahlwurzelsystem und bevorzugt leichte bis mittlere Lehm Böden (BARTHA 1998). Ihre natürlichen Verbreitungsgebiete liegen in Südosteuropa. Trotz der Namensgebung kommt die Ungarische Eiche natürlicherweise nicht in Ungarn vor. Das Holz ist sehr hart und dauerhaft, jedoch schwer zu bearbeiten. Bisher wird es hauptsächlich für thermische Zwecke genutzt (GEIGER UND ŠEHO 2024).

Abbildung 3: Verbreitungsgebiet der Ungarischen Eiche (CAUDULLO et al. 2017); Ungarischen Eiche (rechts).



Quelle: AWG (HEMPEL und WILHELM 1889, gesäubert und optimiert durch TACKENBERG).

3 Saatgutbeschaffung

Die Identifizierung geeigneter Bestände gestaltete sich schwieriger als erwartet. Sprachbarrieren, fehlende Kooperationsbereitschaft sowie eingeschränkte Verfügbarkeit und Erreichbarkeit lokaler Ansprechpartner erschwerten den Prozess erheblich. Zusätzlich waren vor allem für die Ungarische Eiche sowohl für 2021 als auch für 2022 schlechte Ernten prognostiziert.

Bei der Auswahl wurden ausschließlich qualitativ hochwertige Bestände berücksichtigt, die folgende Kriterien erfüllten:

- Autochthonität: Ernte ausschließlich in natürlichen Wäldern mit Naturverjüngung,
- Mindestgröße: 1 Hektar,
- Anzahl fruktifizierender Mutterbäume: mindestens 40,
- Vitalität: Gesunde Bestände ohne erkennbare Krankheiten oder Schäden.

Die erste Ernte im Herbst 2021 erwies sich als besonders herausfordernd. Saatgut konnte lediglich von drei Herkunftsorten der Flaumeiche (zwei in Italien, eine in Frankreich) gewonnen werden. Da diese Menge nicht ausreichte, wurde im Herbst 2022 eine zweite Ernte durchgeführt, bei der Saatgut von weiteren 16 Beständen gesammelt werden konnte. Insgesamt wurde somit Saatgut von 19 Herkunftsorten aus acht Ländern gewonnen (ausgeschlossen Deutsche Herkunftsorte, Tabelle 1). Bei der Ungarischen Eiche konnte aufgrund einer weitreichenden Fehlmast in beiden Jahren nur ein Bestand geerntet werden.

Tabelle 1: Überblick der Erntemengen in beiden Erntejahren 2021 und 2022.

Nr.	Bezeichnung	Baumart	Land	Herkunftsregion	Erntemenge [kg]	Erntejahr	Bemerkungen
1	QPFC/QPU/F 1a	<i>Q. pubescens</i>	Frankreich	Massegras	56	2021	
2	QPFC/QPU/F 1b	<i>Q. pubescens</i>	Frankreich	Massegras	66	2022	Ernteort identisch QPU/F1a
3	QPFC/QPU/ST 2	<i>Q. pubescens</i>	Süd-Tirol, Italien	Predegitze	*	2022	*1300 Pfl. Lohnanzucht (Süd-Tirol)
4	QPFC/QPU/ST 3	<i>Q. pubescens</i>	Süd-Tirol, Italien	Eyrs Leiten	*	2022	*1300 Pfl. Lohnanzucht (Süd-Tirol)
5	QPFC/QPU/GR 4	<i>Q. pubescens</i>	Griechenland	Giona-Pezoula, Stadtwald Xanthi	13	2022	
6	QPFC/QPU/RO 5	<i>Q. pubescens</i>	Rumänien	Valea Trei Izvoare	17	2022	
7	QPFC/QPU/RO 6	<i>Q. pubescens</i>	Rumänien	Cerna	21	2022	
8	QPFC/QPU/BG 8	<i>Q. pubescens</i>	Bulgarien	Aitos	55	2022	
9	QPFC/QCE/IT 9	<i>Q. cerris</i>	Italien	Ca Brusa	11	2021	
10	QPFC/QCE/IT 10	<i>Q. cerris</i>	Italien	Albare	20	2021	
11	QPFC/QCE/IT 13	<i>Q. cerris</i>	Italien	Chiusi della Verna	20	2022	
12	QPFC/QCE/HU 16	<i>Q. cerris</i>	Ungarn	Balatonyörök	29	2022	
13	QPFC/QCE/HU 17	<i>Q. cerris</i>	Ungarn	Devecser-A	14	2022	
14	QPFC/QCE/HU 18	<i>Q. cerris</i>	Ungarn	Szalka	18	2022	
15	QPFC/QCE/HU 19	<i>Q. cerris</i>	Ungarn	Devecser-B	20	2022	
16	QPFC/QCE/CH 20	<i>Q. cerris</i>	Schweiz	Tessin, Cademario	70	2022	
17	QPFC/QCE/RS 21	<i>Q. cerris</i>	Serbien	Bukulja	17	2022	
18	QPFC/QCE/RS 23	<i>Q. cerris</i>	Serbien	Stol	22	2022	
19	QPFC/QCE/RS 24	<i>Q. cerris</i>	Serbien	Lipovica	16	2022	
20	QPFC/QFR/GR 22	<i>Q. frainetto</i>	Griechenland	Aiora-Gerakas, Stadtwald Xanthi	85	2022	
21	TrEi/DE	<i>Q. petraea</i>	Deutschland	HKG 81810	*	2022	*1000 Pfl. Lohnanzucht (Laufen)
22	StEi/DE	<i>Q. robur</i>	Deutschland	HKG 81709	*	2022	*1000 Pfl. Lohnanzucht (Laufen)
SUMME					570		

Quelle: AWG (R. Stüwe).

Die Ernte erfolgte größtenteils mit Unterstützung regionaler Erntehelfer. Eicheln zählen zu den orthodoxen Samen und sind aufgrund ihres hohen Wasser- und Stärkegehalts besonders anfällig für Schimmelbildung und Verderb. Eine adäquate Lagerung und ein rascher Transport zur Weiterverarbeitung im Pflanzgarten in Laufen waren deshalb entscheidend für den Erhalt der Keimfähigkeit.

4 Anzucht im Pflanzgarten Stützpunkt der BaySF in Laufen

Nach dem Eintreffen im Pflanzgarten wurde das Saatgut gereinigt und zur Keimabtötung im Heißwasserbad bei 41 °C thermisch behandelt. Durch einen Schwimmtest konnten hohle oder faule Eicheln identifiziert und aussortiert werden, da diese an die Oberfläche schwimmen und abgeschöpft werden können. Anschließend wurde das Saatgut bis zur Aussaat im März 2023 bei -3 °C gelagert.

Die maschinelle Aussaat erfolgte in drei Schritten: Zunächst wurden die Eicheln in Saatrillen abgelegt, die anschließend durch Walzen geschlossen und leicht angedrückt wurden. Danach wurde das Saatbeet mit einer Hackschnitzelschicht bedeckt, um vor Austrocknung und Spätfrost zu schützen (Abb. 4 links). Während der Anzucht war ein regelmäßiges Ausjäten notwendig, um das schnell wachsende Unkraut in Schach zu halten und den Konkurrenzdruck zu mindern.

Im Herbst 2023 wurden die einjährigen Jungpflanzen maschinell ausgehoben und in drei Größenklassen (S, M, L) sortiert. Kranke oder minderwertige Pflanzen wurden aussortiert. Anschließend wurden die Pflanzen zu Bündeln von 30 Stück (25 plus 5 Reserve) zusammengefasst und sorgfältig etikettiert. Die Bündel wurden bis zur Pflanzung im Folgefrühjahr im Einschlag gelagert. Dazu wurde ein etwa 60 Meter langer und 50 Zentimeter tiefer Graben im Pflanzbeet gezogen und mit Hasendraht ausgekleidet, um vor Mäusefraß zu schützen. Die Pflanzenbündel wurden hineingelegt und die Wurzeln sorgfältig mit Erde bedeckt. Eine Lagerung im Einschlag erhöht die Überlebensrate von wurzelnackten Pflanzen im Vergleich zur Kühlhallenlagerung deutlich.

Abbildung 4: Aussaat der Eicheln im Pflanzgarten Laufen im März 2023 (links;) und Saatzeilen mit Sämlingen der drei Eichenarten im Pflanzgarten Laufen (rechts; Stand Juni 2023).



Quellen: AWG (R. STÜWE (links), R. SCHIRMER (rechts)).

5 Flächenauswahl und -anlage

Parallel zur Anzucht im Pflanzgarten Laufen wurden zahlreiche potentielle Flächen in Bayern besucht und auf ihre Eignung für das Projekt bewertet. Davon wurden fünf in Bayern und eine weitere von der FVA in Baden-Württemberg ausgewählt. Die Flächen wurden vermessen, eingezäunt, geräumt, bei Bedarf gemulcht und anschließend die Pflanzplätze mit Tonkinstäben markiert.

Im Frühjahr 2024 wurden alle Versuchsflächen vollständig bepflanzt. Dazu wurden die benötigten Pflanzenbündel dem Einschlag in Laufen entnommen und zu den Versuchsflächen transportiert. Gepflanzt wurde mit Unterstützung von örtlichen Forstwirten, Auszubildenden und Unternehmern. In Sailershausen und Elsendorf war aufgrund der steinigten, lehmigen Böden der Einsatz von Pflanzbohrern erforderlich, auf den übrigen Flächen erfolgte die Pflanzung mit Hohlspaten oder dem Neheimer Pflanzverfahren (Abb. 5).

Abbildung 5: Pflanzbohrer zum Vorgraben der Pflanzlöcher auf stark lehmigen und skelettreichen Boden in Sailershausen (links); Rechts: Pflanzbohrer und das Pflanzteam im Einsatz (rechts).



Quellen: AWG (R. Stüwe).

6 Installation der Tröpfchenbewässerungssysteme

Die Installation von Bewässerungssystemen war ursprünglich nicht im Projekt vorgesehen. Nach mehreren Projektbesprechungen, Kostenkalkulationen und Abwägungen der Vor- und Nachteile verschiedener Bewässerungsmethoden wurde beschlossen, zumindest auf den zwei Hauptflächen in Alzenau und Sailershausen Tröpfchenbewässerungssysteme zu installieren. Beide Flächen liegen in besonders niederschlagsarmen Gebieten, weshalb die Jungpflanzen ohne zuverlässige Bewässerung von einer Austrocknung zu stark gefährdet wären.

Die Bewässerungssysteme (vom israelischen Hersteller Netafim) wurden von der Firma BayWa geliefert und unter Aufsicht eines Bewässerungsexperten der BayWa von örtlichen Forstwirten und Unternehmern installiert.

In Sailershausen erfolgt die Wasserversorgung über drei Wassertanks mit einer Gesamtkapazität von rund 20 m³. Die Kopfleitung wurde zum Schutz unterirdisch verlegt (Abb. 6). In Alzenau wird das Wasser aus dem nahegelegenen Neufeldersee entnommen. Da der See in einem Wasserschutzgebiet liegt, war ein aufwendiger Genehmigungsprozess erforderlich. Schließlich wurde die Wasserentnahme unter strengen Auflagen bis zum Jahr 2028 genehmigt. Durch Pumpen wird sichergestellt, dass das Wasser mit gleichmäßigem Druck auf den Versuchsflächen verteilt wird.

Abbildung 6: Wasserfässer für die Wasserversorgung der Tröpfchenbewässerung auf der Herkunftsversuchsfläche Sailershausen (links) und Wasserschlauch mit Tropferverschluss in Pflanzennähe (rechts).



Quellen: AWG (R. SCHIRMER).

7 Versuchsdesign

Die Versuchsflächen wurden im Parzellen-Blockdesign mit zufälliger Zuteilung angelegt, um kleinräumige Standortunterschiede möglichst auszugleichen. Jede Parzelle enthält 50 Pflanzen, und jeder Herkunft sind vier Parzellen (Wiederholungen, Wdh.) zugeordnet (Abb. 7). Somit sind pro Herkunft insgesamt 200 Pflanzen vertreten (50 Pflanzen pro Parzelle $\times$ 4 Wdh.). Die Anordnung der Pflanzen entspricht einem 5×10 Raster mit einem Pflanzabstand von $2 \text{ m} \times 1 \text{ m}$, was eine Parzellengröße von $10 \text{ m} \times 10 \text{ m}$ ergibt. Zwischen den Parzellen wurden Rücke- und Bewässerungsgassen angelegt, um Pflege, Bewässerung und spätere Bewirtschaftung zu erleichtern.

Abbildung 7: Beispiel eines Versuchsaufbaus anhand der Versuchsfläche Sailershausen mit 20 Herkünften (HK) und 4 Wiederholungen (Wdh.). Insgesamt befinden sich auf dieser Fläche 4000 Pflanzen (20 HK x 4 Wdh. x 50 Pfl. pro Parzelle).



Quelle: AWG (R. Stüwe).

Die Anzahl und Zusammensetzung der Herkünfte auf den einzelnen Flächen variiert je nach Pflanzenverfügbarkeit und Flächengröße. Tabelle 2 gibt eine Übersicht über die Pflanzenverteilung auf den verschiedenen Versuchsflächen:

Tabelle 2: Überblick der Pflanzenverteilung auf den sechs Versuchsflächen in Bayern und Baden-Württemberg.

Nr.	Bezeichnung	Anzahl Pflanzen je Herkunft						Σ Pfl. (nach Herkunft)	Anzahl Flächen je Herkunft
		Sailershausen (AWG)	Alzenau (AWG)	Elsendorf (AWG)	Werneck (AWG)	Hohnhausen (AWG)	Emmendingen (FVA)		
1	QPFC/QPU/F 1a	200	600	200	200	800	200	2200	6
2	QPFC/QPU/F 1b	0	0	0	200	200	0	400	2
3	QPFC/QPU/ST 2	200	200	200	200	200	0	1000	5
4	QPFC/QPU/ST 3	200	200	200	200	200	0	1000	5
5	QPFC/QPU/GR 4	200	0	0	0	0	0	200	1
6	QPFC/QPU/RO 5	200	200	200	200	200	200	1200	6
7	QPFC/QPU/RO 6	200	200	200	0	200	0	800	4
8	QPFC/QPU/BG 8	200	200	200	200	200	200	1200	6
9	QPFC/QCE/IT 9	200	200	200	200	200	200	1200	6
10	QPFC/QCE/IT 10	200	200	200	200	200	0	1000	5
11	QPFC/QCE/IT 13	200	200	200	0	200	200	1000	5
12	QPFC/QCE/HU 16	200	200	200	0	200	0	800	4
13	QPFC/QCE/HU 17	200	0	200	0	200	200	800	4
14	QPFC/QCE/HU 18	200	0	200	0	200	0	600	3
15	QPFC/QCE/HU 19	0	200	200	200	200	200	1000	5
16	QPFC/QCE/CH 20	200	0	200	0	200	200	800	4
17	QPFC/QCE/RS 21	200	0	200	0	0	0	400	2
18	QPFC/QCE/RS 23	200	0	0	0	0	0	200	1
19	QPFC/QCE/RS 24	200	0	200	0	0	0	400	2
20	QPFC/QFR/GR 22	200	200	200	0	200	200	1000	5
21	DEUTSCHE TrEi	200	200	200	200	200	200	1200	6
22	DEUTSCHE StEi	200	200	200	200	200	200	1200	6
Σ Pfl. (nach Fläche)		4000	3200	3800	2200	4200	2200	19600	
Σ Herkünfte pro Fläche		20	14	19	11	18	11		

Quelle: AWG (R. STÜWE).

8 Ergebnisse der ersten Ausfall- und Höhenaufnahmen (Nov. 2024)

Die Ausfallaufnahme im Herbst 2024 lieferte erste Daten zu den Anwuchsraten. Trotz signifikanten Unterschieden im Anwuchsverhalten der verschiedenen Arten und Herkünfte reichen diese ersten Beobachtungen nicht aus, um zuverlässige Herkunfts- und Anbauempfehlungen ableiten zu können. Eine belastbare Bewertung erfordert eine langfristige Untersuchung über mehrere Jahre, da vor allem in der Anfangsphase viele externe und schwer quantifizierbare Faktoren den Anwuchserfolg beeinflussen.

Tabelle 3 zeigt die bisherigen Ausfallraten, jeweils nach Herkunft, Baumart und Versuchsfläche. Die durchschnittliche Ausfallrate (Tabelle 3) über alle Herkünfte hinweg beträgt 7,6 %. Auffällig sind die besonders hohen Ausfallraten bei Flaumeichen aus Bulgarien (18,9 %) und Rumänien (17,0–18,4 %) sowie bei der Ungarischen Eiche aus Griechenland (11,3 %). Im Vergleich dazu weisen die französische Flaumeiche (1,3 %) und die serbische Zerreiche (1,5–3,0 %) außergewöhnlich geringe Ausfallraten auf. Generell zeigt sich, dass Flaumeichen und Ungarische Eichen mit durchschnittlichen Ausfallraten von 11,1 % bzw. 11,3 % schlechter anwuchsen als Zerreichen (5,2 %), Traubeneichen (4,8 %) und Stieleichen (5,6 %).

Insgesamt waren die Anwuchsraten mit einer mittleren Überlebensrate von über 90 % jedoch hoch. Vermutlich profitierten die Jungpflanzen von dem sehr Niederschlagsreichen Frühjahr und Sommer im Pflanzjahr 2024.

Die geringsten Ausfallraten wurden auf Versuchsflächen mit installierter Tröpfchenbewässerung registriert. Bewässerte Flächen zeigten eine durchschnittliche Ausfallrate von etwa 6,5 %, während auf nicht bewässerten Flächen die Ausfälle mit durchschnittlich 9,6 % signifikant höher ausfielen. Diese Ergebnisse verdeutlichen die Bedeutung der Tröpfchenbewässerung für die Etablierung der Jungpflanzen. Es ist zu erwarten, dass in zukünftigen Jahren mit sehr trockenen Klimaverhältnissen die Flächen ohne Tröpfchenbewässerung noch höhere Ausfallraten aufweisen werden.

Tabelle 3: Links: Durchschnittliche Ausfallraten der verschiedenen Herkünfte auf den fünf Bayerischen Flächen (aufsteigend sortiert). Die Anwuchsrate ist mit einem Durchschnitt von 92,4% ausgesprochen hoch; Rechts (oben): Die durchschnittlichen Ausfallraten nach Baumart (aufsteigend sortiert); Rechts (unten): Die durchschnittlichen Ausfallraten nach Fläche (aufsteigend sortiert).

Herkunft	Baumart	Ausfälle [%]
QPFC/QPU/F 1b	<i>Q. pubescens</i>	1,3
QPFC/QCE/RS 21	<i>Q. cerris</i>	1,5
QPFC/QPU/ST 3	<i>Q. pubescens</i>	3,0
QPFC/QCE/RS 23	<i>Q. cerris</i>	3,0
QPFC/QCE/IT 13	<i>Q. cerris</i>	3,8
QPFC/QCE/RS 24	<i>Q. cerris</i>	4,8
Deutsche TrEi	<i>Q. petraea</i>	4,8
QPFC/QPU/ST 2	<i>Q. pubescens</i>	5,5
QPFC/QCE/HU 17	<i>Q. cerris</i>	5,5
Deutsche StEi	<i>Q. robur</i>	5,6
QPFC/QCE/HU 16	<i>Q. cerris</i>	5,6
QPFC/QCE/CH 20	<i>Q. cerris</i>	5,7
QPFC/QCE/HU 18	<i>Q. cerris</i>	6,7
QPFC/QCE/IT 10 (2021)	<i>Q. cerris</i>	6,7
QPFC/QCE/HU 19	<i>Q. cerris</i>	6,9
QPFC/QCE/IT 9 (2021)	<i>Q. cerris</i>	7,0
QPFC/QPU/F 1a (2021)	<i>Q. pubescens</i>	8,6
QPFC/QFR/GR 22	<i>Q. frainetto</i>	11,3
QPFC/QPU/GR 4	<i>Q. pubescens</i>	16,5
QPFC/QPU/RO 6	<i>Q. pubescens</i>	17,0
QPFC/QPU/RO 5	<i>Q. pubescens</i>	18,4
QPFC/QPU/BG 8	<i>Q. pubescens</i>	18,9
Durchschnitt:		7,6

Baumart	Ausfälle [%]
<i>Q. petraea</i>	4,8
<i>Q. cerris</i>	5,2
<i>Q. robur</i>	5,6
<i>Q. pubescens</i>	11,2
<i>Q. frainetto</i>	11,3

Versuchsfläche	Ausfälle [%]
Sailershausen	5,5
Hohnhausen	7,0
Alzenau	7,4
Elsendorf	9,6
Werneck	12,2

Quelle: AWG (R. Stüwe).

Das Höhenwachstum (Tabelle 4) der Jungpflanzen weist ebenfalls deutliche Unterschiede sowohl zwischen den Baumarten als auch zwischen den Versuchsflächen auf. Die folgenden Tabellen veranschaulichen diese Unterschiede. Bei der Datenauswertung wurden nur Pflanzen aus dem Erntejahr 2022 in Betracht gezogen.

Die höchsten mittleren Höhenwerte wurden bei den deutschen Stiel- und Traubeneichen gemessen, mit 22,3 cm bzw. 26,5 cm. Diese übertreffen das Wachstum der ausländischen Eichenarten signifikant. Unter den mediterranen Arten zeigte die Zerreiche mit 18,8 cm das beste Höhenwachstum, fast doppelt so hoch wie das der Ungarischen Eiche, die mit nur 10,0 cm das geringste Wachstum aller Arten aufwies. Die Flaumeiche liegt mit einem Durchschnittswert von 14,6 cm im mittleren Bereich. Es ist wichtig zu bemerken, dass diese Höhenunterschiede im sehr frühen Stadium nicht zwingend auf Qualitätsunterschiede hinweisen.

Zwischen den Versuchsflächen sind ebenfalls deutliche Unterschiede im Höhenwachstum zu beobachten. Die höchsten Werte wurden in Werneck mit durchschnittlich 21,2 cm gemessen, gefolgt von Sailershausen (17,2 cm) und Elsendorf (16,9 cm). Besonders bemerkenswert ist, dass die Fläche in Werneck trotz fehlender Tröpfchenbewässerung das beste Höhenwachstum erreicht. Gleichzeitig verzeichnet diese Fläche jedoch die höchsten Ausfallraten (12,2 %). Im Gegensatz dazu weist die Fläche in Alzenau, die mit einem Tröpfchenbewässerungssystem ausgestattet ist, mit durchschnittlich 13,8 cm die niedrigsten Höhenzuwächse auf, die Ausfallraten sind mit 7,4 % jedoch deutlich geringer.

Tabelle 4: Mittleres Höhenwachstum der nach Baumart zusammengefassten Herkünfte, die auf allen fünf Versuchsflächen vertreten sind (Aufnahme 2022, links) und je Versuchsfläche (rechts).
*Die Versuchsflächen Alzenau und Sailershausen sind mit Tröpfchenbewässerungssystemen ausgestattet.

Baumart	Höhe [cm]	Versuchsfläche	Höhe [cm]
<i>Q. frainetto</i>	10,0	Alzenau*	13,8
<i>Q. pubescens</i>	14,6	Hohnhausen	14,4
<i>Q. cerris</i>	18,8	Elsendorf	16,9
<i>Q. robur</i>	22,3	Sailershausen*	17,2
<i>Q. petraea</i>	26,5	Werneck	21,2

Quelle: AWG (R. STÜWE).

9 Diskussion

Die Anlage solcher Versuchsflächen ist essenziell, um die Forstwirtschaft auf die Herausforderungen des Klimawandels vorzubereiten. Ziel ist es, schnellstmöglich Erkenntnisse über die Anbaueignung der Eichenarten zu gewinnen, um geeignete Erntebestände auszuweisen, internationale Kontakte und Geschäftsbeziehungen aufzubauen und die relevanten Herkünfte in das Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) aufzunehmen oder höher einzustufen.

Die ersten Ergebnisse der Ausfall- und Höhenaufnahme liefern wertvolle Einblicke in das Anwuchs- und Wachstumsverhalten der untersuchten Eichenarten, dennoch ist es wichtig zu betonen, dass aus diesen frühen Beobachtungen keine zuverlässigen Empfehlungen abgeleitet werden können. Langfristige Untersuchungen über mehrere Jahre sind erforderlich, um belastbare Aussagen über die Eignung dieser Baumarten und Herkünfte zu treffen. Vor allem in den frühen Stadien eines solchen Versuchs können Einflussfaktoren wie Pflanzverfahren, Lagerung und Flächenvorbereitungsmaßnahmen die Ergebnisse verzerren. Eine einmalige Nachbesserung der ausgefallenen Pflanzen im Herbst 2024 soll sicherstellen, dass die Vergleichbarkeit der Herkünfte besteht und externe Störeinflüsse minimiert werden.

Die bisherigen Ergebnisse deuten darauf hin, dass die einheimischen Stiel- und Traubeneichen bisher erfolgreicher anwachsen und ein besseres Höhenwachstum aufweisen als die mediterranen Eichenarten. Besonders herausstechend ist jedoch die Zerreiche, die sich sowohl in den niedrigen Ausfallraten als auch im Höhenwachstum positiv hervorgetan hat. Im Gegensatz dazu zeigen die Flaum- und Ungarischen Eichen vergleichsweise niedrige Anwuchsraten und Höhenzuwächse.

Trotz dieser Tendenzen ist die langfristige Entwicklung der mediterranen Arten entscheidend, insbesondere in Hinblick auf ihre mögliche Resilienz gegenüber Trockenheit und Hitze. Es ist zu erwarten, dass die einheimischen Baumarten bei künftig zunehmenden Dürreperioden und Extremwetterereignissen an ihre Grenzen gelangen, während mediterrane Arten anpassungsfähiger sind.

Ein zentraler aber oft übersehener Faktor bei der erfolgreichen Einführung fremder Baumarten ist die Verfügbarkeit von hochwertigem Saatgut aus den jeweiligen Herkunftsländern. Die bisherigen Erfahrungen zeigen, dass die Saatguternte in Ländern mit gut entwickelten Forststrukturen, wie der Schweiz, Südtirol und Ungarn, insgesamt einfacher und erfolgreicher war. Sprachliche Barrieren, mangelnde Kooperationsbereitschaft oder eingeschränkte Erreichbarkeit der Ansprechpartner in anderen Ländern erschwerten hingegen die Saatgutbeschaffung in vielen Ländern.

Bewässerungssysteme werden in der Forstwirtschaft zunehmend an Bedeutung gewinnen und werden immer häufiger eine zwingende Maßnahme für die erfolgreiche Etablierung von Forstkulturen. Die Ergebnisse aus Alzenau und Sailershausen bestätigen, dass die Überlebensrate der Pflanzen durch deren Einsatz signifikant gesteigert werden können. Dennoch sind sie mit hohen Arbeits- und Kostenaufwänden verbunden, und ihre Rentabilität muss erst langfristig bewertet werden.

Zusammengefasst zeigen die bisherigen Ergebnisse erste vielversprechende Hinweise darauf, wie sich mediterrane Baumarten wie die Zerreiche in den heimischen Wäldern etablieren könnten. Eine abschließende Bewertung erfordert jedoch kontinuierliche Untersuchungen über Jahrzehnte hinweg. Wichtig ist auch die Anlage weiterer Versuchsflächen, um eine größere Vielfalt an Herkünften zu testen und die Aussagekraft der Ergebnisse zu erhöhen. Besonders die Ungarische Eiche ist im aktuellen Versuch unterrepräsentiert, da sie lediglich durch eine Herkunft vertreten ist.

Literatur

- BARTHA D (1998): *Quercus frainetto*. Enzyklopädie der Holzgewächse. 11. Erg.Lfg. 3/98: 8 S.
- BUSSOTTI F (1998): *Quercus pubescens*. Enzyklopädie der Holzgewächse. 12. Erg.Lfg. 6/98: 10 S.
- CAUDULLO G, WELK E, SAN-MIGUEL-AYANZ, J. (2017). Chronological maps for the main European woody species.
- FORSTER M, HOPF C, FALK W, REGER B, KLEMMT H, NIßL A (2020): Klima - Boden - Baumartenwahl, Praxishilfe, Band II. LWF - Bayerische Landesanstalt für Wald- und Forstwirtschaft.
- GEIGER J, ŠEHO M (2024): Kurzportrait Ungarische Eiche (*Quercus frainetto* Ten.). Wald und Holz NRW.
- HEMPEL G, WILHELM K (1889): Bäume und Sträucher des Waldes in botanischer und forstwirtschaftlicher Beziehung, Band 3. University of Michigan: E. Hölzel.

Autorin

REBEKKA STÜWE

Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG), Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf

Kontakt: Rebekka.Stuewe@awg.bayern.de.

Untersuchung der genetischen, epigenetischen und phänotypischen Variation in Douglasien-Nachkommenschaften aus deutschen Saatguterntebeständen und aus Originalherkünften

GIANG THI HA VU, HIEU XUAN CAO, MARTIN HOFMANN, WILFRIED STEINER, OLIVER GAILING

Zusammenfassung

Extreme Dürren, die durch den Klimawandel verursacht werden, stellen eine erhebliche Herausforderung für die europäische Forstwirtschaft dar. Die aus Nordamerika eingeführte Douglasie, bietet aufgrund ihrer Dürresistenz und ihrer Wuchseigenschaften eine Alternative zur zunehmend anfälligen Fichte in Deutschland. Herkunftsversuche haben eine beträchtliche Variabilität in den Wuchseigenschaften gezeigt, wobei Nachkommen aus deutschen Beständen manchmal eine vergleichbare oder sogar überlegene Wuchsleistung im Vergleich zu nordamerikanischen Herkünften zeigten. Diese Variationen könnten auf unterschiedliche evolutionäre Anpassungen sowie Umweltfaktoren während der Reproduktion und Samenreifung zurückzuführen sein, die die Wuchseigenschaften beeinflussen. Epigenetische Faktoren, die als „Stellschrauben“ im Genom wirken, ermöglichen eine schnelle physiologische Anpassung an sich verändernde Umweltbedingungen und könnten die genetische Anpassung durch gezielte Selektion fördern.

Das EPIGEN-Projekt zielt darauf ab, erstmals sowohl die genetischen als auch die epigenetischen Determinanten der Wuchsleistung der Douglasie mit aktuellen Sequenzierungs- und Genotypisierungstechnologien zu untersuchen. Durch die Untersuchung verschiedener Samenjahrgänge aus deutschen Saatguterntebeständen und ursprünglichen Herkunftsgebieten in zwei Herkunftsversuchen werden wir sowohl genetische als auch epigenetische Effekte auf die Wuchseigenschaften bewerten. Die Ergebnisse werden unser Verständnis der genetischen und epigenetischen Mechanismen, die die Wuchsleistung beeinflussen, erweitern und wertvolle Einblicke in die Züchtung von lokal angepassten, leistungsstarken Saatgutplantagen geben, die den Herausforderungen des Klimawandels begegnen können.

Abstract

Investigation of genetic, epigenetic and phenotypic variation in Douglas fir progeny from German seed harvests and original provenances

Extreme droughts caused by climate change pose significant challenges to European forestry. Douglas-fir, introduced from North America, offers a drought tolerant and productive alternative to the increasingly vulnerable Norway spruce in Germany. Provenance trials have shown considerable variability in growth characteristics, with progenies from German stands sometimes demonstrating comparable or even superior performance as compared to their original North American counterparts. These variations may result from different evolutionary adaptations, as well as environmental factors during reproduction and seed maturation, which influence growth traits. Epigenetic factors, acting as "adjustable mechanisms" within the genome, enable rapid physiological adaptation to changing environmental conditions and may facilitate genetic adaptation through directed selection.

The EPIGEN project aims to investigate, for the first time, both the genetic and epigenetic determinants of growth performance in Douglas-fir using advanced sequencing and genotyping technologies. By studying different seed years from German seed stands and original provenances at two provenance trials, we will assess both genetic and epigenetic effects on growth traits. The findings will enhance our understanding of the genetic and epigenetic mechanisms driving growth performance, providing valuable insights for breeding locally adapted, high performance reproductive material that can meet the challenges of climate change.

1 Einleitung

Extreme Dürren und andere klimatische Veränderungen verändern die Landschaft der europäischen Forstwirtschaft rapide, was zu einer Verschiebung der Baumartenzusammensetzung hin zu mehr Laubholz und einem Rückgang der einheimischen Nadelbäume wie der Fichte (*Picea abies*) führt, die besonders anfällig für Trockenstress ist (FENG UND DU 2022, FORZIERI et al. 2021). Als Alternative hat sich die Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) als vielversprechend erwiesen, insbesondere wegen ihrer Trockentoleranz und Anpassungsfähigkeit an unterschiedliche Umweltbedingungen (SPELLMANN et al. 2015).

Die Douglasie ist eine Schlüsselart im Westen Nordamerikas und besteht aus zwei verschiedenen Varietäten: der Küstenvariante (*Pseudotsuga menziesii* var. *menziesii*) und der Inlandvariante (*Pseudotsuga menziesii* var. *glauca*). Die Douglasie weist eine bemerkenswerte genetische Vielfalt auf, die in ihrem ursprünglichen Verbreitungsgebiet in Nordamerika eingehend untersucht wurde, wobei die Küstenpopulationen eine höhere genetische Vielfalt aufweisen als die isolierteren Inlandpopulationen (PELAEZ et al. 2024). Diese Vielfalt ist entscheidend für die Anpassungsfähigkeit an unterschiedliche Umweltbedingungen und trägt wesentlich zum Erfolg der Art in nicht-heimischen Gebieten wie Deutschland bei. Darüber hinaus spielen der innerartliche Genfluss, die Hybridisierung und die lokale Anpassung an klimatische Stressfaktoren wie Trockenheit und Kälte eine Schlüsselrolle für ihr Überleben und ihre Widerstandsfähigkeit (BANSAL et al. 2015, SAVOLAINEN et al. 2007, SORK et al. 2013).

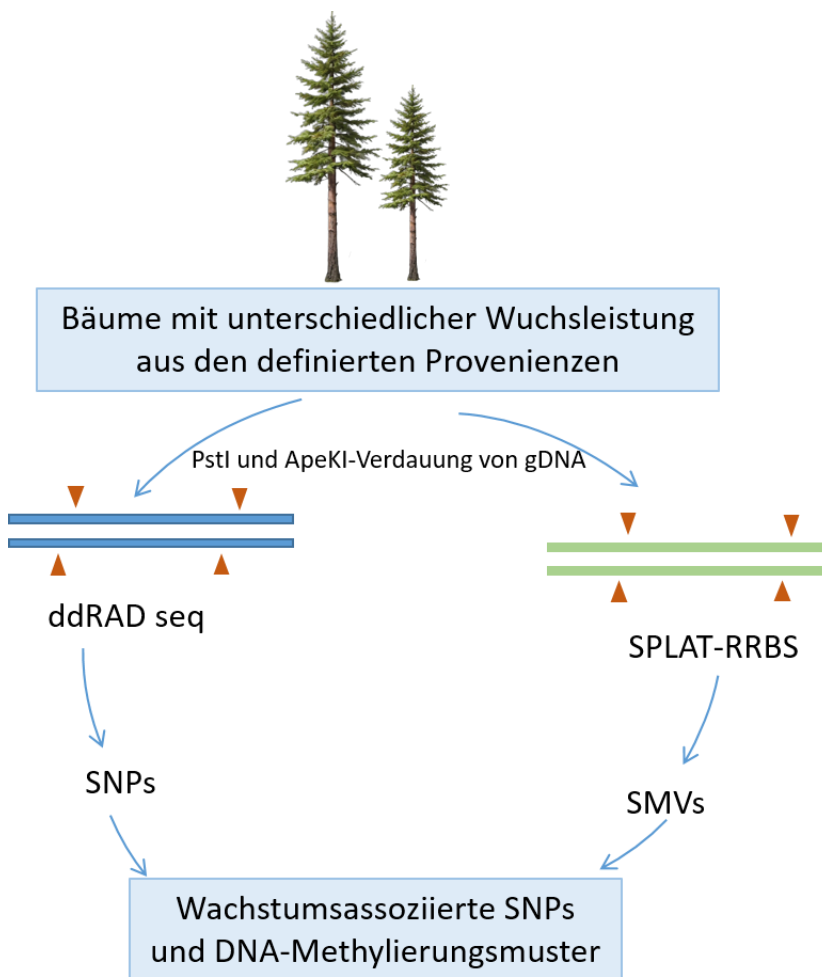
Die Douglasie ist eine der wichtigsten nicht-einheimischen Baumarten in Deutschland und bedeckt etwa 2 % der Waldfläche des Landes. Der Großteil der Douglasie in Deutschland gehört zur Küstenvariante und stammt hauptsächlich aus heimischen Saatgutbeständen und Samenplantage. Diese Saatgutbestände und Plantagen haben Einfluss auf die künftige Verjüngung und die Produktion von forstlichem Vermehrungsgut und erfordern eine sorgfältige Bewirtschaftung, um ein Gleichgewicht zwischen genetischer Verbesserung und Erhaltung der genetischen Vielfalt herzustellen, wobei auf günstige Eigenschaften wie Trockentoleranz, Wachstumsleistung und Holzqualität selektiert wird (NEOPHYTOU et al. 2020, PAKULL et al. 2021). Die genetische Variation hat zwar einen erheblichen Einfluss auf diese Merkmale, kann aber allein die beobachtete phänotypische Plastizität, insbesondere als Reaktion auf Umweltstress, nicht vollständig erklären. Neuere Studien legen nahe, dass phänotypische Merkmale wie Wachstum und Stresstoleranz aus einem komplexen Zusammenspiel von genetischen, umweltbedingten und epigenetischen Faktoren resultieren (BRAUTIGAM et al. 2013, THIEBAUT et al. 2019, VU et al. 2024).

Epigenetische Modifikationen, einschließlich DNA-Methylierung, Histon-Modifikationen und nicht-kodierende RNAs, wirken als Regulationsmechanismen, die die Genexpression beeinflussen, ohne die DNA-Sequenzen zu verändern. Bei der DNA-Methylierung werden Methylgruppen an Cytosinreste in CG-, CHG- und CHH-Kontexten (H = A, T oder C) angefügt. Dieser Prozess verändert die Chromatinstruktur und steuert, wie gut die DNA für die Transkription zugänglich ist, wodurch die Genaktivität reguliert wird. Histonmodifikationen wie Acetylierung oder Methylierung verändern die Chromatinumgebung in ähnlicher Weise. Nichtcodierende RNAs spielen ebenfalls eine Rolle bei der Steuerung dieser epigenetischen Veränderungen und bei der direkten Ausschaltung oder Aktivierung bestimmter Gene. Im Gegensatz zu genetischen Veränderungen, die mehrere Generationen benötigen, um durch Selektion fixiert zu werden, ermöglichen epigenetische Mechanismen den Pflanzen, in Echtzeit auf Umweltbelastungen zu reagieren, indem sie die Genexpression modulieren, ohne die zugrundeliegende DNA-Sequenz zu verändern. Darüber hinaus können diese epigenetischen Veränderungen an nachfolgende Generationen weitergegeben werden, so dass die Nachkommen adaptive Eigenschaften - „epigenetische Erinnerungen“ - erben, die sie in die Lage versetzen, mit ähnlichen Belastungen besser fertig zu werden (KINOSHITA UND SEKI 2014). Dies ist ein entscheidender Vorteil bei der Anpassung an sich schnell verändernde Umgebungen, wie sie beispielsweise durch den Klimawandel entstehen (KINOSHITA UND SEKI 2014, LÄMKE UND BÄURLE 2017, XU et al. 2021).

Das EPIGEN-Projekt konzentriert sich auf die gleichzeitige Untersuchung der genetischen Variabilität und der DNA-Methylierungsveränderungen, um zu verstehen, wie sich die Douglasie an die nicht-heimische Umwelt in

Deutschland anpasst (Abb. 1). Durch die Untersuchung der Interaktion zwischen genetischen und epigenetischen Faktoren will das Projekt herausfinden, wie diese Faktoren zusammen phänotypische Merkmale wie Wuchsleistung und Widerstandsfähigkeit formen.

Abbildung 1: Überblick über die Studie.



Quelle: Georg-August-Universität Göttingen (G.T.H. Vu).

2 Methodik

2.1 Pflanzenmaterial

Die EPIGEN-Projektstudie konzentriert sich auf die genomweite genetische und epigenetische Variation bei Douglasie in zwei Herkunftsversuchen in Deutschland (Forst Ilo und Harselfeld). Die Herkunftsversuche umfassen nordamerikanische und deutsche Herkünfte, die unterschiedliche Wachstums- und Umweltanpassungen repräsentieren. Die Bäume wurden aufgrund ihrer unterschiedlichen Wuchsleistung ausgewählt und analysiert. Phänotypische Merkmale wie Höhe, DBH, Kronendichte und Frostschäden wurden für einzelne Bäume an beiden Standorten erfasst. Die Klimadaten für die nordamerikanischen Herkünfte wurden der WorldClim-Datenbank entnommen (HUMANS et al. 2005). In dieser Studie analysieren wir Bäume aus dem Provenienzversuch im Ilo Forst, Neumünster, Deutschland, aus vier Provenienzen (Ashford, Randle, Vancouver und Skykomish) und zwei Samenerntejahren (1971 und 1976, Tabelle 1).

Tabelle 1: **Einzelheiten zu den für die Sequenzierung verwendeten Proben und den damit verbundenen phänotypischen Merkmalen.**

Proben_ID	Herkunft (Ursprung)	Saatjahr	BHD [cm]	Höhe [m]
N167	Skykomis	1976	30,5	25,9
N271	Randle	1976	36,8	27,0
N175	Vancouver	1976	26,6	22,5
N272	Randle	1976	39,4	27,3
N223	Skykomis	1971	33,5	27,0
N274	Ashford	1976	19,5	14,6
N255	Vancouver	1971	9,0	5,9
N299	Skykomis	1971	16,1	15,7
N256	Vancouver	1971	19,4	16,0
N308	Ashford	1971	9,4	6,4
N262	Randle	1971	12,4	8,5
N309	Ashford	1971	9,1	6,4
N263	Randle	1971	9,5	8,2
N355	Skykomis	1976	20,3	24,9
N264	Randle	1971	24,1	17,6
N370	Vancouver	1976	25,3	25,7

Quelle: Georg-August-Universität Göttingen (G.T.H. Vu).

2.2 Sequenzierung und Datenverarbeitung

Genomische DNA wurde aus gefriergetrockneten Nadelproben mit dem Qiagen DNeasy Plant Mini Kit extrahiert und mit dem Qubit dsDNA HS Assay Kit (Thermo-Fisher Scientific) auf Qualität und Quantität geprüft. Die genomische DNA wurde mit den Enzymen *Pst*I und *Ape*KI doppelt verdaut. Anschließend wurden sowohl ddRADseq- als auch methyl-ddRADseq-Bibliotheken von der LGC Genomics GmbH (Berlin, Deutschland) nach etablierten Protokollen erstellt (PETERSON et al. 2012, RAINE et al. 2017). Die Sequenzierung wurde auf der Illumina NextSeq-Plattform durchgeführt, und die Reads wurden dem Douglasien-Referenzgenom (NEALE et al. 2017) mit der neuesten Genomannotation (VELASCO et al. 2022) für die nachgeschaltete Variantenidentifizierung zugeordnet.

Die Sequenzqualität wurde mit FastQC bewertet, und die Reads wurden mit Trim-Galore auf Qualität getrimmt. Hochwertige Reads wurden mit der gemBS-Pipeline auf das Referenzgenom kartiert. Das ermöglicht die Identifizierung sowohl von Einzelnukleotid-Polymorphismen (Single Nucleotide Polymorphisms, SNPs) als auch von Einzelmethylierungs-Varianten (Single Methylation Variants, SMVs). Populationsstruktur und Verwandtschaft wurden mit STRUCTURE (PRITCHARD et al. 2000) und TASSEL 5.0 (BRADBURY et al. 2007) bewertet, wobei Verwandtschaft berücksichtigt wurde, um falsch positive Ergebnisse zu minimieren.

2.3 Identifizierung von differenziell methylierten Regionen (DMRs) und SNPs

Differenziell methylierte Regionen (DMRs) werden mit dem R-Paket methylKit identifiziert, wobei ein gleitendes Fenster und statistische Tests angewendet werden, um Regionen mit signifikanten Methylierungsunterschieden

zu erkennen. SNPs und SMVs werden mit der gemBS-Pipeline aufgerufen, und signifikante genetische und epigenetische Varianten werden auf der Grundlage von >20 % Methylierungsunterschied und einem korrigierten q-Wert <0,05 ausgewählt.

2.4 Statistische Analysen

Statistische Analysen und Visualisierungen wurden mit R Version 4.2.2 innerhalb der RStudio-Umgebung (v 2022.12.0) durchgeführt.

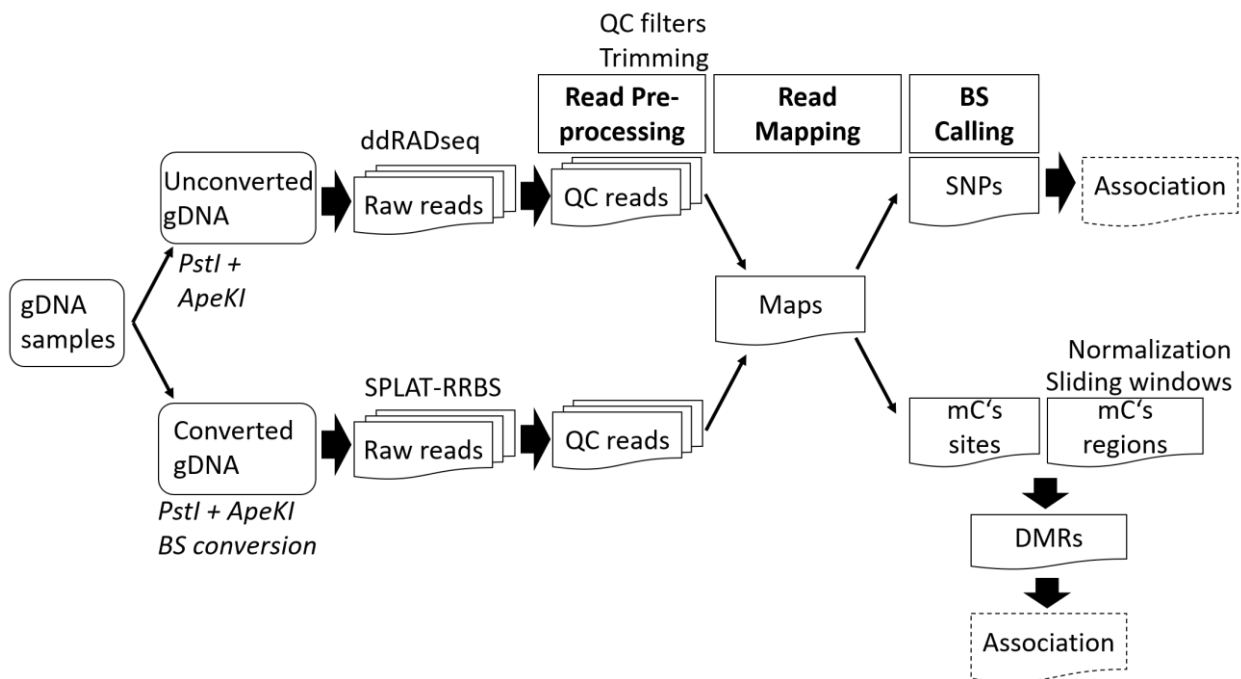
3 Bisherige Ergebnisse und Diskussion

Die Proben stammen aus einem Herkunftsversuch im Iloo Forst, Neumünster, Deutschland, der 1982 angelegt wurde. Diese Studie umfasste Douglasienbäume aus vier Herkunftsn (Ashford, Randle, Vancouver und Skykomish) mit Bäumen aus zwei verschiedenen Samenerntejahren (1971 und 1976). Wie in Vu et al. (2024) beschrieben, wurden Nadelproben von 16 repräsentativen Bäumen mit unterschiedlichem Wachstum auf denselben oder benachbarten Parzellen entnommen (Tabelle 1). Die Baumhöhe und der Brusthöhendurchmesser (BHD) wurden gemessen, wobei eine signifikante Korrelation zwischen den beiden Merkmalen auftrat ($R = 0,93$, $P\text{-Wert} = 2,13 \times 10^{-7}$), und der BHD wurde als Proxy für die Wachstumsleistung verwendet (Tabelle 1, Vu et al. 2024).

Aus den gefrorenen Nadelproben wurde hochwertige genomische DNA für die Tiefen-Sequenzierung extrahiert, was die DNA-Genotypisierung und die Erstellung von Methylierungsprofilen ermöglichte (Abb. 1 und 2). Ungefähr 1 Million genomische Regionen wurden sequenziert, wodurch 2,7 Millionen Reads für die DNA-Methylierungsprofilierung und 3,6 Millionen Reads für die DNA-Genotypisierung generiert wurden. Insgesamt wurden 1,53 Millionen hochwertige SNPs und 58.124 methylierte Cytosinstellen (mCG) identifiziert. Schließlich wurden 1,3 Millionen methylierte Cytosine auf 48.406 ddRAD-Loci kartiert, die mit 23.225 Genen assoziiert sind und etwa 45,2 % des annotierten Douglasien-Genoms abdecken (Vu et al. 2024).

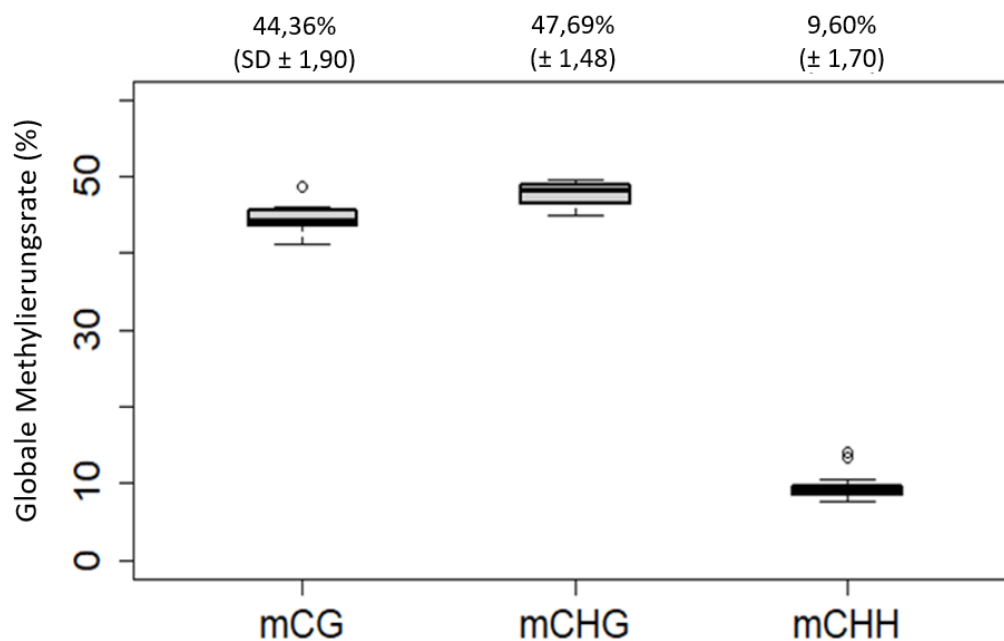
Für die vergleichende Analyse wurde ein einheitlicher Datensatz erstellt, der mindestens drei große und drei kleine Bäume umfasst und 7157 mCG-Stellen, 13.412 mCHG-Stellen und 76.554 mCHH-Stellen abdeckt. Die globalen DNA-Methylierungsraten betrugen 44,36 %, 47,69 % bzw. 9,6 % (Abb. 3, Vu et al. 2024). Der Methylierungsstatus der Cytosine folgte einer bimodalen Verteilung, wobei die meisten Cytosine entweder unmethyliert oder stark methyliert waren. Es wurde keine signifikante Korrelation zwischen dem globalen DNA-Methylierungsgrad und dem Baumwachstum (DBH) oder der Sequenzierungstiefe festgestellt.

Abbildung 2: Der Arbeitsablauf verarbeitet gleichzeitig ddRADseq- und SPLAT-RRBS-Daten für SNP-Calling und Methylierungsschätzungen für alle genomischen Cytosine in verschiedenen Kontexten (CG, CHG und CHH). Reads aus RRBS können verwendet werden, um durch eine Erhöhung der lokalen Sequenzierungstiefe ein zuverlässigeres SNP-Calling zu erreichen. Andererseits vermeiden genetische Varianten (insbesondere C-T-SNPs), die aus Nicht-Bisulfit-Daten (ddRADseq) erkannt werden, Fehlidentifikationen als Bisulfit-Konversion. Dieser Ansatz führt zu genaueren Methylierungsschätzungen.



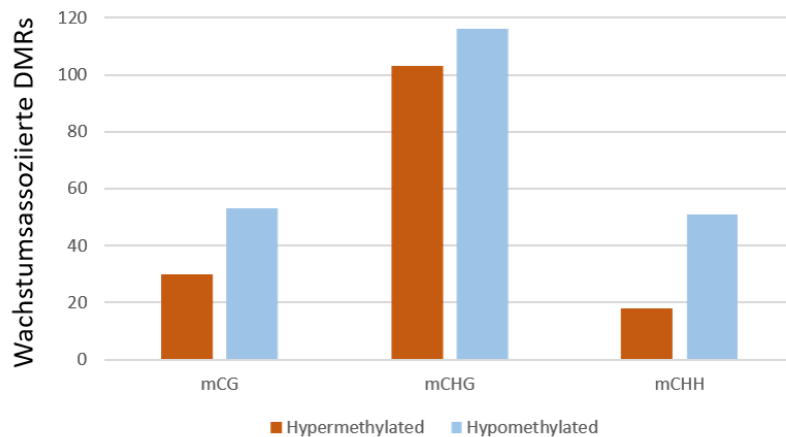
Quelle: Georg-August-Universität Göttingen (G.T.H. Vu).

Abbildung 3: Globale Methylierungsrate von Cytosinen in mCG-, mCHG- und mCHH-Kontexten.



Quelle: Georg-August-Universität Göttingen (Vu et al. 2024).

Abbildung 4: Wachstumsassoziierte differentiell methylierte Regionen (DMRs) in verschiedenen Methylierungskontexten.



Quelle: Georg-August-Universität Göttingen (G.T.H. Vu).

Wachstumsassoziierte differentiell methylierte Regionen (DMRs) wurden durch den Vergleich von großen und kleinen DBH-Bäumen identifiziert, wobei ein Unterschied von mindestens 20 % in der Methylierung mit statistischer Signifikanz ($Q < 0,05$) erforderlich war. Die logistische Regression berücksichtigte die Herkunft der Population, das Saatjahr und den Standort in der Studie. Signifikante Assoziationen umfassten 83 DMRs für mCG (30 hypermethyliert, 53 hypomethyliert), 219 für mCHG (103 hypermethyliert, 116 hypomethyliert) und 69 für mCHH (18 hypermethyliert, 51 hypomethyliert) (Abb. 4). Davon überschneiden sich 24, 73 bzw. 30 DMRs mit Ziel-RAD-Loci für CG-, CHG- bzw. CHH-Kontexte, wobei die meisten kontextspezifisch waren. Eine kleine Anzahl von Loci wies DMRs in mehreren Kontexten auf, was ihre potenzielle regulatorische Rolle unterstreicht (Vu et al. 2024).

4 Ausblick

DNA-Methylierungsmuster werden mit der Wuchseistung der Douglasie in Verbindung gebracht, wobei in allen drei verschiedenen Methylierungskontexten unterschiedliche Zusammenhänge beobachtet wurden. Diese Muster scheinen mit funktionellen Genen zu interagieren, die an fitnessbezogenen Prozessen beteiligt sind (Vu et al. 2024). Künftige Forschungsarbeiten sollten sich auf die Verbesserung des Douglasien-Genomassemblys unter Verwendung aktueller Sequenzierungstechnologien konzentrieren, um tiefere Einblicke in diese Regulationsmechanismen zu gewinnen.

Eine Ausweitung des Umfangs auf größere Stichproben und zusätzliche Herkunftsversuche ist unerlässlich, um die Rolle der Methylierung und assoziiert genetischer Variationen beim Baumwachstum besser zu ermitteln. Darüber hinaus könnte die Long-Read-Sequenzierung aufdecken, ob intragenische Regionen das Genspleißen und die Funktion bei wachstumsbezogenen Prozessen beeinflussen.

Diese Erkenntnisse können zur Verbesserung der Baumauswahl und der Waldbewirtschaftungsstrategien eingesetzt werden, um das Wachstum und die Widerstandsfähigkeit von Douglasien-Populationen als Reaktion auf Umweltveränderungen zu verbessern. Darüber hinaus könnte dieser Ansatz auch auf andere Waldbaumarten angewendet werden, um die Erhaltung und nachhaltige Forstwirtschaft zu unterstützen.

Danksagung

Die Autoren danken PIA MEYER für ihre technische Unterstützung im Labor, DANIEL SCHMIDT (NW-FVA) für die Unterstützung bei der Phänotypisierung im Provenienzversuch, HERBERT KUPFER (NW-FVA) und ISOGEN GmbH (Göttingen, Deutschland) für die Unterstützung bei der Probenahme. Diese Arbeit wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), vertreten durch die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe (FNR; Förderkennzeichen: 2220NR037A), gefördert.

Referenzen

- BANSAL S, HARRINGTON CA, GOULD PJ, ST CLAIR JB (2015): Climate-related genetic variation in drought-resistance of Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii*). *Global Change Biol* 21: 947-958.
- BRADBURY PJ, ZHANG Z, KROON DE, CASSTEVEN S TM, RAMDOSS Y, BUCKLER ES (2007): TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics* 23: 2633-5.
- BRAUTIGAM K, VINING KJ, LAFON-PLACETTE C, FOSSDAL CG, MIROUZE M, MARCOS JG, FLUCH S, FRAGA M F, GUEVARA MA, ABARCA D, JOHNSEN O, MAURY S, STRAUSS SH, CAMPBELL MM, ROHDE A, DIAZ-SALA C, CERVERA MT (2013): Epigenetic regulation of adaptive responses of forest tree species to the environment. *Ecol Evol* 3: 399-415.
- FENG L, DU FK (2022): Landscape Genomics in Tree Conservation Under a Changing Environment. *Front Plant Sci* 13.
- FORZIERI G, GIRARDELLO M, CECCHERINI G, SPINONI J, FEYEN L, HARTMANN H, BECK PSA, CAMPS-VALLS G, CHIRICI G, MAURI A, CESCATTI A (2021): Emergent vulnerability to climate-driven disturbances in European forests. *Nat. Commun.* 12: 1081.
- HIJMANS RJ, CAMERON SE, PARRA JL, JONES PG, JARVIS A (2005): Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *Int J Climatol* 25: 1965-1978.
- KINOSHITA T, SEKI M (2014): Epigenetic memory for stress response and adaptation in plants. *Plant Cell Physiol* 55: 1859-63.
- LÄMKE J, BÄURLE I (2017): Epigenetic and chromatin-based mechanisms in environmental stress adaptation and stress memory in plants. *Genome Biol* 18: 124.
- NEALE DB, MCGUIRE PE, WHEELER NC, STEVENS KA, CREPEAU MW, CARDENO C, ZIMIN AV, PUIU D, PERTEA GM, SEZEN UU, CASOLA C, KORALEWSKI TE, PAUL R, GONZALEZ-IBEAS D, ZAMAN S, CRONN R, YANDELL M, HOLT C, LANGLEY CH, YORKE JA, SALZBERG SL, WEGRYN JL (2017): The Douglas-Fir Genome Sequence Reveals Specialization of the Photosynthetic Apparatus in Pinaceae. *G3 (Bethesda)* 7: 3157-3167.
- NEOPHYTOU C, VAN LOO M, HASENAUER H (2020): Genetic diversity in introduced Douglas-fir and its natural regeneration in Central Europe. *Forestry* 93: 535-544.
- PAKULL B, EUSEMANN P, WOJACKI J, AHNERT D, LIESEBACH H (2021): Genetic diversity of seeds from four German Douglas fir (*Pseudotsuga menziesii*) seed orchards. *Eur. J. For. Res.* 140: 1543-1557.
- PELAEZ P, LORENZANA GP, BAESEN K, MONTES JR, DE LA TORRE AR (2024): Spatially heterogeneous selection and inter-varietal differentiation maintain population structure and local adaptation in a widespread conifer. *BMC Ecol Evol* 24: 117.
- PETERSON BK, WEBER JN, KAY EH, FISHER HS, HOEKSTRA HE (2012): Double digest RADseq: an inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PLoS One* 7: e37135.
- PRITCHARD JK, STEPHENS M, DONNELLY P (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959.
- RAINE A, MANLIG E, WAHLBERG P, SYVANEN AC, NORDLUND J (2017): SPLinted Ligation Adapter Tagging (SPLAT), a novel library preparation method for whole genome bisulphite sequencing. *Nucleic Acids Res* 45: e36.
- SAVOLAINEN O, PYHÄJÄRVI T, KNÜRR T (2007): Gene flow and local adaptation in trees. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics* 38: 595-619.

- SORK VL, AITKEN SN, DYER RJ, ECKERT AJ, LEGENDRE P, NEALE DB (2013): Putting the landscape into the genomics of trees: approaches for understanding local adaptation and population responses to changing climate. *Tree Genet. Genomes* 9: 901-911.
- SPELLMANN H, WELLER A, BRANG P, MICHIELS H G, BOLTE A (2015): Douglasie (*Pseudotsuga Menziesii* (MIRB.) FRANCO). In VOR T, SPELLMANN H, BOLTE A, AMMER C (eds.): Potenziale und Risiken eingeführter Baumarten: Baumartenportraits mit naturschutzfachlicher Bewertung. Göttingen, Germany: Göttinger Universitätsverlag.
- THIEBAUT F, HEMERLY AS, FERREIRA PCG (2019): A Role for Epigenetic Regulation in the Adaptation and Stress Responses of Non-model Plants. *Front Plant Sci* 10: 246.
- VELASCO VME, FERREIRA A, ZAMAN S, NOORDERMEER D, ENSMINGER I, WEGRZYN J L (2022): A long-read and short-read transcriptomics approach provides the first high-quality reference transcriptome and genome annotation for *Pseudotsuga menziesii* (Douglas-fir). *G3 (Bethesda)* 13: jkac304.
- VU GTH, CAO HX, HOFMANN M, STEINER W, GAILING O (2024): Uncovering epigenetic and transcriptional regulation of growth in Douglas-fir: identification of differential methylation regions in mega-sized introns. *Plant Biotechnol J* 22: 863-875.
- XU P, CHEN H, HU J, CAI W (2021): Potential evidence for transgenerational epigenetic memory in *Arabidopsis thaliana* following spaceflight. *Commun Biol*, 4: 835.

Autoren

GIANG T.H. VU, HIEU X. CAO, OLIVER GAILING

Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Büsgenweg 2, 37077 Göttingen

Kontakt: thihagiang.vu@uni-goettingen.de; ogailin@gwdg.de

MARTIN HOFMANN, WILFRIED STEINER

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

Bereitstellung von Lärchenvermehrungsgut mit hoher Qualität und Diversität zur Erhöhung der waldbaulichen Flexibilität

BIRGIT REICHE, JULIANE RASCHKE, MADLEN WALTHER, SOPHIE MAIWALD, TONY HEITKAM, MATTHIAS MEYER, UTE TRÖBER, HEINO WOLF, RICARDO JOFFE, SILVAN LIEBSCH, HARDY DEMBANY, JULIUS DAWYDOW, BERNHARDT SCHULDT, ANDREA RUPPS

Zusammenfassung

Die drastische Verschlechterung des Waldzustandes stellt die Forstwirtschaft seit einigen Jahren vor besondere Herausforderungen. Vor allem extreme Naturereignisse wie Trockenheit, Sturm und Borkenkäferkalamitäten beeinträchtigen die Leistungsfähigkeit der Waldökosysteme massiv. Eine verbesserte Anpassungsfähigkeit und Stabilität ist die Voraussetzung für die Erhaltung der Ökosystemleistungen wie Holzproduktion, Boden-, Hochwasser- und Klimaschutz sowie Erholungs- und Naturschutzfunktionen. Dabei stellt die Wahl geeigneter Baumarten sowie die bedarfsgerechte Verfügbarkeit von hochwertigem Vermehrungsgut die Waldbesitzenden vor Herausforderungen.

Ziel des aktuellen Verbundvorhabens LarchForFlexibility (Förderprogramm Nachwachsende Rohstoffe der FNR e.V. und des BMEL) ist die Bereitstellung von vegetativ vermehrten Hybridlärchen (*Larix × eurolepis*) zur Ergänzung der waldbaulichen Handlungsoptionen sowie mit Blick auf die mittelfristige Verfügbarkeit von Nadelholz als Alternative für klimawandelbedingt ausfallende Waldbestände. Die Methode der somatischen Embryogenese (sE) konnte bereits an Hybridlärche etabliert werden und ermöglicht zum einen besonders hohe Vermehrungsraten. Zum anderen kann in Verbindung mit Kryokonservierung eine Langzeitlagerung der Genotypen sichergestellt werden.

Im Vordergrund des Forschungsvorhabens stehen die i) Erweiterung der bereits vorhandenen Klonauswahl mittels gelenkter Hybridkreuzungen zur Erhöhung der Diversität des marktverfügbaren Vermehrungsgutes, ii) eine umfassende genotypische und phänotypische Charakterisierung zur Sicherung der Qualität sowie iii) die Optimierung eines hochproduktiven und teilautomatisierten Verfahrens zur Anzucht von *in vitro* vermehrtem Pflanzenmaterial und iv) die Überführung in den Baumschulbetrieb zur nachfrageangepassten Produktion von Vermehrungsgut.

In Vorbereitung auf die Zulassung der Kreuzungen nach dem Forstvermehrungsgutgesetz werden Klonprüfungen angelegt, um die herausragenden Eigenschaften, wie eine überdurchschnittliche Wuchsleistung und eine hohe Standorttoleranz der Hybridlärchen zu quantifizieren. Zusätzlich sollen die Vorteile verschiedener molekulargenetischer Markersysteme verknüpft werden, um die eindeutige Identifizierbarkeit der Genotypen zu gewährleisten. Die klonspezifischen Fingerprints werden auf einer Plattform hinterlegt und ermöglichen Produzenten und Verbrauchern eine schnelle und sichere Verifizierung des Pflanzenmaterials. Das Projekt LarchForFlexibility kann somit zur Förderung der Resilienz von Wäldern insbesondere bei der Wiederbestockung von heutigen Schadflächen beitragen und bietet einen vielversprechenden Ansatz durch die Erhöhung der betrieblichen Flexibilität bei der nachhaltigen Forstwirtschaft in einem sich verändernden Klima.

Abstract

Provision of larch reproductive material of high quality and diversity to increase silvicultural flexibility

The drastic deterioration in the condition of forests has posed particular challenges for forestry in recent years. In particular, extreme natural events such as drought, storms and bark beetle calamities have a massive impact on the performance of forest ecosystems. Improved adaptability and stability is a prerequisite for maintaining ecosystem services such as wood production, soil, flood and climate protection as well as recreational and nature

conservation functions. The choice of suitable tree species and the availability of high-quality reproductive material in line with demand pose challenges for forest owners.

The aim of the current joint project LarchForFlexibility (funding programme Renewable Resources of the FNR e.V. and the BMEL) is to provide vegetatively propagated hybrid larch (*Larix × eurolepis*) to supplement silvicultural options and with a view to the medium-term availability of coniferous wood as an alternative for forest stands that are failing due to climate change. The method of somatic embryogenesis (sE) has already been established on hybrid larch and enables particularly high propagation rates. On the other hand, long-term storage of the genotypes can be ensured in conjunction with cryopreservation.

The research project focuses on i) expanding the existing clone selection by means of controlled hybrid crosses to increase the diversity of marketable propagation material, ii) comprehensive genotypic and phenotypic characterisation to ensure quality, iii) optimising a highly productive and partially automated process for cultivating in vitro propagated plant material and iv) transferring this to the tree nursery for demand-adapted production of propagation material.

In preparation for the authorisation of the crosses in accordance with the Forest Reproductive Material Act, clone tests are being carried out in order to quantify the outstanding characteristics, such as above-average growth performance and high site tolerance of the hybrid larches. In addition, the advantages of various molecular genetic marker systems are to be combined to ensure that the genotypes can be clearly identified. The clone-specific fingerprints are stored on a platform and enable producers and consumers to verify the plant material quickly and reliably. The LarchForFlexibility project can thus contribute to promoting the resilience of forests, particularly in the replanting of current damaged areas, and offers a promising approach by increasing operational flexibility in sustainable forest management in a changing climate.

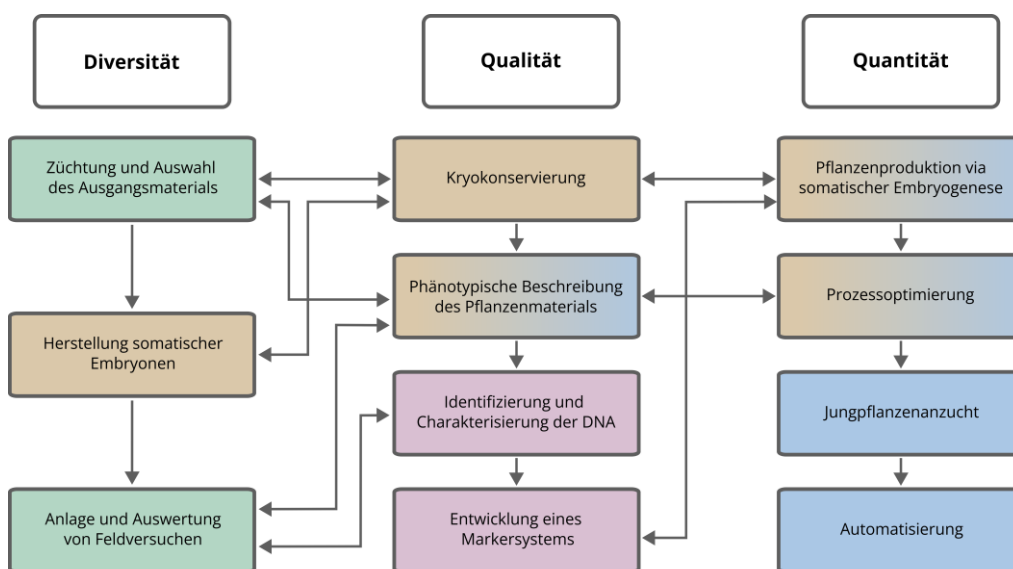
1 Einleitung

Auf Grund biotischer und abiotischer Kalamitäten wurden die Wälder Mitteleuropas in den vergangenen Jahren massiv geschädigt und vor allem Nadelholzbestände großflächig zerstört. Dies führte neben einer schwierigen Holzabsatzsituation und hohen Kosten für forstliche Unternehmerleistungen auch zur Beeinträchtigung komplexer Ökosystemleistungen, welche unter anderem die Biotop- und Habitatqualität, den Schutz von Boden und Wasser sowie die Erhaltung der lokalen Flora und Fauna umfassen. Die langfristige Anpassung der Bestände an die sich ändernden Umweltbedingungen erfordert daher weiterhin Waldumbau. Hierfür müssen vor allem artenreiche Mischwälder aufgebaut werden. Die Aufforstung der entstandenen Kahlfächen erweist sich jedoch mitunter als problematisch, da ein Mangel an hochwertigem Forstvermehrungsgut die Baumartenwahl stark einschränkt. Hinzu kommen die Risiken, die ein Anbau von schirmbedürftigen Zielbaumarten auf Kahlfächen mit sich bringt. Das insgesamt unausgeglichene Kahlfächenklima, häufige Spätfrostereignisse, Konkurrenz durch Begleitwuchs sowie Frühjahrs- und Sommertrockenheit können die Erfolgsrate bei der Verjüngung stark beeinträchtigen. Durch den vorwaldartigen Anbau von Hybridlärche (*Larix × eurolepis*) kann diesen Risiken entgegengewirkt und Erosion vorgebeugt werden. Ziel des im Dezember 2023 gestarteten Verbundprojektes **LarchForFlexibility** ist es, qualitätsgesicherte Hybridlärchen-Klonmischungen für den vorwaldartigen Anbau bereitzustellen. Hierfür werden klassische Züchtungsmethoden mit innovativen Technologien kombiniert. Durch die gelenkte Kreuzung von Elternbäumen mit hervorragenden Eigenschaften sollen Genotypen erzeugt werden, die diese Eigenschaften kombinieren. Das Verfahren der somatischen Embryogenese wird dann genutzt, um diese Genotypen *in vitro* zu vermehren und somit große Pflanzzahlen bereitstellen zu können.

Für eine Zulassung des erzeugten Pflanzenmaterials nach dem Forstvermehrungsgutgesetz verfolgen die Verbundpartner des Projektes drei wesentliche Teilziele: i) die Induktion neuer Genotypen und somit die Verbreiterung der genetischen Basis von Hybridlärchen zur **Sicherstellung der Diversität**, ii) eine umfassende

genotypische und phänotypische Charakterisierung des Pflanzenmaterials von der Petrischale bis hin zum Feldversuch zur **Sicherstellung der Qualität** sowie iii) die Produktionsoptimierung und Markteinführung zur nachfrageorientierten Bereitstellung von Pflanzen und der **Sicherstellung der Quantität**. Die Aufgabenverteilung und Zwischenziele können der Übersicht in Abbildung 1 entnommen werden.

Abbildung 1: Partnernetzwerk und Aufgaben im Projekt LarchForFlexibility mit den drei Teilzielen Erweiterung der Diversität, Verbesserung der Qualität und Erhöhung der Quantität bei der klonalen Vermehrung von Hybridlärchen



Partnernetzwerk:



Quelle: TU Dresden (B. REICHE).

2 Hybridlärchen in der heutigen Forstwirtschaft

Entsprechend der aktuellen Bundeswaldinventur haben die Kalamitäten und Dürreperioden der vergangenen Jahre das Waldgefüge in Deutschland massiv geschädigt und somit die Notwendigkeit eines zeitnahen Waldumbaus wieder verstärkt ins Bewusstsein gerufen. Die zielstrebige Förderung klimaresilienter Mischwälder seit mehr als 30 Jahren spiegelt sich bereits in einer Zunahme des Laubholzanteils wider. Im Gegensatz dazu ist die Fichtenbestockung auf Grund von Trockenheit, Sturmschäden und Käferfraß um 17 % zurückgegangen (BWI 4, 2022). Die Auswirkungen sind in der Holzverarbeitenden Industrie deutlich spürbar. Laut einer Expertenbefragung in der „Delphistudie zur Entwicklung der deutschen Forst- und Holzwirtschaft bis 2040“ schätzen 72 % der Befragten die Nadelholzversorgung bis 2040 als gesichert ein, gehen aber danach von einem deutlich sinkenden Nadelholzvorkommen aus. Dies ist vor allem auf Sondernutzungen nach Schadereignissen zurückzuführen, welche wiederum zu starken Schwankungen im jährlichen Einschlag führen. Da mit zunehmendem Alter das Produktionsrisiko der Bäume steigt, halten 69% der Befragten eine Verkürzung der Umtriebszeiten auf 50 bis 60 Jahre als (sehr) wahrscheinlich. Dass Laubholz in naher Zukunft im Bauwesen eingesetzt wird, um Nadelholz zu ersetzen, gilt bei 56 % der Experten im Bereich der Sägeindustrie als (sehr) unwahrscheinlich (KNAUF, 2024). Die aktuellen Entwicklungen und Voraussagen machen die Dringlichkeit für Baumarten, die dem Klimawandel standhalten, die Produktivität der Waldflächen erhöhen und die Holzindustrie mit qualitativ hochwertigen Rohstoffen versorgen können, deutlich.

Durch die Schaffung von Vorwäldern aus schnellwachsenden Hybridlärchen, können der Degradierung von Böden und der Störung des Wasserhaushaltes auf Schadflächen entgegengewirkt und gleichzeitig ökologisch günstige Verhältnisse zur Einbringung anspruchsvoller Zielbaumarten geschaffen werden. Die Hybridlärche zeichnet sich unter anderem durch ihr schnelles Jugendwachstum aus. „These trees are fairly vigorous...“ beschrieben HENRY und FLOOD (1919) die sogenannten Dunkeld-Lärchen, die aus den Samen einer Japanischer Lärche entstanden sind, die in unmittelbarer Nachbarschaft zu Europäischen Lärchen stand. Diese Sämlinge wuchsen deutlich schneller als die intraspezifischen Nachkommen der Elternarten. Seither ist das Interesse an den Hybriden der beiden Lärchenarten ständig gewachsen und die Hybridlärche (*Larix × eurolepis*) Gegenstand von Kreuzungs- und Anbauversuchen in ganz Europa (EKÖ et al. 2011, PÂQUES et al. 2013, HERING 1990). Die interspezifischen Nachkommen von *L. decidua* und *L. kaempferi* weisen einen Heterosis-Effekt für Wachstum, wichtige kommerzielle Eigenschaften (beispielsweise Schaftform), sowie die Toleranz gegenüber biotischen und abiotischen Stressfaktoren auf und sind daher hinsichtlich Wüchsigkeit und Robustheit beiden Elternarten überlegen (KONNERT et al. 2012). Die Hybridlärche stellt somit eine geeignete Alternative dar, um auch zukünftig eine nachhaltige und wirtschaftliche Holzerzeugung zu gewährleisten (Abb. 2).

Abbildung 2: 11-jährige Hybridlärche (*Larix × eurolepis*) mit BHD von 17 cm, vermehrt durch somatische Embryogenese (sE), auf einer Wiederaufforstungsfläche nach Kalamität.



Quelle: Staatsbetrieb Sachsenforst (R. Joffe).

Hochwertiges forstliches Vermehrungsgut der Hybridlärche ist entsprechend gefragt. Das Saatgut darf ausschließlich aus gelenkter Kreuzung der Elternklone oder in freier Abblüte in nach Forstvermehrungsgutgesetz geprüften Samenplantagen produziert werden (Abb. 3). Hierfür werden Klone der beiden Elternarten auf einer Fläche zu einer Bestäubungseinheit zusammen gepflanzt. Die erfolgreiche Produktion von Hybridlärchensamen unterliegt allerdings großen Schwankungen, sowohl bezüglich der Saatgutmenge und des Vollkornanteils, als auch des Anteils von Hybriden im Saatgut (TRÖBER 2011). In sogenannten Mastjahren kommt es zu einer erhöhten Produktion von Samen. Beobachtungen in Österreich zeigten, dass Vollmasten bei Lärche relativ selten auftreten (LAPIN et al. 2023). Im Gegensatz dazu lag der Anteil an Fehlmasten bei rund 27% der Beobachtungen. Hinzu kommt, dass Lärche generell einen hohen Leerkornanteil zwischen 40-80% aufweist (HÄCKER und BERGMANN 1991). Somit erweist sich eine gesicherte Bereitstellung von erforderlichen Pflanzzahlen als schwierig. Ziel des Projektes ist es, mit Hilfe vegetativer Vermehrungsverfahren dem Engpass an hochwertigem Forstvermehrungsgut entgegen zu wirken. Hierfür sollen neue gelenkte Kreuzungen der Hybridlärche mittels somatischer Embryogenese vermehrt und in umfangreichen Testreihen *in vitro*, im Gewächshaus und auf Prüffeldern charakterisiert werden.

Abbildung 3: 2014 angelegte Samenplantage im Jahr 2024, bestehend aus Europäischer (*Larix decidua*) und Japanischer Lärche (*Larix kaempferi*), bei Flößberg südöstlich von Leipzig. Kleine Abbildungen: Zapfen im Entwicklungsstand des Frühsommers.



Quelle: Staatsbetrieb Sachsenforst (R. JOFFE).

3 Die Vermehrung von Hybridlärchen durch somatische Embryogenese

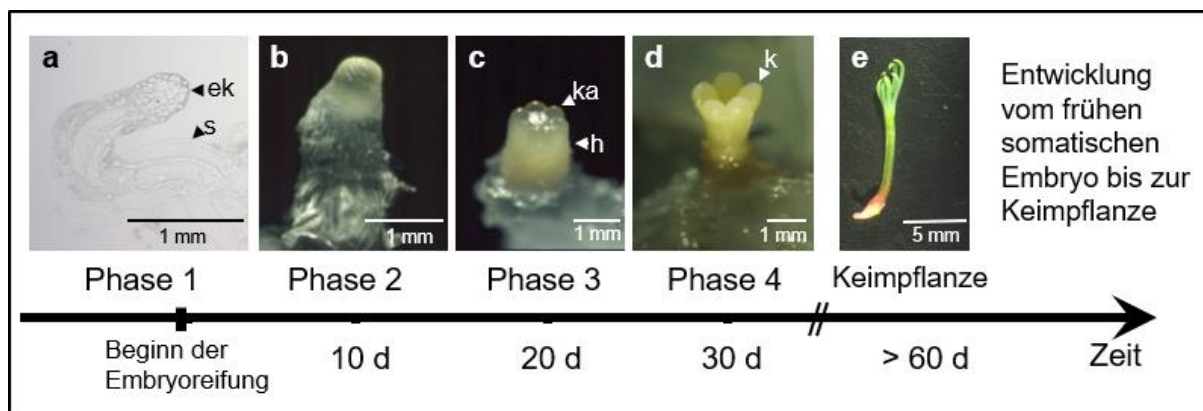
Die somatische Embryogenese (sE) ist eine Methode zur Pflanzenvermehrung *in vitro*. Sie stellt eine wichtige Alternative zur generativen Bereitstellung von Pflanzen aus Saatgut und zu anderen zeit- und kostenintensiven vegetativen Vermehrungstechniken (z. B. Pfropfung) dar. Für die Mehrheit der Koniferen ist die somatische Embryogenese derzeit die einzige Methode, die eine vegetative Massenvermehrung von Genotypen mit besonderen Eigenschaften gestattet (BONGA 2016).

Die Technik der sE gewährleistet die asexuelle Bildung pflanzlicher Embryonen aus somatischem Gewebe. Dabei kommt es zur Entwicklung von völlig autonomen, aber genetisch mit dem Ausgangsmaterial identischen

Individuen. Dies ermöglicht es, ausschließlich das Pflanzenmaterial zu vermehren, welches die gewünschten Eigenschaften (beispielsweise Anpassungen an einen bestimmten Standort oder bestimmte Holzeigenschaften) aufweist (BURDON und AIMERS-HALLIDAY 2003). Im Gegensatz zur Pfropfung, bei der Reiser an bereits charakterisierten Bäumen geerntet und auf eine Unterlage überführt werden, wird der Vermehrungsprozess bei der somatischen Embryogenese an - im Fall der Hybridlärche unreifen - Embryonen induziert, da sich adultes Material bei Nadelbäumen bisher als ungeeignet erwiesen hat (PAIS 2019).

Zur Präparation der unreifen Embryonen werden Zapfen in einem frühen Entwicklungsstadium geerntet. Obwohl die Elternbäume umfassend phänotypisiert sind und überdurchschnittliche Eigenschaften aufweisen, sind die Merkmalskombinationen der Nachkommenschaften nicht vorhersehbar und müssen in rechtlich bindenden Klonprüfungen vor der Zulassung erfasst werden. Auf Grund der langen Wachstumszeiten von Bäumen, können also viele Jahre vergehen, bis eine Entscheidung zur Eignung von Genotypen getroffen werden kann. Nach der erfolgreichen Induktion müssen die somatischen Embryonen zur Vermehrung subkultiviert und dann auf Nährmedien mit angepassten Inhaltsstoffen überführt werden um die Weiterentwicklung zu voll ausgebildeten Embryonen und schließlich zu Keimpflanzen einzuleiten (Abb. 4). Diese Abläufe sind arbeitsintensiv und bergen immer eine Gefahr, die Kulturen auf Grund von Kontaminationen, den Verlust der embryonalen Aktivität oder durch genetische Veränderungen, zu verlieren (BRADAĭ et al. 2017). Durch die Kryokonservierung kann diesen Gefahren entgegengewirkt werden. Die Lagerung bei -196 °C ermöglicht eine Aufbewahrung der Kulturen über lange Zeiträume, wobei zusätzliche Erhaltungs- und Pflegearbeiten entfallen, was die Methode effizient, platzsparend und kostengünstig macht (BALLESTEROS et al. 2024).

Abbildung 4: Charakteristische Stadien im Entwicklungsverlauf von somatischen Embryonen (a-d) bis zur Keimpflanze der Europäischen Lärche (*L. decidua*) (e). k Keimblatt; ka Keimblattansatz; ek Embryokopf; h Hypokotyl; s Suspensor.



Quelle: TU Dresden (B. REICHE).

Für die Anzucht einer großen Menge an gleichmäßig entwickelten Pflanzen ist die Bereitstellung vitaler Keimlinge zu einem bestimmten Zeitpunkt notwendig. Aus vorangegangenen Untersuchungen ist bekannt, dass verschiedene Genotypen für die einzelnen Entwicklungsstadien unterschiedliche Zeiträume benötigen. Deshalb soll der Entwicklungsprozess von praxisrelevanten Klonen ausführlich charakterisiert und klonspezifische Protokolle bereitgestellt werden. Durch die zusätzliche Definition von Qualitätsmerkmalen bei der Entwicklung von Kulturen wird die Möglichkeit einer automatischen Erkennung und Selektion vitaler Embryonen geschaffen. Somit kann der Arbeitsaufwand stark reduziert und eine zukünftige nachfrageorientierte Bereitstellung von Pflanzen ermöglicht werden.

4 Phänotypische und physiologische Charakterisierung

Im Zeitraum zwischen 2012 bis 2021 wurden bereits im Rahmen der Projekte Dendromax I bis III intensive Forschungsarbeiten zur Vermehrung von Hybridlärchengenotypen durchgeführt. Durch somatische Embryogenese erzeugte Hybridlärchen wurden erfolgreich akklimatisiert und konnten auf mehreren Versuchsflächen angebaut werden. Somit können bereits Daten zum Wachstum erhoben werden. Zusätzlich sind weitere Klonprüfungen mit neuen Genotypen geplant.

Um beim Anbau der Hybridlärchen im forstlichen Bereich genetische Variabilität zu gewährleisten und einer zu starken genetischen Einengung entgegenzuwirken, sollen Klonmischungen aus verschiedenen Genotypen bereitgestellt werden. YANCHUK et al. (2006) modellierten den Ertrag von Sitkafichten (*Picea sitchensis*) in unterschiedlichen Klonmischungen aus 2, 6, 18 und 30 verschiedenen Genotypen. Die besten Erträge wurden in Mischungen aus 18 Genotypen erzielt. Die zufällige Mischung der Genotypen innerhalb der Bestände erwies sich zudem als stabiler gegenüber unvorhersehbaren biotischen Stressoren. Um auch in Zukunft dem Risiko einer zu schmalen genetischen Basis bei Hybridlärchen entgegenzuwirken, sollen daher im Projekt bzw. perspektivisch darüber hinaus möglichst viele neue Klone in die Zulassung gebracht werden.

Für die Hybridlärchen ist neben dem Ertrag eine Erhöhung der Widerstandsfähigkeit gegenüber klimatischen Einflüssen wie Trockenheit und Spätfrost von zentralem Interesse. Trotz des schnellen Wachstums soll zudem die Holzqualität (z. B. Geradschaftigkeit) verbessert werden, um verschiedene Verwendungsbereiche, beispielsweise als hochwertiges Konstruktionsholz, abzudecken. Um gezielt den Selektionserfolg zu beeinflussen und somit Klone auswählen zu können, die die oben genannten Anforderungen erfüllen, müssen möglichst viele Genotypen auf verschiedenen Standorten getestet und charakterisiert werden. Ziel ist es, alle zulassungsrelevanten adaptiven, quantitativen und qualitativen Merkmale aufzunehmen. Dieses Vorgehen ist auf Grund des hohen Zeit- und Arbeitsaufwandes sehr kostenintensiv. In einem explorativen Ansatz soll deshalb getestet werden, ob sich die Arbeiten durch den Einsatz einer Drohne mit Multispektralkamera rationalisieren lassen. In den letzten Jahrzehnten hat sich die Vorgehensweise zur Phänotypisierung ständig weiterentwickelt und verbessert. Immer häufiger werden nichtdestruktive Analyse-Tools angewendet, die eine optische Erfassung von Merkmalen auf Grundlage von Bildern ermöglichen (FURBANK und TESTER 2011, WALTER et al. 2015). Die Aufnahme der Parameter kann mit geringerem Aufwand über längere Zeiträume hinweg bzw. in kürzeren Abständen erfolgen und bildet somit die Wachstumsprozesse detaillierter ab. Durch die Untersuchung konkreter Merkmale, beispielsweise den Vitalitätszustand der Einzelindividuen, können direkte Rückschlüsse auf bestimmte Reaktionen der Pflanzen z. B. auf vorherrschende klimatische Bedingungen gezogen werden.

Um frühzeitig eine Auswahl an geeigneten Klonen treffen zu können, werden In-vitro- und Gewächshausversuche angelegt, die die Trockentoleranz ausgewählter Klone ansprechen. Durch diese frühzeitige Charakterisierung kann bereits eine Vorselektion an Genotypen vorgenommen und der Aufwand der Feldversuche durch das Ausschließen ungeeigneter Klone stark reduziert werden.

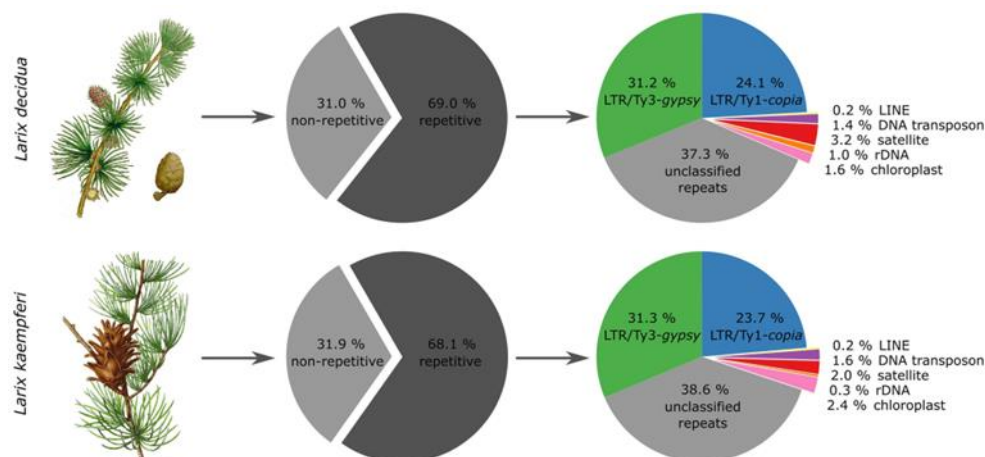
5 Molekulare Identifizierung der erzeugten Hybridlärchengenotypen

Um im Rahmen des Zulassungsverfahrens nach Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung (FoVZV), eine eindeutige Identifizierung des Pflanzenmaterials zu gewährleisten, ist eine Differenzierung der Genotypen an Hand von eindeutigen objektiven Merkmalen notwendig. Vor allem in frühen Wachstumsstadien ist dies mittels morphologischer Merkmale nicht zu gewährleisten. Erschwerend kommt hinzu, dass alle morphologischen Stadien, von der embryogenen Kultur bis hin zum Baum einem eindeutigen Genotyp zugeordnet werden müssen. Die Identitätssicherung mit molekularen Markern, ermöglicht eine eindeutige Identifizierung des Pflanzenmaterials in allen Stadien. Eine weitverbreitete Methode ist die Erfassung von Längenpolymorphismen mit Mikrosatelliten-Markern. Dies kann sich jedoch bei sehr eng verwandten Nachkommenschaften aufgrund der hohen genetischen Ähnlichkeit als schwierig erweisen, auch wenn eine relativ hohe Anzahl an Markern

verwendet wird. Für die eindeutige Identifizierung soll deshalb ein auf repetitiven Elementen basierendes Markersystem entwickelt werden. In Genomen von Nadelbäumen können repetitive Sequenzen einen enormen Anteil ausmachen (HEITKAM et al. 2021). Eine initiale genetische Charakterisierung beider Lärchenarten zeigt die zu erwartende hohe Ähnlichkeit in der Zusammensetzung der repetitiven DNAs zwischen beiden Arten (Abbildung 5). Eine umfangreiche Charakterisierung und Identitätserfassung der Repeatlandschaften beider Lärchengenome bilden die Grundlage um aussagekräftige molekulare Marker bereitzustellen. Dafür soll hochmolekulare (*high molecular weight*) DNA extrahiert und long-read-Sequenzdaten für die beiden Elternarten erzeugt werden.

Der Abgleich mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken ermöglicht eine umfangreiche Charakterisierung der repetitiven DNAs, insbesondere der transponiblen Elemente. Als Grundlage für die Etablierung sollen insbesondere bestimmte transponible Elemente identifiziert und charakterisiert werden. Diese sind short interspersed nuclear elements (SINEs) und long terminal repeat (LTR)-Retrotransposons. Entsprechend ihrer Ähnlichkeit können SINEs und LTRs verschiedenen Familien zugeordnet und familienspezifische Primer abgeleitet werden. In einer Standard-PCR werden diese Primer beliebig kombiniert und erlauben die Amplifikation von DNA-Abschnitten, die sich jeweils zwischen zwei benachbarten Kopien befinden. Durch die disperse Verteilung von Kopien im Genom ergeben sich fingerprintartige Bandenmuster, die in einem Agarosegel sichtbar gemacht werden können. Die sich ergebenden Längenpolymorphismen können anschließend detektiert und in einer Datenbank dem entsprechenden Klon zugeordnet werden. Basierend auf der zugrundeliegenden repetitiven Sequenz stellen diese Systeme entsprechend Inter-SINE-Amplified Polymorphism (ISAP) bzw. Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism (IRAP) dar. Die besondere Eignung der ISAP-Marker für die Identifizierung und Differenzierung von Klonen konnte bereits an Kartoffel (SEIBT et al. 2012) und Pappel (REICHE et al. 2021) belegt werden. Dieses Protokoll soll nun zusätzlich auf die Lärche übertragen werden. Aufgrund der komplexen Genome der Lärchen werden parallel beide Systeme (ISAP, IRAP und ihre Kombination) getestet. Nach der erfolgreichen Etablierung informativer Primerkombinationen an einer Core-Kollektion, werden alle erfolgreich induzierten Embryonen in verschiedenen Entwicklungsstadien genotypisiert. Wenn es gelingt, damit auch sehr nah verwandte Genotypen (Vollgeschwister) sicher zu differenzieren, kann zukünftig auch unbekanntes Material eindeutig identifiziert werden, wenn es zu definierten Klonen gehört.

Abbildung 5: Charakterisierung der Repeatlandschaft im Erbgut der Europäischen Lärche (*Larix decidua*, oben) und der Japanischen Lärche (*L. kaempferi*, unten).



Quelle: TU Dresden (HEITKAM et al. 2021, geändert).

6 Fazit

Das Verbundprojekt LarchForFlexibility bietet das Potenzial, in Zukunft einen wichtigen Beitrag zur waldbaulichen Flexibilität für die nachhaltige Forstwirtschaft zu leisten. Hybridlärchen-Klonmischungen mit überdurchschnittlichen wirtschaftlichen Merkmalen und erhöhter Trockenheitstoleranz können zum Beispiel genutzt werden, um die Waldfunktionen auf Kalamitätsflächen aufrechtzuerhalten. Mit vorwaldartigem Anbau werden neben ökologischen Zielen auch wichtige ökonomische verfolgt. Das schnelle Wachstum kann eine Ernte bereits nach kurzen Umtriebszeiten ermöglichen und gleichzeitig optimale Bedingungen für den Anbau von Zielbaumarten schaffen. Dafür sollen im Rahmen des Projektes Verfahren für die Zulassung von möglichst vielen Klonen nach Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) in der Kategorie „geprüft“ eingeleitet und deren zeitnahe erfolgreiche Markteinführung angestrebt werden. Hierfür ist auch der Austausch mit relevanten Zielgruppen der Forst- und Holzwirtschaft von großer Bedeutung. Für die erfolgreiche Umsetzung der Projektergebnisse ist es entscheidend, dass die genetische Diversität innerhalb der angestrebten Klonmischungen erhöht wird und qualitativ hochwertiges Pflanzgut in einem hochproduktiven, teilautomatisierten In-vitro-Anzuchtverfahren in für die Praxis relevanter Quantität erzeugt werden kann.

Danksagung

Die Autoren bedanken sich beim Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) und der Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) für die Förderung des Projektes LarchForFlexibility (Förderkennzeichen: 2222NR005).

Literaturverzeichnis

- BALLESTEROS D, MARTÍNEZ MT, SÁNCHEZ-ROMERO C, MONTALBÁN IA, SALES E, MONCALEÁN P, ARRILLAGA I, CORREDOIRA E (2024): Current status of the cryopreservation of embryogenic material of woody species. *Frontiers in plant science* 14, S. 1337152. DOI: 10.3389/fpls.2023.1337152.
- BMEL (2022): Der Wald in Deutschland. Ausgewählte Ergebnisse der vierten Bundeswaldinventur.
- BONGA JM (2016): Conifer clonal propagation in tree improvement programs. In PARK YS, BONGA JM, MOON HK (eds.): *Vegetative propagation of forest trees*. National Institute of Forest Science, Seoul, South Korea: 3–31.
- BRADAI F, ALMAGRO-BASTANTE J, SÁNCHEZ-ROMERO C (2017): Cryopreservation of olive somatic embryos using the droplet-vitrification method: The importance of explant culture conditions. *Scientia Horticulturae* 218: 14–22. DOI: 10.1016/j.scienta.2017.02.003.
- BURDON RD, AIMERS-HALLIDAY J (2003): Risk management for clonal forestry with *Pinus radiata*—analysis and review. 1: Strategic issues and risk spread. *New Zealand Journal of Forestry Science* 33 (2): 156–180.
- EKÖ PM, STERN ML, ALBREKTSON A (2004): Growth and Yield of hybrid karch (*Larix × eurolepis* A. Henry) in Southern Sweden. *Scandinavian Journal of Forest Research* 19 (4): 320–328. DOI: 10.1080/02827580410024151.
- FURBANK RT, TESTER M (2011): Phenomics-technologies to relieve the phenotyping bottleneck. *Trends in plant science* 16 (12): 635–644. DOI: 10.1016/j.tplants.2011.09.005.
- HEITKAM T, SCHULTE L, WEBER B, LIEDTKE S, BREITENBACH S, KÖGLER A, MORGENSTERN K, BRÜCKNER M, TRÖBER, U, WOLF H, KRABEL D, SCHMIDT T (2021): Comparative repeat profiling of two closely related conifers (*Larix DECIDUA* and *Larix kaempferi*) reveals high genome similarity with only few fast-evolving satellite DNAs. *Frontiers in genetics* 12: 683668. DOI: 10.3389/fgene.2021.683668.
- HENRY A, FLOOD M (1919/1920): The history of the dunkeld hybrid larch, *Larix eurolepis*, with notes on other hybrid conifers. *Chemical Science* (35): 55–66.
- HERING S (1990): Analysen zur Quantitativen Genetik von Lärchenkreuzungsnachkommenschaften sowie Stand und Perspektiven der Kreuzungszüchtung bei der Gattung *Larix* unter besonderer Berücksichtigung ihres Anbaus in den Mittelgebirgen Sachsens. Diss. Tharandt.

- KNAUF M (2024): Unsichere Zeiten. Delphistudie zur Entwicklung der deutschen Forst- und Holzwirtschaft bis 2040. Studie im Rahmen des Waldklimafondsprojekts DIFENS. Ergebnisbericht, Juli 2024, Bielefeld.
- KONNERT M, JENNER R, NICKL A (2012): Forstliches Vermehrungsgut und Genetik der Europäischen Lärche. Beiträge zur Europäischen Lärche: 28–33.
- LAPIN K, ZOLLES A, SCHÜLER S (2023): Das Mastverhalten von Bäumen im Wandel. In HESSER F, BRAUN M (Hrsg.): Waldbewirtschaftung in der Klimakrise, Bd. 252. Wiesbaden: Springer Fachmedien Wiesbaden (Studien zum Marketing natürlicher Ressourcen): 39–54.
- PAIS MS (2019): Somatic Embryogenesis Induction in Woody Species: The Future After OMICS Data Assessment. *Frontiers in plant science* 10: 240. DOI: 10.3389/fpls.2019.00240.
- PÂQUES LE, OFFOVÁ E, HEINZE B, LELU-WALTER M, LIESEBACH M, PHILIPPE G (2013): Larches (*Larix* sp.). In PÂQUES LE (Hg.): Forest Tree Breeding in Europe, Bd. 25. Dordrecht: Springer Netherlands (Managing Forest Ecosystems), 13–122.
- REICHE B, KÖGLER A, MORGENSTERN K, BRÜCKNER M, WEBER B, HEITKAM T, SEIBT KM, TRÖBER U, MEYER M, WOLF H, SCHMIDT T, KRABEL D (2021): Application of retrotransposon-based Inter-SINE Amplified Polymorphism (ISAP) markers for the differentiation of common poplar genotypes. *Canadian Journal of Forest Research* 51 (11): 1650–1663. DOI: 10.1139/cjfr-2020-0209.
- 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*. Theoretische und angewandte Genetik 125 (1): 185–196. DOI: 10.1007/s00122-012-1825-7.
- TRÖBER U (2011): Entwicklung der Saatgutstruktur aus einer Hybridlärchen (*Larix x eurolepis* Henry) - Samenplantage. *Archiv für Forstwesen und Landschaftsökologie* 45 (1): 18–25.
- WALTER A, LIEBISCH F, HUND A (2015): Plant phenotyping: from bean weighing to image analysis. *Plant methods* 11, S. 14. DOI: 10.1186/s13007-015-0056-8.
- YANCHUK AD, BISHIR J, RUSSELL JH, POLSSON KR (2006): Variation in Volume Production Through Clonal Deployment: Results from a Simulation Model to Minimize Risk for Both a Currently Known and Unknown Future Pest. *Silvae Genetica* 55 (1-6): 25–37. DOI: 10.1515/sg-2006-0005.

Autorinnen und Autoren

BIRGIT REICHE, BERNHARDT SCHULDT

TU Dresden, Institut für Forstbotanik und -zoologie, Pienner Str. 19, 01737 Tharandt

Kontakt: birgit.reiche@tu-dresden.de

JULIANE RASCHKE, MADLEN WALTHER, ANDREA RUPPS

Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Biologie, AG Evolution und Biodiversität der Pflanzen, Späth-Arboretum, Späthstr. 80/81, 12437 Berlin

MATTHIAS MEYER, UTE TRÖBER, HEINO WOLF, RICARDO JOFFE, SILVAN LIEBSCH

Staatsbetrieb Sachsenforst, Referat 42 Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 42, 01796 Pirna OT Graupa

SOPHIE MAIWALD, TONY HEITKAM

RWTH Aachen University, Institute of Biology I, 52074 Aachen, Germany, tony.heitkam@rwth-aachen.de⁵ TU Dresden, Faculty of Biology, Zellscher Weg 20b, 01062 Dresden

HARDY DEMBANY JULIUS DAWYDOW

Baumschulen Oberdorla GmbH, Burgstr. 57, 99986 Vogtei OT Oberdorla

Intraspezifische Unterschiede in der Reaktion auf Klimaeinflüsse bieten Möglichkeiten für die Herkunftswahl der Roteiche (*Quercus rubra* L.)

JONATHAN M. KORMANN, MARIEKE VAN DER MAATEN-THEUNISSEN, MIRKO LIESEBACH, KATHARINA J. LIEPE, ERNST VAN DER MAATEN

Zusammenfassung

Die Roteiche (*Quercus rubra* L.) gilt als eine alternative Baumart im Klimawandel und unterliegt einer etablierten forstlichen Nutzung. Jedoch fehlt es bislang an wissenschaftlichen Erkenntnissen über die Reaktion auf kurz- und langfristige Klimaschwankungen, insbesondere auf Herkunftsebene. Aus diesem Grund wurden 12 Roteichenherkünfte aus Deutschland und Nordamerika auf drei Standorten in Deutschland im Hinblick auf die Klimasensitivität und die Reaktion auf Extremereignisse (Trockenheit und Spätfrost) mithilfe von dendroökologischen Methoden untersucht und miteinander verglichen. Die Ergebnisse der Klima-Wachstums-Beziehungen zeigen positive Korrelationen der Roteichenherkünfte zwischen dem Wachstum und der Wasserverfügbarkeit im Sommer sowie standortspezifische positive und negative Korrelationen mit Temperaturen im Frühjahr. Die Reaktion auf Spätfrost und Trockenheit variiert zwischen Standorten und Herkünften. Ein Trade-off, d. h. eine negative Korrelation, zwischen Resistenz und absolutem Wachstum kann nicht beobachtet werden. Im Gegenteil, deutsche Herkünfte mit einer höheren Resistenz gegenüber Spätfrost zeigen zeitgleich auch ein hohes Wachstum, wohingegen die Resistenz gegenüber Trockenheit höher ist für langsam wachsende nordamerikanische Herkünfte. Die intraspezifische plastische Reaktion im Wachstum auf die vorherrschenden Standortbedingungen hebt die breite Standortamplitude dieser Baumart hervor. Die Unterschiede in der Klimasensitivität und der Reaktion auf Trockenheit und Spätfrost legen eine höhere Anpassbarkeit deutscher Bestände nahe, was für die Forstpraxis Möglichkeiten für die Herkunftswahl bietet.

Abstract

Intraspecific differences in the reaction to climatic influences offer possibilities for the choice of origin of Northern red oak (*Quercus rubra* L.)

Northern red oak (*Quercus rubra* L.) is considered as an alternative tree species and is used for forestry purposes. However, knowledge on the response to short and long-term climatic fluctuations is scarce, especially at provenance level. Therefore, 12 red oak provenances from Germany and North America planted at three sites were evaluated and compared using dendroecological methods to examine the climate sensitivity and the response to extreme events (i. e. drought and late frost). The results of climate-growth relationships revealed positive correlations between tree-ring width and the water availability in summer month, as well as site-specific positive and negative correlations with temperature in spring. The response to late frost and drought varied between sites and provenances. A trade-off, which implies a negative correlation between two traits, cannot be observed between resistance to extremes and absolute growth expressed as DBH. On the contrary, provenances from Germany with a higher resistance to late frost show a higher absolute growth at the same time, whereas resistance against drought is slightly higher for slow-growing provenances from the natural distribution. The intra-specific plastic response in growth to the respective site conditions highlights the broad environmental amplitude of this tree species. Differences in the climate sensitivity and the response to drought and late frost indicate a higher adaptive potential of provenances from Germany, offering opportunities in provenance selection for the forest practice.

1 Einleitung

Vor dem Hintergrund steigender Temperaturen und der damit erwarteten Zunahme von Extremereignissen (IPCC 2021), wie z. B. Trockenheit oder Spätfrösten, ist die Berücksichtigung der klimatischen Toleranz einer Baumart von essentieller Bedeutung. Dabei stellen dendroökologische Untersuchungen in Herkunftsversuchen mit etablierten (fremdländischen) Alternativbaumarten eine geeignete Methode dar, die Angepasstheit an lokale Umweltbedingungen besser zu verstehen und geeignete Herkünfte für den aktiven Waldumbau unter Einbeziehung der klimatischen Toleranz zu identifizieren.

Die Roteiche, beheimatet in Nordamerika, gilt aufgrund eines hohen Wuchspotentials, einer vielfältigen Holznutzung und einer hohen Toleranz gegenüber Trockenheit als eine Alternative im Klimawandel (NAGEL 2015, NICOLESCU et al. 2020). Derzeit ist sie die häufigste fremdländische Laubholzart in Deutschland (BMEL 2022) und hat ihre Anbauwürdigkeit wiederholt in wissenschaftlichen Versuchen bewiesen (vgl. NAGEL 2015). Trotz existierender wissenschaftlicher Untersuchungen zum Wuchsverhalten sowie einer etablierten forstlichen Nutzung, fehlt es in Deutschland bisher an wissenschaftlichen Erkenntnissen über die Klimasensitivität und die Reaktion auf Extremereignisse, insbesondere auf Herkunftsebene. Aus diesem Grund wurden verschiedene Roteichenherkünfte aus Deutschland und Nordamerika retrospektiv anhand dendroökologischer Methoden untersucht, um geeignete Herkünfte für den derzeitigen Waldumbau in Deutschland unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz und der Reaktion auf Spätfrostereignisse zu identifizieren.

2 Material und Methoden

Für die retrospektive Quantifizierung der Wachstumsreaktionen wurden Bohrkerne von 12 Herkünften auf drei Standorten eines Herkunftsversuches an 16 Bäumen der herrschenden Schicht entnommen, um eine vergleichbare soziale Stellung im Bestand sowie ein größtmögliches klimatisches Signal zu gewährleisten. Sechs Herkünfte stammen aus deutschen und jeweils 3 Herkünfte aus kanadischen bzw. US-amerikanischen Beständen (vgl. Tabelle 1). Dies lässt einen Vergleich zwischen Herkünften aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet und dem eingeführten Gebiet in Bezug auf Unterschiede in der klimatischen Reaktion zu. Die 12 Herkünfte wurden auf drei Standorten in der Mitte (Wächtersbach), im Norden (Dunkelsdorf) und Osten (Waldsieversdorf) Deutschlands gleichermaßen ausgepflanzt und bereits ertragskundlich untersucht (KORMANN et al. 2023).

Nach der Präparation der Bohrkerne erfolgte die Messung der Jahrringbreite sowie die visuelle und statistische Kreuzdatierung mit der Software CooRecorder und CDendro (Version 9.6.3, Cybis Elektronik und Data AB, Schweden). Anschließend wurden die individuellen Zeitreihen der Jahrringbreiten mit einer Spline-Funktion mit einer Flexibilität von 15 Jahren und einem frequency cut-off von 50 % trendbereinigt, um den Anteil ungewollter Variation durch altersbedingte oder biologische Trends herauszufiltern und um ein hochfrequentes klimatisches Signal zu erhalten (SPEER 2011). Die so generierten indexierten Jahrringserien konnten anschließend mit einem statistischen Verfahren (bi-weight robust mean) auf Herkunftsebene gemittelt werden, sodass Herkunftsschronologien für die statistische Auswertung vorlagen.

Zur Beurteilung der herkunftsspezifischen Klimasensitivität wurden für jeden Standort monatliche Mittelwerte für Temperatur und Niederschlag vom Deutschen Wetterdienst für die Periode von 1991 bis 2021 bezogen (DWD CLIMATE DATA CENTER 2022a, 2022b). Für die Quantifizierung von Trockenjahren wurde der Standardised Precipitation Evapotranspiration Index (SPEI) basierend auf dem monatlichen Niederschlag und der potenziellen Evapotranspiration (PET) berechnet (VICENTE-SERRANO et al. 2010). Der SPEI als multiskalarer Trockenheitsindex beinhaltet eine klimatische Wasserbilanz und lässt als standardisierter Index die zeitliche und räumliche Klassifizierung einer Trockenperiode zu. Für die Berechnung wurde eine Integration über 6 Monaten verwendet (SPEI6), um das pflanzenverfügbare Wasser im Oberboden mit einzubeziehen (hydrologische Trockenheit).

Tabelle 1: Beschreibung der Herkünfte mit Bezeichnung, Ursprungsland, geografischen Angaben sowie der mittleren jährlichen Temperatur (MAT) und dem mittleren jährlichen Niederschlag (MAP).

Herkunft	Bezeichnung	Land*	Breitengrad	Längengrad	Höhe (üNNH)	MAT [°C]	MAP [mm]
P2	Chattahoochee (Georgia)	US	34,87° N	84,42° W	850	14,1	1849
P10	Cherokee (Tennessee)	US	36,45° N	82,17° W	730	12,0	1311
P18	Anderson (Indiana)	US	41,17° N	85,67° W	260	10,7	1030
P7	Constance Bay (Ontario)	CA	45,50° N	76,08° W	260	6,2	875
P9	Atomic Energy (Ontario)	CA	46,05° N	77,37° W	180	4,4	934
P21	Plaines de Kazabazua (Ontario)	CA	45,93° N	76,10° W	210	6,0	897
P33	Bremervörde (Niedersachsen)	DE	53,25° N	09,18° E	30	9,6	736
P34	Borken (Nordrhein-Westfalen)	DE	51,75° N	06,83° E	40	11,0	799
P37	Nidda (Hessen)	DE	50,42° N	09,17° E	240	10,2	656
P38	Mörfelden (Hessen)	DE	49,98° N	08,68° E	85	11,2	600
P40	Wiesloch (Baden-Württemberg)	DE	49,27° N	08,58° E	190	10,9	674
P44	Bornheim (Nordrhein-Westfalen)	DE	50,73° N	07,50° E	60	11,1	747

* CA = Kanada, DE = Deutschland, US = Vereinigte Staaten

Quelle: Thünen-Institut (J.M. KORMANN).

Die langfristigen Klima-Wachstums-Beziehungen wurden als bootstrapped Korrelationen zwischen flächenspezifischen Herkunftsschronologien und monatlichen Klimavariablen (Temperatur, Niederschlag und SPEI6) über ein Zeitfenster von 16 Monaten (Juni des Vorjahres bis September des aktuellen Jahres) mit dem R Packet *treeclim* berechnet (ZANG und BIONDI 2015). Für die Berechnung wurde eine Periode von 1999 bis 2021 berücksichtigt, in der mindestens 80 % der individuellen Jahrringserien pro Fläche vorhanden waren.

Ein weiterer Fokus lag auf der Wuchsreaktion in drei flächenspezifischen Trockenjahren, die mithilfe des SPEI6 in den Sommermonaten (Mai-Juli) identifiziert wurden, sowie einem flächenübergreifenden Spätfrostereignis. Die herkunfts- und flächenspezifische Reaktion in den ausgewählten Extremjahren wurde mithilfe der Resistenz nach LLORET et al. (2011) quantifiziert, die als relative Wachstumsänderung das Verhältnis des Wachstum im Extremjahr verglichen mit dem Wachstum im Vorjahr angibt.

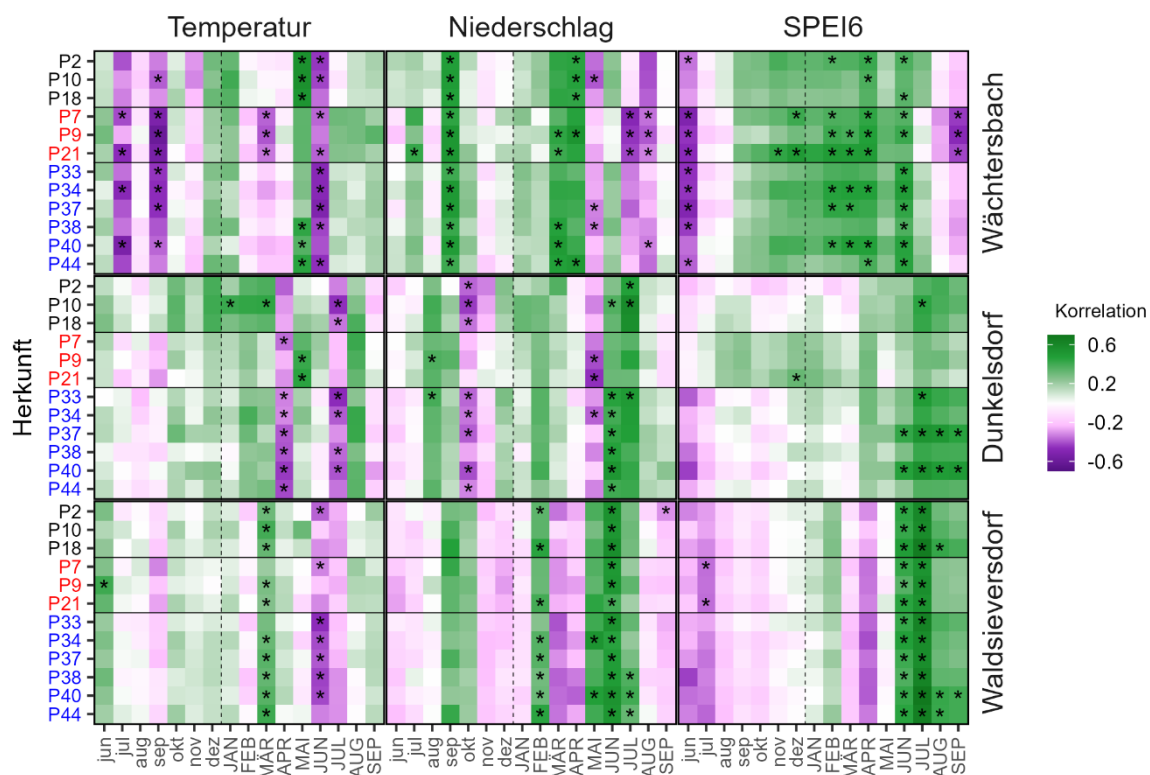
Für eine gesamtheitliche Evaluierung der Trockentoleranz wurde das flächenspezifische Mittel über die drei Trockenjahre für die Resistenz auf Herkunftsebene berechnet. Dies diente für die Untersuchung eines potentiellen Trade-offs zwischen der Resistenz gegenüber Extremereignissen und dem absoluten Wachstum

(BHD im Alter 33), da ein hohes Wachstum mit einer höheren Wuchsdepression durch Extreme assoziiert sein kann. Folglich impliziert ein Trade-off eine negative Korrelation zwischen den Merkmalen, bedingt durch größere Kronen und damit höheren Transpirationsraten sowie einer höheren Anfälligkeit gegenüber hydraulischen Stress (BENNETT et al. 2015).

3 Ergebnisse und Diskussion

Die Klima-Wachstums-Beziehungen zeigen flächenspezifische Unterschiede in der Klimasensitivität basierend auf den jeweiligen vorherrschenden Standortbedingungen (Abb. 1), aber auch intraspezifische Unterschiede sind sichtbar. Kanadische Herkünfte in Wächtersbach zeigen beispielsweise eine signifikant negative Relation im Wachstum auf die Temperatur im März, während das Wachstum deutscher Herkünfte in Dunkelsdorf mit der Temperatur im April negativ korreliert ist. Insgesamt zeigen die Korrelationen mit der Frühjahrstemperatur (März bis Mai) eine hohe standörtliche und zeitliche Variation, was auf ein differenziertes Austriebsverhalten zwischen den Herkünften deutet. Die Ergebnisse früherer Bonituren zeigen einen frühen Austriebszeitpunkt für Herkünfte

Abbildung 1: Klima-Wachstums-Beziehungen zwischen flächenspezifischen Herkunftsschronologien und monatlichen Klimavariablen (Temperatur, Niederschlag, SPEI6) über ein 16-monatiges Zeitfenster vom Juni des Vorjahres (jun) bis September des aktuellen Jahres (SEP). Herkünfte (y-Achse) sind farblich nach ihrem Ursprung markiert (schwarz = USA; rot = Kanada; blau = Deutschland) und die Flächen sind nach dem Niederschlagsgradienten von gut (Wächtersbach) nach schlecht (Waldsiefersdorf) wasserversorgt angeordnet. Korrelationen reichen von negativ (lila) nach positiv (grün) und Sternchen markieren eine signifikante Korrelation.



aus Kanada, während Herkünfte aus den USA sehr viel später austreiben. Die deutschen Herkünfte nehmen hier eine intermediäre Position ein. Dies deutet auf stattgefundene Selektionsprozesse hin, welche auf die deutschen Bestände seit mindestens einer Generation wirken und den deutschen Herkünften dadurch einen Vorteil im Wachstum ermöglichen, zum Beispiel durch eine höhere Spätfrosttoleranz (vgl. Abb. 2). Ob diese Selektionsprozesse natürlich oder anthropogen bedingt sind, lässt sich nicht abschließend klären.

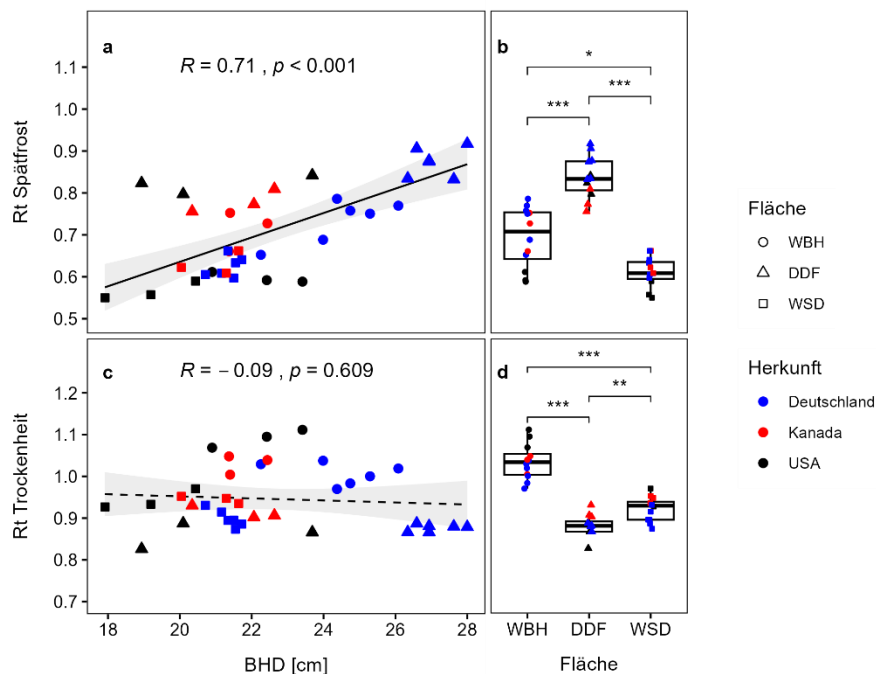
Die negativen Korrelationen mit der Temperatur im Juni (Wächtersbach und Waldsiedersdorf) und Juli (Dunkelsdorf) weisen auf ein verringertes Wachstum unter hohen Temperaturen im Sommer hin. Unter Berücksichtigung der positiven Korrelationen mit dem Niederschlag im Juni und dem SPEI im Juni/Juli (impliziert ein höhere Jahrringbreite unter feuchten Bedingungen), kann Wasserverfügbarkeit insbesondere im Juni als ein wachstumslimitierender Faktor für die Herkünfte identifiziert werden. Dies erklärt sich durch eine limitierte Wasserverfügbarkeit und -zugang während der höchsten kambialen Produktivität im Juni (VAN DER MAATEN et al. 2018). Dabei ist die Sensitivität gegenüber Sommertrockenheit am stärksten auf dem kontinentalen Standort ausgeprägt.

Weiterhin zeigen die Klima-Wachstums-Beziehungen Abhängigkeiten des Niederschlags im Vorjahr auf das Wachstum unter gut wasserversorgten Bedingungen, während auf dem trockeneren Standort (Waldsiedersdorf) kein Einfluss der Vorjahresbedingungen zu finden ist. Vermutlich ist dies auf unterschiedliche Wasserspeicherkapazitäten der jeweiligen Böden der Versuchsflächen zurückzuführen und deutet auf die Wichtigkeit der Einlagerung von Reservestoffen für das Wachstum im folgenden Jahr. Die standortspezifischen Reaktionen im Wachstum zeigen, dass die präsentierten Ergebnisse nicht auf andere Standorte übertragen werden können.

Die Relationen zwischen Resistenz gegenüber Spätfrost bzw. Trockenheit und absolutem Wachstum (BHD) zeigen keinen Trade-off zwischen den jeweiligen Merkmalen (Abb. 2). Die Beziehung zwischen Resistenz gegenüber Spätfrost und BHD ist signifikant positiv korreliert ($R = 0.71$, $p < 0.001$), d. h. deutsche Herkünfte mit einer hohen Spätfrostresistenz haben auch ein hohes absolutes Wachstum. Die beobachteten intraspezifischen Unterschiede in der Spätfrosttoleranz lassen sich ebenfalls durch das unterschiedliche Austriebsverhalten erklären. Die höhere Spätfrosttoleranz kanadischer Herkünfte mit einem früheren Austrieb gegenüber US-amerikanischen Herkünften mit einem späteren Austrieb, kann durch unterschiedliche klimatische Bedingungen am Ursprungsort erklärt werden, da Herkünfte aus Kanada niedrigeren Temperaturen und längeren Frostperioden ausgesetzt sind. Weiterhin fokussiert sich die Analyse auf die überlebenden Individuen, da in der Vergangenheit hohe Ausfallraten aufgrund von Spätfrost in Dunkelsdorf beobachtet werden konnten (LIESEBACH und SCHNECK 2011). Die niedrigere Resistenz in Waldsiedersdorf lässt auf ein stärkeres Spätfrostereignis unter kontinentalen Bedingungen schließen.

Im Gegensatz zum Spätfrost zeigt sich zwischen Resistenz gegenüber Trockenheit und BHD kein signifikanter Zusammenhang (Abb. 2). Die signifikanten Flächenunterschiede deuten auf heterogene Bedingungen der jeweiligen Trockenheit hin und lassen einen starken standörtlichen Effekt erkennen, da die höchste Resistenz gegenüber Trockenheit in Wächtersbach mit dem höchsten jährlichen Niederschlag beobachtet werden kann. Im Vergleich zum Spätfrostereignis war die Resistenz gegenüber Trockenheit höher und zeigte ebenfalls eine geringere intraspezifische Variation. Die kanadischen Herkünfte zeigen eine hohe Trockentoleranz auf allen drei Standorten, während deutsche (wüchsige) Herkünfte eine (nicht signifikante) niedrigere Trockentoleranz aufweisen. Eine mögliche Erklärung für die schwache Reaktion im Wachstum auf Trockenheit mag das junge Alter der untersuchten Bäume sein, die durch sensitive Wachstumsverläufe mit einer hohen Erholungsfähigkeit nach Extremereignissen charakterisiert sind (KORMANN et al. 2024). Folglich besitzen die Ergebnisse nicht unbedingt für andere Altersklassen eine Gültigkeit, da Unterschiede in der klimatischen Reaktion zwischen jungen und alten Roteichen aufgrund einer unterschiedlichen Photosyntheserate und/oder Wassernutzungseffizienz bekannt sind (CAVENDER-BARES und BAZZAZ 2000).

Abbildung 2: Zusammenhang zwischen Spätfrostresistenz und absolutem Wachstum (BHD [mm]) auf Herkunftsebene (a) und der Flächenvergleich (b; WBH = Wächtersbach; DDF = Dunkelsdorf; WSD = Waldsiedersdorf). Weiterhin ist der Zusammenhang zwischen Trockenheitsresistenz und absolutem Wachstum auf Herkunftsebene (c) bzw. Flächenebene (d) dargestellt. Die Farben markieren den Ursprung der Herkünfte nach Ländern. Signifikante Unterschiede zwischen den Flächen sind nach dem Kruskal-Wallis Test mit Sternchen markiert: * $p < 0.05$; ** $p < 0.01$; *** $p < 0.001$.



Quelle: Thünen-Institut (verändert nach KORMANN et al. 2024).

4 Schlussfolgerungen für die Praxis

Im Zuge des Waldumbaus zu klimastabilen Mischwäldern stellen Herkünfte mit einem hohen Wuchspotential und einer hohen Toleranz gegenüber Trockenheit und Spätfrost eine wichtige Grundlage für die forstliche Praxis dar. Folglich können die deutschen Herkünfte mit diesen beobachteten Eigenschaften in Verwendungs- und Herkunftsempfehlungen implementiert werden. Weiterhin zeigten kanadische Herkünfte eine hohe Trockenheitstoleranz sowie ein mit den deutschen Herkünften vergleichbares Wachstum auf dem kontinentalen Standort. Unter Berücksichtigung steigender Temperaturen und zur Auffrischung der genetischen Diversität stellen diese Herkünfte eine vielversprechende Option dar, die weitere validierende Untersuchungen notwendig macht. In diesem Zusammenhang wäre weiterhin ein Vergleich von europäischen (südlichen) Herkünften ein wichtiger Ansatz, um auch innerhalb Europas Herkunftsunterschiede in Bezug auf die Klimaanpassung zu untersuchen und geeignete Herkünfte für den Waldumbau zu identifizieren.

Danksagung

Die Ergebnisse sind Teil des Projektes „RubraSelect“, das durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages im Rahmen der Förderrichtlinie „Waldklimafonds“

gefördert wird. Es wird durch den Projektträger Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR) im Rahmen der Förderrichtlinie Waldklimafonds (Fkz: 2220WK03C4) betreut.

Referenzen

- BENNETT AC, MCDOWELL NG, ALLEN CD, ANDERSON-TEIXEIRA KJ (2015): Larger trees suffer most during drought in forests worldwide. *Nat. Plants* 1: 1–5. <https://doi.org/10.1038/nplants.2015.139>
- BMEL (2022): Dritte Bundeswaldinventur 2012 [WWW Document]. URL <https://www.bundeswaldinventur.de/dritte-bundeswaldinventur-2012/lebensraum-wald-mehr-biologische-vielfalt-im-wald/fichte-kiefer-buche-eiche-haeufigste-baumarten>
- CAVENDER-BARES J, BAZZAZ FA (2000): Changes in drought response strategies with ontogeny in *quercus rubra*: Implications for scaling from seedlings to mature trees. *Oecologia* 124: 8–18. <https://doi.org/10.1007/PL00008865>
- DWD CLIMATE DATA CENTER (2022a): Grids of monthly total precipitation over Germany. Version v1.0. Url: www.dwd.de
- DWD CLIMATE DATA CENTER (2022b): Grids of monthly averaged daily air temperature (2m) over Germany. Version v1.0. Url: www.dwd.de
- IPCC (2021): Summary for Policymakers. In MASSON-DELMOTTE V, ZHAI P, PIRANI A, CONNORS SL, PÉAN C, BERGER S, CAUD N, CHEN Y, GOLDFARB L, GOMIS MI, HUANG M, LEITZEL K, LONNOY E, MATTHEWS JBR, MAYCOCK TK, WATERFIELD T, YELEKÇI O, YU R, ZHOU B (eds.), *Climate Change 2021: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*. Cambridge University Press.
- KORMANN JM, LIESEBACH M, LIEPE KJ (2023): Provenances from introduced stands of Northern Red Oak (*Quercus rubra* L.) outperform those from the natural distribution. *For. Ecol. Manage.* 531: 1–8. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.foreco.2023.120803>
- KORMANN JM, VAN DER MAATEN E, LIESEBACH M, LIEPE KJ, VAN DER MAATEN-THEUNISSEN M (2024): High risk, high gain? Trade-offs between growth and resistance to extreme events differ in northern red oak (*Quercus rubra* L.). *Front. Plant Sci.* 15: 1–14. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1374498>
- LIESEBACH M, SCHNECK V (2011): Entwicklung von amerikanischen und europäischen Herkünften der Roteiche in Deutschland. *Forstarchiv* 82: 125–133. <https://doi.org/10.4432/0300-4112-82-125>
- LLORET F, KEELING EG, SALA A (2011): Components of tree resilience: Effects of successive low-growth episodes in old ponderosa pine forests. *Oikos* 120: 1909–1920. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0706.2011.19372.x>
- NAGEL R-V (2015): Roteiche (*Quercus rubra* L.). In VOR T, SPELLMANN H, BOLTE A, AMMER C (Hrsg.): *Potenziale und Risiken Eingeführter Baumarten*. Universitätsverlag Göttingen, Göttingen: 219–267.
- NICOLESCU VN, VOR T, MASON WL, BASTIEN JC, BRUS R, HENIN JM, KUPKA I, LAVNYI V, LAPORTA N, MOHREN F, PETKOVA K, RÉDEI K, STEFANCIK I, WASIK R, PERIC S, HERNEA C (2020): Ecology and management of northern red oak (*Quercus rubra* L. syn. *Q. borealis* F. Michx.) in Europe: A review. *Forestry* 15: 481–494. <https://doi.org/10.1093/forestry/cpy032>
- SPEER JH (2011): *Fundamentals of tree-ring research*. Tucson: University of Arizona Press.
- VAN DER MAATEN E, PAPE J, VAN DER MAATEN-THEUNISSEN M, SCHARNWEBER T, SMILJANIĆ M, CRUZ-GARCÍA R, WILMKING M (2018): Distinct growth phenology but similar daily stem dynamics in three co-occurring broadleaved tree species. *Tree Physiol.* 38: 1820–1828. <https://doi.org/10.1093/treephys/tpy042>
- VICENTE-SERRANO SM, BEGUERÍA S, LÓPEZ-MORENO JI (2010): A multiscalar drought index sensitive to global warming: The standardized precipitation evapotranspiration index. *J. Clim.* 23: 1696–1718. <https://doi.org/10.1175/2009JCLI2909.1>
- ZANG C, BIONDI F (2015): treeclim: an R package for the numerical calibration of proxy-climate relationships. *Ecography* 38: 431–436. <https://doi.org/10.1111/ecog.01335>

Autorinnen und Autoren

JONATHAN M. KORMANN, MIRKO LIESEBACH, KATHARINA J. LIEPE

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

Kontakt: Jonathan.kormann@thuenen.de

MARIEKE VAN DER MAATEN-THEUNISSEN, ERNST VAN DER MAATEN

TU Dresden. Professur für Waldwachstum und Produktion von Holzbiomasse. Pienner Str. 8, 01737 Tharandt

Untersuchung der Herkunft und genetischen Vielfalt der Roteiche (*Quercus rubra* L.) in Mitteleuropa als Grundlage für zukünftige Züchtung

CHARALAMBOS NEOPHYTOU, SIMON JANSEN, FLORENCE LEE, MARIE BRÜCKNER, SILVIJA BILELA-ECKERT, UTE TRÖBER

Zusammenfassung

Die in Nordamerika beheimatete Roteiche (*Quercus rubra* L.) wurde nach Europa bereits im 17. Jahrhundert eingeführt. Im frühen 20. Jahrhundert gewinnt die Baumart an Bedeutung in der europäischen Forstwirtschaft, wobei Bestände sich gut etabliert haben und heute teils in der dritten Generation wachsen. Die Roteiche stellt daher eine interessante Alternative für die Laubbaumwirtschaft von Mitteleuropa im Klimawandel dar, da sie eine gute Wuchseistung mit einer relativ breiten Standortsamplitude kombiniert. Aus diesen Gründen rückte sie in den letzten Jahren in den Fokus der Forschung in Deutschland und Österreich, die unter anderem die Grundlagen für die Bereitstellung hochwertiger Vermehrungsgüter dieser Art schaffen sollen. Die Frage des Ursprungs mitteleuropäischer Vorkommen ist gerade bei der Roteiche zentral, da das natürliche Verbreitungsareal groß ist und die verschiedenen Herkünfte sich wesentlich in ihren Wuchseigenschaften unterscheiden. Dieser Frage widmeten sich molekulargenetische Untersuchungen unter Verwendung von 15 Kern- und 5 Chloroplastenmikrosatelliten-Markern. Insgesamt wurden 14 Populationen bekannten Ursprungs aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet genetisch charakterisiert und als Referenz verwendet, um die Herkunft von 38 Beständen der Roteiche in Europa zu identifizieren. Erste Resultate weisen darauf hin, dass nach Europa importiertes Saatgut der Roteiche vorwiegend aus dem nördlichen bis nordöstlichen Teil des Areals stammte. Insgesamt 30 von 38 Beständen der Roteiche in Deutschland und Österreich wurden diesem Teil des Verbreitungsgebiets zugeordnet. Auch die Werte der genetischen Vielfalt dieser 30 Bestände haben sich im Vergleich zu den heimischen Referenzbeständen nicht signifikant unterschieden. Zusätzlich zur Herkunftsidentifikation wurden in vier Beständen Altbäume und Naturverjüngung intensiv beprobt, um eine Elternschaftsanalyse durchzuführen. Diese Bestände unterscheiden sich in ihrer Größe und in ihrer Isolation von anderen Roteichenvorkommen. Ziel war es zu klären, ob und in welchem Maße die Nachkommenschaften durch Paarung zwischen Bäumen innerhalb des Bestandes bzw. durch Polleneinflug aus anderen Roteichenvorkommen entstanden. Diese Frage ist besonders bei kleinen und isolierten Vorkommen relevant, da ohne externen Genfluss die Gefahr genetischer Verarmung in den nächsten Generationen durch Drift rasant ansteigt. Vorläufige Ergebnisse sind im Einklang mit der Hypothese, dass es in kleinen und isolierten Beständen zu einem Rückgang der genetischen Vielfalt kommen kann, da der Paarungskontakt mit anderen Vorkommen der Roteiche fehlt.

Abstract

Study of the origin and genetic diversity of northern red oak (*Quercus rubra* L.) in Central Europe as a basis for future breeding

Native to North America, northern red oak (*Quercus rubra* L.) was introduced to Europe as early as the 17th century. In the early 20th century, the tree species gained importance in European forestry, with stands becoming well established and some of them now growing in the third generation. Therefore, northern red oak represents an interesting alternative for deciduous tree management in Central Europe under climate change, as it combines good growth performance with a relatively broad site amplitude. For these reasons, it has become the focus of research projects in Germany and Austria in recent years, which, among others, are intended to create the basis for the provision of high-quality propagation material of this species. The question of the origin of Central European populations is particularly important in the case of northern red oak, as the natural distribution area is large and the various origins differ significantly in their growth characteristics. This question was addressed by molecular genetic studies using 15 nuclear and 5 chloroplast microsatellite markers. A total of 14 populations of known origin from the natural distribution area were genetically characterized and used as a

reference to identify the origin of 38 populations of northern red oak in Europe. Initial results indicate that seed imported into Europe originated predominantly from the northern to north-eastern part of the natural distribution range. A total of 30 out of 38 northern red oak stands in Germany and Austria were assigned to this part of the range. The genetic diversity values of these 30 stands did not differ significantly compared to the native reference stands in the area of origin. In addition to the identification of origin, old trees and natural regeneration were intensively sampled in four stands in order to carry out a parentage analysis. These stands differ in size and degree of isolation from other northern red oak stands. The aim was to clarify whether, and to what extent, the offspring were produced by mating between trees within the stand or by pollen influx from other northern red oak stands. This question is particularly relevant for small and isolated populations, as without external gene flow the risk of genetic impoverishment in the next generations increases rapidly due to drift. Preliminary results are consistent with the hypothesis that a decline in genetic diversity may occur in small and isolated populations due to a lack of mating contact with other northern red oak populations.

1 Einleitung

Ursprünglich aus dem Osten Nordamerikas stammend, gehört die Roteiche (*Quercus rubra* L.) zu den nichtheimischen Waldbaumarten Europas, die relativ früh auf dem „alten Kontinent“ eingeführt wurden. Eine vermutlich erste Roteichenpflanzung ist bereits aus dem Jahr 1691 bekannt (BRAUER et al. 2015). Eine forstwirtschaftliche Nutzung fand in großem Ausmaß aber erst in der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts statt, während eine zweite Anbauwelle in der Mitte des 20. Jahrhunderts erfolgte (BRAUER et al. 2015, MAGNI DIAZ 2004). Mit einem Flächenanteil von etwa 0,5% in der Hauptbestockung gilt sie als häufigste nichtheimische Laubbaumart in den Wäldern Deutschlands (BMEL 2018). Die Tendenz ist steigend, auch weil der Roteiche ein gutes Potenzial als Alternativbaumart im Klimawandel zugesprochen wird (NICOLESCU et al. 2020, DE AVILA et al. 2021). Bei einer erwartungsgemäß zunehmenden Nachfrage ist es umso mehr von Bedeutung, die verfügbaren Quellen für forstliches Vermehrungsgut genetisch zu bewerten und weiter zu entwickeln (ARDAO-RIVERA et al. 2023).

Saatgutimporte aus dem natürlichen Areal nach Europa fanden immer wieder statt, jedoch bildeten europäische Saatgutquellen gleichzeitig eine kostengünstige Alternative (MAGNI DIAZ 2004, TIMBAL et al. 1994). Es ist davon auszugehen, dass in den Wäldern Europas sowohl die erste als auch nachfolgende Generationen eingeführter Roteichen vertreten sind und dass es auch zu Durchmischungen verschiedener Herkünfte kam (DAUBREE UND KREMER 1993, MAGNI DIAZ 2004). Zur Herkunft von Roteichenbeständen in Europa gab es bereits einige molekulargenetische Studien. Diese konzentrierten sich hauptsächlich auf Bestände im westlichen Teil des Kontinents (Deutschland, Frankreich, Nordspanien, Benelux) und verwendeten molekulare Marker aus der mütterlich vererbten Chloroplasten-DNA oder der biparental vererbten Kern-DNA, aber auch Isoenzym-Marker, um den Ursprung europäischer Bestände zu rekonstruieren und deren genetische Vielfalt zu erforschen. Sie kamen zu dem Schluss, dass die untersuchten Bestände vorwiegend aus der Nordhälfte des natürlichen Verbreitungsgebiets stammen, wobei es auch Hinweise für einen Genfluss zwischen Herkünften nach der Einfuhr gibt (DAUBREE UND KREMER 1993, MAGNI DIAZ 2004, MERCERON et al. 2017, PETTENKOFER et al. 2019, PETTENKOFER et al. 2020).

Kenntnis über den Ursprung der Roteiche ist nicht zuletzt deshalb wichtig, weil es signifikante Unterschiede bei den Wuchseigenschaften verschiedener Herkünfte gibt. Im natürlichen Verbreitungsareal haben Herkunftsversuche sowohl ökotypische als auch klinale (i.e. entlang von Umweltgradienten) Variation der Roteiche gezeigt. Beispielsweise findet Blattalterung und Herbstverfärbung früher bei Provenienzen aus nördlichen Teilen des Areals statt (DENEKE, 1974; KRIEBEL et al., 1976; SCHLARBAUM UND BAGLEY, 1981). Auf Versuchsstandorten in Deutschland wiesen nordamerikanische Herkünfte aus nordöstlichen Teilen des Areals (Québec, Kanada) generell einen früheren Knospenaustrieb und damit auch eine höhere Frostgefährdung, eine

bessere Wuchsleistung, eine vermutlich gute Trockenstresstoleranz und einen längeren astfreien Anteil des Schafts auf als Herkünfte aus südlicheren Gebieten (Südappalachen, USA) (LIESEBACH UND SCHNECK 2011, KORMANN et al. 2023). Gleichzeitig zeichneten sich auch nach Europa eingeführte Herkünfte durch ihr überdurchschnittliches Wachstum aus (KREMER UND HIPPEL 2020, KORMANN et al. 2023).

Aus heutiger Sicht stellen vorwiegend zugelassene Saatguterntebestände aus dem europäischen Inland die wichtigste Quelle für forstliches Vermehrungsgut der Roteiche dar. Die Herkunft solcher Bestände ist allerdings meist unbekannt. Auch wenn sie herausragende Wuchseigenschaften aufweisen, kann nicht gewährleistet werden, dass sie mit Vermehrungsgut begründet wurden, welches aus einer ausreichend hohen Anzahl an Erntebäumen gewonnen wurde. Die genetische Vielfalt im Saatgut hängt von der effektiven Populationsgröße ab, d. h. von der Anzahl an Altbäumen, die sich tatsächlich an der Reproduktion beteiligen. Dieser Parameter wird unter anderem von der Stammzahl eines Erntebestandes, aber auch vom Ausmaß des Paarungskontaktes zu anderen Populationen beeinflusst. Beeinträchtigungen bei diesen Faktoren (kleine bzw. isolierte Vorkommen), die bei nichtheimischen Baumarten durchaus nicht selten sind, spiegeln mit einer geringen effektiven Populationsgröße eine genetische Einengung wider. In der Folge können Flaschenhalseffekte in nachfolgenden Generationen oder schlimmstenfalls eine Abnahme der Fitness aufgrund von Inzuchtdepression auftreten, auch wenn der Bestand phänotypisch hohe Qualität aufweist. Neuere Studien bei der ebenfalls nichtheimischen Douglasie kamen zu dem Schluss, dass die vorgeschriebene Mindestanzahl an Altbäumen in einem Erntebestand nicht ausreichend ist, um eine genetische Verarmung im Saatgut zu vermeiden (WOJACKI et al. 2019).

Die hier beschriebenen Untersuchungen gehen der Frage der Herkunft und genetischen Vielfalt von Vorkommen der Roteiche in Deutschland und Österreich. Die Ergebnisse dienen als Grundlage für anwendungsorientierte Projekte, die langfristig die Versorgung von forstlichem Vermehrungsgut der Roteiche in diesen Ländern verbessern sollen (ARDAO et al. 2023, NEOPHYTOU 2019). Basierend auf einer vorläufigen Analyse der vorhandenen Datensätze von Chloroplasten- und Kernmikrosatelliten-Markern verfolgt die Studie folgende Ziele: i) Untersuchung der genetischen Vielfalt ausgewählter Bestände der Roteiche aus Deutschland und Österreich und Vergleich mit Beständen heimischen Ursprungs, ii) Identifikation des Ursprungs im natürlichen Verbreitungsgebiet für die ausgewählten Bestände in Deutschland und Österreich, iii) Studie der Paarung und der genetischen Diversität unter Altbäumen und Nachkommen in vier Roteichenbeständen mit unterschiedlicher Stammzahl und unterschiedlichem Grad der Isolation von anderen Vorkommen der Art.

2 Material und Methoden

2.1 Untersuchungsbestände und Proben

Als Referenzbestände wurden Nachkommenschaften definierter nordamerikanischer Herkünfte verwendet, die in Provenienzversuchen in Deutschland (Lübeck, Nütschau) und Frankreich (Ibos) wachsen. Für die hier präsentierte Analyse wurden insgesamt 425 Bäume aus 14 Herkünften (im Folgenden als nordamerikanische Bestände bezeichnet) herangezogen, die über das ganze natürliche Verbreitungsareal verteilt sind (Tabelle 1). Zur Untersuchung der Herkunft und genetischen Vielfalt wurden in Mitteleuropa Proben von 2371 Bäumen aus insgesamt 38 Beständen gewonnen (im Folgenden als nordamerikanische Bestände bezeichnet). Davon befinden sich 20 in Deutschland und 18 in Österreich. Zu den 20 Beständen aus Deutschland zählen auch vier Populationen, die zur Durchführung einer Elternschaftsanalyse untersucht wurden. Zwei davon waren stammzahlreich und bilden einen Verbund mit anderen Roteichenvorkommen. Zwei weitere waren kleiner und isoliert von anderen Roteichenvorkommen. In diesen vier Beständen, die im Folgenden Intensivbestände genannt werden, wurden alle potenziellen Elternbäume (i.e. alle Altbäume) innerhalb einer rechteckigen Fläche von ca. 1 ha sowie 1510 Nachkommen beprobt. Von jeweils ca. 20 potenziellen Mutterbäumen in der Mitte dieser Flächen wurden entweder Blätter bzw. Knospen von Sämlingen oder Eicheln unter der Mutterbaumkrone geerntet (Tabelle 2). Der angenommene Mutterbaum, unter dessen Krone die Nachkommen gewonnen wurden, wurde dokumentiert.

Tabelle 1: Identifikations- und Lagedaten sowie Anzahl an Individuen für die Referenzbestände, die für die hier präsentierte genetische Untersuchung verwendet wurden. CA = Kanada, GA = Georgia, IA = Iowa, IN = Indiana, MA = Massachusetts, MD = Maryland, MI = Michigan, NB = New Brunswick, NC = North Carolina, NE = Nebraska, NJ = New Jersey, ON = Ontario, PA = Pennsylvania, US = Vereinigte Staaten von Amerika, WI = Wisconsin.

ID	Name	Staat, Land	Geografische Länge (Dezimalgrad)	Geografische Breite (Dezimalgrad)	Seehöhe [m ü.NHN]	Anzahl an Bäumen
R03	Fontenelle	NE-US	-95,91	41,18	305	14
R06	Holst Forest	IA-US	-93,98	42,12	335	30
R15	Harshaw Farm	WI-US	-89,46	45,64	488	32
R20	Hiawatha	MI-US	-84,40	46,28	273	37
R23	Chaltham	ON-CA	-82,32	42,43	600	29
R29	Moshannon Clearfield	PA-US	-78,32	41,60	700	27
R30	Atomic Energy	ON-CA	-77,22	46,30	k. A.	31
R36	Fredericton	NB-CA	-66,64	45,94	250	34
R38	Harvard Forest Worcester	MA-US	-71,48	42,17	350	32
R39	Yawpaw Ramapo Forest	NJ-US	-74,13	41,10	240	31
R44	Shoals	IN-US	-86,73	38,71	225	31
R53	Bolingbroke	GA-US	-83,83	32,93	150	37
R57	Nantahala	NC-US	-83,48	35,70	1295	30
R60	Morgantown	MD-US	-79,78	36,68	732	30

Quelle: FVA BW (C. NEOPHYTOU).

Tabelle 2: Lagedaten sowie Probenanzahl der Bäume und Nachkommen aus den vier Beständen, die zur Durchführung einer Elternschaftsanalyse beprobt wurden. $N_{\text{Altbäume}}$ = Anzahl der Altbäume, die im Bestand beprobt wurden; $N_{\text{Mutterbäume}}$ = Anzahl der potenziellen Mutterbäume (i.e. Bäume, unter deren Kronen Nachkommen beerntet wurden); $N_{\text{Nachkommen}}$ = Anzahl der beprobten Nachkommen und Gewebeart: S = Blätter oder Knospen von Sämlingen; E = Embryonen von Eicheln.

Bestandes-name	Geografische Länge (Dezimalgrad)	Geografische Breite (Dezimalgrad)	Seehöhe [m ü.NHN]	$N_{\text{Altbäume}}$	$N_{\text{Mutterbäume}}$	$N_{\text{Nachkommen}}$ (Gewebeart)
Achern	8,06 O	48,65 N	143	103	20	330 (S)
Mooswald	7,83 O	48,03 N	253	122	20	459 (S)
Dossenbach	7,87 O	47,63 N	442	133	19	371 (E)
Blindheim	9,64 O	49,10 N	409	31	20	350 (E)

Quelle: FVA BW (C. NEOPHYTOU).

2.2 Genotypisierung

Aus den gewonnenen Proben wurde DNA mithilfe eines kommerziellen Extraktionskits (DNeasy, Qiagen) oder anhand eines hauseigenen Protokolls basierend auf LEFORT UND DOUGLAS (1999) genomische DNA isoliert. Anschließend wurde die isolierte DNA teilweise an einen kommerziellen Anbieter versendet (Ecogenics GmbH, Schlieren-Zürich, Schweiz, <https://www.ecogenics.ch>) und teilweise in den molekulargenetischen Laboren des Instituts für Waldbau der Universität für Bodenkultur (BOKU) in Wien oder des Referats für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung des Staatsbetriebs Sachsenforst (SBS) in Graupa verwendet, um anhand Polymerasekettenreaktionen 5 Chloroplasten- (cpSSR) und 15 Kernmikrosatellitengenorte (nSSR) zu amplifizieren. Die mittels PCR amplifizierten Genorte werden in TABELLE 3 aufgelistet. Die amplifizierte DNA wurde anschließend einer Kapillarelektrophorese unterzogen. BOKU und Ecogenics haben Plattformen von Thermofischer / Applied Biosystems verwendet, während beim SBS das Analysesystem GeXP (SCIEX) zum Einsatz kam. Um die Vergleichbarkeit der Ergebnisse zu gewährleisten, wurden Genorte ausgewählt, die möglichst klare Peaks auf den Elektropherogrammen aufwiesen. Zudem wurden in einem Ringtest 32 gemeinsame Proben über alle Labore hinweg gescort. Zum Zeitpunkt dieser Publikation werden die Listen der Genotypen sowohl bei Chloroplasten- als auch bei Kernmikrosatelliten-Markern noch um Proben ergänzt, die beim ersten Lauf ausgefallen sind. Daher sind sie als vorläufig zu betrachten.

Tabelle 3: Die ausgewählten Marker aus der Chloroplasten- und Kern-DNA, die zur Untersuchung der Herkunft / Autochthonie, Artzugehörigkeit und innerartlichen genetischen Struktur verwendet werden (cpSSR = Chloroplasten-Mikrosatellit, nSSR = Kernmikrosatellit, EST-SSR = Kernmikrosatellit aus Expressed Sequence Tags).

Markername	Typ	Quelle
ccmp2, ccmp4	cpSSR	WEISING UND GARDNER 1999
μcd4, μdt1, μdt4	cpSSR	DEGOUILLOUX et al. 2003
QpZAG15	nSSR	STEINKELLNER et al. 1997
quru-GA-1F02, quru-GA-1F07	nSSR	ALDRICH et al. 2002
FIR053, FIR104, GOT009, PIE039, PIE040, PIE099, PIE125, WAG065	EST-SSR	DURAND et al. 2010
Qr6783	EST-SSR	MÜLLER UND GAILING 2007
REO368, REO371, REO433	EST-SSR	KONAR et al. 2017

Quelle: FVA BW (C. NEOPHYTOU).

2.3 Populationsgenetische Analyse

Anhand der cpSSR-Daten wurden Haplotypen identifiziert und nach PETTENKOFER et al. (2019) benannt. Zum Abgleich wurden Proben von der Georg-August-Universität Göttingen an die BOKU versendet und an der BOKU, Wien, genetisch charakterisiert. Die haplotypische Vielfalt insgesamt (h_t) sowie innerhalb der Populationen (h_s) und die haplotypische Differenzierung zwischen den Populationen (G_{ST}) wurde anhand der Software PermutCpSSR 2.0 berechnet (PONS UND PETIT 1996). Bei Kern-Mikrosatelliten wurden die durchschnittliche (N_a) und die effektive Anzahl der Allele (N_e) über alle Genorte, die erwartete (H_o) und beobachtete Heterozygotie (H_e) sowie der Fixierungsindex F_{ST} als Maß genetischer Differenzierung zwischen Populationen anhand der Software GenAlEx (PEAKALL UND SMOUSE 2006) berechnet. Des Weiteren wurde die standardisierte Anzahl der Allele (AR)

pro Locus anhand der Rarefaction-Methode (PETIT et al. 1998) mit der Software ADZE (SZPIECH et al. 2008) kalkuliert. Dieses Maß wird weniger als andere Vielfaltsparameter von unterschiedlicher Populationsgröße beeinflusst und wurde daher bevorzugt, um Vergleiche zwischen Beständen bzw. Altersgruppen zu ziehen (s.u.). Alle Diversitätsmaße wurden für alle Proben, aber auch für ermittelte genetische Cluster (siehe unten) getrennt berechnet.

Zur Durchführung einer bayesischen Clusteranalyse mithilfe der nSSR-Daten bei den Referenzbeständen aus dem natürlichen Verbreitungsareal wurde die Software STRUCTURE (PRITCHARD et al. 2000, FALUSH et al. 2003) in der Plattform STRAUTO v. 1.0 (CHHATRE UND EMERSON 2017) ausgeführt, die eine parallele Bearbeitung in mehreren Prozessoren ermöglicht. Folgende Einstellungen wurden gesetzt: 50 000 „burn-in“ Periode, 100 000 Markov-Kette-Monte-Carlo-Iterationen, „admixture model“, korrelierte Allelhäufigkeiten sowie das Locprior-Modell (HUBISZ et al. 2009). Standardmäßig wurden je 20 Läufe bei einer Anzahl K von 1 bis N angenommenen Subpopulationen durchgeführt, wobei N der Anzahl der Populationen entspricht, die in das STRUCTURE-Projekt einfließen. Um die Ergebnisse zu visualisieren und den K-Wert auszuwählen, der nach EVANNO et al. (2005) die hierarchisch höchste Ebene der Clusterung zeigt, wurde die Plattform Clumpak (KOPELMAN et al. 2015) verwendet. Eine Population wurde einem Cluster zugeordnet, falls sie eine Zugehörigkeit (q) von mindestens 0,5 zu diesem Cluster aufwies. Anschließend wurde die genetische Struktur auf niedrigeren hierarchischen Ebenen nach dem in HINTSTEINER et al. (2018) beschriebenen Verfahren ermittelt. Zu diesem Zweck wurde die Methode innerhalb der ermittelten Cluster nach den Vorgaben von HINTSTEINER et al. (2018) erneut angewendet. Der Prozess wurde auf niedrigeren Ebenen so lange wiederholt, bis keine Untergliederung mehr festzustellen war.

Abschließend wurden Altbäume und Nachkommen in den Intensivbeständen genauer untersucht. Für Altbäume und Verjüngung wurde pro Bestand die mittels Rarefaction standardisierte Anzahl der Allele anhand der Software ADZE berechnet. Zudem wurde für jeden Bestand basierend auf den genotypischen Daten von Altbäumen und Nachkommen die effektive Populationsgröße und deren 95 % Konfidenzintervall mithilfe der Software COLONY (JONES UND WANG 2010) ermittelt. Zur Elternschaftsanalyse kam die Software CERVUS (MARSHALL et al. 1998) zum Einsatz. Vorläufig wurde für jeden Bestand eine Allelhäufigkeitsanalyse durchgeführt und anschließend Marker mit Nullallelen in einer Häufigkeit von 10% über alle Populationen hinweg sowie Duplikate (Individuen mit identischem Genotyp) entfernt. Danach wurden für jeden Bestand Vater- und Elternschaftssimulationen durchgeführt. Für die Vater- und Elternschaftssimulationen wurden 10 000 Nachkommen simuliert und es wurde von der tatsächlichen Anzahl an Altbäumen sowie einer Fehlerrate bei der Genotypisierung von 2,5 % ausgegangen. Die Anteile der vollständigen Genotypen wurden der Analyse der Allelhäufigkeiten entnommen. Die weitere Analyse wurde in zwei Stufen durchgeführt. Zunächst wurde eine Elternschaftsanalyse ohne bekannte Elternteile vorgenommen. Wurde der vermutete Mutterbaum der Nachkommen tatsächlich als ein Elternteil identifiziert, so wurde dieser Baum tatsächlich als Mutterbaum klassifiziert und der Nachkomme für die nächste Stufe beibehalten. In der nächsten Stufe wurde ausgehend vom zugeordneten Mutterbaum eine Vaterschaftsanalyse vorgenommen, um den anderen Elternteil (vermuteter Vaterbaum) zu identifizieren und so den Anteil der Vaterbäume zu berechnen, die sich innerhalb des Bestandes befanden.

3 Ergebnisse

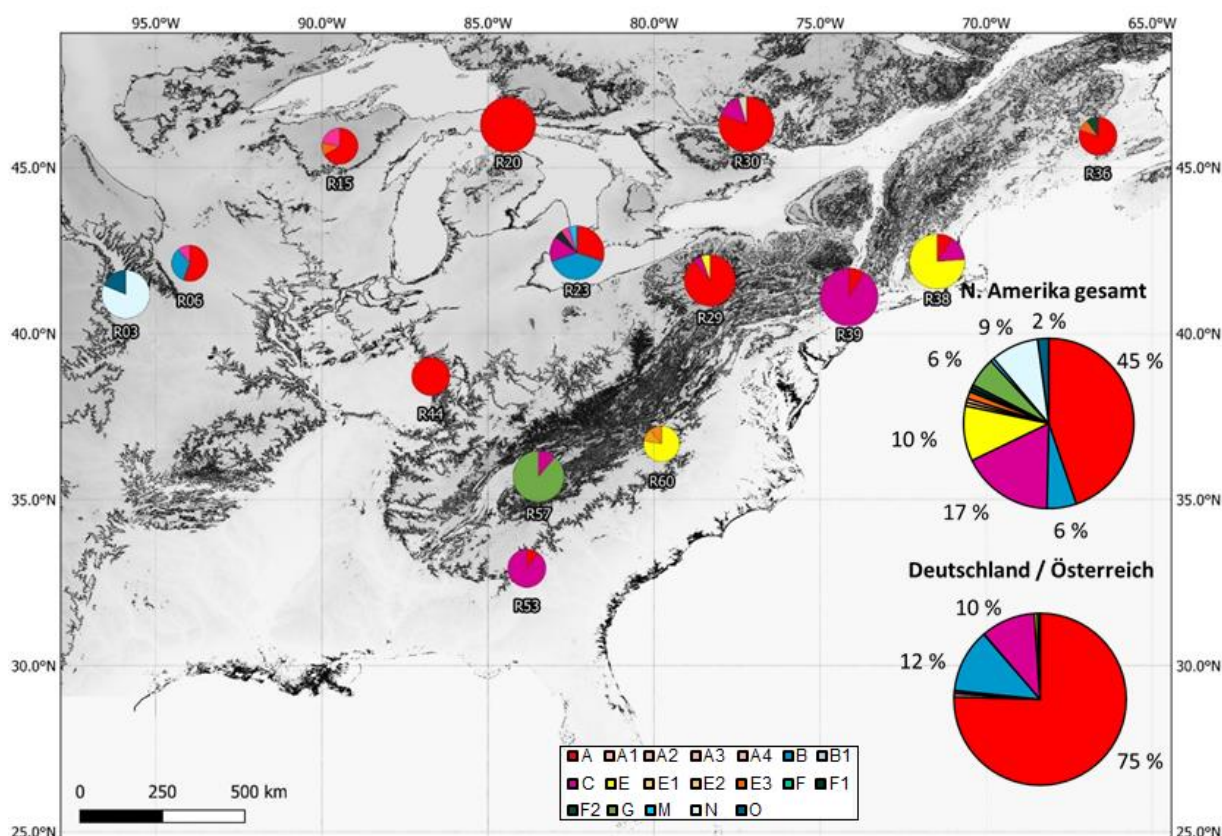
3.1 Haplotypische und genetische Vielfalt in Nordamerika und Europa

Die Untersuchung anhand cpSSRs ergab insgesamt 19 Haplotypen. Davon wurden 13 Haplotypen unter den Referenzproben und 11 unter den Beständen in Europa gefunden. Am Häufigsten war Haplotyp A sowohl unter den Referenzbeständen als auch unter den Populationen in Deutschland und Österreich. Zudem kamen Haplotypen B und C mit einer Häufigkeit von mindestens 5% sowohl bei den nordamerikanischen als auch bei den europäischen Roteichenbeständen vor (Abb. 1). Weitere Haplotypen waren in unseren europäischen Untersuchungsbeständen äußerst selten. Die haplotypische Diversität innerhalb der Populationen war ähnlich zwischen nordamerikanischen und europäischen Beständen, während die gesamte haplotypische Diversität über

alle Populationen hinweg höher unter den nordamerikanischen Populationen war (Tabelle 4). Letztere wiesen auch eine räumliche Struktur auf, die zu einem hohen G_{ST} -Wert führte. Im Gegensatz unterschieden sich die Bestände in Deutschland und Österreich in ihrer haplotypischen Zusammensetzung kaum, so dass der G_{ST} -Wert im Vergleich zu den nordamerikanischen Beständen deutlich niedriger war.

Die mithilfe von nSSRs errechneten Maße der genetischen Vielfalt waren auch ähnlich zwischen den nordamerikanischen und europäischen Beständen. Maße der genetischen Vielfalt und Diversität sind sogar unter den 38 deutschen und österreichischen Beständen etwas höher verglichen mit den 14 Referenzbeständen. Andererseits war die genetische Differenzierung zwischen den 14 nordamerikanischen Beständen höher als zwischen unseren europäischen Untersuchungsbeständen (Tabelle 5).

Abbildung 1: Häufigkeit und geografische Verteilung der cpSSR-Haplotypen in Nordamerika sowie Häufigkeit der Haplotypen in Deutschland und Österreich.



Quelle: FVA BW (C. NEOPHYTOU).

Tabelle 4: Haplotypische Diversität der hier untersuchten Referenzbestände aus dem natürlichen Verbreitungsareal vs. der Bestände aus Deutschland und Österreich (Europa). N_{pop} = Anzahl der Populationen, N_{ind} = Gesamtzahl der untersuchten Bäume, $N_{ind/pop}$ = durchschnittliche Anzahl an Individuen pro Population, N_{hap} = Gesamtzahl der Haplotypen, h_s = haplotypische Diversität innerhalb der Populationen, h_t = gesamte haplotypische Diversität (Genpool), G_{ST} = Fixierungsindex (haplotypische Differenzierung zwischen Populationen).

Region	N_{pop}	N_{ind}	$N_{ind/pop}$	N_{hap}	h_s	h_t	G_{ST}
Nordamerika	14	143	$10,21 \pm 0,459$	13	$0,320 \pm 0,053$	$0,759 \pm 0,081$	$0,578 \pm 0,062$
Europa	38	2042	$53,74 \pm 10,405$	11	$0,383 \pm 0,031$	$0,419 \pm 0,033$	$0,086 \pm 0,026$

Quelle: FVA BW (C. NEOPHYTOU).

Tabelle 5: Genetische Diversität der hier untersuchten Referenzbestände aus dem natürlichen Verbreitungsareal vs. der Bestände aus Deutschland und Österreich (Europa). N_{pop} = Anzahl der Populationen, N_{ind} = Gesamtzahl der untersuchten Bäume, $N_{ind/pop}$ = durchschnittliche Anzahl an Individuen pro Population, AR_{12} = standardisierte allelische Vielfalt (auf 12 Individuen mittels Rarefaction), H_s = genetische Diversität (Heterozygotie) innerhalb der Populationen, H_t = gesamte genetische Diversität (Heterozygotie; im Genpool), F_{ST} = Fixierungsindex (genetische Differenzierung zwischen Populationen).

Region	N_{pop}	N_{ind}	$N_{ind/pop}$	AR_{12}	H_s	H_t	F_{ST}
Nordamerika	14	425	$30,2 \pm 0,362$	4,858	$0,699 \pm 0,011$	$0,733 \pm 0,043$	$0,048 \pm 0,003$
Europa	38	2371	$61,9 \pm 1,641$	5,067	$0,716 \pm 0,007$	$0,74 \pm 0,042$	$0,034 \pm 0,002$

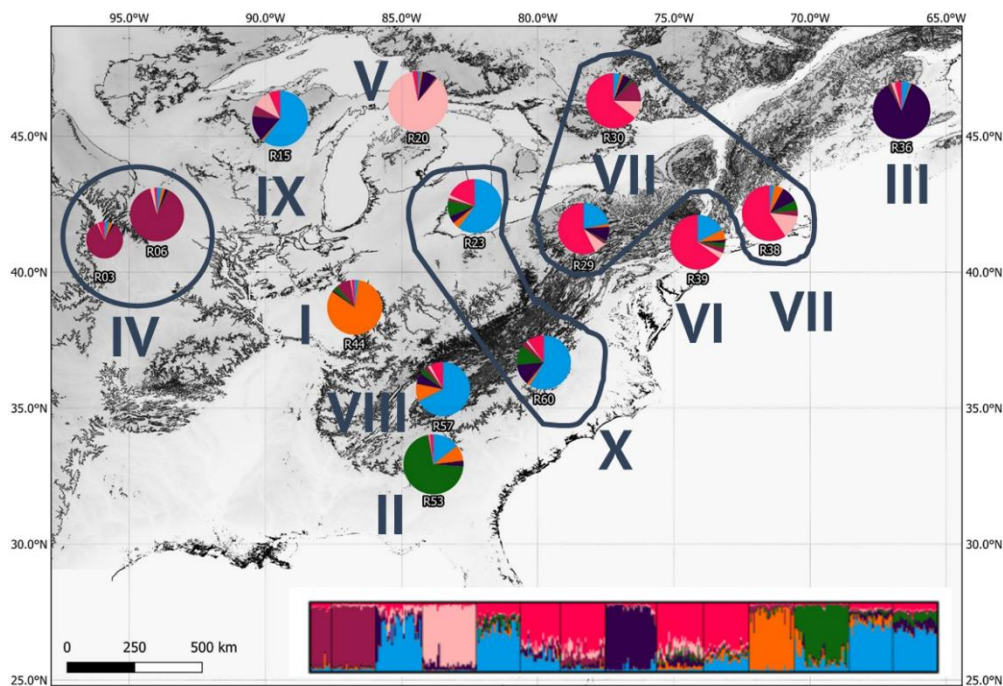
Quelle: FVA BW (C. NEOPHYTOU).

3.2 Genetische Struktur und Untersuchung der Herkunft

Die bayesische Clusteranalyse wies auf ein recht eindeutiges räumliches Muster der genetischen Struktur unter den Referenzbeständen hin. Nach der ΔK -Methode von EVANNO et al. (2005) wurde $K = 2$ als höchste Stufe der hierarchischen Clusterung identifiziert, weshalb die Analyse innerhalb der zwei Cluster wiederholt wurde, die sich bei $K = 2$ ergaben. Bei dieser Clusterkonfiguration wird allerdings kein großräumiges Muster sichtbar, sondern eine Population (R44 – Shoals) unterscheidet sich von allen anderen. Daher wird hier das Ergebnis der STRUCTURE-Analyse mit allen Referenzbeständen (oberste hierarchische Ebene) bei $K = 7$ angenommenen Subpopulationen in ABBILDUNG 2 präsentiert, um diese räumliche Struktur zu visualisieren. So bildeten Referenzbestände am Rand des natürlichen Verbreitungsareals eigene Cluster. Das gilt z. B. für Population R36 – Fredericton in New Brunswick (Canada) im äußersten Nordosten, für Populationen R03 – Fontenelle in Nebraska (USA) und R06 – Holst Forest in Iowa (USA) im äußersten Westen, für Population R20 – Hiawatha in Missouri (USA) im Norden sowie für Population R53 in Georgia (USA) im äußersten Süden des Areals (ABBILDUNG 3). In der Mitte des Areals war eine West-Ost-Differenzierung zu beobachten.

Die Wiederholung der STRUCTURE-Analyse auf niedrigeren hierarchischen Ebenen führte zur Bestimmung von 10 genetisch homogenen Gruppen (römisch I bis X in Abb. 3). Beim Assignment-Test mithilfe der Software GeneClass2 die Frage untersucht, zu welcher dieser 10 Gruppen unsere europäischen Untersuchungsbestände zugeordnet werden. Die Analyse ergab, dass 30 von 38 Beständen der Gruppe VII zugeordnet wurden, die Herkünfte aus einem Bereich zwischen Québec (Canada), Pennsylvania (USA) und New Jersey (USA) umfasst (Abb. 3, Tabelle 6). Außerdem wurden drei Bestände der nordöstlichsten Herkunft R36 – Fredericton in New Brunswick in Canada (römisch III) zugeordnet und weitere zwei der Gruppe X, die aus den Herkünften R23 – Chatham aus Ontario (Canada) und R60 – Morgantown aus dem Ostrand der Zentralappalachen in Maryland (USA) besteht. Die restlichen drei europäischen Bestände wurden verschiedenen westlichen und südlichen Gruppen zugeordnet (Tabelle 6).

Abbildung 2: Ergebnis der Clusteranalyse für $K = 7$ für hierarchische Ebene 1 und Zuordnung der hier untersuchten europäischen Bestände zu Gruppen römisch I - X nach Durchführung der Analyse auf niedrigster hierarchischer Ebene.



Quelle: FVA BW (C. NEOPHYTOU).

Eine separate Analyse der genetischen Vielfalt zeigte, dass die Bestände in Deutschland und Österreich ähnliche Werte aufweisen wie die Referenz-Herkünfte (TABELLE 6). Insbesondere bei den 30 Beständen mit einem zugeordneten Ursprung im Bereich der Gruppe VII zeigt sich nicht nur ein ähnlicher Wert der genetischen Vielfalt, sondern auch ein relativ niedriger F_{ST} -Wert (TABELLE 6). Des Weiteren zeigten die Ergebnisse, dass es im natürlichen Verbreitungsgebiet einen Schwerpunkt der genetischen Vielfalt in zentralen bis zentral-nördlichen und zentral-nordöstlichen Teilen gibt. Niedrige Werte der genetischen Vielfalt sind am Rand des Areals zu beobachten (Gruppen II, III, IV und V).

Tabelle 6: Zuordnung zu genetischen Clustern im natürlichen Verbreitungsareal und genetische Vielfalt der Bestände in Deutschland und Österreich. AR_{12} = standardisierte allelische Vielfalt (auf 12 Individuen mittels Rarefaction), F_{ST} = Fixierungsindex als Maß genetischer Differenzierung.

Cluster (Herkunft)	Anzahl Bestände in Nordamerika	AR_{12} Nordamerika	Anzahl Bestände in Deutschland / Österreich	AR_{12} Deutschland / Österreich	Genet. Diff. F_{ST} (Europa)
I	1	4,013	0	-	-
II	1	4,699	1	4,635	-
III	1	4,509	3	4,331 ± 0,164	0,055 ± 0,007
IV	2	4,641 ± 0,025	1	4,248	-
V	1	4,952	0	-	-
VI	1	5,026	0	-	-
VII	3	5,144 ± 0,078	30	5,189 ± 0,034	0,025 ± 0,002
VIII	1	4,795	0	-	-
IX	1	5,024	1	4,894	-
X	2	5,140 ± 0,094	2	5,047 ± 0,202	0,011 ± 0,002
Gesamt	14	4,858 ± 0,097	38	5,067 ± 0,055	0,034 ± 0,002

Quelle: FVA BW (C. NEOPHYTOU).

3.3 Genetische Vielfalt sowie Eltern- und Vaterschaftsanalyse in den Intensivbeständen

Die Werte der standardisierten allelischen Vielfalt weisen einen Rückgang von den Altbäumen zur Verjüngung auf, der in den kleinen und isolierten Beständen Dossenbach und Blindheim stärker ausgeprägt ist. Im Einklang mit diesem Ergebnis ist die geschätzte effektive Populationsgröße deutlich reduziert in diesen beiden Beständen im Vergleich zu den Beständen Achern und Mooswald, die groß sind und an weiteren Roteichenwäldern angrenzen (TABELLE 7). Die Eltern- und Vaterschaftsanalysen führten im Intensivbestand Dossenbach für 94% der untersuchten Nachkommen zur Zuordnung von Altbäumen innerhalb des Bestandes als wahrscheinlichstem Vater. Im Gegensatz dazu wurde in Achern und Mooswald für respektive 45 % und 32 % der Nachkommen kein Vaterbaum im Bestand zugeordnet. Die Ergebnisse für Blindheim sind nicht aussagekräftig, da zum Zeitpunkt dieser Analyse die Altbäume noch nicht vollständig genotypisiert waren. Da aus den Intensivbeständen für ca. 200 Nachkommen und einige Altbäume noch keine endgültigen Genotypen-Daten vorliegen, müssen diese Ergebnisse als vorläufig angesehen werden.

Tabelle 7: Vergleich der genetischen Vielfalt zwischen Altbäumen (A) und Verjüngung (V) (AR_{12} = standardisierte allelische Vielfalt (auf 12 Individuen mittels Rarefaction)) und Werte der effektiven Populationsgröße (N_e) sowie 95 % Konfidenzintervall in den Intensivbeständen sowie Ergebnisse der Eltern- und Vaterschaftsanalyse (ein Vater = Anzahl Nachkommen, für die ein Altbaum im gleichen Bestand als Vaterbaum zugeordnet wurde; kein Vater = Anzahl Nachkommen, für die kein Altbaum im gleichen Bestand als Vaterbaum zugeordnet wurde).

	Achern		Mooswald		Dossenbach		Blindheim	
	A	V	A	V	A	V	A	V
AR_{12}	5,157 ± 0,526	5,001 ± 0,540	5,397 ± 0,552	5,122 ± 0,493	5,249 ± 0,555	4,706 ± 0,509	5,197 ± 0,528	4,746 ± 0,480
N_e (95% Konf.)	56 [39,80]		58 [43,84]		30 [19,51]		28 [19,48]	
Ein Vater	99 (55 %)		160 (68 %)		194 (94%)		130 (49 %)*	
Kein Vater	81 (45 %)		75 (32 %)		12 (6 %)		138 (51%)*	

* Die potenziellen Vaterbäume waren zum Zeitpunkt dieser Analyse nicht vollständig genotypisiert.

Quelle: FVA BW (C. NEOPHYTOU).

4 Diskussion

Die Ergebnisse der vorliegenden Studie zeigen eine hohe genetische Vielfalt innerhalb der untersuchten Bestände in Deutschland und Österreich sowohl bei Chloroplasten- als auch bei Kern-Mikrosatellitenorten. Die haplotypische Zusammensetzung stimmt mit den Ergebnissen weiterer Studien in Europa gut überein (MAGNI DIAZ 2004, PETTENKOFER et al. 2019). Sowohl bei PETTENKOFER et al. (2019), die das gleiche Markersystem erstmals verwendet haben, als auch hier ist auffällig, dass neben den drei häufigeren Haplotypen A, B und C, weitere Haplotypen in Europa nur sehr selten vorkommen. Im Durchschnitt wurden bei europäischen und nordamerikanischen Beständen ähnliche Werte der haplotypischen Vielfalt innerhalb der Populationen (h_s) beobachtet. Auf der anderen Seite sind die gesamte genetische Vielfalt (h_t) und die genetische Struktur (G_{ST}) im natürlichen Verbreitungsgebiet höher, was auf eine zwar etwas schwache, aber signifikante phylogeografische Struktur zurückgeführt werden kann (MAGNI et al. 2005). Das Fehlen eines geografischen Musters in Europa wurde ebenfalls durch MAGNI DIAZ et al. (2004) anhand von PCR-RFLP-Marker aus der Chloroplasten-DNA in einer Studie mit 66 Populationen aus Frankreich und angrenzenden Ländern festgestellt. Wir interpretieren die geringere haplotypische Differenzierung in Kombination mit der niedrigeren gesamten haplotypischen Vielfalt, die wir in den Beständen aus Österreich und Deutschland beobachteten, als das Ergebnis von Saatguteinfuhr aus eher begrenzten Teilen des natürlichen Verbreitungsareals. Auch die Verwendung von Vermehrungsgut der zweiten Generation aus europäischen Beständen ähnlicher Herkunft könnte weiter zu diesem eher homogenen Muster beigetragen haben.

Die Hypothese einer ähnlichen Herkunft der Bestände in unserem Untersuchungsraum wurde weiterhin durch die populationsgenetischen Analysen mithilfe von nSSRs bekräftigt. 35 von 38 der europäischen Bestände wurden zentralen bis nördlichen und nordöstlichen Bereichen des Areals zugeordnet, von denen sich 30 zu einem einzigen genetischen Cluster gruppierten. Auch dieses Ergebnis stimmt zumindest teilweise mit Resultaten aus früheren Studien überein. So zeigten MERCERON et al. (2017), dass 38 Bestände der Roteiche aus Westeuropa ihren Ursprung wahrscheinlich in der Nordhälfte des natürlichen Verbreitungsgebiets hatten, während ihre demographische Analyse eine Durchmischung verschiedener Herkunft nach der Einfuhr unterstützte. In der Studie von PETTENKOFER et al. (2019) fehlt der Haplotyp G mit Vorkommen aus den Südpalmen von Beständen in Deutschland komplett, ganz in Übereinstimmung mit unserer Untersuchung. Dies wird als ein Hinweis

interpretiert, dass der südliche Teil des Areals nicht oder nur selten als Saatgutquelle für europäische Pflanzungen mit Roteiche diene (PETTENKOFER et al. 2019). Wir haben ebenfalls diesen Haplotyp bei keiner der untersuchten europäischen Roteichen gefunden, sondern ausschließlich in der Referenzpopulation R57 – Nantahala aus den Südpalmen.

Tatsächlich wurde einer unserer Untersuchungsbestände aus Deutschland anhand von Kernmikrosatelliten-Markern der südlichsten Referenzpopulation R53 – Bolingbroke aus Georgia (Gruppe II beim Test mit GeneClass2) zugeordnet, er wies jedoch an den Chloroplasten-Markern eine typische Zusammensetzung aus den Haplotypen A, B und C auf. Diese Varianten könnten allerdings auch in diesem Teil des natürlichen Verbreitungsgebiets vorkommen. In der entsprechenden Referenzpopulation waren die Haplotypen A und C vertreten.

Es sollte unterstrichen werden, dass die hier angewendete Methode auch Limitierungen aufweist. Zunächst können 14 Referenzbestände nur ein unvollständiges Abbild der Verteilung der genetischen Variation im natürlichen Areal darstellen. Darüber hinaus hängt die Aussagekraft der Zuordnung mit der Anzahl der verwendeten Loci und auch mit der genetischen Differenzierung zwischen den Referenzbeständen zusammen (CORNUET et al. 1999). Außerdem ist davon auszugehen, dass mehrere deutsche oder österreichische Bestände mit bereits in Europa gewonnenem Saatgut begründet wurden und schon der zweiten oder sogar einer höheren Generation angehören. Auch in diesen Fällen weist der angewendete Zuordnungstest zwangsläufig eine Referenzpopulation als ursprüngliche Herkunft zu. Die hier präsentierten Ergebnisse sind vorläufig und daher werden keine Statistiken über die Genauigkeit und Effizienz der Zuordnungstests auf verschiedenen hierarchischen Ebenen vorgestellt (wie z. B. in HINTSTEINER et al. 2018). Sie sollen lediglich als Hinweis auf den Ursprung der Roteiche im Untersuchungsraum gesehen werden.

Die andere wichtige Frage, die sich in dieser Studie stellt, ist, ob es in Folgegenerationen der europäischen Bestände zu einer genetischen Verarmung aufgrund einer geringen effektiven Populationsgröße kommen kann. Tatsächlich zeigen die vorläufigen Ergebnisse der genetischen Untersuchung von vier Intensivbeständen erste Hinweise, dass es zu einem Rückgang der genetischen Vielfalt kommen kann. Interessant ist zu sehen, dass in den beiden kleinen und isolierten Beständen Dossenbach und Blindheim die genetische Vielfalt in der Verjüngung stärker reduziert ist als in den stammzahlreichen Beständen Mooswald und Achern, die groß sind und auch mit weiteren Roteichenvorkommen zusammenhängen. Dementsprechend ist die geschätzte effektive Populationsgröße in Mooswald und Achern etwa doppelt so groß wie in Dossenbach und Blindheim. Gleichzeitig weisen die Ergebnisse in Dossenbach darauf hin, dass sich die Pollenspender fast ausschließlich innerhalb des Bestandes befinden. Ähnliche Beobachtungen gab es bisher auch bei der nichtheimischen Douglasie (*Pseudotsuga menziesii* Mirb. Franco). Bei dieser Art ergab der Vergleich der standardisierten allelischen Vielfalt zwischen Altbäumen und Verjüngung bei 36 deutschen und österreichischen Beständen, dass die genetische Diversität in der Verjüngung allgemein reduziert war (NEOPHYTOU et al. 2020). Eine Vaterschaftsanalyse in vier Beständen der Douglasie in Deutschland zeigte, dass eine reduzierte effektive Populationsgröße aufgrund geringer Bestandesgröße und Isolation nicht nur zu einer Abnahme der genetischen Diversität, sondern auch zu erhöhter Inzucht und Inzuchtdepression bei der Douglasie führen kann (WOJACKI et al. 2019).

5 Schlussfolgerung und Ausblick

Die Ergebnisse dieser vorläufigen Studie zeigen eine hohe genetische Vielfalt der Roteiche im Untersuchungsraum. Dies könnte mit einem Ursprung aus einem Teil des Areals zusammenhängen, welches tatsächlich hoch divers ist. Die Ergebnisse stimmen mit anderen Studien in Europa überein. Dabei bestätigt sich sowohl die hohe Vielfalt als auch eine Herkunft eher aus dem nördlichen – nordöstlichen Teil des Areals (DAUBREE UND KREMER 1993, MAGNI DIAZ 2004, MERCERON et al. 2017, PETTENKOFER et al. 2019, PETTENKOFER et al. 2020). Es ist jedoch sehr wahrscheinlich, dass Genfluss zwischen Vorkommen der Roteiche in Europa schon seit einer oder mehreren Generationen stattgefunden hat, die zum Teil einen unterschiedlichen Ursprung im natürlichen Verbreitungsgebiet haben. Weitere Untersuchungen sollten diesen Aspekt berücksichtigen, indem sie z. B. die

demographische Entwicklung der Populationen (i. e. Änderungen der Populationsgröße, Austausch mittels Genflusses) rekonstruieren (z. B. GUILLEMAUD et al. 2010). Die Frage der Weiterentwicklung der Vorkommen nach der Einführung ist nicht nur aus wissenschaftlicher Sicht hoch interessant, sondern liefert auch Erkenntnisse, die für die forstwirtschaftliche Praxis sehr relevant sind (z. B. WOJACKI et al. 2019). Auf eine Antwort auf diese Frage wird die abschließende Auswertung des vervollständigten Datensatzes aus den vier Intensivbeständen.

Danksagung

Allen Mitarbeitenden in den Projekten RubraSelect und EicheFit, die einen Beitrag zur Datengewinnung für diese Studie geleistet haben, wird herzlich bedankt. Insbesondere gilt unser Dank ALEXANDER BRAUN für die zuverlässige Geländearbeit und Datenmanagement, RENATA MILCEVICOVA, OROBA ALARAB PUSMAN und ISABELLE CHASSIGNET für die kompetente Laborarbeit sowie JÖRN ERBACHER und EVA ARDAO-RIVERA für die Koordination der Aktivitäten im Projekt RubraSelect. Wir danken ANTOINE KREMER und MIRKO LIESEBACH, dass sie uns Zugang zu Versuchsflächen mit Herkunftsversuchen verschafft haben, in denen wir die Proben der Referenzbestände gewonnen haben. Für die Hilfe bei den Aufnahmen sind wir dankbar für die Unterstützung von EVA ARDAO RIVERA, ALEXANDER BRAUN, ISABELLE CHASSIGNET, JONATHAN KORMANN, ANTOINE KREMER und NICK LAMPRECHT. Ein großer Dank geht auch an DORIT RIEDEL für ihre engagierte Mitarbeit im Teilvorhaben des SBS sowie an MAREK SCHILDBACH und die Kollegen der Firma LandWaldBaum für sehr kompetente Zusammenarbeit bei der Blattproben- und Saatgutgewinnung. Das Projekt RubraSelect (Auslese und Charakterisierung von hochwertigem Vermehrungsgut bei Roteiche (*Quercus rubra* L.) unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz) wurde durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz der Bundesrepublik Deutschland aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert. Die Förderung erfolgte durch die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe (FNR) im Rahmen der Förderrichtlinie Waldklimafonds (Förderkennzeichen 2220WK03D4 für das Teilvorhaben der FVA-BW und FKZ 2220WK03G4 für das Teilvorhaben des SBS). Das Projekt WaldFIT (EicheFIT-WF-Projekt: Klimafitte Eichenwälder: genetisches Anpassungspotenzial der Eichenarten, Hybriden, Saatguterntebestände und –plantagen WF-Projekt) wurde durch das Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Regionen und Wasserwirtschaft der Republik Österreich im Rahmen der Fördermaßnahme Waldfonds finanziell unterstützt (Projektnummer: 101657).

Literatur

- ALDRICH PR, MICHLER CH, SUN W, ROMERO-SEVERSON J (2002): Microsatellite markers for northern red oak (Fagaceae: *Quercus rubra*). *Molecular Ecology Notes* 2 (4): 472-474.
- ARDAO RIVERA E, CAO H, BECKER F, BILELA-ECKERT S, BRAUN A, BRÜCKNER M, DE ABREU I, ERBACHER J, FEUSSNER I, FEUßNER K, GAILING O, HOFMANN M, KÄTZEL R, KELLY AA, KLEINSCHMIT J, KORMANN JM, LAMPRECHT N, LIEPE KJ, LIESEBACH M, LÖFFLER S, NEOPHYTOU C, RIEDEL D, SCHILDBACH M, STEINER W, TÖPPE M, TRÖBER U, WATERMEIER M, WOLF H (2023): Roteiche im Klimawandel: Grundlagen zur Züchtung unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz (RubraSelect Projekt), Thünen Report 105: 238–243.
- BRAUER A, PIETZARKA U, ROLOFF A (2015): *Quercus rubra* Linné 1753. In ROLOFF A, WEISGERBER H, LANG UM, STIMM B (Hrsg.): *Enzyklopädie Der Holzgewächse: Handbuch und Atlas der Dendrologie*. Weinheim, 1-26.
- CHHATRE VE, EMERSON KJ (2017): StrAuto: automation and parallelization of STRUCTURE analysis. *BMC Bioinformatics* 18: 1-5.
- CORNUET JM, PIRY S, LUIKART G, ESTOUP A, SOLIGNAC M (1999): New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. *Genetics* 153 (4): 1989-2000.
- DAUBREE JB, KREMER A (1993): Genetic and phenological differentiation between introduced and natural populations of *Quercus rubra* L. *Annales des Sciences Forestières* 50: 271s-280si.
- DE AVILA A, HÄRING B, RHEINBAY B, BRÜCHERT F, HIRSCH M, ALBRECHT A (2021) *Artensteckbriefe 2.0—Alternative Baumarten im Klimawandel*. Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg. 246 Seiten.

- DENEKE FJ (1974): A red oak provenance trial in Kansas. Transactions of the Kansas Academy of Science (1903), 195-200.
- DEGUILLLOUX MF, PEMONGE MH, PETIT RJ (2004): Use of chloroplast microsatellites to differentiate oak populations. Annals of Forest Science 61 (8): 825-830.
- 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.
- EVANNO G, REGNAUT S, GOUDET J (2005): Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology 14 (8): 2611-2620.
- FALUSH D, STEPHENS M, PRITCHARD JK (2003): Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. Genetics 164 (4): 1567-1587.
- GUILLEMAUD T, BEAUMONT MA, CIOSI M, CORNUET JM, ESTOUP A (2010): Inferring introduction routes of invasive species using approximate Bayesian computation on microsatellite data. Heredity 104 (1): 88-99.
- HINTSTEINER WJ, VAN LOO M, NEOPHYTOU C, SCHUELER S, HASENAUER H (2018): The geographic origin of old Douglas-fir stands growing in Central Europe. European Journal of Forest Research 137: 447-461.
- HUBISZ MJ, FALUSH D, STEPHENS M, PRITCHARD JK (2009): Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. Molecular Ecology Resources 9 (5): 1322-1332.
- JONES OR, WANG J (2010): COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. Molecular Ecology Resources 10 (3): 551-555.
- KONAR A, CHOUDHURY O, BULLIS R, FIEDLER L, KRUSER J M, STEPHENS MT, GAILING O, SCHLARBAUM S, COGGESHALL MV, STATON ME, CARLSON JE, EMRICH S, ROMERO-SEVERSON J (2017): High-quality genetic mapping with ddRADseq in the non-model tree *Quercus rubra*. BMC genomics 18: 1-12.
- KOPELMAN NM, MAYZEL J, JAKOBSSON M, ROSENBERG NA, MAYROSE I (2015): Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. Molecular Ecology Resources 15 (5): 1179-1191.
- KORMANN JM, LIESEBACH M, LIEPE KJ (2023): Provenances from introduced stands of Northern Red Oak (*Quercus rubra* L.) outperform those from the natural distribution. Forest Ecology and Management 531: 120803.
- KREMER A, HIPPE AL (2020): Oaks: an evolutionary success story. New Phytologist 226 (4): 987-1011.
- KRIEBEL HB, BAGLEY WT, DENEKE FJ, FUNSCH RW, ROTH P, JOKELA JJ, MERRITT C, WRIGHT JW, WILLIAMS RD (1976): Geographic variation in *Quercus rubra* in north central United States plantations. Silvae Genetica 25: 118-122.
- LEFORT F, DOUGLAS GC (1999): An efficient micro-method of DNA isolation from mature leaves of four hardwood tree species *Acer*, *Fraxinus*, *Prunus* and *Quercus*. Annals of Forest Science 56 (3): 259-263.
- LIESEBACH M, SCHNECK V (2011): Entwicklung von amerikanischen und europäischen Herkünften der Roteiche in Deutschland. Forstarchiv: 82: 125-133.
- MAGNI DIAZ CR (2004): Reconstitution de l'introduction de *Quercus rubra* L. en Europe et conséquences génétiques dans les populations allochtones. Doktorarbeit, Ecole Nationale du Génie Rural des Eaux et Forêts. 429 S.
- MAGNI, C. R., DUCOUSSO, A., CARON, H., PETIT, R. J., KREMER, A. (2005) : Chloroplast DNA variation of *Quercus rubra* L. in North America and comparison with other Fagaceae. Molecular Ecology 14 (2): 513-524.
- MARSHALL TC, SLATEJ, KRUUK LEB, PEMBERTON JM (1998): Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. Molecular Ecology 7 (5): 639-655.
- MERCERON NR, LEROY T, CHANCEREL E, ROMERO-SEVERSON J, BORKOWSKI DS, DUCOUSSO A, MONTY A, PORTÉ AJ, KREMER A (2017): Back to America: tracking the origin of European introduced populations of *Quercus rubra* L. Genome 60 (9): 778-790.
- MÜLLER M, GAILING O (2007): Characterization of 20 new EST-SSR markers for northern red oak (*Quercus rubra* L.) and their transferability to *Fagus sylvatica* L. and six oak species of section Lobatae and *Quercus*. Annals of Forest Research 50: 211-222.
- NEOPHYTOU C (2019) Die Roteiche unter der genetischen Lupe. Österreichische Forstzeitung (6): 10-12.
- NEOPHYTOU C, VAN LOO M, HASENAUER H (2020): Genetic diversity in introduced Douglas-fir and its natural regeneration in Central Europe. Forestry: An International Journal of Forest Research 93 (4): 535-544.
- NICOLESU VN, VOR T, MASON WL, BASTIEN JC, BRUS R, HENIN JM, KUPKA I, LAVNYI V, LA PORTA N, MOHREN F, PETKOVA K, RÉDEI K, ŠTEFANČIK I, WAŚIK R, PERIĆ S, HERNEA C (2020): Ecology and management of northern red oak (*Quercus rubra* L. syn. *Q. borealis* F. Michx.) in Europe: a review. Forestry: An International Journal of Forest Research 93 (4): 481-494.

- PEAKALL R, SMOUSE P E (2006): GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular ecology notes* 6 (1): 288-295.
- PETIT RJ, EL MOUSADIK A, PONS O (1998): Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. *Conservation Biology* 12 (4): 844-855.
- PETTENKOFER T, BURKARDT K, AMMER C, VOR T, FINKELDEY R, MÜLLER M, KRUTOVSKY K, VORNAM B, LEINEMANN L, GAILING O (2019): Genetic diversity and differentiation of introduced red oak (*Quercus rubra*) in Germany in comparison with reference native North American populations. *European Journal of Forest Research*, 138, 275-285.
- PETTENKOFER T, FINKELDEY R, MÜLLER M, KRUTOVSKY KV, VORNAM B, LEINEMANN L, GAILING O (2020): Genetic variation of introduced red oak (*Quercus rubra*) stands in Germany compared to North American populations. *European Journal of Forest Research* 139: 321-331.
- PONS O, PETIT R (1996): Measuring and testing genetic differentiation with ordered versus unordered alleles. *Genetics* 144 (3): 1237-1245.
- PRITCHARD JK, STEPHENS M, DONNELLY P (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155 (2): 945-959.
- SCHLARBAUM SE, BAGLEY WT (1981): Intraspecific genetic variation of *Quercus rubra* L., northern red oak. *Silvae Genetica* 30 (2-3): 50-56.
- SZPIECH ZA, JAKOBSSON M, ROSENBERG NA (2008): ADZE: a rarefaction approach for counting alleles private to combinations of populations. *Bioinformatics* 24 (21): 2498-2504.
- TIMBAL J, KREMER A, LE GOFF N, NEPVEU G (1994). American red oak. In: *Le Chêne Rouge d'Amérique*. Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), Paris, France.
- 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.
- 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.

Autorinnen und Autoren

CHARALAMBOS NEOPHYTOU, SILVIJA BILELA-ECKERT

Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (FVA BW), Abteilung Waldnaturschutz, Wonnhaldestr. 4, 79100 Freiburg,

Kontakt: charalambos.neophytou@forst.bwl.de, silvija.bilela-eckert@forst.bwl.de

CHARALAMBOS NEOPHYTOU, SIMON JANSEN, FLORENCE LEE

Universität für Bodenkultur (BOKU) Wien, Institut für Waldbau, Peter-Jordan-Str. 82, 1190 Wien, Österreich

MARIE BRÜCKNER, UTE TRÖBER

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

Anlage einer Pfropflings-Samenplantage zur Erzeugung von hochwertigem Vermehrungsgut am Beispiel der Roteiche (*Quercus rubra* L.)

JULIA WENZEL, MIRIAM WATERMEIER, EVA ARDAO RIVERA, FRANK BECKER, SILVIJA BILELA-ECKERT, ALEXANDER BRAUN, MARIE BRÜCKNER, JÖRN ERBACHER, RALF KÄTZEL, JÖRG KLEINSCHMIT, SONJA LÖFFLER, MATTHIAS MEYER, CHARALAMBOS NEOPHYTOU, DORIT RIEDEL, WILFRIED STEINER, MARTHA TÖPPE, UTE TRÖBER, MARTIN HOFMANN

Zusammenfassung

Für den Aufbau stabiler Bestände ist die Bereitstellung von hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut wichtig. Im Rahmen des Verbundprojektes „Auslese und Charakterisierung von hochwertigem Vermehrungsgut bei Roteiche unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz“ (RubraSelect) wurde eine Pfropflings-Samenplantage angelegt, um zukünftig hochwertiges Saatgut der Roteiche zur Verfügung zu stellen. Dazu wurden in den Bundesländern Niedersachsen, Hessen, Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein, Brandenburg und Sachsen die Roteichenvorkommen analysiert. Anhand von Qualitäts- und Vitalitätskriterien wurden einhundert Plusbäume ausgewählt, von denen Reiser geschnitten und veredelt wurden. Der Anwuchserfolg bei der Veredelung lag bei 55 %. Es konnte eine Pfropflings-Samenplantage mit 628 veredelten Roteichen von einhundert Genotypen angelegt werden. Die Verteilung der Pfropflinge wurde mit dem Optimum Neighborhood Algorithm (ONA) berechnet. Die Anlage erfolgte im Verband 5 x 5 m auf einer Fläche von ca. 2 ha im Forstamt Oldendorf in Niedersachsen.

Abstract

Establishment of a grafting seed orchard for the production of high-quality forest reproductive material using the example of red oak (*Quercus rubra* L.)

The provision of high-quality and adaptable reproductive material is important for the establishment of stable mixed forests. As part of the joint project “Selection and characterisation of high-quality reproductive material in red oak, taking into account drought stress tolerance” (RubraSelect), a graft seed plantation was established in order to provide high-quality red oak seed in the future. For this purpose red oak occurrences were researched in the federal states of Lower Saxony, Hesse, Saxony-Anhalt, Schleswig-Holstein, Brandenburg and Saxony. Based on quality and vitality criteria, one hundred plus trees were selected from which cuttings were cut and grafted. The grafting success rate was 55 %. A grafting seed orchard was established with 628 grafted red oaks from one hundred genotypes. The distribution of the grafts was calculated using the Optimum Neighbourhood Algorithm (ONA). The plantation was planted in a 5 x 5 m formation on an area of approx. 2 ha in the Oldendorf forestry office in Lower Saxony.

1 Einleitung

Die Roteiche (*Quercus rubra* L.) ist eine der häufigsten und ökonomisch wichtigsten nicht heimischen Baumarten in Deutschland. Im Hinblick auf den prognostizierten Klimawandel wird sie als Alternativbaumart und als Ergänzung zur heimischen Baumartenpalette an Bedeutung gewinnen. Grund dafür sind ihre guten Wuchsleistungen, die sie auch auf schwächer nährstoff- und wasserversorgten Standorten erzielt. Sie kann somit zur waldbaulichen Risikominimierung beitragen (NAGEL 2018; NICOLESCU et al. 2020). Bereits jetzt ist sie fester Bestandteil vieler Waldbaukonzepte (STEINER 2012). Durch das zunehmende Interesse am Anbau der Roteiche steigt auch der Bedarf an hochwertigem Vermehrungsgut. Aktuell kann Saatgut der Roteiche nur aus

zugelassenen Erntebeständen der Kategorie „Ausgewählt“ bezogen werden, wohingegen Samenplantagen in Deutschland bisher nicht existieren (BUNDESANSTALT FÜR LANDWIRTSCHAFT UND ERNÄHRUNG 2019). Saatgut aus Samenplantagen wäre bei der Bestandesbegründung jedoch zu bevorzugen, da es, durch die im Vorfeld phänotypisch ausgelesenen Plusbäume, einen höheren Anbauwert erwarten lässt (STEINER 2012). Ferner bieten Samenplantagen durch die randomisierte Anordnung der Genotypen bessere Reproduktionsbedingungen und damit eine optimierte Weitergabe genetischer Vielfalt (Anpassungskapazität) an die Folgegenerationen. Dies hat sich gerade bei eingeführten Baumarten, deren effektive Populationsgrößen meist deutlich unter den Werten in ihren Ursprungsgebieten liegen, als sehr vorteilhaft herausgestellt (vgl. HÖLTKEN und STEINER 2021).

Das Verbundprojekt „Auslese und Charakterisierung von hochwertigem Vermehrungsgut bei Roteiche unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz“ (RubraSelect) soll die Grundlagen für die Züchtung von hochwertigem Roteichensaatgut schaffen. Im Rahmen des Projektes sollen Erkenntnisse über Herkunft, Trockenstresstoleranz, genetische Vielfalt und Anpassungsfähigkeit der Roteiche gewonnen werden. Neben der Anlage von Nachkommenschaftsprüfungen aus den Einzelbaumabsaaten der Plusbäume ist die Anlage von zwei Pflopfings-Samenplantagen ein wichtiges Teilziel des Projektes. Dieser Beitrag soll am Beispiel der Roteiche die wichtigsten Arbeitsschritte bei der Anlage einer solchen Samenplantage darstellen. Als eine von sieben Projektpartnern führte die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) die Auswahl von Ausgangsbeständen und Plusbäumen sowie die Reiserernte in ihren Trägerländern Hessen, Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein durch. Die Projektpartner vom Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE) und vom Staatsbetrieb Sachsenforst (SBS) leisteten durch die Wahl der Ausgangsbestände, die Plusbaumauslese sowie die Reiserernte in ihren Zuständigkeitsgebieten (Brandenburg und Sachsen) wichtige Zuarbeit. Die Vermehrung und Anzucht der Veredelungen aus allen sechs Bundesländern erfolgte in der hauseigenen Baumschule der NW-FVA. Darüber hinaus war die NW-FVA für die Anlage einer der Pflopfings-Samenplantagen zuständig. Gleichzeitig erfolgten durch den Projektpartner Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (FVA-BW) dieselben Arbeitsschritte mit baden-württembergischen Roteichenbeständen und -plusbäumen. Die FVA-BW legt parallel zu der „nördlichen“ Pflopfings-Samenplantage eine Fläche mit baden-württembergischen Pflopfingen an. Durch die Pflopfings-Samenplantagen kann nicht nur die wertvolle Genetik der Plusbäume, sondern auch die Bereitstellung von hochwertigem Vermehrungsgut der Roteiche sichergestellt werden. Durch eine erhöhte Qualität und Massenleistung des Saatgutes wird ein wichtiger Beitrag zur Sicherung der Produktivität zukünftiger Wälder geleistet (SCHIRMER, 2014).

2 Auswahl der Ausgangsbestände

Als erster Schritt erfolgte die Analyse der Ausgangssituation der Roteiche in den vier Trägerländern der NW-FVA. Dafür wurden die zugelassenen Erntebestände anhand des Erntezulassungsregisters erfasst, die Forsteinrichtungs- und Standortdaten ausgewertet sowie bereits bestehende Versuchsflächen der NW-FVA gesichtet. Aufgrund der Datenverfügbarkeit sowie der Möglichkeit des langfristigen Zugriffs auf ausgelesene Bäume wurde bei der Analyse nur der Staatswald betrachtet. Um eine möglichst große Auswahl an Ausgangsbeständen zur Verfügung zu haben, wurden alle Saatguterntebestände des Staatswaldes einbezogen. Insgesamt gibt es in den vier Trägerländern der NW-FVA 144 nach dem Forstvermehrungsgutgesetz zugelassene Erntebestände der Roteiche. Davon verbleiben im Staatswald 36 Erntebestände in Niedersachsen, 37 in Hessen, 9 in Sachsen-Anhalt und 6 in Schleswig-Holstein mit einer durchschnittlichen Flächengröße von 1,9 ha (reduzierte Fläche). Des Weiteren wurde die Standortwasserbilanz (SWB) für die Auswahl der Ausgangsbestände hinzugezogen. Um ein breites Spektrum der Standortwasserbilanz abzudecken, wurden neben den Erntebeständen auch weitere Roteichenbestände zur Plusbaumauswahl angefahren. Diese Bestände wurden anhand der Kriterien, die für die Zulassung von Erntebeständen gelten, ausgewählt. Entscheidend dabei waren das Alter (≥ 40 Jahre), die Bestandesschicht (nur Hauptschicht), die Bestandesfläche ($\geq 0,25$ ha) und der Mischungsanteil ($\geq 50\%$ und $\geq 0,25$ ha). Insgesamt konnten so, neben den 88 Erntebeständen, 52 weitere

Roteichenbestände auf trockenen Standorten ausgewählt werden, wobei auf eine gleichmäßige räumliche Verteilung geachtet wurde.

Anhand der Forsteinrichtungsdaten ist ersichtlich, dass die Roteiche in den vier Trägerländern der NW-FVA zwar häufig vertreten ist, jedoch oft nur als Mischbaumart vorkommt, während größere Reinbestände die Ausnahme bilden. Die durchschnittliche Baumartenfläche der Roteichenvorkommen liegt zwischen 0,4 ha (Hessen) und 0,7 ha (Sachsen-Anhalt). Der Mischungsanteil der Roteiche an der Baumartenzusammensetzung pro Bestand liegt im Durchschnitt zwischen 16 % (Hessen) und 44 % (Niedersachsen). Die Roteichenvorkommen in Hessen, Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein decken, mit einer Spanne von > -300 mm bis 350 mm, eine breite Amplitude entlang der Standortwasserbilanz ab. Während in Sachsen-Anhalt die durchschnittliche Standortwasserbilanz erheblich negativ (-114 mm) ist, liegt sie in Hessen zwar auch im negativen Bereich, fällt aber mit -4 mm deutlich höher aus. In Niedersachsen und Schleswig-Holstein liegt die Standortwasserbilanz mit jeweils rund 80 mm im positiven Bereich. Die Roteichen-Erntebestände befinden sich hauptsächlich auf Standorten mit mittlerer Standortwasserbilanz (> 0 mm bis 100 mm). Aufgrund dessen wurden zusätzlich Bestände auf Standorten mit geringer Standortwasserbilanz (> -300 mm bis 0 mm) angefahren, um ein breites Standortsspektrum abzudecken.

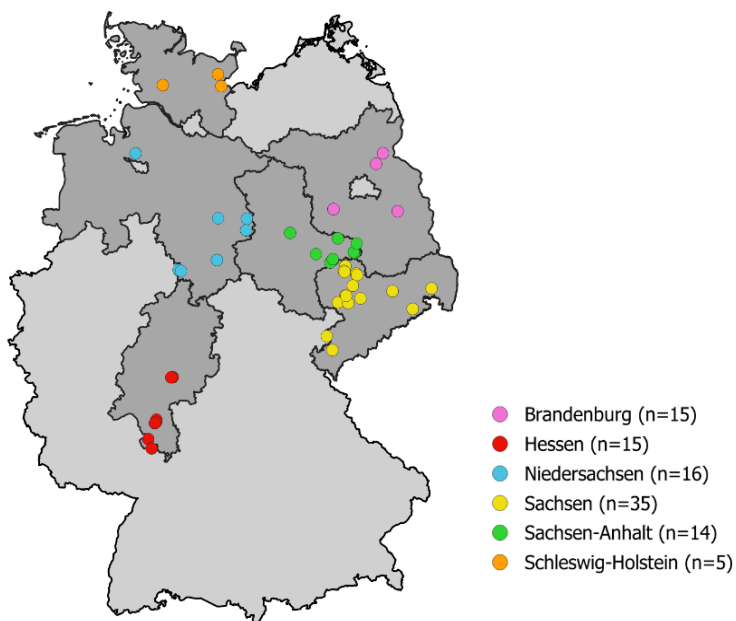
3 Plusbaumauslese

Anhand der Forsteinrichtungsdaten wurde die Anzahl der Plusbäume je Bundesland proportional zur absoluten Roteichenfläche der Bundesländer festgelegt. Zusätzlich erfolgte eine gleichmäßige Verteilung über die Standortwasserbilanz. Um eine breite genetische Basis sicherzustellen, wurden wenige Plusbäume pro ausgewähltem Bestand, dafür aber in vielen, räumlich voneinander getrennten Vorkommen gesucht. Die Auslese der Plusbäume erfolgte mittels eines im Projektverbund erarbeiteten Aufnahmeformulars, das die wichtigsten phänotypischen Merkmale enthält. Dazu gehören Leistungs- (Baumhöhe, Brusthöhendurchmesser) und Qualitätsparameter (z. B. Geradschaftigkeit, Drehwuchs). Zusätzlich wurde die Vitalität der Bäume im Verhältnis zum Bestandeskollektiv anhand der Kronenmorphologie nach ROLOFF (2016) eingeschätzt. Das Hauptaugenmerk bei der Plusbaumauswahl lag auf Vitalität und Qualität. Um im Falle von Ausfällen oder Fehlmasten auf eine ausreichende Anzahl an Plusbäumen zurückgreifen zu können, wurden zusätzliche Plusbaumkandidaten kartiert. Die Bäume wurden im Gelände markiert (Abb. 1) und die erfassten Koordinaten in ein Geoinformationssystem eingepflegt.

Insgesamt wurden 100 Plusbäume in den Bundesländern Hessen (15), Niedersachsen (16), Sachsen-Anhalt (14), Schleswig-Holstein (5), Brandenburg (15) und Sachsen (35) ausgewählt. Deren räumliche Verteilung ist in Abbildung 2 dargestellt. Das durchschnittliche Alter der Plusbäume liegt bei 76 Jahren, die durchschnittliche Baumhöhe bei 29 m und der durchschnittliche Brusthöhendurchmesser bei 49 cm.

Abbildung 1: Ausgewählter Plusbaum in Hessen.

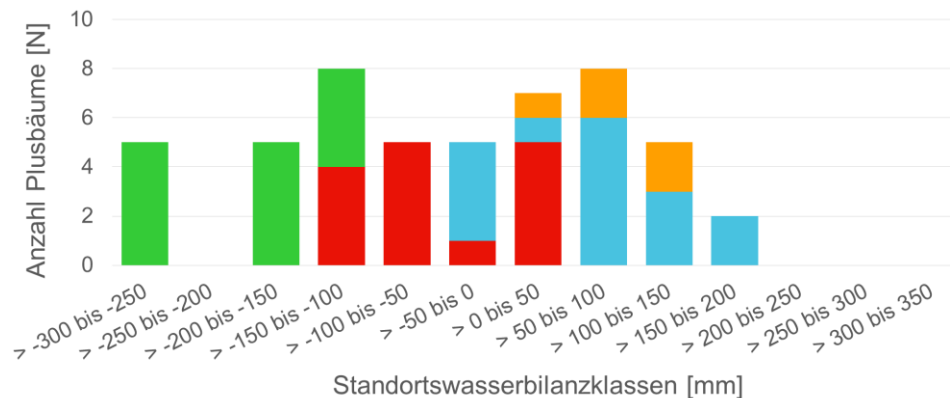
Quelle: NW-FVA (J. WENZEL)

Abbildung 2: Räumliche Verteilung der ausgewählten Plusbäume in den „nördlichen“ Bundesländern des Teilverbundes B.

Quelle: NW-FVA (J. WENZEL, Karte erstellt mit QGIS, Version 3.32.3).

Im Zuständigkeitsbereich der NW-FVA wurden insgesamt 50 Plusbäume ausgewiesen, die annähernd gleichmäßig über die Standortwasserbilanz verteilt sind. 56 % der Plusbäume wurden auf Standorten mit negativer Standortwasserbilanz ausgewiesen (Abb. 3).

Abbildung 3: Verteilung der ausgewählten Plusbäume über die Standortwasserbilanzklassen [mm] (grün = Sachsen-Anhalt, rot = Hessen, blau = Niedersachsen, orange = Schleswig-Holstein).



Quelle: NW-FVA (J. WENZEL).

4 Reiserernte, Vermehrung und Anzucht

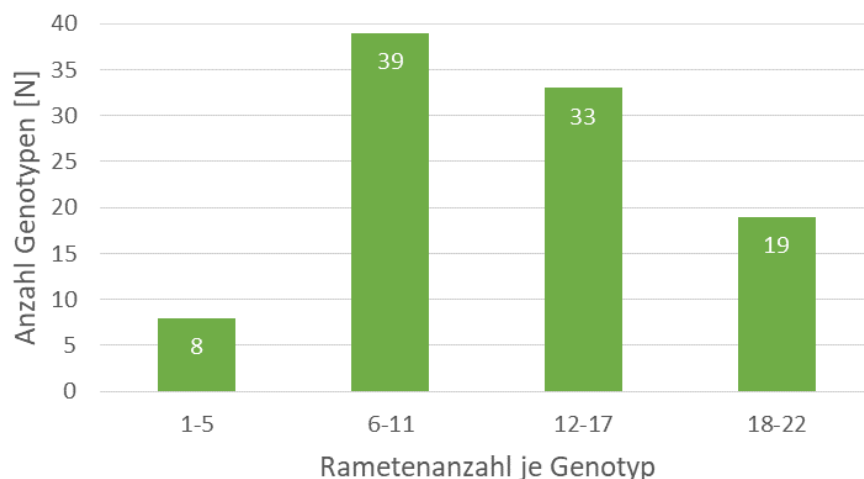
Von den kartierten Plusbäumen wurden aus dem zweijährigen Holz der Lichtkrone Reiser gewonnen. Diese waren ca. 6-8 mm stark und 20 cm lang. Bereits KRAHL-URBAN UND POTT (1955) erzielten beste Pfropfergebnisse mit zwei- bis dreijährigen Reisern dieser Stärkeklasse. Die Reiser wurden bis zur Veredelung im Kühlraum bei 2 °C zwischengelagert. Eine Ausnahme bildeten die vom Staatsbetrieb Sachsenforst geernteten Reiser. Sie wurden direkt nach der Ernte beim SBS in Graupa in nasse Baumwolltücher gewickelt, in Gefrierbeutel verpackt und im gefrorenen Zustand an die NW-FVA versandt. Vor der Veredelung wurden die sächsischen Reiser stufenweise über zwei Tage aufgetaut. Die Pfropfung (Winterveredelung) erfolgte durch hauseigenes Personal der NW-FVA im Februar/März 2023. Als Unterlagen kamen sowohl getopfte als auch wurzelnackte Roteichen zum Einsatz, da die Verfügbarkeit von geeigneten Unterlagen zum Zeitpunkt der Pfropfung eingeschränkt war. Veredelt wurden 22 Reiser je Plusbaum. Je nach Unterlage und Reis wurden verschiedene Veredelungstechniken angewandt, z. B. Kopulation, Geißfuß- oder Spaltveredelung. Im direkten Anschluss an die Pfropfung wurden die Veredelungen in flüssiges Rebwachs getaucht. Die Anzucht der Pfropflinge erfolgte für ein Jahr in Beetkästen (Abb. 4). Im Februar 2024 wurden je Genotyp 5-7 wüchsige Rameten für die Anlage der Pfropflings-Samenplantage ausgewählt. Beim Ausheben der Pflanzen aus den Beetkästen wurden diese gesondert markiert und im Kühlraum zwischengelagert. Die übrigen Pfropflinge wurden im April 2024 ins Freiland verschult.

Abbildung 4: Frisch veredeltes Roteichen-Reis (A), austreibende Roteichen-Pfropflinge im Beetkasten (B).



Quelle: NW-FVA (J. WENZEL).

Abbildung 5: Anzahl der gepfropften Genotypen unterschieden nach Anwuchserfolg bei 22 Veredelungen je Plusbaum (Stand: 05.12.2023).



Quelle: NW-FVA (J. WENZEL).

Im Dezember 2023, etwa zehn Monate nach der Veredelung, lag der Anwuchserfolg bei ca. 55 %. 91 Genotypen wiesen mehr als sechs überlebende Rameten auf. Abbildung 5 zeigt die Anzahl an Genotypen, bei denen zu diesem Zeitpunkt 1-5, 6-11, 12-17 oder 18-22 Rameten vorhanden waren. Ein einziger Genotyp fiel komplett aus. Die Gründe für die unterschiedlichen Anwuchsraten je Genotyp sind vielfältig. Neben der fachgerechten Anwendung unterschiedlicher Veredelungstechniken spielen insbesondere die Qualität der Reiser, die Qualität der Unterlagen sowie Pfropfunverträglichkeiten eine wichtige Rolle (KRAHL-URBAN UND POTT 1955; BENOIT 2009).

Vor der Pfropfung wurde die Qualität der Reiser beurteilt, welche je nach beerntetem Plusbaum sehr unterschiedlich ausfiel. Es erfolgte eine Einteilung in die Kategorien „gut“, „mittel“ und „schlecht“. Gute Reiser zeichneten sich durch einen kräftigen Wuchs, große (End-) Knospen, lange Internodien und wenige Fruchtsätze aus. Reiser mittlerer Qualität waren durch einen schwächeren Wuchs, kleinere Knospen und kürzere Internodien gekennzeichnet. Reiser der Kategorie „schlecht“ wiesen einen sehr schwachen Wuchs, wenige, kleine oder vertrocknete Knospen und deutliche Kurztriebketten auf. Qualitativ gute Reiser zeigten Anwuchserfolge von 65,9 %. Der Anwuchs der mittelmäßigen Reiser lag bei 54,9 %, der Anwuchs der schlechten Reiser bei 46,9 %. Die Unterschiede zwischen den Kategorien sind signifikant ($p < 0,01$; Tukey-Test).

Als Pfropfunterlagen kamen Container- und wurzelnackte Pflanzen zum Einsatz. Reiser, die auf Containerpflanzen gepfropft wurden, wiesen mit 63,2 % höhere Überlebensraten auf. Reiser, die auf wurzelnackte Unterlagen gepfropft wurden, zeigten Überlebensraten von 49,8 %. Der Unterschied ist signifikant ($p < 0,01$; ANOVA). Der schlechtere Anwuchs der wurzelnackten Unterlagen lässt sich durch den starken Wurzelschnitt begründen, dem die Pflanzen vor der Pfropfung unterzogen wurden. Außerdem wies das Wurzelwerk zum Teil trockene oder schimmelige Wurzeln auf, was durch längere Lagerzeiten bis zur Pfropfung bedingt war. Die Containerpflanzen hingegen besaßen ein intaktes, feinwurzelnreiches Wurzelsystem, wodurch das veredelte Reis besser mit Nährstoffen versorgt werden konnte. Ein gut ausgebildetes, kräftiges Wurzelsystem ist für die Veredelung von großer Bedeutung (KRAHL-URBAN UND POTT 1955).

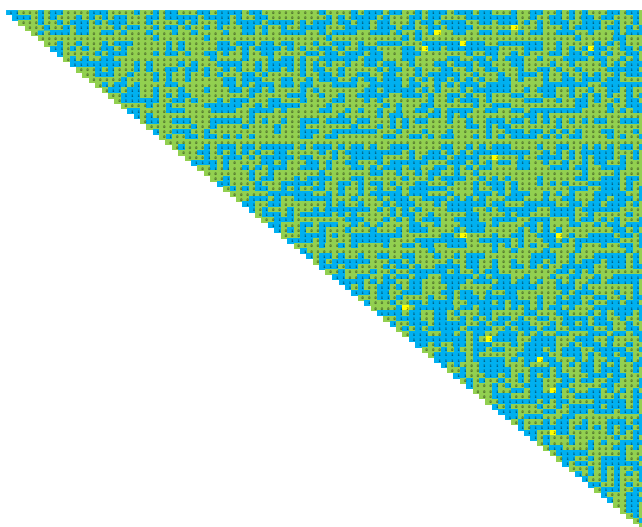
Bei der Veredelung kamen, in Abhängigkeit vom jeweiligen Reis, die Techniken Kopulation, Kopulation mit Gegenzunge, Spaltveredelung und Geißfußveredelung zum Einsatz. Eine Bewertung des Anwuchserfolges bei unterschiedlichen Veredelungstechniken kann aufgrund unzureichender Datengrundlage nur subjektiv erfolgen. Bei Spalt- oder Geißfußveredelung kam es vor, dass das Rebwachs in die Veredelungsstelle eindrang und den vollständigen Anwuchs verhinderte. Gut verwachsene Spalt- oder Geißfußveredelungen machten jedoch einen

äußerst stabilen Eindruck. Im Gegensatz dazu haben sich bei KRAHL-URBAN UND POTT (1955) Spalt- und Geißfußveredelung am wenigsten bewährt. Reiser, die mittels Kopulation veredelt wurden, schienen allgemein am besten anzuwachsen. Dennoch besteht bei dieser Technik die Gefahr, dass das Reis abbricht, sofern die Veredelungsstelle noch nicht vollständig verwachsen ist und das Gummiband zu früh gelöst wird. Wie schon KRAHL-URBAN UND POTT (1955) feststellten, ist der Anwuchserfolg vom Geschick und der Erfahrung des Veredlers abhängig und weniger von der Technik selbst.

5 Anlage der Pflöpfings-Samenplantage

Für die Anlage der Pflöpfings-Samenplantage wurde eine Fläche im Forstamt Oldendorf, Revier Ottenstein in Niedersachsen ausgewählt. Bei der Fläche handelt es sich um eine ehemalige Fichten-Samenplantage. Der Forstliche Standortstyp ist beschrieben als „Frische und vorratsfrische Standorte der Ebenen - Gut mit Nährstoffen versorgt - Lehme, schluffige und tonige Lehme aus basenreichen Silikatgesteinen“. Der Bodentyp ist eine Mittlere Braunerde (NIBIS® KARTENSERVEN 2021). Die zufällige Verteilung der Pflöpfinge wurde im Vorfeld mit dem Optimum Neighborhood Algorithm (ONA) nach CHALOUPOKOVÁ et al. (2016) berechnet. Dabei soll ein Genotyp X mit möglichst vielen verschiedenen Genotypen benachbart sein und nicht neben zwei oder mehr Individuen gleichen Genotyps stehen. Dies fördert die Zufallsverpaarung (Panmixie) zwischen den Genotypen, da davon ausgegangen werden kann, dass der intensivste Pollenaustausch zwischen engen Nachbarn stattfindet (CHALOUPOKOVÁ et al. 2016). Abbildung 6 gibt einen Überblick, wie häufig eine Kombination von zwei Genotypen (Genotyp X und Genotyp Y) auf der Samenplantage vertreten ist. Insgesamt gibt es 5.050 Genotyp-Genotyp-Kombinationen. Aufgrund der begrenzten Anzahl an Rameten gibt es 2.702 Genotyp-Genotyp-Kombinationen, die nicht auf der Fläche vorkommen (grün). 2.335 Genotyp-Genotyp-Kombinationen stehen exakt einmal auf der Fläche. Nur in 13 Fällen kommt es vor, dass eine Kombination aus zwei Genotypen zweimal vorhanden ist (gelb).

Abbildung 6: Verteilung und Häufigkeit von Genotyp-Genotyp-Kombinationen (Nachbarschaften) auf der Pflöpfings-Samenplantage (grün = 0, blau = 1, gelb = 2).



Quelle: NW-FVA (J. WENZEL).

Abbildung 7: Flächenplan der Roteichen-Samenplantage im Forstamt Oldendorf.

Quelle: NW-FVA (J. WENZEL).

Nach dem Abschluss aller notwendigen Vorarbeiten (Mulchen, Pflanzplatzmarkierung, Zaunbau), erfolgte die Anlage der Pflöpfings-Samenplantage im Frühjahr 2024 auf einer Fläche von 2,1 ha. Die reine Pflanzfläche beträgt ca. 1,5 ha. Insgesamt wurden 628 Pflanzplätze in einem 5 x 5 m-Verband angelegt (Abb. 7). Grund für die Wahl dieses weiten Verbandes ist das Ziel einer großen Kronenbildung, einhergehend mit einer häufigen und reichlichen Fruktifikation, sowie eine einfache Beerntbarkeit der Bäume (STEINER 2012). Jeder Pflanzplatz wurde mit einem Robinienpfosten inkl. Pflanzplatznummer sowie einer eindeutig zuordenbaren Klon-Nummer gekennzeichnet. LIESEBACH et al. (2023) und HARDTKE UND STEINER (2019) empfehlen 60-80 Klone für die Neuanlage einer Samenplantage, um eine hohe genetische Diversität und Vielfalt sicherzustellen. Die angelegte Roteichen-Samenplantage besteht aus 100 Genotypen mit jeweils 5-7 Rameten. Bei Bedarf können schlechte Individuen oder Prüflglieder zu einem späteren Zeitpunkt entfernt werden, ohne die Diversität auf der Fläche zu verringern. Insgesamt sind 628 Roteichen-Pflöpfinge aus sechs Bundesländern auf der Samenplantage vertreten. Durch die hohe Anzahl an Genotypen unterschiedlicher Herkunft sowie deren zufällige Verteilung ist mit einer hohen genetischen Vielfalt und damit einhergehend mit einer hohen Anpassungsfähigkeit des Saatgutes gegenüber dem Klimawandel zu rechnen (PAUL UND LAU 2022).

6 Ausblick

Zukünftig ist die Zulassung der Pflöpfings-Samenplantage nach Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) in der Kategorie „Qualifiziert“ geplant. Die Zulassung ist nur möglich, wenn bestimmte Mindestkriterien erfüllt werden. Dazu gehören laut den Empfehlungen des gemeinsamen Gutachterausschusses (gGA) der Länder (BUNDESANSTALT FÜR LANDWIRTSCHAFT UND ERNÄHRUNG 2024) u. a. die Entfernung (ca. 400 m) zu phänotypisch schlechten Beständen derselben Art, die Identifizierbarkeit der Klone und eine Anordnung der Komponenten, die einen höchstmöglichen Anteil an gegenseitiger Bestäubung gewährleistet. Die Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung (FoVZV) gibt eine Mindestanzahl von 40 Komponenten vor. Bei der angelegten Roteichen-Samenplantage sind diese Voraussetzungen erfüllt, so dass eine Zulassung sehr wahrscheinlich ist. Mit einer ersten ausreichenden Fruktifikation ist bei Roteichen-Pflöpfingen nach etwa 15 Jahren zu rechnen (STEINER 2012). Ab diesem Zeitpunkt kann hochwertiges Roteichensaatgut zur Verfügung gestellt werden.

Projektförderung

Das Vorhaben wird im Rahmen des Verbundprojekts RubraSelect aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages aus Mitteln der Bundesministerien für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) und für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz (BMUV) durch die Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR) im Rahmen der Förderrichtlinie des Waldklimafonds gefördert (Fkz.: 2220WK03E4).

Literatur

- BENOIT D (2009): Clonal Oak Propagation by Grafting. International Oak Journal No. 20: 7-12.
- BUNDESANSTALT FÜR LANDWIRTSCHAFT UND ERNÄHRUNG (2019): Übersicht über zugelassenes Ausgangsmaterial für forstliches Vermehrungsgut in der Bundesrepublik Deutschland, Stand: 01.07.2022, https://www.ble.de/SharedDocs/Downloads/DE/Wald-Holz/Zugelassenes-Ausgangsmaterial.pdf?__blob=publicationFileundv=3 (abgerufen am 01.10.2024)
- BUNDESANSTALT FÜR LANDWIRTSCHAFT UND ERNÄHRUNG (2024): Forstvermehrungsgutrecht: Empfehlungen des gemeinsamen Gutachterausschusses (gGA) der Länder für dessen Umsetzung. https://www.ble.de/SharedDocs/Downloads/DE/Landwirtschaft/Saat-und-Planzgut/Empfehlungen.pdf;jsessionid=CAFF2E9A4BB06B62D89F3E9F36873E3F.internet962?__blob=publicationFileundv=6 (abgerufen am 18.10.2024)
- CHALOUPKOVÁ K, STEJSKAL J, EL-KASSABY YA, LSTIBŮREK M (2016): Optimum neighborhood seed orchard design. Tree Genetics und Genomes, Volume 12 (105), 7 S.
- HARDTKE A, STEINER W (2019): Eichenplusbäume und deren Verwendung. Thünen Report 76: 9-22.
- HÖLTKEN AM, STEINER W (2021): Genetische Ressourcen der Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) in Nordwestdeutschland: Erkenntnisse aus 15 Jahren Inventur. Allgemeine Forst- und Jagdzeitung 192: 159–172.
- KRAHL-URBAN J, POTT H (1955): Erfahrungen bei Eichen- und Buchenpflanzungen. Zeitschrift für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung 4: 58-64.
- LIESEBACH H, LIEPE KJ, BÄUCKER C (2023): Neue Samenplantagen für Deutschland – Empfehlungen auf Basis internationaler Erkenntnisse. Thünen Report 105: 278-285.
- NAGEL R-V (2018): Die Roteiche in Norddeutschland – Ergebnisse von Versuchsflächen der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt in Niedersachsen, Schleswig-Holstein und Sachsen-Anhalt. In GESELLSCHAFT ZUR FÖRDERUNG SCHNELLWACHSENDER BAUMARTEN IN NORDDEUTSCHLAND E.V. (Hrsg.), Mitteilungen, Heft 5/2018, 16 S.
- NIBIS® KARTENSERVEN (2021): Allgemeine Bodenkarten. Landesamt für Bergbau, Energie und Geologie (LBEG), Hannover, <https://nibis.lbeg.de/cardomap3/?TH=510> (abgerufen am 11.10.2024)
- NICOLESCU V-N, VOR T, MASON WL, BASTIEN J-C, BRUS R, HENIN J-M, KUPKA I, LAVNYY V, LA PORTA N, MOHREN F, PETKOVA K, RÉDEI K, ŠTEFANČIK I, WAŚIK R, PERIĆ S, HERNEA C (2020): Ecology and management of northern red oak (*Quercus rubra* L. syn. *Q. borealis* F. Michx.) in Europe - a review. Forestry: An International Journal of Forest Research, 93 (4): 481-494.
- PAUL, M., LAU, M. (2022): Forstliche Samenplantagen. ImDialog 18 (2): 10–11.
- ROLOFF A (2016): Wie verläuft der Alterungsprozess bei Bäumen - und welche Folgen hat das für die Vitalitäts-Interpretation? ProBaum (3): 2-6.
- SCHIRMER R (2014): Neuer Züchtungsansatz zur Anlage leistungsfähiger Saatguterntebestände von Roteiche. Bayrische Landesanstalt für Wald- und Forstwirtschaft (LWF), Heft 74 - Forstgenetik, Forstgenressourcen und Forstvermehrungsgut: 74-77.
- STEINER W (2012): Hochwertiges Vermehrungsgut durch züchterische Verbesserung - Ein Vergleich verschiedener Möglichkeiten am Beispiel der Roteiche (*Quercus rubra* L.). Forstarchiv 83 (2): 85-92.

Autorinnen und Autoren

JULIA WENZEL, MIRIAM WATERMEIER, MARTHA TÖPPE, WILFRIED STEINER, MARTIN HOFMANN

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

Kontakt: julia.wenzel@nw-fva.de, martin.hofmann@nw-fva.de

EVA ARDAO RIVERA, SILVIJA BILELA-ECKERT, ALEXANDER BRAUN, JÖRN ERBACHER, JÖRG KLEINSCHMIT, CHARALAMBOS
NEOPHYTOU

Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Waldnaturschutz, Waldgenetik und
forstliches Vermehrungsgut, Wonnhaldestraße 4, 79100 Freiburg i. Br.

FRANK BECKER, RALF KÄTZEL, SONJA LÖFFLER†

Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Fachbereich Waldökologie und Monitoring, 16225 Eberswalde,
Alfred-Möller-Str. 1

MARIE BRÜCKNER, MATTHIAS MEYER, DORIT RIEDEL, UTE TRÖBER

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

Phänotypisierung und Differenzierung von Plusbäumen der Rot-Eiche

RALF KÄTZEL, FRANK BECKER, ERIC FRANK, HENRIETTE HÄUSER, JULIA BING, SONJA LÖFFLER†

Zusammenfassung

Im Rahmen des Verbundprojektes RubraSelect (Waldklimafonds FKZ: TV6 2220WK03F4) wurden in den Jahren 2022 und 2023 insgesamt 314 vorausgewählte Plusbäume von 107 Saatguterntebeständen der Rot-Eiche in sieben Bundesländern visuell bonitiert (Kronenverlichtung, Totholzanteil und Wasserreiser in Krone und Stamm, Fraßschäden an Blättern) und biochemische Profile auf der Grundlage von Blattanalysen erstellt. Ziel der Untersuchungen war es u.a. die Vitalität und Klimaangepasstheit von Plusbäumen zu bewerten und für die Anlage von Nachkommenschaftsprüfungen zu selektieren.

Trotz der überwiegend herausragenden Wuchsleistung der Plusbäume in der Vergangenheit, wiesen die Kronen in den beiden Aufnahmejahren teilweise erhebliche Blattverluste auf, die häufig auf Fraßereignisse durch Insekten zurückgingen.

Die untersuchten biochemischen Blattinhaltsstoffe (Chlorophylle, Carotinoide, lösliche Kohlenhydrate, Stärke, Ascorbat, GABA, Proteine, Aminosäuren, phenolische Komponenten, u.a.) und die daraus abgeleiteten biochemischen Profile wurden einzelbaumweise für jedes Untersuchungsjahr bewertet. Insbesondere der Trockensommer 2022 (n=202 Einzelbäume) ermöglichte eine Differenzierung nach Standorten/Bundesländern. So ließen sich alle Plusbäume in vier unterschiedliche physiologische Cluster (Biomarkermuster) unterteilen, die mit unterschiedlicher Häufigkeit im Bundesgebiet auftraten.

Neben den Biomarkermustern bot die Berechnung eines Biochemischen Vitalitätsindex (BVI) eine zusätzliche Möglichkeit für die Phänotypisierung der Plusbäume. Voraussetzung hierfür war die Ableitung von baumartenspezifischen Referenzwerten für jeden Biomarker.

Auf der Grundlage der jeweiligen Biomarkermuster, der BVI-Werte und der visuellen Baumbonitur war es möglich, die Bäume hinsichtlich ihrer Vitalität zu bewerten.

Abstract

Phenotyping and differentiation of red oak plus trees

Within the framework of the collaborative project RubraSelect (Forest Climate Fund, FKZ: TV6 2220WK03F4), a total of 314 preselected plus trees from 108 seed harvest stands of red oak in seven federal states were visually assessed in 2022 and 2023. The evaluation included crown defoliation, deadwood proportion, epicormic shoots in the crown and trunk, and leaf damage due to insect feeding. Additionally, biochemical profiles based on leaf analyses were established. The aim of these investigations was, among other things, to evaluate the vitality and climate adaptability of the plus trees and to select them for the establishment of progeny trials.

Despite the predominantly outstanding growth performance of the plus trees in the past, in some cases the crowns showed substantial leaf loss during the two survey years, often attributable to feeding events.

The biochemical leaf compounds analyzed (including chlorophylls, carotenoids, soluble carbohydrates, starch, ascorbate, GABA, proteins, amino acids, phenolic components) and the derived biochemical profiles were evaluated on a per-tree basis for each survey year. The extreme drought during the summer of 2022 (n=202 individual trees) particularly allowed differentiation by location and federal state. All plus trees could be categorized into four distinct physiological clusters (biomarker patterns) with varying frequencies across the federal territory.

In addition to the biomarker patterns, calculating a Biochemical Vitality Index (BVI) provided an additional method for phenotyping the plus trees. This required the derivation of species-specific reference values for each biomarker.

Based on the respective biomarker patterns, BVI values, and visual tree assessments, it was possible to evaluate the vitality of the trees.

1 Einführung

Die Rot-Eiche (*Quercus rubra* L.) gehört seit vielen Jahrzehnten zu den am besten untersuchten Eichenarten weltweit. Dies gilt insbesondere für ihre Wuchsleistung, Holzeigenschaften, Verwendung im Wald- und Stadtbereich, ihre Einwanderungsgeschichte sowie einige dendroökologische Besonderheiten. Die beiden forstlichen Standardmonografien „Die Rot-Eiche“ (BAUER 1953) und „Die Rot-Eiche und ihr Holz“ (GÖHRE und WAGENKNECHT 1955) haben nahezu nichts an ihrer Aktualität verloren. Eine Reihe jüngerer, deutschsprachiger Arbeiten, z. B. „Die Rot-Eiche in Norddeutschland“ (NAGEL 2018) ergänzen das umfangreiche Wissen zu den o.g. Themenbereichen (s. u.a. STRATMANN und WARTH 1987, LOCKOW 2002, STÄHR und PETERS 2004, VOR und LÜPKE 2004, KLEMMT et al. 2013).

Zu ihrer über 300jährigen, erfolgreichen Einwanderungsgeschichte haben vor allem ihre hohe Standortplastizität, die geringen Nährstoffansprüche, ihre überlegene Wuchsleistung, gute Astreinigung sowie ihre hohe Ausschlagfähigkeit und Wurzelenergie beigetragen (NAGEL 2018). Im Ergebnis der zahlreichen Anbauversuche mit fremdländischen Baumarten, gehört sie zu den wenigen Laubbaumarten, die übereinstimmend als anbauwürdig für Deutschland empfohlen werden (u. a. SCHWAPPACH 1891, LOCKOW 2002).

Nach den Untersuchungen zum genetischen Ursprung der nach Deutschland eingeführten Herkünfte stammte das Saatgut vor allem aus den großen Regionen in der Nähe der großen Seen (PETTENKOFER et al. 2019, KÄTZEL et al. 2020) mit durchschnittlichen Jahresniederschlägen von 830-1060 mm (Average Annual Precipitation by USA State - Current Results). Dies wirft die Frage auf, (1) ob die Roteichenbestände in Deutschland der klimawandelbedingten Trockenheit (angesichts teilweise geringerer Sommerniederschläge) widerstehen können und (2) ob innerhalb der 300-jährigen Etablierung bereits Selektionsprozesse in Richtung trockentoleranter Einzelbäume nachweisbar sind. Da Selektionsereignisse zunächst die phänotypische Plastizität „prüfen“, die die Anpassung an Extremereignisse ermöglicht, sollen diese im Vordergrund der nachfolgenden Ausführungen stehen.

2 Forschungsansatz und Zielstellung

Die Phänotypisierung der Plusbäume im Rahmen des Forschungsprojektes „RubraSelect“ erfolgte mit dem übergeordneten Ziel, ein Züchtungsprogramm zu initiieren, das die Grundlage für die zukünftige Versorgung des Marktes mit hochwertigem und gleichzeitig klimaangepasstem Vermehrungsgut der Rot-Eiche bereitstellt. Vor diesem Hintergrund sollten die besten Plusbäume in vorausgewählten Saatguterntebeständen aus sieben Bundesländern nach physiologischen Vitalitätskriterien untersucht und bewertet werden.

Durch die Forstlichen Versuchsanstalten der Bundesländer wurden aus 107 Saatguterntebeständen 314 Plusbäume vorausgewählt (WENZEL et al. 2025), von denen jeweils im Juli der Jahre 2022 (201 Bäume) und 2023 (113 Bäume) Blattproben aus dem oberen Kronendrittel der Lichtkrone per Schrottschuss gewonnen wurden. Die unmittelbar in Trockeneis eingefrorenen Blätter wurden anschließend im Labor hinsichtlich wichtiger Blattinhaltsstoffe des Energie-, Primär- und Sekundärstoffwechsels analysiert.

Die gehölzphysiologischen Untersuchungen sollten dazu beitragen, (1) ggf. phänotypische regionale Unterschiede hinsichtlich der Konstellation von biochemischen Blattinhaltsstoffen (Biomarkermuster) zu identifizieren und (2) Einzelbäume hinsichtlich der physiologischen Vitalität zu bewerten. Hierfür war es zunächst notwendig, bezüglich der einzelnen Inhaltsstoffe Referenzbereiche für vitale Rot-Eichen zu definieren, um eine Über- bzw. Unterschreitung der Werte (Schwellenbereiche, Grenzwerte) feststellen zu können. Auf der Grundlage dieser Referenzbereiche wurden Biochemische Vitalitätsindices (BVI, ähnlich Wild et al., 1996) berechnet.

Die Ergebnisse wurden im Jahr 2023 zusätzlich in den Kontext des äußerlich bonitierten Vitalitätszustandes (Kronenverlichtung, Totholzanteil und Wasserreiser am Stamm und Krone) und der fraßbedingten Blattschäden gestellt.

Auf Grund der sommerlichen Trockenphase im Jahre 2022 konnten die Bäume auch hinsichtlich ihrer Trockenstressreaktion bewertet werden.

3 Methoden

3.1 Visuelle Vitalitätsbonitur

Für die visuelle Vitalitätsbonitur der Bäume wurde die Kronenverlichtung (% Blattverlust), der Anteil der Wasserreiser am Stamm und der Totholzanteil der Krone eingeschätzt und in Bewertungsziffern übertragen (Tabellen 1 und 2). Die bei der Probennahe entnommenen Blätter wurden hinsichtlich des Auftretens von Fraßschäden bonitiert (Tabelle 3).

Tabelle 1: Bewertungsschlüssel für die Ansprache des Blattverlustes nach WZE-Stufen.

WZE-Stufe	Blattverlust (%)
0	<10%
1	10-20
2	30-40
3	>40

Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

Tabelle 2: Bewertungsschlüssel für das Vorkommen von Wasserreisern und Totholz (Äste > 3 cm) in der Krone.

Bewertungsstufe	Wasserreiser am Stamm	Totholz in der Krone
0	keine	nicht vorhanden
1	wenige	wenige Zweige
2	viele	starke Äste, hoher Anteil

Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

Tabelle 3: Bewertungsschlüssel für die Bonitur von Fraßschäden an den Blättern.

Bewertungsstufe	Beschreibung
0	keine Fraßspuren erkennbar
1	wenige Fraßspuren an den Rändern weniger Blätter (< 50%)
2	Die Mehrzahl der Blätter sind mehr oder weniger stark geschädigt (>50 %)

Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

3.2 Blattprobennahme

Die Blattprobennahme erfolgte per Schrotschuss aus der oberen Kronenperipherie. Je nach Blattgröße wurden 6-10 repräsentative Blätter der abgeschossenen Zweige in zwei 10 ml Probenröhrchen gerollt und sofort in Trockeneis eingefroren.

3.3 Blattparameter

Die Blattfläche, -länge und -breite wurde mit einem Blattscanner und der WINfolia-Software erfasst. Der Blattwassergehalt wurde mit einem Moistureanalyser (Sartorius MA30) aus der Differenz von Frisch- und Trockenmasse (Trocknung bei 110 °C) ermittelt. Pro Baum wurden 10 Blätter gemessen und gemittelt.

3.4 Biochem. Analytik

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

3.5 Probenaufbereitung

Die Blattproben wurden im Labor für drei Minuten in flüssigem Stickstoff bei -196 °C schockgefroren. Anschließend wurde das Material mit Hilfe einer Laborschwingmühle (MM 2000, Fa. Retsch) für drei Minuten bei 20.000 rpm zu feinem Pulver zermahlen. Um einem möglichen Abbau wasserlöslicher Inhaltsstoffe vorzubeugen, wurde das Pulver für 4-5 Tage lyophilisiert (LYOVAC GT 2E) und über den gesamten Zeitraum vor Licht geschützt.

3.6 Methanolische Extraktion

Für die Analyse löslicher Kohlenhydrate, Stärke und phenolischer Inhaltsstoffe wurden lyophilisierte Proben (30 mg) viermal mit je 1,0 ml 50 % Methanol (20 min, 60 °C, 14.000 rpm) extrahiert und zentrifugiert (15.000 rpm, 5 min). Der gefilterte Überstand wurde kombiniert, das Volumen bestimmt und bei -80 °C gelagert. Der Rückstand wurde für die Stärkebestimmung luftgetrocknet.

3.7 Lösliche Stärke

Die methanolischen Extraktionsrückstände wurden mit HCl konz. und DMSO behandelt, bei 60 °C für 60 min geschüttelt und zentrifugiert (15.000 rpm, 5 min). Der Überstand wurde mit Citratpuffer (pH 11) und Lösung 1 des Stärke-Kits (Enzym. BioAnalysis Stärke, Artikel-Nr. 10207748035, Fa. R-Biopharm AG) versetzt, bei 57 °C für 30 min geschüttelt und erneut zentrifugiert. Zur Bestimmung der Stärkekonzentration wurden 100 µl des Überstands mit Reinstwasser und Lösung 2 (Stärke-Kit) versetzt, die Extinktion bei 340 nm gemessen, dann Lösung 3 (Stärke-Kit) zugegeben und erneut gemessen.

3.8 Kohlenhydrate (nach KLEBER et al. 1987)

Zur Bestimmung der Glukose-Äquivalente wurde der methanolische Extrakt mit Ethanol und Anthron-Reagenz versetzt, 10 min bei 98 °C inkubiert, abgekühlt und bei 620 nm im Spektralphotometer gemessen. Die Eichkurve basierte auf einer Glukose-Stammlösung.

3.9 Chlorophylle und Carotinoide (nach LICHTENTHALER 1987)

10 mg Lyophilisat wurden mit Glasperlen und Ethanol (95 %) homogenisiert (4 min, 20.000 rpm), zentrifugiert (15.000 rpm, 5 min) und der Überstand spektralphotometrisch bei 470, 649, 664 und 750 nm gemessen. Doppelbestimmungen wurden durchgeführt; bei Abweichungen über 5 % erfolgte eine dritte Analyse.

3.10 Proteine (modifiziert nach BRADFORD 1976 und WILD et al. 1996)

8 mg Lyophilisat wurden mit Kalium-Phosphatpuffer (pH 7,0) und PVP-25 gemischt, 10 min geschüttelt, zentrifugiert (15.000 rpm, 10 min). 50 µl Überstand wurden mit verdünnter Roti-Quant-Lösung versetzt, und die Extinktion bei 595 nm gemessen. Die Kalibrierung erfolgte mit BSA-Standards.

3.11 Ascorbat (modifiziert nach OKAMURA 1980, SCHMIEDEN 1994)

40 mg Lyophilisat wurden mit Polyclar in Sulfosalicylsäure extrahiert (25 min, Schüttler, 4 °C), zentrifugiert und neutralisiert. Nach Zugabe der Reagenzien erfolgte eine 60-min Inkubation bei 37 °C, und die Extinktion wurde bei 525 nm photometrisch gemessen. Die Kalibrierung erfolgte mit Ascorbat.

3.12 Aminosäuren

25 mg Lyophilisat wurden mit Probenpuffer und Norleucin als internen Standard behandelt, geschüttelt, zentrifugiert und durch Zentrifugalfilter gereinigt. Die Analyse erfolgte mit einem Aminosäureanalysator (Aracus advanced, Fa. Aracus) unter Verwendung eines Lithium-Puffersystems, wobei Aminosäuren bei 570 und 440 nm detektiert wurden.

3.13 Gesamtphenolische Inhaltsstoffe (GPh, Folionpositive Verbindungen)

Folin-positive Verbindungen (modifiziert nach SCHOPF 1986)

100 µl methanolischer Extrakt wurden mit Wasser, Na₂CO₃-Lösung und Folin-Ciocalteus-Reagenz gemischt, 10 min bei 60 °C inkubiert und bei 750 nm gemessen. Eine Kalibrierung erfolgte mit Catechin-Stammlösung.

Vanillin-positive Verbindungen (modifiziert nach BROADHURST und JONES 1978)

100 µl methanolischer Extrakt wurden mit Vanillin in Methanol und HCl gemischt, 10 min bei 30 °C inkubiert und bei 500 nm photometrisch gemessen. Die Kalibrierung erfolgte mit Catechin-Stammlösung.

ortho-Dihydroxyphenole (modifiziert nach ARNOW 1937)

100 µl methanolischer Extrakt wurden mit HCl, Arnow-Reagenz und NaOH gemischt und bei 520 nm gemessen. Die Kalibrierung erfolgte mit Chlorogensäure-Lösungen.

Procyanidine (PC, modifiziert nach SWAIN und HILLIS 1959, STAFFORD und CHENG 1980)

200 µl methanolischer Extrakt wurden getrocknet, mit HCl in n-Butanol gelöst, 30 min bei 95 °C inkubiert und bei 550 nm gemessen. Die Kalibrierung erfolgte mit Cyanidinchloridlösung.

Die Fraßprädisposition der Blätter kann auch durch den Konjugationsgrad der phenolischen Inhaltsstoffe beeinflusst werden. Deshalb wurde der Quotient der gesamtphenolischen Verbindungen zu den Procyanidinen nach SCHOPF (1986) bestimmt: $QPH1 = GPh * E280 / PC$. Der Wert E280 entspricht der spektralen Absorption des methanolischen Extraktes bei 280 nm.

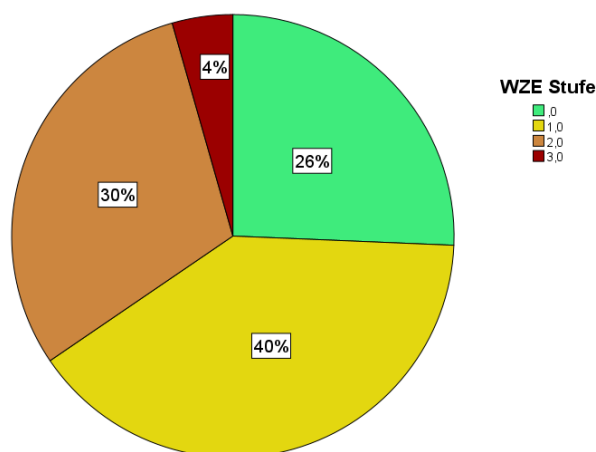
4 Ergebnisse

4.1 Vitalitätszustand der Plusbäume

Bereits bei der Probennahme im Jahre 2022 fiel auf, dass die vorausgewählten geradschäftigen, wuchsstarken Plusbäume unterschiedliche Kronenverlichtungsgrade, teilweise abgestorbene Äste unterschiedlicher Durchmesser sowie Wasserreiser entlang des Stammes aufwiesen. Die Kronenarchitektur mit langen, unverzweigten Ästen schloss die Anwendung des WZE-Boniturschlüssels für die heimischen Eichenarten aus.

Danach waren nur 26 % der 113 Plusbäume im Jahre 2023 (nahezu) voll belaubt (WZE-Stufe: 0). Rot-Eichen mit intensiver Belaubung wurden vor allem in Brandenburg (60 %), Sachsen und Baden-Württemberg (jeweils 20 %) angetroffen. Blattverluste bis zu 25 % (WZE-Stufe: 1) waren bei 40 % der Bäume zu beobachten, deren Anteile sich über alle Bundesländer verteilten. Blattverluste mit mehr als 40 % wurden allerdings nur bei wenigen Bäumen beobachtet, die alle in Baden-Württemberg standen (Abb. 1).

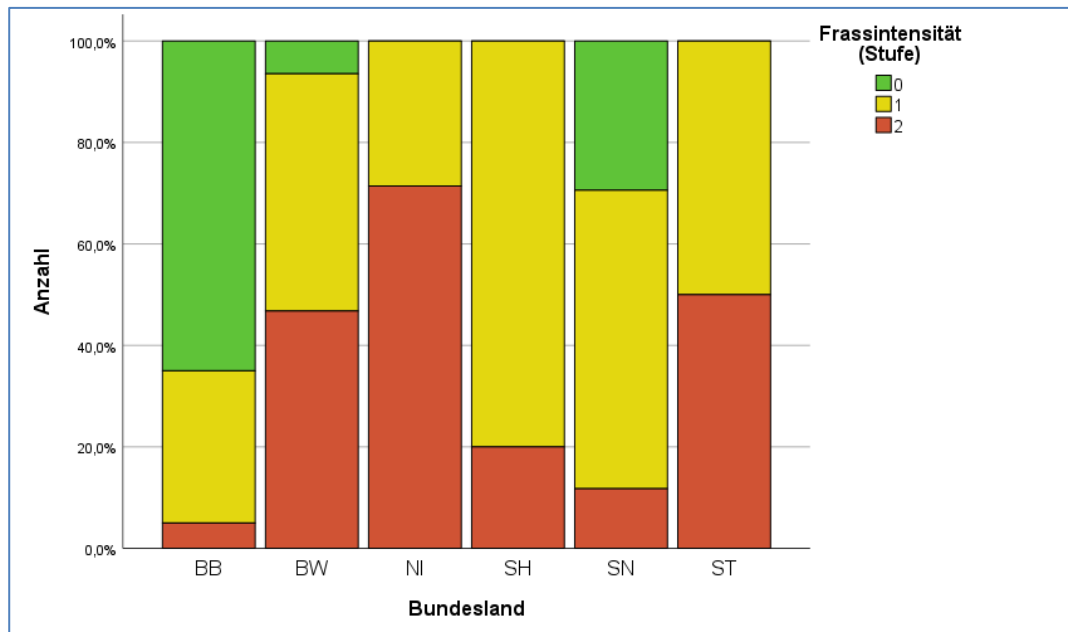
Abbildung 1: Prozentuale Anteile an einzelnen Kronenverlichtungsstufen (WZE-Stufe) bei der Probennahme der 103 Rot-Eichen im Jahr 2023.



Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

Die Ursachen der Kronenverlichtung waren vor allem auf einen starken Blattfraß zurückzuführen. Der höchste Anteil stark befressener Blätter (Intensitätsstufe 2) wurde bei Rot-Eichen in Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Baden-Württemberg beobachtet, während in Brandenburg und Sachsen noch vergleichsweise viele Bäume ohne oder nur mit geringem Blattfraß beobachtet wurden (Abb. 2).

Abbildung 2: Prozentuale Anteile an fraßbedingten Blattschäden bei der Probennahme der 103 Rot-Eichen im Jahr 2023 differenziert nach Bundesländern.



Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

Die Rot-Eiche gilt als stark phototrophe Mischbaumart, die Bestandslücken und Lichtschächte gut ausnutzen kann. Fehlt die ausbalancierte Blattmasse (resp. Blattfläche) in der Krone, so können sich mit unterschiedlicher Intensität Wasserreiser entlang des Stammes ausbilden. Rot-Eichen mit besonders vielen Wasserreisern wurden in Brandenburg und Sachsen-Anhalt beobachtet, während in Niedersachsen und Schleswig-Holstein nur wenige Wasserreiser auftraten (Abb. 3).

Abbildung 3: Prozentuale Anteile an Wasserreisern nach Intensitätsstufen bei der Probennahme der 103 Rot-Eichen im Jahr 2023 differenziert nach Bundesländern.



Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

4.2 Biochemische Referenzbereiche der Rot-Eiche

Generell unterliegen (bio-)chemische Pflanzeninhaltsstoffe einer gewissen Variabilität, die vielfältige Ursachen haben kann. Um die Gehalte der Blattinhaltsstoffe besser bewerten zu können, bieten Referenzbereiche für gesunde Bäume eine Orientierung. Da für die untersuchten Parameter bisher keine Referenzbereiche für die Rot-Eiche bekannt sind, wurde hierfür ein erster Vorschlag erarbeitet, der nach Vorlage größerer Stichproben und längeren Zeitreihen weiter qualifiziert werden muss. Auf Grund der saisonalen Variabilität der Inhaltsstoffe gelten die vorgeschlagenen Referenzbereiche für die Monate Juli und August. Die bisherige Datengrundlage bilden 81 visuell hochvitale Bäume (WZE=0) des „Rubra-Select“-Datensatzes sowie aus Voruntersuchungen von Saatgutbeständen des Landes Brandenburg seit 2020. Einige wenige Datensätze, bei denen bereits witterungsbedingte Abweichungen (z. B. Prolin nach der Trockenperiode 2022) offensichtlich waren, wurden nicht berücksichtigt. Die Referenz- und Schwellenbereichen wurden auf der Grundlage der Mittelwerte (MW) und Standardabweichungen (s) der Blattinhaltsstoffe ermittelt. Für die Osmolalität, den Gehalt an Ascorbat und Prolin sind untere Referenzwerte wenig sinnvoll, da hier nur der stressbedingte Anstieg der Werte über einen bestimmten Schwellenwert hinaus von physiologischer Bedeutung ist (Tab. 4).

Tabelle 4: Untere und obere Schwellen- bzw. Grenzwerte für ausgewählte Blattinhaltsstoffe der Rot-Eiche (Datenbasis: n=81 Bäume der WZE-Stufe 0).

	Grenzwert unten	Schwellenwert unten	Schwellenwert oben	Grenzwert oben
Berechnung	MW-1	MW-0,5s	MW+0,5s	MW+1s
Bewertungsziffer für BVI	2	1	1	2
Wassergehalt [%]	52,0	52,9	54,8	55,7
Osmolalität [osmol/kg H ₂ O]			1,06	1,11
Chlorophyll (gesamt) [mg/g TM]	3,0	3,7	5,2	5,9
Carotinoide (gesamt) [mg/g TM]	0,56	0,65	0,82	0,91
Chlorophyll/Carotinoid -Verhältnis	5,29	5,63	6,31	6,66
Chl a/b- Verhältnis	2,36	2,49	2,73	2,85
Lösl. Kohlenhydrate [mg/g TM]	80,4	86,8	99,5	105,8
Stärke [mg/gTM]	18,2	25,7	40,7	48,2
Ascorbat (gesamt) [mg/g TM]			4,7	5,1
Folin pos. Verbindungen [μmol/g TM]	159	177	214	232
Vanillin.pos. Verbindungen [μmol/g TM]	36,5	53,9	88,8	106,2
Procyanidine [μmol/g TM]	29,5	48,1	85,4	104,0
o-di Hydrox.-Phenole [μmol/g TM]	81,6	102,9	145,4	166,6
GABA	0,30	0,38	0,54	0,62
Lösliche Aminosäuren gesamt	9,3	10,4	12,6	13,8
Prolin [% Anteil Aminosäuren (gesamt)]			6,1	7,1

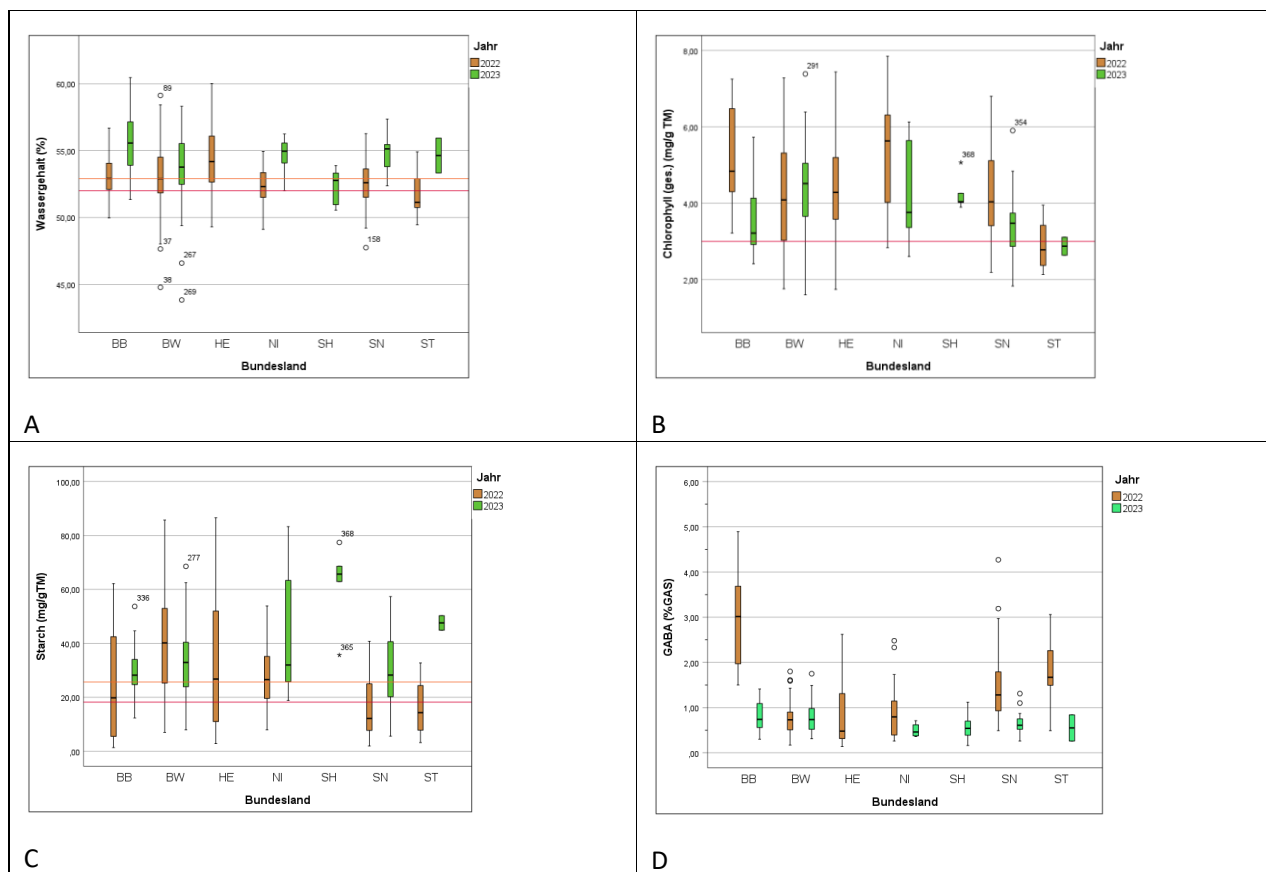
Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

4.3 Differenzierung der Blattinhaltsstoffe nach Bundesländern

Anhaltspunkte für die räumliche und standörtliche Differenzierung der Rot-Eichenbestände in Deutschland zeigten bereits die Gehalte an einzelnen Biomarkern differenziert nach Bundesländern, wobei zu berücksichtigen ist, dass die Stichprobengrößen zwischen den Bundesländern und den Untersuchungsjahren verschieden waren.

Zunächst fiel auf, dass die prozentualen *Blattwassergehalte* (bezogen auf das Blattfrischgewicht) im Trockensommer 2022 bei den Bäumen in allen Bundesländern signifikant geringer ausfielen als im Sommer 2023. Die Median-/Mittelwerte des Blattwassergehaltes lagen auf den Flächen in Sachsen-Anhalt (11 Bestände) unterhalb des unteren kritischen *Grenzbereichs*. Innerhalb des unteren *Schwellenbereichs* lagen die Medianwerte für Niedersachsen und Sachsen. Die höchsten Blattwassergehalte wurden bei den Bäumen in Hessen gemessen, gefolgt von Brandenburg und Baden-Württemberg. Im niederschlagsreichen Sommer des Jahres 2023 lagen mit Ausnahme der Bäume in Schleswig-Holstein alle Medianwerte innerhalb des Referenzbereichs (Abb. 5A).

Abbildung 5: Gehalte an ausgewählten Blattinhaltsstoffen (A=Blattwassergehalt, B=Chlorophyll, C=Stärke, D=GABA) in beiden Untersuchungsjahren (2022, 2023) differenziert nach Bundesländern.



Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

Die *Chlorophyllgehalte* der Blätter waren in den Bundesländern Brandenburg, Niedersachsen und Sachsen-Anhalt im Jahr 2022 höher als in 2023 und lagen innerhalb des Referenzbereichs. In beiden Untersuchungsjahren fielen die geringen Chlorophyllgehalte bei den Bäumen in Sachsen-Anhalt auf. Aber auch in Brandenburg und Sachsen lagen die Medianwerte im Sommer 2023 im unteren Schwellenbereich (Abb. 5B).

Die *Stärkegehalte* der Blätter sind unter Stressbedingungen häufig reduziert. Außer in Baden-Württemberg fielen die Stärkegehalte (mit großen Streuungen) im Jahre 2022 deutlich geringer aus als im Jahr 2023 und lagen

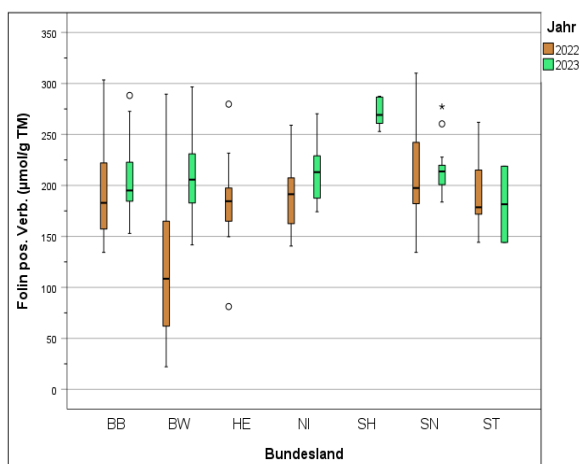
unterhalb der unteren Grenzwerte (Sachsen, Sachsen-Anhalt), bzw. Schwellenwerte (Brandenburg, Hessen) (Abb. 5C).

Ebenso sind die Gehalte an γ -Aminobuttersäure (GABA) unter Stressbedingungen erhöht. Ein Anstieg von GABA wurde insbesondere im Trockenjahr 2022 bei den Rot-Eichen aus Brandenburg, Sachsen-Anhalt und Sachsen festgestellt (Abb. 5D).

Eine Sonderstellung bei der Bewertung von Blattinhaltsstoffen nehmen die unterschiedlichen Gruppen der Phenole ein. Auffällig waren die geringen Gesamtgehalte an phenolischen Inhaltsstoffen (Folin-positive Verbindungen) im Jahr 2022 bei den Rot-Eichen aus Baden-Württemberg und die hohen Gehalte der fünf Plusbäume aus Schleswig-Holstein im Jahr 2023 (Abb. 6).

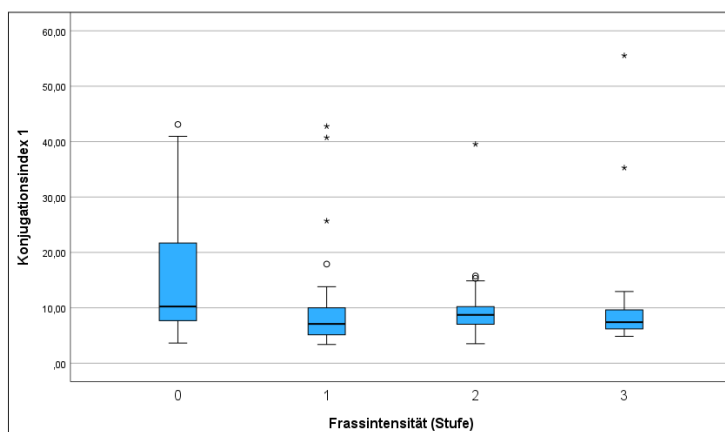
Da der Konjugationsgrad der Phenole (Verhältnis der kondensierten Tannine zu den folinpositiven Verbindungen) die Befallsdisposition von blattfressenden Insekten beeinflussen kann (Schopf, 1986) wurde der Indikator in Beziehung zu den Intensitätsstufen für Blattfraß im Jahr 2023 gestellt. Hier zeigte sich ein schwacher Trend zu einem höheren Konjugationsindex bei unbefressenen Blättern, der jedoch das Signifikanzniveau im Vergleich zu befallenen Blättern verfehlte (Tukey-HSD-Test, $\alpha=0,07$) (Abb. 7).

Abbildung 6: Gehalte an Gesamtphenolen (Folinpos. Verbindungen) in beiden Untersuchungsjahren (2022, 2023) differenziert nach Bundesländern.



Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

Abbildung 7: Konjugationsgrad der phenolischen Inhaltsstoffe in Abhängigkeit von der Intensität der fraßbedingten Blattschäden im Jahr 2023.



Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

4.4 Biochemische Muster der Plusbäume

Aussagekräftiger als die Betrachtung von einzelnen biochemischen Inhaltsstoffen ist die Erstellung von komplexen biochemischen Profilen, die möglichst viele Komponenten berücksichtigen und nach denen sich die Einzelbäume einzelnen Gruppen (Clustern) mit charakteristischen Mustern zuordnen lassen. Da zwischen einigen Inhaltsstoffen interkorrelative Beziehungen bestehen, wurde das Spektrum der untersuchten Parameter mit Hilfe einer Faktorenanalyse (Extraktionsmethode: Hauptkomponentenanalyse, Rotationsmethode: Varimax mit Kaiser-Normalisierung mit Eigenwerten > 1) auf wenige, voneinander unabhängige Variablengruppen (Faktoren) reduziert. Dabei müssen alle Faktoren einer physiologischen Interpretation zugänglich sein (WILD et al. 1996; TAUSZ et al. 2002).

Die sich anschließende Clusteranalyse ermöglicht es, Gruppen (Cluster) innerhalb der Stichprobengröße so auszusondern, dass ihre Gruppenmitglieder untereinander möglichst homogen sind und dass sie durch signifikante Unterschiede zu differenzieren sind. Für die Clusteranalyse wurde die Ward-Methode (Erläuterung u. a. bei: BÜHL UND ZÖFEL 2000) verwendet. Dabei werden für jedes Cluster die Mittelwerte aller (zuvor z-transformierten) Variablen (hier Hauptkomponenten) gebildet. Für alle Fälle werden dann die quadrierten euklidischen Distanzen zum Clustermittelwert berechnet und diese Werte aufsummiert. Anschließend werden jeweils diejenigen Cluster zu einem neuen Cluster zusammengefasst, die durch ihre Vereinigung den geringsten Zuwachs in der Gesamtsumme der Distanzen ergeben. An der Stelle, wo sich das Abstandsmaß zwischen zwei Clustern sprunghaft erhöht, wurde keine weitere Zusammenfassung vorgenommen.

Auf Grund der unterschiedlichen Witterungsbedingungen im Sommer 2022 und 2023 wurden die Datenanalysen für beide Jahre getrennt durchgeführt.

Untersuchungsjahr 2022

Aus dem Datensatz des Jahres 2022 wurden sieben Hauptkomponenten extrahiert, die 74 % der Gesamtvarianz erklären. Den größten Beitrag zur Differenzierung leisteten die vanillin-positiven Verbindungen und Procyanidine (Tannin-Faktor). Der zweite Faktor wurde von den Chlorophyll- und Carotinoidgehalten geladen (Pigment-Faktor). Der Biomasse-Faktor wurde durch die Blatttrockenmassen und Blattflächen „getragen“. Alle anderen Faktoren spiegelten unterschiedliche Stresszustände (oxidativer Stress, Trockenstress) wider.

Auf der Grundlage dieser sieben Faktoren wurden die 201 Rot-Eichen des Jahres 2022 in vier unterschiedliche Cluster gruppiert. Das Cluster 1 fasst 48 sehr vitale Bäume zusammen, die sich durch hohe Chlorophyllgehalte, ausgewogene hohe Tannin-Gehalte bei relativ kleinen Blattmassen auszeichnen. Die Gehalte an löslichen Kohlenhydraten und GABA waren geringfügig erhöht.

In das Cluster 2 wurden 47 Bäume gruppiert, die sich durch ihre großen Blattmassen von allen anderen Rot-Eichen unterschieden. Dabei waren die Chlorophyllgehalte eher vermindert. Keiner der stressanzeigenden Faktoren war erhöht.

Dem Cluster 3 wurden 24 Bäume zugeordnet, bei denen die drei Stress-Hauptkomponenten stark erhöht und die Chlorophyllgehalte geringfügig erhöht waren.

Die Mehrzahl der Plusbäume ($n=84$) gehörte 2022 zu einem physiologisch „moderaten“ Cluster 4, bei dem die Gesamtphenol-, Prolin- und GABA-Gehalte leicht erhöht (Trockenstressfaktor 2) und die Gehalte der Chlorophylle sowie der gesamtphenolischen Inhaltsstoffe leicht reduziert waren (Tab. 5)

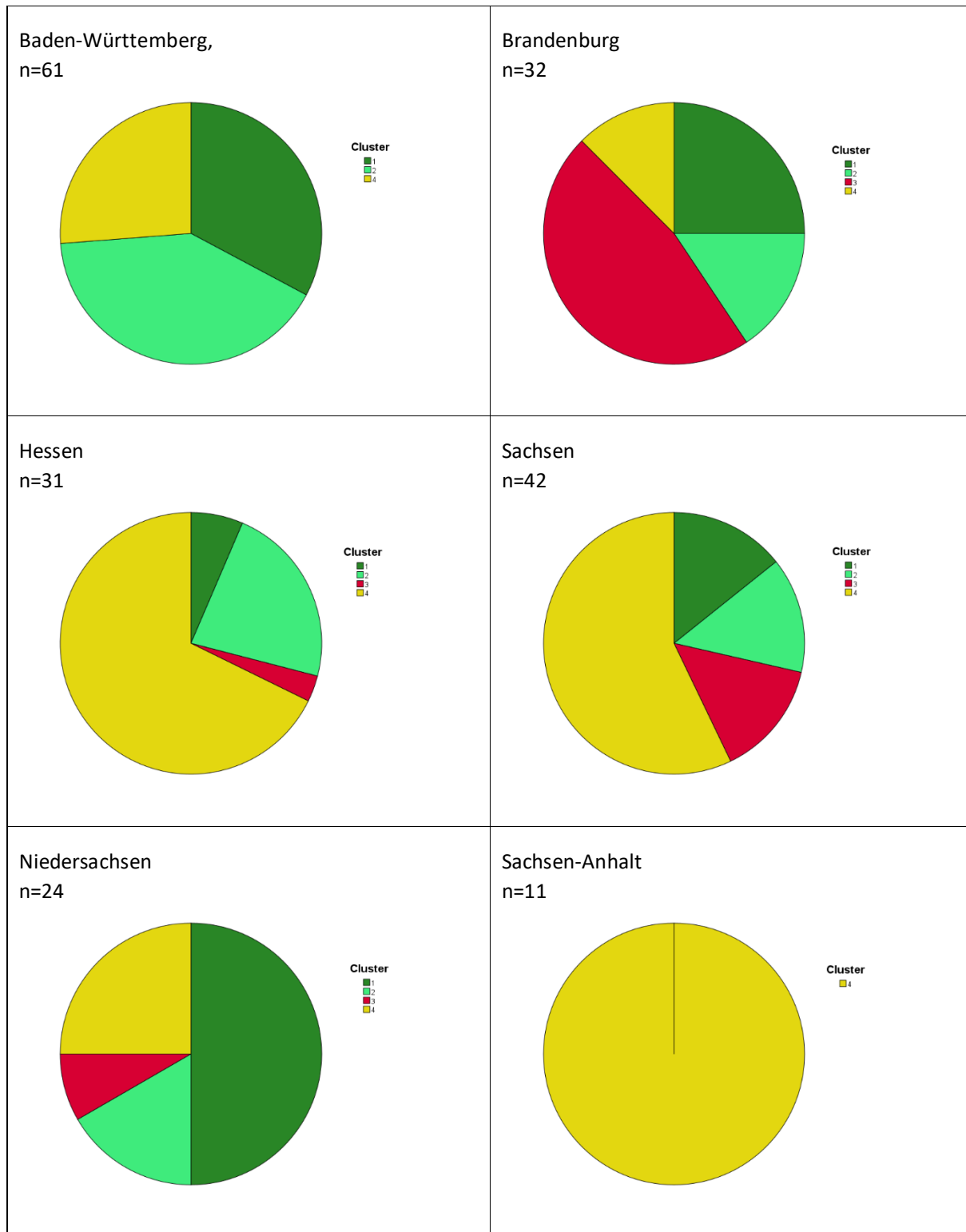
Tabelle 5: Merkmale der vier physiologischen Cluster (Biomarkermuster) im Untersuchungsjahr 2022.

Cluster	1	2	3	4
Bewertung	„vital“	„Blattmasse“	„Stress“	„moderat“
n	48	47	24	84
Tannin-Faktor	+	0	0	-
Pigment-Faktor	+++	-	+	-
Oxidat.-Stress-Faktor	-	+	++	
Blattbiomasse-Faktor	-	+++		
Wassermangel-Faktor 1	-	0	++	0
Trockenstress-Faktor 2 (Prolin, Stärkeabbau)	-	0	++	+
Kohlenhydrate/GABA	+	0		

Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

In einem nächsten Schritt wurde untersucht, wie sich die Rot-Eichen mit den charakteristischen Biomarkermustern auf die einzelnen Bundesländer verteilen. Dabei zeigten sich regionale Unterschiede zwischen dem Südwesten, dem Nordosten und der Mitte Deutschlands. Der höchste Anteil vitaler Rot-Eichen (Cluster 1 und 2) konzentrierte sich auf die Bundesländer Baden-Württemberg und Niedersachsen. Die meisten Bäume, die sich im Trockenjahr 2022 in einem physiologischen Stresszustand (Cluster 3) befanden, standen in Brandenburg, gefolgt von Sachsen. In Hessen, Sachsen-Anhalt und Sachsen wurden die meisten Bäume dem „moderaten“ Cluster 4 zugeordnet (Abb. 8).

Abbildung 8: Relative Anteile der vier Rot-Eichen-Cluster (Biomarkermuster) in den sechs untersuchten Bundesländern im Untersuchungsjahr 2022.



Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

Untersuchungsjahr 2023

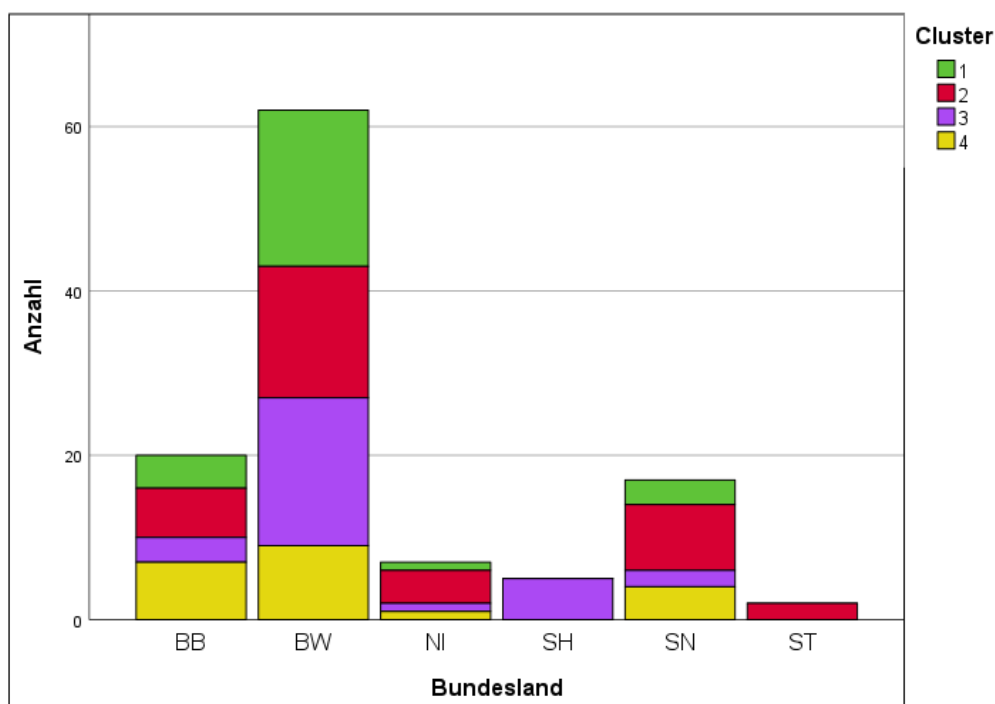
Aus dem Datensatz der 113 Rot-Eichen aus dem Beprobungsjahr 2023, wurden die untersuchten Blatinhaltsstoffe zu fünf Hauptkomponenten zusammengefasst, die 74,4 % der Gesamtvarianz erklärten. Der Faktor 1 war negativ mit den Pigmenten und positiv mit den Kohlenhydrat- und Ascorbatgehalten korreliert. Der Faktor 2 vereinte alle phenolischen Verbindungen. Die Faktoren 3 und 4 wurden durch die Gehalte der Proteine bzw. der Aminosäure GABA geladen. Der Faktor 5 war positiv mit dem Blattwassergehalt und negativ mit den Kohlenhydraten und Stärke korreliert.

Auf dieser Grundlage sortierte die Clusteranalyse die Bäume in vier unterschiedliche Biomarkermuster. Auf Grund der hohen Sommerniederschläge werden keine Trockenstress-Hauptkomponenten ausgebildet und es war keine Differenzierung der Bäume hinsichtlich ihrer Trockenstressreaktion möglich.

Das Cluster 1 fasste 27 vitale Bäume mit normalen Pigment- und verminderten Phenolgehalten zusammen. Dem Cluster 2 wurden 36 Rot-Eichen zugeordnet, die Symptome von oxidativem Stress zeigten (hoher Ascorbatgehalt, reduziertes Chlorophyll/Carotinoid-Verhältnis). Bäume mit besonders hohen Phenol- und Aminosäuregehalten (n=29) wurden in dem Cluster 3 zusammengefasst. Das Cluster 4 integrierte 21 Bäume mit hohen Proteingehalten.

Vergleicht man die Clusterzuordnung der Bäume hinsichtlich ihres Vorkommens in den einzelnen Bundesländern so ist keine eindeutige regionale Differenzierung zu erkennen. In den Bundesländern Brandenburg, Baden-Württemberg und Sachsen kamen die vier Biomarkermuster zu ähnlichen Anteilen vor. Die wenigen Plusbäume aus Schleswig-Holstein (n= 5) und Sachsen-Anhalt (n=2) wurden vollständig den Clustern 3 und 2 zugeordnet. Lediglich in Niedersachsen waren Rot-Eichen mit oxidativem Stress überrepräsentiert. Rot-Eichen mit hohen Phenolgehalten (Cluster 3) kamen in Baden-Württemberg deutlich häufiger vor als in Sachsen, Brandenburg und Niedersachsen (Abb. 9)

Abbildung 9: Absolute Anteile der vier Rot-Eichen-Cluster (Biomarkermuster) in den sechs untersuchten Bundesländern im Untersuchungsjahr 2023.



Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

4.5 Biochemischer Vitalitätsindex

Die verwendeten Biomarker repräsentieren unterschiedliche Stoffwechselleistungen, die wie bei den Biomarkern eine integrative Betrachtung verlangen. In Anlehnung an den „Biochemischen Schadindex“ für die Fichte von WILD et al. (1996) wurden daher, unter Nutzung der Referenzwerte (Tab. 4), wesentliche Biomarker rechnerisch zu einem „Biochemische Vitalitätsindex“ (BVI) für jeden Plusbaum verknüpft.

Der BVI soll Abweichungen aller ausgewählten biochemischen Parametern von ihrem normalen Referenzbereich aufzeigen. Für die Berechnung des BVI wird eine Indexzahl definiert, die auf der Abweichung der Parameter von den ermittelten Referenzbereichen beruht. Biomarker, die sich innerhalb des „Normbereiches“ befinden, erhalten den Indexwert 1, während dem oberen und unteren „Schwellenbereich“ der Indexwert 2 und davon darüber hinaus abweichenden Extremwerten die Indexzahl 3 zugeordnet wird.

Der Biochemische Vitalitätsindex berechnet sich als Mittelwert der Indexwerte der Einzelparameter nach folgender Formel:

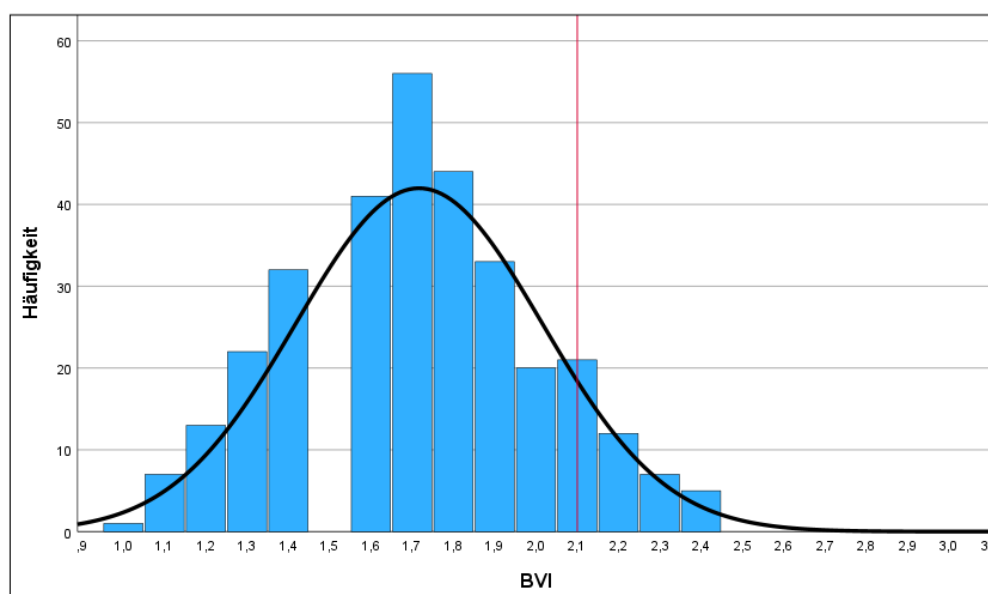
$$\text{BVI} = (\sum \text{des Indexes aller Parameter}) / \text{Anzahl der biochemischen Parameter}.$$

Entsprechend würden Bäume, die in allen Inhaltsstoffe dem Referenzbereich entsprechen, den BVI=1 erhalten, während Bäume die in allen Parameter die Schwellenwerte (=2) überschreiten maximal den BVI-Wert=3 erhalten.

Die Auswahl der einbezogenen Biomarker wurde auf neun Parameter beschränkt, die einen wesentlichen Beitrag zur Charakterisierung des Vitalitätszustandes leisteten. Hierzu gehörten der prozentuale Blattwassergehalt, die Gehalte an Chlorophyllen, Kohlenhydraten, Stärke, Ascorbat und Prolin (%) sowie das Chlorophyll/Carotinoid-Verhältnis.

Entsprechend der Häufigkeitsverteilung der BVI-Werte für die 314 Plusbäume, wurden 32 (ca. 10 %) Bäume mit BVI-Werten zwischen 1,0 und 1,5 als „sehr gut“ bewertet. Bäume ab einem BVI-Wert größer 2,1 sind physiologisch „auffällig“. Dies betraf 45 Plusbäume (=14 %), die sich mehrheitlich auf Baden-Württemberg (n=14) und Sachsen (n= 13) verteilten. Alle anderen Rot-Eichen (194=76 %) lagen in einem mittleren Bereich (Abb. 10).

Abbildung 10: Häufigkeitsverteilung der BVI-Werte aller 314 Plusbäume beider Untersuchungsjahre.



Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

4.6 Integrative Analyse der Plusbäume nach visuellen Bonituren und Biomarkern

Aus Voruntersuchungen war bekannt, dass Bäume mit sehr guten BVI-Werten nicht zwingend sehr gute Kronenzustände haben müssen – und umgekehrt. Daher wurden alle Bäume hinsichtlich der visuell bonitierten Kronenzustände (Blattverlust, Totholzanteil, Wasserreiser) und den BVI-Werten verglichen. Für Selektionen z. B. für züchterische Ziele sind besonders solche „Superbäume“ geeignet, die in beiden Bewertungsbereichen die besten Werte erreichen. Dies waren insgesamt 13 Bäume.

Sehr gute Plusbäume haben BVI-Werte $<1,5$ bei einem WZE-Wert ≤ 1 ($n=14$) bzw. einen WZE-Wert $=0$ und einen BVI-Index von $2,0$ ($n=27$). Die überwiegende Anzahl der Bäume ($n=231$) waren eher unauffällig und zeigten eine überwiegend gute Übereinstimmung zwischen biochemischer und visueller Bewertung.

Bäume mit BVI-Werten und WZE-Werte $>2,0$ sind hinsichtlich ihrer Vitalität als Plusbaum eher ungeeignet. Dies betraf drei Rot-Eichen. Widersprüchliche, d. h. abweichende Bewertungen zwischen der visuellen Einschätzung und der biochemisch-physiologischen Bewertung zeigten 26 Bäume (Tabelle 6).

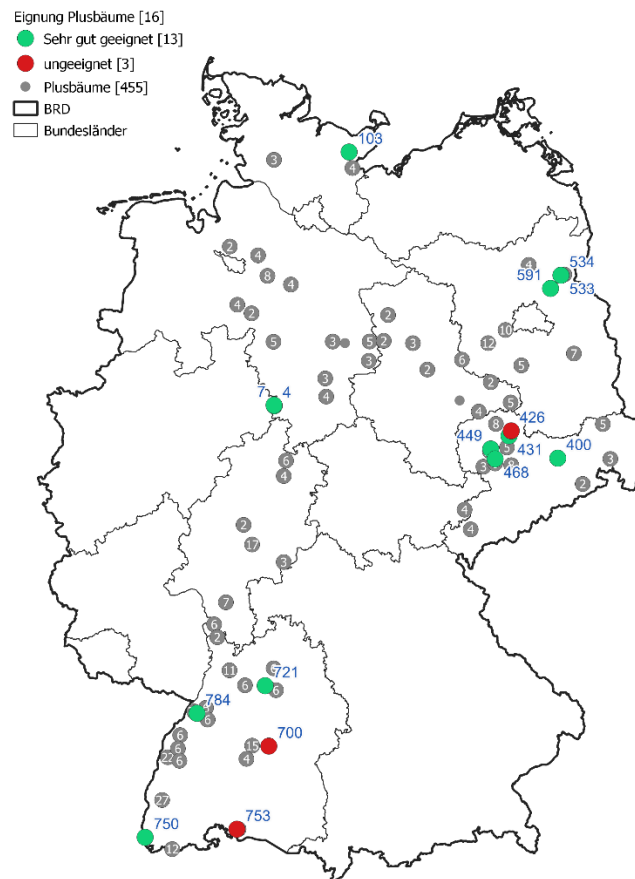
Tabelle 6: Kombinierte Bewertungsziffern von BVI und WZE und jeweilige Anzahl der Plusbäume beider Untersuchungsjahre.

Bewertung	BVI	WZE	Anzahl Plusbäume
„Superbäume“	$<1,5$	0	13
sehr gut	$<1,5$	1	14
sehr gut	1,5-2,0	0	27
ungeeignet	$>2,0$	2-3	3
widersprüchlich	$<2,1$	2-3	17
widersprüchlich	$>2,1$	0	9

Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

Die Abbildung 11 zeigt die räumliche Verteilung der räumlich besonders, bzw. weniger geeigneten Ausgangsbestände. Nach dem derzeitigen Informationsstand, lassen sich keine regionalen Schwerpunkte oder Gradienten bezüglich der phänotypischen Merkmale erkennen.

Abbildung 11: Regionale Verteilung untersuchter Saatguterntebestände der Rot-Eiche mit besonders geeigneten (grün) bzw. ungeeigneten (rot) Plusbäumen.



Quelle: LFE (R. KÄTZEL).

5 Diskussion

Bislang wurden Plusbäume für die Anlage von Nachkommenschaftsprüfungen und Samenplantagen vordringlich nach qualitativen und quantitativen Wuchsmerkmalen ausgewählt. Mit dem Fortschreiten des Klimawandels rücken auch zunehmend weitere Auswahlkriterien in den Fokus. Hierzu gehört z. B. die potenzielle Trockenstress- und Spätfrosttoleranz. Dabei muss berücksichtigt werden, dass es sich immer um komplexe Merkmale der aktuellen *Angepasstheit* handelt, die sich nur begrenzt in die Zukunft (*Anpassungsfähigkeit*) projizieren lassen. Weitgehend unklar ist, ob diese häufig polygenetisch regulierten Merkmale auch tatsächlich in die nächste Generation vererbt werden. Um diese Frage zu klären, werden Nachkommenschaftsprüfungen künftig noch eine weitaus größere Bedeutung erlangen.

Für die vorliegenden Untersuchungen sollten daher Plusbäume ausgewählt werden, die nicht nur durch ihre Wuchsleistung und Stammeigenschaften überzeugen, sondern auch eine sehr vitale Krone, hinsichtlich ihres Belaubungsgrades, aufwiesen. Wie die visuellen Bonituren der Bäume im Rahmen der späteren Blattprobenahmen zeigten, ist dies nur bedingt gelungen. Dies hatte u.a. damit zu tun, dass die Probenahmejahre in einigen Bundesländern in eine Massengradation von eichenlaubfressenden Schmetterlingsraupen und Maikäfern (Rein-Main-Gebiet) im Frühjahr fielen (persönliche Mitteilung örtlicher Wirtschafter). Im Jahr 2023 waren die Blätter nahezu aller Erntebestände (Ausnahme Brandenburg) durch Insektenfraß stark geschädigt.

Der hohe Anteil von Wasserreisern am Stamm der Rot-Eichen in den Bundesländern Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Sachsen, Baden-Württemberg zeigte aber auch, dass sich die Bäume in einer bereits länger anhalten Stressbelastung befanden. Die Bildung der Wasserreiser am Stamm weist auf eine lichtabhängige Anpassungsstrategie hin, um die Blattverluste in der Krone zumindest teilweise zu kompensieren.

Okulare sichtbare Vitalitätseinbußen spiegelten sich auch in Gehalten stressrelevanter Blatinhaltsstoffe wider. So hatten Rot-Eichen mit abnehmender Vitalität z. B. höhere Prolin- und Kohlenhydratgehalte sowie geringere Blattgehalte an Stärke- und Chlorophyllen. Gleichfalls deutet sich eine Beziehung zwischen den Gehalten bzw. Konstellationen der phenolischen Inhaltsstoffe und der Befallsintensität für Blattfraßereignisse an. Grundsätzlich muss jedoch zwischen den unterschiedlichen intrinsischen Hierarchieebenen eines Baumes, d. h. dem visuellen Erscheinungsbild von Stamm und Krone („Allgemeinzustand“) und der spezifischen Veränderung von Blatinhaltsstoffen unterschieden werden.

Die individuell spezifische Variabilität von Blatinhaltsstoffen ist ein wichtiger Garant für die langfristige Anpassungsfähigkeit von Baumpopulationen. Vor dem Hintergrund einer gewünschten hohen biologischen und damit auch biochemischen Vielfalt, fordert daher die „Normierung“ von dynamischen Naturvorgängen einschließlich ihrer stofflichen Schlüsselparameter zu einer kritischen Betrachtung heraus. In Bereichen der Medizin, Arbeitssicherheit, Umweltanalytik u. a. haben sich dennoch „Normbereiche“, „Referenzbereiche“, „Grenzwerte“, „critical loads“ u. v. a. als wichtige Hilfsmittel zur Kenntlichmachung von außergewöhnlichen Abweichungen von „normalen“ (und damit üblichen bzw. häufigen) Größen bewährt. Für die Ausweisung von Referenzbereichen müssen jedoch mindestens zwei Voraussetzungen erfüllt sein. Zum einen ist ein hinreichend großes Probenkollektiv als geeignete „Referenz“ auszuwählen und zum anderen sind obere und untere Grenzen zu definieren.

Im Rahmen der vorliegenden Untersuchungen wurden die Referenz- und Übergangsbereiche auf der Grundlage von Mittelwerten und Standardabweichungen der untersuchten Parameter von schadsymptomfreien Blättern der wüchsigsten und vitalsten Rot-Eichen berechnet. Die Baumauswahl wurde dabei besonders streng vorgenommen, da die Schwierigkeit bestand, für die Berechnung „innerer“ Blattwerte Bäume nach äußeren Kriterien zu bewerten. Hierfür kamen nur Rot-Eiche in die engere Auswahl, die aufgrund ihrer besonderen Wüchsigkeit und Vitalität zu den besten Bäumen gehörten (einschließlich von Voruntersuchungen in Brandenburg). Auf Grund der vergleichsweise geringen Stichprobengröße (n=81 Bäume), sind die vorgeschlagenen Referenzwerte als erste Empfehlung zu betrachten und bedürfen einer weiteren Verstetigung in den Folgejahren.

Grundsätzlich können die Werte einzelner Parameter außerhalb eines Referenzbereiches durch physiologische Reaktionen im Zuge von Anpassungsprozessen hervorgerufen sein und sind nicht zwangsläufig mit einem „Schaden“ gleichzusetzen. Gerade die Abweichung im Zuge von Anpassungsreaktionen kann Ausdruck hoher Elastizität des Stoffwechsels und damit von Vitalität sein. Kritisch zu sehen sind dagegen komplexe, syndromhafte bzw. über längere Zeiträume andauernde Veränderungen, die sich dann auch im äußeren Vitalitätszustand der Bäume (Blattverluste, Totholzanteile, Wasserreiserbildung) widerspiegeln. Aus diesem Grund wurden im letzten Schritt der Phänotypisierung der physiologische BVI mit dem äußeren Baumzustand (WZE) verknüpft. Danach erwiesen sich 54 Plusbäume als hoch vital, während 45 Plusbäume für die geplante Nachkommenschaftsprüfung weniger geeignet erscheinen.

Wie auch bei den genetischen Markern spielen bei den physiologischen Biomarkern die Variabilität sowie die Differenzierung zwischen den Bäumen resp. Beständen eine wichtige Rolle (biochemische Diversität). Die regionale Differenzierung der Rot-Eichen nach biochemischen Mustern hinsichtlich der Trockenstresstoleranz gelang insbesondere im Trockenjahr 2022. Eine zweifache Beprobung aller Bäume in beiden Jahren wäre wünschenswert gewesen, war aber praktisch im Rahmen des RubraSelect-Projektes nicht umsetzbar. So mussten die meteorologisch unterschiedlichen Probenahmejahre auch separat betrachtet werden. Den größten Beitrag zur regionalen Differenzierung der Rot-Eichen lieferten die phenolischen Inhaltsstoffe (z. B. Flavonoide, o-di-Hydroxyphenole). Plusbäume mit hohen Gehalten an phenolischen Inhaltsstoffen kamen insbesondere in Baden-

Württemberg, Niedersachsen und Sachsen vor, fehlten dagegen (nahezu) in Sachsen-Anhalt und Brandenburg. Plusbäume mit einem besonders günstigen biochemischen Profil (z. B. hohe Pigmentgehalte) waren mit hohen Anteilen in Baden-Württemberg, Niedersachsen und auch in Brandenburg vertreten. Rot-Eichen mit stark stressassoziiertem Biomarkermuster (z. B. hoher GABA-Gehalt) wurden vor allem in Brandenburg und Sachsen gefunden. D. h. in Brandenburg kamen kaum Bäume mit den beiden anderen Biomarkermustern vor, die durch besonders hohe oder geringe Gehalte an phenolischen Inhaltsstoffen geprägt waren; während diese aber in Sachsen, Sachsen-Anhalt und Hessen sehr häufig waren. Plusbäume auf besonders trockenen und nährstoffarmen Grenzstandorten, wie z. B. Klosterheide (Brandenburg) zeigten eine eindeutige physiologische Stresssymptomatik.

Interessanterweise konnte aber auch in dem witterungsbedingt günstigen Sommer 2023 eine Differenzierung der Bäume nachgewiesen werden, die nicht nur auf Grundlage der phenolischen Inhaltsstoffe (s. o.), sondern auch hinsichtlich der Indikatoren für oxidativen Stress (Ascorbat, Carotinoide) möglich war.

Insgesamt bereicherten die physiologischen/biochemischen Untersuchungen die Charakterisierung der Plusbäume als Auswahlkriterien für die nun folgende Anlage der aufwendigen und mehr als zehnjährigen Beobachtung ihrer Nachkommen auf fünf Versuchsflächen in Deutschland. In den zu erwartenden Trockenperioden muss sich zeigen, zu welchen Anpassungsreaktionen die Nachkommen der einzelnen Mutterbäume auf den unterschiedlichen Standorten fähig sind und welche Übereinstimmungen zu den physiologischen Merkmalen ihrer Mütter bestehen.

Darüber hinaus zeigt die hohe physiologische Diversität der 314 untersuchten Plusbäume, dass die vor mehr als 300 Jahren nach Europa eingeführte Rot-Eiche über eine hohe phänotypische Plastizität verfügt, die sie unter den Bedingungen kommender Klimaveränderungen als eine wichtige Alternativbaumart prädestiniert.

Dank

Für die Unterstützung und Begleitung bei der Probennahme danken wir allen Partnern im Projekt RubraSelect. Unser besonderer Dank gilt Dr. BERNHARD HOSIUS (Fa. ISOGEN, Göttingen) für die umfangreiche Blattbeprobung der Rot-Eichen in allen sieben Bundesländern. Das Verbundprojekt RubraSelect wurde aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages aus Mitteln der Bundesministerien für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) und für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz (BMUV) durch die Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR) im Rahmen der Förderrichtlinie des Waldklimafonds gefördert (Förderkennzeichen: 2220WK03F4).

Literatur

- ARNOW LE (1937): Colorimetric determination of the components of 3, 4-dihydroxyphenylalanine-tyrosine mixtures. J. biol. Chem. 118 (2): 531–537.
- BAUER F (1953): Die Rot-Eiche. Sauerländer Verlag, Frankfurt am Main.
- BRADFORD MM (1976): A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. Analytical biochemistry 72 (1–2): 248–254.
- BROADHURST RB, JONES WT (1978): Analysis of condensed tannins using acidified vanillin. J. Sci. Food Agric. 29: 788–794.
- BÜHL A, ZÖFEL P (2000): SPSS Version 10. Einführung in die moderne Datenanalyse unter Windows. Addison-Wesley Verlag, München.
- GÖHRE K, WAGENKNECHT E (1955): Rot-Eiche und ihr Holz. Deutscher Bauernverlag, Berlin.
- KÄTZEL R (2003): Biomarker als Indikatoren zur Bewertung des Vitalitätszustandes der Gemeinen Kiefer (*Pinus sylvestris* L.) im nordostdeutschen Tiefland. Habilitationsschrift an der Fakultät für Forst-, Geo- und Hydrowissenschaften der Technischen Universität Dresden, 244 Seiten.

- KÄTZEL R, SCHRÖDER J, BECKER F, LEINEMANN L, GRÜLL M, LÖFFLER S (2020): Die Rot-Eiche (*Quercus rubra* L.) - Von der Ersatzbank ins Spielfeld? Eberswalder Forstliche Schriftenreihe 69: 93-104.
- KLEBER H-P, SCHLEE D, SCHÖPP W (1982): Biochemisches Praktikum: mit 43 Tabellen. Fischer, Jena.
- KLEMMT HJ, NEUBERT M, FALK W (2013): Das Wachstum der Roteiche im Vergleich zu den einheimischen Eichen. LWF aktuell 97: 28-31.
- LOCKOW K-W (2002): Ergebnisse der Anbauversuche mit amerikanischen und japanischen Baumarten. In: Ausländische Baumarten in Brandenburgs Wälder. Eberswalde, Landesforstanstalt: 41-101.7
- NAGEL R-V (2018): Die Roteiche in Norddeutschland. Mitt. der Gesellschaft zur Förderung schnellwachsender Baumarten in Norddeutschland, Heft 5, 16 S.
- OKAMURA M (1980): An improved method for determination of L-ascorbic acid and L dehydroascorbic acid in blood plasma. Clin. Chim. Acta 103: 259-268.
- PETTENKOFER T, BURKHARDT K, AMMER C, VOR T, FINKELDEY R, MÜLLER M, KRUTOVSKY K, VORNAM B, LEINEMANN L, GAILING O. (2019): Genetic diversity and differentiation of introduced red oak (*Quercus rubra*) in Germany in comparison to reference native North American populations, European Journal of Forest Research, <https://doi.org/10.1007/s10342-019-01167-5>.
- SCHMIEDEN U, WILD A (1994): Changes in Levels of α -Tocopherol and Ascorbate in Spruce Needles at Three Low Mountain Sites Exposed to Mg^{2+} -Deficiency and Ozone. Z. Naturforsch. 49c: 171–180.
- SCHOPF R (1986): Zur Kausalanalyse der Disposition von Nadelbäumen für den Befall durch nadelfressende Insekten am Beispiel *Picea abies* (L.) Karst. und *Gilpinia hercyniae* Htg. (Hym., *Diprionidae*). Schriften der Forstlichen Fakultät der Univ. Göttingen und der niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt 87.
- SCHWAPPACH A (1891): Denkschrift betreffend die Ergebnisse der in den Jahren 1881-1890 in den Preußischen Staatsforsten ausgeführten Anbauversuchen mit fremdländischen Baumarten. Springer Verlag.
- STAFFORD HA, CHENG T-Y (1980): The procyanidins of Douglas fir seedlings, callus and cell suspensions cultures derived from cotyledons. Phytochemistry 19: 131–135.
- STÄHR F, PETERS T (2004): Wirkungen von Durchforstungsmaßnahmen auf ausgewählte Weiser für die Volumen- und Wertleistung der Roteiche. Forst und Holz 59: 578-582.
- STRATMANN J, WARTH H (1987): Die Roteiche als Alternative zur Eiche oder Buche in Nordwestdeutschland. AFZ 42 (3): 40-41.
- SWAIN T, HILLIS WE (1959): The phenolic constituents of *Prunus domestica*. I. The quantitative analysis of phenolic constituents. J. Sci. Food Agric. 10: 63–68.
- TAUSZ M, WONISCH A, RIBARIC-LASNIK C, BATIC F, GRILL D (2002): Multivariate Analyses of Tree Physiological Attributes – Applications in Field Studies. Phytion 42 (3): 215–221.
- VOR T, VON LÜPKE B (2004): Das Wachstum von Roteiche, Traubeneiche und Rotbuche unter verschiedenen Lichtbedingungen in den ersten beiden Jahren nach der Pflanzung. Forstarchiv 75: 13-19.
- WENZEL J, WATERMEIER M, RIVERA EA, BECKER F, BILEA-ECKERT S, BRAUN A, BRÜCKNER M, ERBACHER J, KÄTZEL R, KLEINSCHMIT J, LÖFFLER S, MEYER M, NEOPHYTOU C, RIEDEL D, STEINER W, TÖPPE M, TÖBER U, HOFFMANN M (2025): Anlage einer Ppropflings-Samenplantage zur Erzeugung von hochwertigem Vermehrungsgut am Beispiel der Roteiche (*Quercus rubra* L.). ThünenReport 119: 138-147. DOI:10.3220/253-2025-23
- WILD A, SCHMITT V, TIETZ-SIEMER S (1994): A: Biochemische Schadindikation der Neuartigen Waldschäden bei Fichten-PEPC-Kataster Nordrhein-Westfalen.; B.: Begleitende NO₂-Immissionsmessungen im Rahmen der biochemisch orientierten Waldschadensforschung (PEPC-Kataster Nordrhein-Westfalen). Forschungsberichte zum Forschungsprogramm des Landes Nordrhein-Westfalen "Luftverunreinigungen und Waldschäden", Nr. 36.

Autorinnen und Autoren

RALF KÄTZEL, FRANK BECKER, ERIC FRANK, HENRIETTE HÄUSER, JULIA BING, SONJA LÖFFLER†
Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE), Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde
Kontakt: ralf.kaetzel@lfb.brandenburg.de

Verbesserung der Saatgutversorgung bei der Alternativbaumart Roteiche

RANDOLF SCHIRMER, MARTIN TUBES

Zusammenfassung

Die Bedeutung der Roteiche wird im Klimawandel aufgrund ihrer Wärmetoleranz und dem verstärkten Anbau von Laubholz zunehmen. Leider sind die in Bayern für Saatgutgewinnung zugelassenen Erntebestände weder von ihrer Qualität zufriedenstellend noch hinsichtlich ihrer Flächengröße ausreichend. In einem Privatwaldbestand wird 2/3 des gesamten bayerischen Ernteaufkommens erzeugt.

Das AWG hat daher 2014 in Süddeutschland hochwertige Plusbauvorkommen erfasst, einzelbaumweise beerntet und nachgezogen. Diese Plusbaumabsaaten werden im Rahmen einer Nachkommenschaftsprüfung auf zahlreichen Versuchsflächen angebaut. Im Vortrag werden die Selektionsschritte erläutert und die Fortentwicklung der Versuchsanbauten hin zu hochwertigen Sämlingsplantagen dargestellt. Am Beispiel der Versuchsfläche Osing wird Qualität und Wuchsleistung der Nachkommenschaften sowie das angewendete Durchforstungsverfahren erläutert.

Die Überführung eines Nachkommenschaftsversuchs in eine Sämlingsplantage aus Halbgeschwistern in mehreren Selektionsschritten ist eine Chance, um Samenplantagen kostengünstig zu etablieren.

Abstract

Improving the seed supply of the alternative tree species red oak

The importance of red oak will increase with climate change due to its heat tolerance and the increased cultivation of hardwoods. Unfortunately, the harvest stands authorised for seed production in Bavaria are neither satisfactory in terms of quality nor sufficient in terms of area. One private forest stand produces 2/3 of the entire Bavarian harvest volume.

In 2014, the AWG therefore recorded, harvested and replanted high-quality plus-tree stands in southern Germany. These plus tree seedlings are cultivated on numerous trial plots as part of a progeny test. In the lecture, the selection steps will be explained and the further development of the trial plantations towards high-quality seedling plantations will be presented. Using the example of the Osing trial site, the quality and growth performance of the progeny and the thinning method used will be explained.

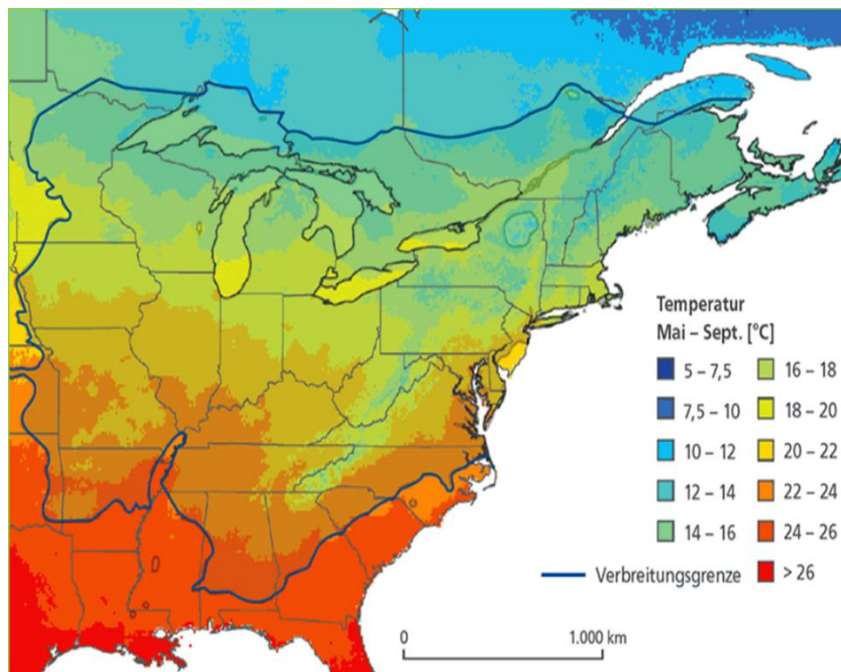
The transfer of a progeny trial into a seedling orchard from half-siblings in several selection steps is an opportunity to establish seed orchards at low cost.

1 Hintergrund und Zielsetzung

Nordamerikanische Roteichen kommen gut mit hohen Sommertemperaturen zurecht. Die Leitlinien „Baumarten für den Klimawald“ der Bayerischen Forstverwaltung (BAYER. STAATSMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN, 2020) ordnen sie der Gruppe von Baumarten mit einer hohen Temperaturtoleranz zu. Die Roteichenvorkommen in den nördlichen Regionen des amerikanischen Verbreitungsgebiets wachsen bei mittleren Sommertemperaturen von 16 – 18°C. Die Durchschnittstemperatur in Deutschland für die vergleichbaren Monate liegt derzeit bei 17,2°C. Die hohe Temperaturtoleranz wird in Abbildung 1 deutlich: Die südlichsten Roteichenvorkommen in den USA wachsen noch bei Sommermitteltemperaturen um 25°C. Allerdings

verträgt die Roteiche nur bedingt langanhaltende, sommerliche Trockenheit. Die ausgeprägte Temperaturtoleranz wird im Klimawandel zu einer verstärkten Nachfrage nach Saatgut führen.

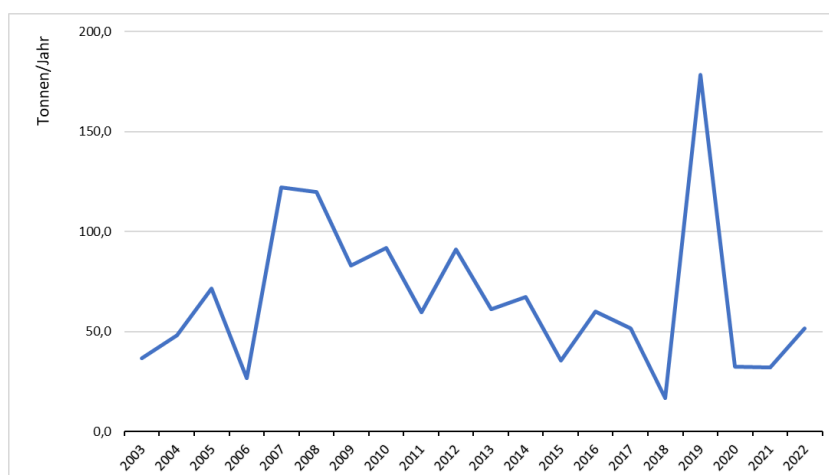
Abbildung 1: Natürliche Verbreitung der Roteiche in Regionen mit unterschiedlichen Sommermittelttemperaturen.



Quelle: <https://www.waldwissen.net/de/waldwirtschaft/waldbau/waldumbau/roteiche-und-heimische-eichen>.

Voraussetzung für den verstärkten Anbau dieser Art ist die Verfügbarkeit von Saatgut in ausreichender Menge und Qualität. Im langjährigen Mittel werden in Deutschland jährlich etwa 70 Tonnen Saatgut geerntet (Abb. 2) – eine Menge, die den langfristig steigenden Bedarf an Eichensaatgut nur zu einem geringen Bruchteil abdeckt.

Abbildung 2: Entwicklung des Ernteaufkommens von Roteichensaatgut in Deutschland im Zeitraum 2003 bis 2022.



Quelle: www.ble.de.

Die bayerischen, nach FoVG zugelassenen Saatguterntebestände der Roteiche sind von unbekannter Herkunft und zeichnen sich durch eine hohe phänotypische Variation aus. Oftmals sind nur geringe Anteile der Bäume eines Zulassungsbestands für die Produktion höherwertigen Saatguts geeignet, da Qualitätsmängel wie phototropes Wachstum mit Stammkrümmungen, Steilästen und Zwieseln häufig vorkommen. Die Inventur dieser 23 Saatgutbestände ergab eine Fläche von nur 29,3 ha (Stand 12/2023).

Zusätzlich weist die Erntepraxis in Bayern eine Besonderheit auf: Im Zeitraum 2003 bis 2023 wurden 18.628 kg Eicheln gesammelt – davon 11.831 kg in einem nur 1,5 ha großen Privatwaldbestand bei Straubing. Auf 5 % der Zulassungsfläche wurde 64 % des Ernteaufkommens erzeugt. Im Mittel kamen aus diesem Bestand jährlich etwa 50.000 Pflanzen auf den Markt, obwohl er nur durch eine mittlere Stammqualität gekennzeichnet ist. Dieses Vorgehen bei der Saatguternte ist aus forstgenetischer Sicht wegen der Gefahr der genetischen Einengung unbefriedigend. Das Pflanzgut zeichnet eine reduzierten Anpassungsfähigkeit aus, auf die es jedoch im Klimawandel entscheidend ankommt.

Bei der Bewertung der Roteichensaatgutbestände wurde offensichtlich, dass in diesen Vorkommen immer wieder einzelne, überdurchschnittlich gute Plusbäume eingestreut sind. Das AWG hat daher 2013 ein auf mehreren Selektionsschritten beruhendes Ausleseprogramm begonnen. Ziel ist die Fortentwicklung von Versuchsbeständen aus Plusbaumabsaaten hin zu plantagenartig bewirtschafteten Ernteeinheiten mit deutlich höherer Qualität.

2 Qualitätssicherung durch Selektion

Auslesezüchtung bietet die Chance, Bäume zu selektieren die besser an bestimmte Umweltbedingungen angepasst sind (KONNERT et al. 2015). Sie ist daher ein Ansatz, um die Klimatoleranz zu erhöhen. Allerdings ist Selektion mit dem Verlust genetischer Variation verbunden (GODT et al. 2001), was bei Art und Intensität von Durchforstungseingriffen berücksichtigt werden muss.

Als Grundlage für die Verbesserung der Saatguterntebasis wurden die bekannten Roteichenvorkommen in Bayern begutachtet. Vorwiegend in zugelassenen Saatguterntebeständen wurden Bäume mit herausragender Qualität erfasst. Diese Plusbäume sind ein entscheidender Selektionsfaktor für die Steigerung des Wuchspotentials (CLARK und WILSON 2005). Die Verbesserung der Wuchsleistung durch phänotypische Selektion ist in verschiedenen Studien nachgewiesen worden. Demnach kann das Höhen- und Durchmesserwachstum durch Selektion um bis zu 15 % und der Volumenzuwachs um bis zu 35 % gesteigert werden (CORNELIUS 1994).

Im Rahmen der in Nachkommenschaftsprüfungen ausgewählten Plusbäume werden die angelegten Versuchsflächen langfristig zu Samenplantagen fortentwickelt. Zur Steigerung ihrer Qualität sind die in Tabelle 1 aufgeführten Auslesemaßnahmen in der Umsetzung.

Tabelle 1: Übersicht der Auslesemaßnahmen.

Selektionsschritt	Beschreibung der Maßnahmen (Jahr)	Jahr
1	Plusbaumauswahl im Ausgangsbestand	2014
2	Qualitäts- und Höhensortierung in der Baumschule vgl. Kap. 4	2016
3	Erste Negativauslesedurchforstung nach Qualität vgl. Kap. 5	2023/24
4	2. Negativauslese nach Qualität, Wuchsleistung und genetischer Vielfalt	
5	3. Negativauslese nach Qualität, Wuchsleistung und genetischer Vielfalt	

Quelle: AWG (R. SCHIRMER).

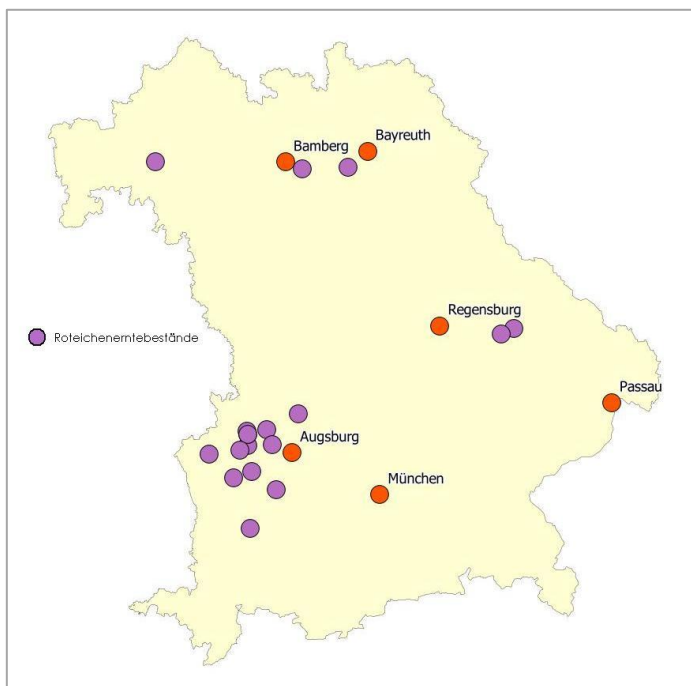
Nach einzelbaumweiser getrennter Aussaat in der Baumschule im Frühjahr 2015 zeigten sich signifikante Entwicklungsunterschiede zwischen den Nachkommenschaften. Die schlechtesten Nachkommenschaften wurden vor Auspflanzung auf Versuchsflächen aussortiert. Im Winter 2023/24 erfolgte mit der Entnahme von 20 % der Nachkommenschaften eine erste Durchforstung. In den verbleibenden Nachkommenschaften wurde der Standraum von zwei auf drei Quadratmeter Standraum/Pflanze erhöht. Die vierte Selektion erfolgt, sobald der Bestand nach der ersten Durchforstung wieder Kronenschluss erreicht hat. Es werden die qualitativ schlechtesten Nachkommenschaften mit der geringsten genetischen Diversität vollständig entnommen, sodass nur noch 40 % der ursprünglich vorhandenen Nachkommenschaften verbleiben. In diesen Parzellen wird die Stammzahl auf 6 m² Standraum/Baum erhöht.

Nach dem letzten, fünften Selektionsschritt verbleiben nur noch Nachkommenschaften mit phänotypisch höchster Qualität, überdurchschnittlicher Wuchseistung und genotypisch überragender genetischer Vielfalt. Die Entnahmeintensität richtet sich nach dem Standraumbedarf der langfristig plantagenartig zu bewirtschaftenden Einzelbäume. Die Zulassung als Sämlingsplantage erfolgt, sobald ausreichend Fruktifikation einsetzt, jedoch spätestens im Alter 40.

3 Plusbaumauswahl und Beerntung

Es wurden 131 besonders qualitativ hochwertige Plusbäume in Bayern und Baden-Württemberg (Herkunftsgebiet 816 02) ausgewählt. Der Schwerpunkt der verwendeten Ausleseebäume lag in zugelassenen Saatguterntebeständen in Schwaben (Abb. 3). Im BaySF-Revier Altenmünster des Forstbetriebs Zusmarshausen, im Stadtwald Augsburg, im Bereich der Fuggerstiftung Laugna sowie im Landstroter Wald bei Offingen ergab die Inventur einen Schwerpunkt mit zahlreichen überdurchschnittlich wertvollen Bäumen.

Abbildung 3: Lage der zugelassenen Saatguterntebestände von Roteiche in Bayern.



Quelle: AWG (R. SCHIRMER).

Auswahlkriterien waren ein Mindestalter von 50 Jahren, Brusthöhendurchmesser von mindestens 35 cm sowie gute Qualitätseigenschaften wie Geradschaftigkeit, Wipfelschaftigkeit, geringe Astigkeit und geringe Neigung zur

Zwieselbildung. In den Beständen häufig vorkommende Hochzwiesel und Steiläste sowie Drehwüchsigkeit und Neigung zur Wasserreiserbildung schlossen die Eignung als Plusbaum aus.

Wenn in einem Bestand mehrere Plusbäume zur Auswahl standen, wurde zwischen diesen ein Mindestabstand von ca. 100 m eingehalten, um Familienstrukturen mit geringerer genetischer Vielfalt zu vermeiden. Diese Plusbäume wurden in der Vorauswahl zunächst drei Qualitätsstufen zugeordnet (Tab. 2). Anschließend wurden die zu Beerntung vorgesehenen Bäume abschließend ausgewählt nach Qualitätsstufe, räumlichem Abstand zu weiteren Plusbäumen, regionaler Verteilung und potenziellem Saatgutangebot aufgrund der Kronengröße.

Tabelle 2: Zuordnung potenzieller Plusbäume zu Qualitätsstufen.

	Qualitätsstufe		
	1 - hervorragend	2 - sehr gut	3 - gut
Stamm			
Geradschaftigkeit	zweischnürig	ein-/zweischnürig	einschnürig; phototrop.
Rindenstruktur im astfreien Stammabschnitt	glatt	glatt	Krümmung tolerierbar, ggf. leicht rau
Faserverlauf	kein Drehwuchs	(fast) kein Drehwuchs	ggf. leichte Drehung
Beastung			
Steiläste	nicht vorhanden	nicht vorhanden	in Ausnahmefällen sehr hoch angesetzter Steilast tolerierbar
Zwiesel	nicht vorhanden	sehr hoch angesetzter Zwiesel tolerierbar	sehr hoch angesetzter Zwiesel tolerierbar
Wasserreiser/Klebäste	nicht vorhanden	ggf. einzelne vorhanden	ggf. einzelne vorhanden
Krone	groß	groß - mittel	mittel

Quelle: AWG (R. SCHIRMER).

Wegen der im Herbst 2014 regional unterschiedlichen Fruktifikationsverhältnisse konnten nur 85 % der kartierten Plusbäume (112 Bäume) beerntet werden. Durch einzelbaumweise Handsammlung wurden 201 kg Eicheln gewonnen. Die Erntemenge schwankte zwischen 0,7 und 5,3 kg/Baum.

Bei den Nachkommenschaften der Plusbäume handelt es sich um Halbgeschwister, da der väterliche Anteil nicht bekannt ist. Die Beerntung dieser phänotypisch hervorragenden Einzelbäume bietet jedoch die Chance, die genetische Qualität des Saatguts über den mütterlichen Beitrag zu steigern.

Genetische Untersuchungen in einer Pilotstudie an Buche (HASENKAMP et al. 2011) zeigten, dass Saatgut im stammnahen Bereich unter einem Baum mit einer Wahrscheinlichkeit von 63 % diesem Mutterbaum zugeordnet werden kann. HARDTKE (2022) konnte mittels Elternschaftsanalysen in einem Eichenbestand in Grünenplan/Niedersachsen bei 24 beernteten Bäumen zwischen 33 % und 95 % der Eicheln dem jeweiligen Erntebaum genetisch zuordnen. Die Wahrscheinlichkeit der Einmischung von Fremdeicheln nahm mit zunehmender Entfernung vom Stamm des Plusbaums bis zum äußersten Rand der Sammlung am Kronentrauf zu.

Um dieses Risiko der Vermischung von Saatgut des Plusbaumes mit dem von Nachbarbäumen möglichst gering zu halten, wurden folgende Maßnahmen getroffen:

Bei den in der Regel großkronigen Altbäumen mit hohem Saatgutaufkommen wurde das Saatgut ausschließlich in Stammnähe eingesammelt. Die Sammlung begann direkt am Stammfuß und wurde dann spiralförmig mit zunehmendem Abstand zum Baum fortgesetzt bis die Mindestmenge von ca. 2 kg Saatgut erreicht war. Auf diese Weise wurde nur Saatgut im Kernbereich des Baumes eingesammelt.

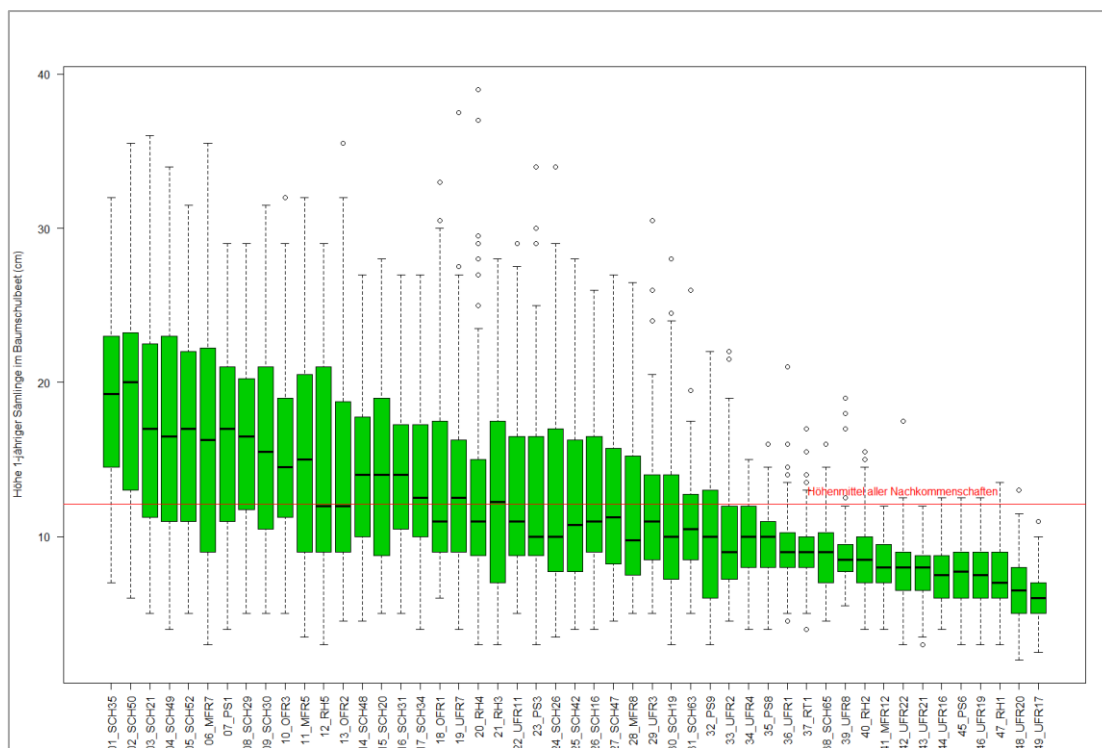
Die Plusbaumauswahl erfolgte vorrangig in lichten Bestandesbereichen bzw. in Bereichen mit anderen benachbarten Baumarten.

4 Beobachtungen in der Baumschule

Es konnte nicht von allen beernteten Plusbäumen ausreichend Saatgut hinsichtlich Menge und Qualität gewonnen werden. In der Baumschule kamen daher nur 50 Nachkommenschaften zur Aussaat.

Bereits nach der zweijährigen Baumschulphase waren zwischen den Absaaten der verschiedenen Bäume erhebliche Unterschiede in der Qualitäts- und Höhenentwicklung zu beobachten (Abb. 4). Dieses Ergebnis deckt sich mit dem Resultat von HARDTKE (2022), der in einem Aussaatversuch feststellte, dass wüchsige Eichen größere Eicheln hatten und ihre Sämlinge in der Folge ein besseres Höhenwachstum zeigten als die Nachkommen schlechter Mutterbäume.

Abbildung 4: Höhenunterschiede der einjährigen Plusbaumnachkommenschaften in der Baumschule.



Quelle: AWG (R. SCHIRMER).

Nachkommenschaften mit erhöhtem Zwieselanteil zeigten eine ausgeprägte Tendenz zur Steilastbildung. Im Saatbeet waren diese Bäume häufig verbuscht. Eine Korrelation zwischen Qualität und Höhenentwicklung war nicht nachweisbar.

Da die Anzucht unter gleichen Bedingungen auf homogenem Baumschulstandort erfolgte, waren diese Unterschiede auf genetische Ursachen zurückzuführen. Acht Prozent der nachgezogenen, aber qualitativ

schlechtesten Herkünfte kamen nicht zur Auspflanzung auf den Versuchsflächen (2. Selektionsschritt). Bei den ausgepflanzten Nachkommenschaften erfolgte zusätzlich eine baumschulübliche Sortierung nach Pflanzenqualität.

Am Ende der zweijährigen Anzuchtphase hatten die Pflanzen eine Mittelhöhe von 30,1 cm. Die Ausbeute an verwertbaren Pflanzen betrug 77 Sämlinge/kg Saatgut.

5 Entwicklung der Versuchsflächen

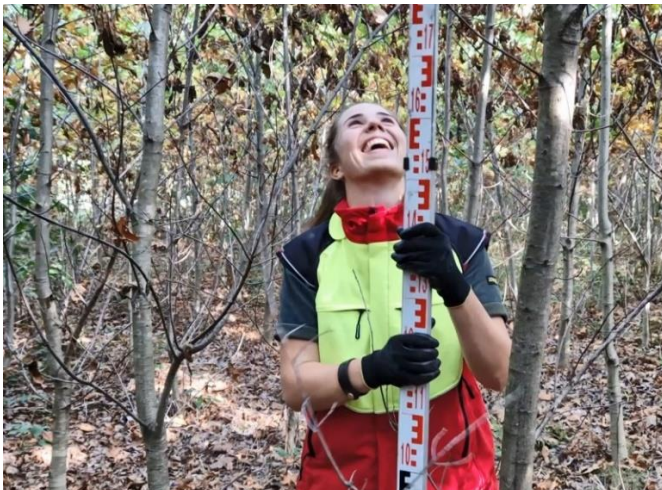
Ziel der Versuchsanlagen ist die schrittweise Selektion der Plusbaumnachkommenschaften vorrangig nach phänotypischen Kriterien unter zusätzlicher Berücksichtigung von Parametern der genetischen Vielfalt. Nach drei Durchforstungen soll aus dem Versuchsbestand eine Samenplantage mit bis zu 100 großkronigen Bäumen pro Hektar hervorgehen.

Versuchsflächen mit einer Größe von jeweils 0,5 ha wurden im Bereich der BaySF-Forstbetriebe Zusmarshausen (Fläche Biburg), Freising (Fläche Geibenstetten) und Berchtesgaden (Fläche Osing) sowie bei der städtischen Forstverwaltung Augsburg (Fläche Odelzhausen) angelegt.

Um in der 40-jährigen Laufzeit der Versuche eine parzellenweise Entnahme von Nachkommenschaften mit unterdurchschnittlichen Qualitätseigenschaften ohne die Schaffung großer Bestandeslücken sicherzustellen, wurden Kleinstparzellen mit neun Pflanzen angebaut. Die für statistische Auswertungen notwendige Pflanzenzahl wurde durch die sechsfache Wiederholung der Prüfglieder erreicht. Zudem wurde ein enger Quadratverband von 1,25 m gewählt.

Die Vollaufnahme auf den aufgenommenen Versuchsflächen (Abb. 5) im Pflanzenalter von sieben Jahren brachte erste Ergebnisse zu Überlebensrate, Mittelhöhe und Qualität.

Abbildung 5: Höhenaufnahme durch RONJA PURWIN in der Roteichen-Versuchsfläche Osing



Quelle: AWG.

Überlebensrate

Die Überlebensrate der Pflanzen betrug im Durchschnitt über alle Flächen 76,3 %.

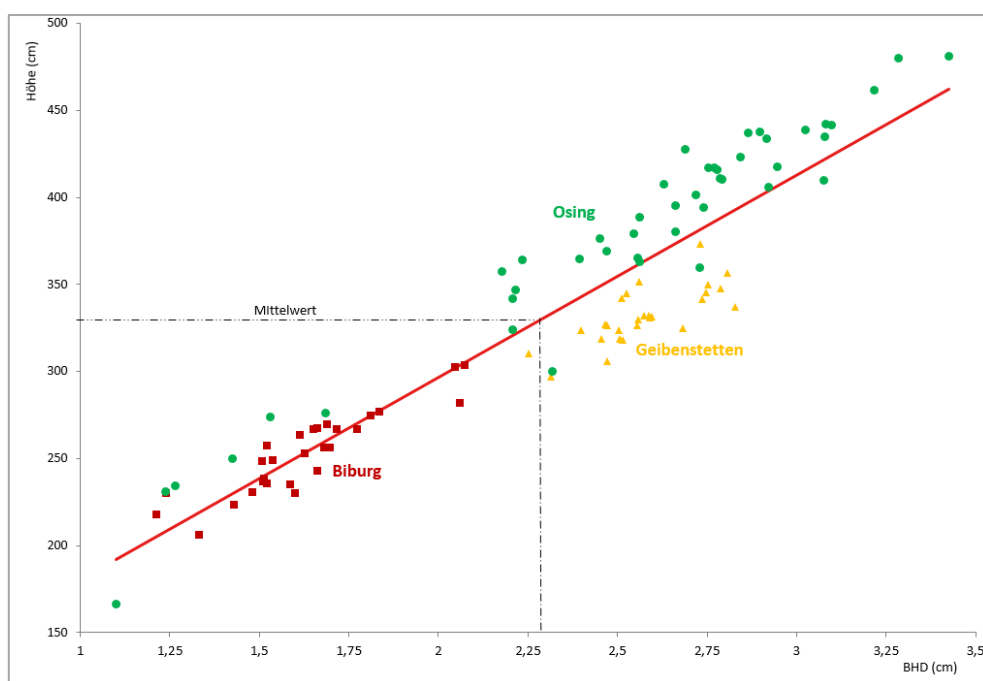
Die Fläche in Osing (Lkr. Berchtesgadener Land) war mit 91,6 % überlebender Pflanzen besonders gut bestockt. Etwas lückiger waren die Flächen Biburg (Lkr. Augsburg) mit 84,4 % und in Geibenstetten (Landkreis Kehlheim)

mit 54,1 %. Die hohe Überlebensrate in Osing ist Ausdruck der dort umgesetzten, überdurchschnittlich intensiven Pflege. In Geibenstetten traten Verbißschäden auf, die zu höheren Ausfällen führten.

Mittelhöhe

Die Mittelhöhe aller Flächen betrug 3,24 m. Einzelne Stämme hatten fünf Jahre nach Auspflanzung bereits Höhen von 7,20 m erreicht. Die Fläche Osing entwickelte sich mit einer Mittelhöhe von 3,79 m deutlich besser als die Flächen in Geibenstetten (3,32 m) und Biburg (2,53 m). Diese Entwicklung ist Ausdruck der unterschiedlichen Standortqualität: In Osing sind nährstoffreiche, frische Lösslehme vorhanden, während in Geibenstetten und Biburg mäßig frische Sande den Bodenaufbau bestimmen. Der Brusthöhendurchmesser (BHD) lag im Mittel bei 2,3 cm. In Abbildung 6 ist der Zusammenhang zwischen Bodenqualität sowie Baumhöhe und Durchmesser deutlich erkennbar.

Abbildung 6: Vergleich der Wuchseistung der Nachkommenschaften (NK) auf den Versuchsflächen Osing, Geibenstetten und Biburg (angegeben sind die Mittelwerte hinsichtlich Höhe und BHD).

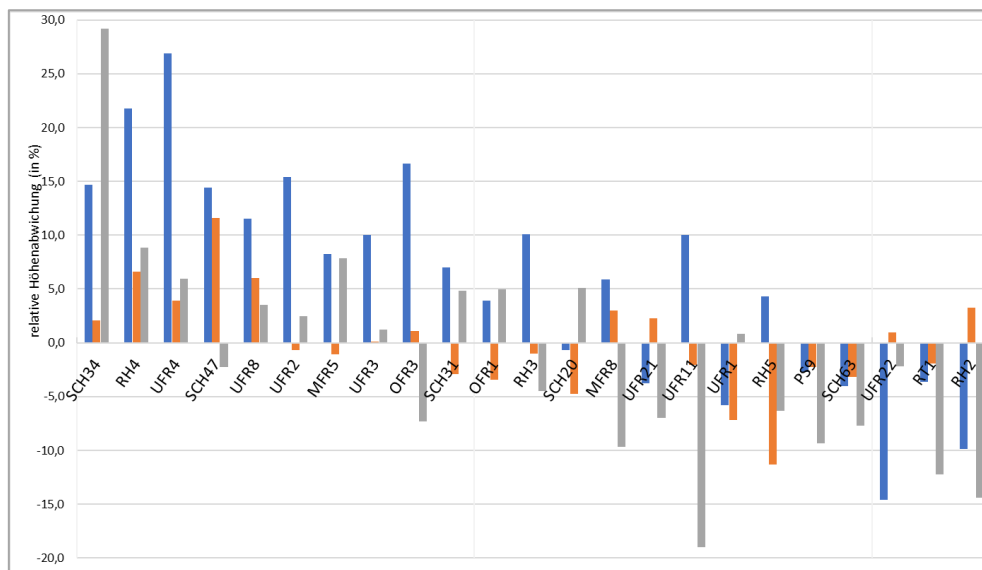


Quelle: AWG (R. SCHIRMER).

Um die Höhenwuchseistung einer Nachkommenschaft auf den standörtlich unterschiedlichen Flächen vergleichen zu können, wurde die Abweichung der Mittelhöhe dieser Nachkommenschaft von der Mittelhöhe aller Nachkommenschaften der jeweiligen Versuchsfläche als relativer Prozentwert berechnet (Mittelhöhe der NK/ Mittelhöhe aller NK der Vfl) x 100).

Überdurchschnittliche Höhenwuchseistungen auf allen Flächen waren bei den Nachkommenschaften SCH34, RH4, UFR4 und UFR8 zu beobachten (Abb. 7). Die Nachkommenschaften RT1, SCH63 und PS9 zeigten dagegen auf allen Flächen deutlich unter dem jeweiligen Flächenmittel liegende Höhenwuchseistungen.

Abbildung 7: Abweichung der Höhe der jeweiligen Nachkommenschaft vom Höhenmittelwert aller Nachkommenschaften einer Versuchsfläche (Angaben in Prozent der Abweichung).
Blau: Osing - Orange: Geibenstetten - Grau: Biburg



Quelle: AWG (R. SCHIRMER).

Qualität

Die Qualität der Pflanzen ist das wichtigste Auswahlkriterium für die ab dem Alter 9 vorgenommene, erste selektive Durchforstung. Grundlage für dieses Vorgehen ist die wissenschaftliche Erkenntnis, dass der Faktor Geradschaftigkeit bis zu 60 % (GEBUREK 2004) durch die Erbanlagen beeinflusst wird, die Aststellung sogar ausschließlich (KLEINSCHMIT und SVOLBA 1979). Alle Pflanzen wurden daher hinsichtlich Stammform und Zwieselbildung bonitiert (Tabelle 3).

Tabelle 3: Boniturstufen zur Qualitätsbeurteilung und Ergebnis auf den Versuchsflächen).

Stammform (Haupttrieb)	1 gerade: zweischurig
	2 einschnurig
	3 unschnurig, starke einschnürige Krümmung
Zwiesel	1 kein Zwiesel
	2 Zwiesel in oberer Hälfte des Baumes (Hochzwiesel)
	3 Zwiesel in unterer Hälfte des Baumes (Tiefzwiesel)

Quelle: AWG (R. SCHIRMER).

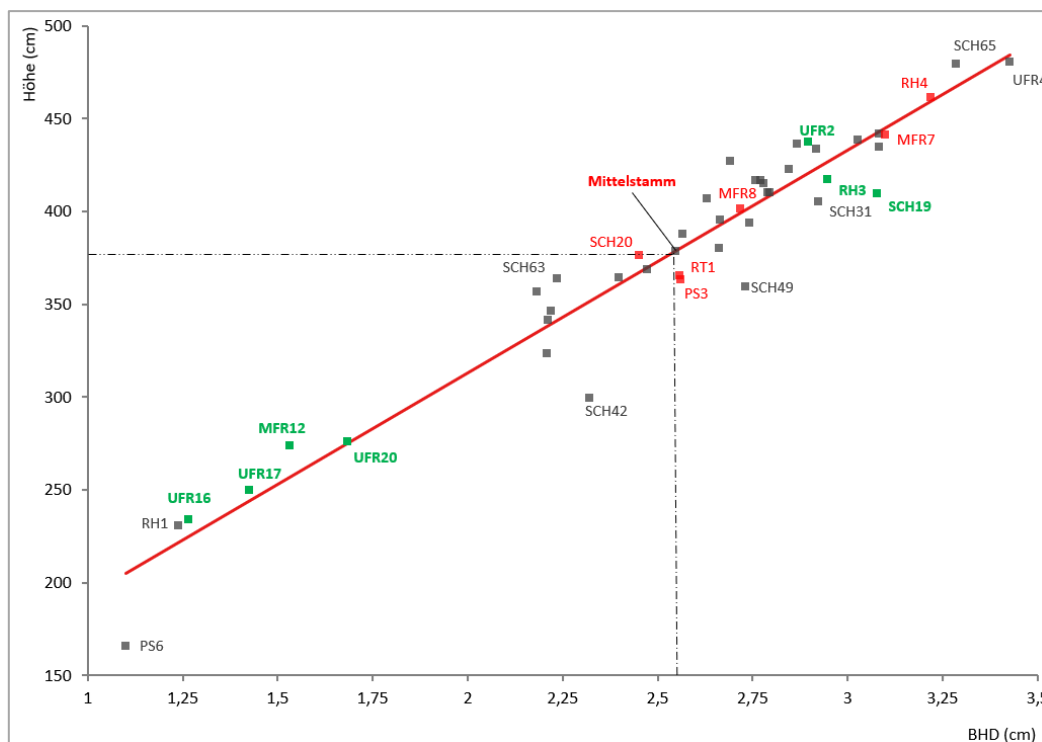
Im Mittel aller Flächen waren 4 % sämtlicher Pflanzen gerade und 51 % ohne Zwiesel. Verbuschte Pflanzen machten 2 % der aufgenommenen Individuen aus. Verbuschung war häufig auf beschädigte, vertrocknete bzw. verbissene Gipfelknospen nach der Pflanzung zurückzuführen. Da vorrangig diese externen Faktoren für die Qualitätsminderung anzunehmen waren, blieb diese Boniturstufe bei der Bewertung unberücksichtigt. Der Versuch Osing wies den höchsten Anteil an geradschaftigen und unverzwieselten Pflanzen auf, der Versuch Biburg zeigte die schlechteste Qualität (Tabelle 3).

Die Mehrheit der Nachkommenschaften wies keine flächenübergreifende einheitliche Rangfolge bei der Höhenwuchsleistung auf. Ursache hierfür ist neben der Variation der Standortqualität die Tatsache, dass jede Nachkommenschaft aus genetisch unterschiedlichen Halbgeschwistern besteht. Als Konsequenz daraus wurde Qualität und Wuchsleistung der Nachkommenschaften für jeden Versuchsstandort gesondert bewertet und die im Rahmen der Selektion zu entnehmenden Nachkommenschaften flächenspezifisch festgelegt. Am Beispiel des Versuchs Osing wird die Vorgehensweise erläutert.

6 Nachkommenschaftsprüffläche Osing

Die Versuchsfläche Osing im Bereich des BaySF-Forstbetriebs Berchtesgaden mit 44 zu prüfenden Nachkommenschaften hatte sich am besten entwickelt. Sie zeigte nur 8,5 % Ausfälle. Wüchsigerer Nachkommenschaften wiesen tendenziell geringere Ausfallraten auf. Im Alter 7 hatten die Versuchspflanzen bereits Dichtstand erreicht. Im unteren Kronenbereich setzte die natürliche Astreinigung ein. Der Mittelstamm hatte eine Höhe von 379 cm bei einem BHD von 2,6 cm. Die maximale Baumhöhe betrug 720 cm. Abbildung 8 zeigt die deutliche Korrelation beim Mittelwert der Nachkommenschaften zwischen Baumhöhe und Brusthöhendurchmesser (BHD). Die sieben hinsichtlich Stammform und Verzweiselung besten Nachkommenschaften verteilten sich über das gesamte BHD/H-Spektrum. Der Anteil an stark gekrümmten und verzweiselten Stämmen war dagegen besonders bei den wuchskräftigsten Nachkommenschaften überdurchschnittlich hoch.

Abbildung 8: Wuchsleistungen der Nachkommenschaften (NK) auf der Versuchsfläche Osing (charakterisiert durch Höhen/BHD-Mittelwerte; qualitativ überdurchschnittliche NK sind grün, schlechte rot gekennzeichnet).



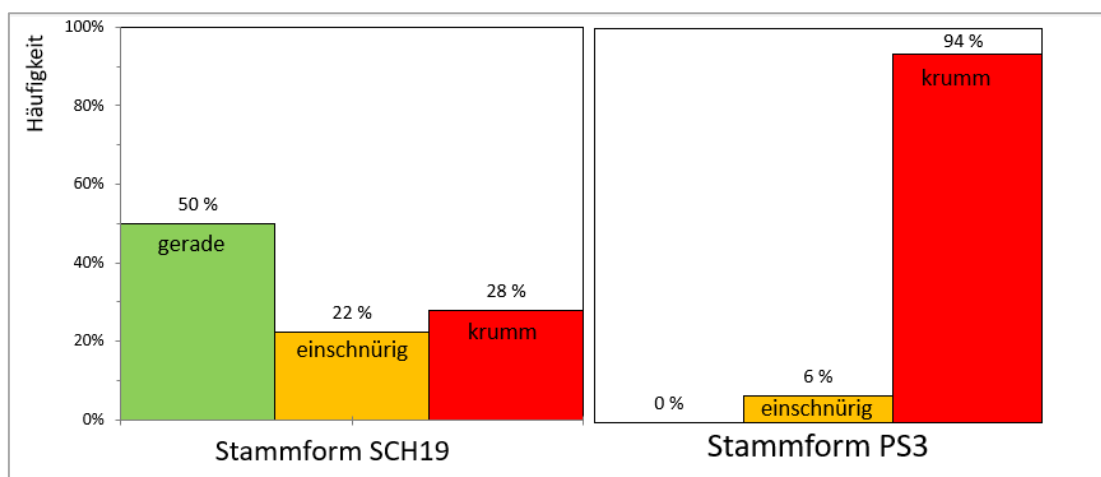
Quelle: AWG (R. SCHIRMER).

Um die Kronenentwicklung zu fördern, wurde im Winter 2023/24 eine erste Durchforstung durchgeführt (vgl. Selektionsschritt 3 in Tabelle 1). Selektionskriterium war vorrangig die Qualität der Nachkommenschaften, da

diese für künftige Saatgutbestände von entscheidender Bedeutung ist. Bei der Selektion erfolgte die vollständige Entnahme von 20 % der hinsichtlich Stammform und Verzwieselung schlechtesten Nachkommenschaften. Die Nachkommenschaften PS6 und RH1 wurden zusätzlich wegen signifikant unterdurchschnittlicher Massenleistung entnommen (vgl. Abb. 6). Bei den verbliebenen, besseren Nachkommenschaften wurde die Stammzahl von neun auf sechs Bäume je Parzelle reduziert.

Im Durchschnitt waren 60,5 % der Stämme aller Nachkommenschaften unverzwieselt und 8,7 % zeigten zweischnürige, gerade Stammformen. Die qualitativ beste Nachkommenschaft SCH19 hatte 55,6 % unverzwieselte Stämme und 50,0 % gerade, zweischnürige Stammformen, die schlechteste Nachkommenschaft PS3 dagegen nur 45,7 % unverzwieselte Stämme und keine geraden Stämme (Abb. 9).

Abbildung 9: Gegenüberstellung der Anteile unterschiedlicher Stammformen guter und schlechter Nachkommenschaften (NK) auf der Versuchsfläche Osing am Beispiel der NK SCH19 und PS3.

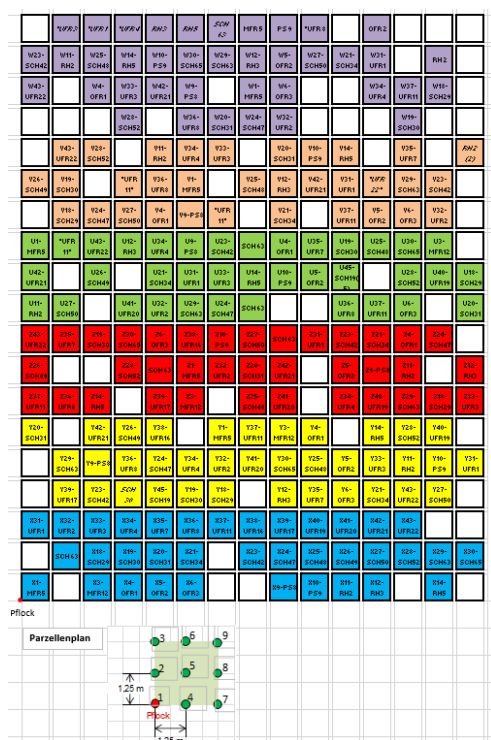


Quelle: AWG (R. SCHIRMER).

Die Analyse der Daten ergab grundsätzlich, dass mit steigendem Anteil gerader Stämme (Boniturstufe 1, Tab. 3) der Anteil von Bäumen mit Tiefzwiesel (Boniturstufe 3) signifikant abnahm. Eine Korrelation zwischen Stammform und Hochzwieselanteil war dagegen nicht feststellbar. Mit zunehmender Baumhöhe waren weniger schlechte Stammformen und Tiefzwiesel, jedoch mehr Hochzwiesel zu beobachten.

Bei der ersten Durchforstung wurden die qualitativ schlechtesten Nachkommenschaften entnommen. Die entstandenen Leerparzellen sind im Versuchsflächenplan (Abb. 10) weiß gekennzeichnet. Am Ende der Versuchsphase werden noch etwa 50 Bäume verbleiben.

Abbildung 10: Versuchsflächenplan Osing mit weißen Leerparzellen nach der ersten Durchforstung. Die unterschiedlich gefärbten Parzellen kennzeichnen die sechs Wiederholungen.



Quelle: AWG (R. SCHIRMER).

7 Fazit

Bei der traditionellen Anlage von Samenplantagen aus Sämlingen von Plusbäumen erfolgt vorab keine phänotypische Bewertung der Nachkommenschaften. Die Kombination einer Nachkommenschaftsprüfung von Plusbäumen mit kontinuierlicher Überführung der Versuchsbestände in eine Samenplantage ist in Deutschland bei Roteiche eine neue, erstmals umgesetzte Vorgehensweise.

Dieser Versuchsansatz ist eine Gratwanderung zwischen Selektion auf Grundlage wirtschaftlich orientierter Qualitätskriterien bei gleichzeitig zu sichernder, ausreichend großer genetischer Variation. Diese ist notwendig, um im Klimawandel eine hohe Anpassungsfähigkeit zu gewährleisten.

Nach KONNERT et al. (2015) kann eine Selektion mit geringer Intensität, d. h. der Entnahme von etwa einem Drittel der Familien, ein Ansatz sein, um einerseits die notwendige Stabilität von phänotypischen Merkmalen in den verbleibenden Nachkommenschaften zu erreichen und gleichzeitig einen ausreichenden genetischen Pool zu erhalten.

Nach dem Forstvermehrungsgutrecht kann Roteiche als Kategorie „ausgewählt“ erst ab dem Alter 40 und mit einer Mindestfläche von 0,25 ha als Saatguterntebestand zugelassen werden. Die in der Versuchsserie auf einer Bestandesfläche von jeweils 0,5 ha angebaute Roteiche können jedoch bereits ohne gesetzlich vorgeschriebenes Mindestalter ab dem Zeitpunkt einer flächigen Fruktifikation als Samenplantage zugelassen und beerntet werden. Frühere Zulassung und höhere Saatgutqualität durch gezielte Selektion innerhalb der geprüften Nachkommenschaften sind für die Bereitstellung von Saatgut im Klimawandel von großer Bedeutung. Die Roteichenversuchsserie ist daher ein Modellprojekt, das bei der Erweiterung der Saatguterntebasis von auch von anderen trocken-toleranten, heimischen Nebenbaumarten wie beispielsweise Elsbeere und Speierling zur Anwendung kommen sollte. Im Gegensatz zum Aufbau von Plantagen aus Pflanzlingen ist diese Vorgehensweise

kostengünstiger. Vergleichbare Versuchsanlagen sollten allerdings auf größeren Flächen als im dargestellten Versuch etabliert werden.

Literatur

- BAYERISCHES STAATSMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN (2020): Baumarten für den Klimawald - Bayerischen Forstverwaltung, 16 S.
- CLARK J, WILSON T (2005): The Importance of Plus-Tree Selection in the Improvement of hardwoods. *Quarterly Journal of Forestry* 99 (1): 45–50.
- CORNELIUS J (1994): The effectiveness of plus-tree selection for yield. *Forest Ecology and Management* 67: 23–34.
- GEBUREK T (2004): Die Weitergabe genetischer Information - eine wichtige Komponente bei der Waldverjüngung. *BFW-Praxisinformation*, 4:18–20.
- GODT MJW, HAMRICK JL, EDWARDS-BURKE MW, WILLIAMS JH (2001): Comparisons of genetic diversity in white spruce (*Picea glauca*) and jack pine (*Pinus banksiana*) seed orchards with natural populations. *Canadian Journal of Forest Research* 31 (6): 943–949.
- HARDTKE A (2022): Vorschläge zur Optimierung/Verbesserung der genetischen Qualität von Saatgut aus Erntebeständen bei den Eichenarten (*Quercus robur* L. und *Quercus petraea* [Matt.] Lieb.), Dissertation Georg-August-Universität Göttingen, 242 S.; <https://ediss.uni-goettingen.de/handle/11858/14309>
- HASENKAMP N, ZIEGENHAGEN B, MENGEL C, SCHULZE L, SCHMITT H-P, LIEPELT S (2011): Towards a DNA marker assisted seed source identification: a pilot study in European beech (*Fagus sylvatica* L.), *European Journal of Forest Research* 130. 513-519:
- KLEINSCHMIT J, SVOLBA J (1979): Möglichkeiten der züchterischen Verbesserung von Stiel und Traubeneichen (*Quercus robur* und *Quercus petraea*) III. Nachkommenschaftsprüfung von Eichenzuchtbäumen. *Allgemeine Forst- und Jagd Zeitung* 150 (6): 111–119.
- KONNERT M, FADY B, GÖMÖRY D, A'HARA S, WOLTER F, DUCCI F, KOSKELA J, BOZZANO M, MAATEN T, KOWALCZYK J (2015): Use and transfer of forest reproductive material in Europe in the context of climate change. *European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN)*, Bioversity International, Rome, Italy. xvi and 75p.

Autoren

RANDOLF SCHIRMER, MARTIN TUBES

Bayer. Amt für Waldgenetik (AWG), Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf

Kontakt: randolf.schirmer@awg.bayern.de

Phänologische und physiologische Bonitur von Plusbaum-Nachkommenschaften der Rot-Eiche in der Sämlingsphase

MARIE BRÜCKNER, MATTHIAS MEYER, UTE TRÖBER, FLORIAN LASSIG

Zusammenfassung

Die Rot-Eiche ist eine der für Deutschland im Klimawandel relevanten Baumarten, was unter anderem aus guten Verjüngungserfolgen und Wuchsleistungen, mitunter auch an schwierigen, trockenen Standorten, im Vergleich zu den einheimischen Eichenarten abgeleitet werden kann. Es ist jedoch vergleichsweise wenig über die phänologische und physiologische Anpassung der Populationen in Mitteleuropa seit der Einführung (ab 1691) bekannt. Die wissenschaftliche Begleitung der Anzucht von 40 Nachkommenschaften aus Absaaten der Plusbäume des Verbundvorhabens RubraSelect, welche entlang eines Standortwasserbilanz-Gradienten über sieben Bundesländer hinweg gewählt worden sind, ermöglichte eine umfangreiche Bonitur während aller Entwicklungsphasen der Sämlinge. Über 2000 Pflanzen wurden regelmäßig bonitiert, um einen Gesamteindruck über die phänologische Variabilität des Keimungs- und Austriebsverhaltens sowie des Vegetationsabschlusses zu erhalten. Auch die Reaktion der Nachkommenschaften auf ein Spätfrost-Extremereignis in der Anzuchtphase (23.04.2024 früh morgens) wurde bonitiert. Die phänologischen Ergebnisse wurden zu den Standorts- und Klimadaten der Mutterbäume, zur ebenfalls analysierten genetischen Konstitution der Nachkommenschaften (15 Kern-Mikrosatelliten-Marker) sowie zu Ergebnissen eines Trockenstressexperiments mit dem Material im Sommer 2024 in Bezug gesetzt. Die im vorliegenden Beitrag vorgestellte umfangreiche Beschreibung der Nachkommenschaften soll ermöglichen, die Auswirkungen multipler Stressereignisse auf das Pflanzgut bzw. auf dessen Standortseignung abzuschätzen. Es konnten zwar Unterschiede zwischen Plusbaum-Nachkommenschaften hinsichtlich aller phänologischen und physiologischen Untersuchungseigenschaften nachgewiesen werden, jedoch ließen diese sich weder auf eine Anpassung entlang des Gradienten der Standortwasserbilanz, noch auf genetischen (Verwandtschafts-)Strukturen in Deutschland zurückführen. Dies deutet darauf hin, dass der populationsgenetische Anpassungsprozess seit der Einführung der Rot-Eiche in Deutschland nicht abgeschlossen ist und bei der Wahl von forstlichen Vermehrungsgutquellen die Charakteristika der Bestände berücksichtigt werden müssen. Die Ergebnisse der vorgestellten Studie werden dazu genutzt, mit den Nachkommenschaften der geeignetsten Plusbäume neue Saatgutquellen in Sämlingssamenplantagen für die künftige Versorgung mit verbessertem Saatgut zu begründen.

Abstract

Phenological and physiological assessment of plus-tree progenies of red oak in the seedling phase

Red oak is one of the most relevant tree species for Germany in the context of climate change, which can be inferred from its good regeneration success and growth performance, sometimes even in difficult, dry locations, compared to the native oak species. However, comparatively little is known about the phenological and physiological adaptation of the populations in Central Europe since its introduction (from 1691). The scientific monitoring of the cultivation of offspring from saplings of 40 plus trees, which were selected within the joint project RubraSelect along a site water balance gradient across seven federal states, enabled extensive assessment during all development phases of the seedlings. Over 2000 plants were regularly assessed in order to gain an overall impression of the phenological variability of germination and budding behavior as well as of the end of vegetation period. The reaction of the progeny to an extreme late frost event in the cultivation phase (23.04.2024 early in the morning) was also assessed. The phenological results were related to the location and climate data of the mother trees, to the genetic constitution of the progeny (15 nuclear microsatellite markers), which was also analyzed, and to the results of a drought stress experiment with the material in the summer of 2024. The aim of comprehensive description of the progenies presented in this article was to assess the effects

of multiple stress events on the planting material and its suitability for the site. Although differences between plus tree progenies could be detected with regard to all phenological and physiological test characteristics, these could neither be attributed to an adaptation along the gradient of the site water balance nor to genetic (relationship) structures in Germany. This indicates that the population genetic adaptation process has not been completed since the introduction of red oak in Germany and that the characteristics of the stands must be taken into account when selecting forest reproductive material sources. The results of the presented study will be used to establish new seed sources in seedling seed orchards with the progeny of the most suitable plus trees for the future supply of improved seed.

1 Einleitung

Die Rot-Eiche (*Quercus rubra* L.) ist schon vergleichsweise lange in Europa eingeführt und ist in Deutschland Baum des Jahres 2025 (FENNER 2024). Sie erweist sich zurzeit als eine der für Deutschland bzw. Europa im Klimawandel relevanten Baumarten (LIESEBACH et al. 2021, NICOLESCU et al. 2020). Sie ergänzt seit vielen Jahrzehnten das einheimische forstliche Baumartenspektrum – unter anderem auch in Sachsen (SCHMIDT et al. 2002). Das natürliche Baumartenspektrum wird auch dort, jedoch mit einer kleinflächigen Ausnahme in der Sächsischen Schweiz, nicht durch das Ausbreitungssystem der Rot-Eiche beeinträchtigt (vgl. Beobachtung von Verdrängungsprozessen gegenüber der Trauben-Eiche (*Q. petraea*) in Kiefern-Felswäldern der Sächsischen Schweiz (DRESSEL UND JÄGER 2002)). Es gibt keine Anhaltspunkte für eine systematische Verschlechterung der Bodeneigenschaften unter Rot-Eichen-Beständen (NAGEL 2024), und auch spontane Hybridisierung mit einheimischen Eichen-Arten gibt es nicht. Den europäischen Eichenarten ist sie im waldbaulichen Kulturbegründungserfolg und dem frühen Wachstum auch auf sandigen Böden oft überlegen, was die Erfolgsaussichten von waldbaulichen Verjüngungsmaßnahmen erhöht. Zudem liefert sie zuverlässig zufriedenstellende Wuchsergebnisse und gute Stammqualitäten auch unter mittleren oder schwierigen standörtlichen Bedingungen (NAGEL 2024). Deshalb, aber auch wegen ihrer Eignung für die Anlage von Waldbrandschutzriegeln, fand sie lange Zeit auch in der Rekultivierung von Braunkohle-Bergbaufolgelandschaften des Lausitzers und des Mitteldeutschen Reviers erfolgreich Verwendung (Katzur und BÖCKER 2011, THOMASius UND HÄFKER 1998). Die Rot-Eiche ist die verbreitetste nicht-einheimische Waldbaumart in Deutschland und hatte 2015 im Hauptbestand einen Waldflächenanteil von 0,4 % (BMVEL zit. in NAGEL 2015). Sie wird in den Beschreibungen der geltenden Waldentwicklungstypen häufig als Mischbaumart ausgewiesen (z. B. SBS 2013).

Das Verbundprojekt RubraSelect (Förderung im Rahmen des Walklimafonds durch die FNR e.V. und das BMEL) hat zum Ziel, die Basis an Saatgutquellen zu erweitern und damit die Versorgung des Marktes mit qualitativ hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut der Rot-Eiche langfristig zu verbessern. Das Projektkonsortium untersuchte die genetischen Strukturen von Beständen und deren physiologische Merkmale anhand der Reaktions- und Anpassungsfähigkeit daraus ausgewählter Plusbäume und deren Einzelbaum-Nachkommenschaften aus Rot-Eichenbeständen in Deutschland. Neben anderen Arbeitspaketen beinhaltet das Projekt die phänologische und phänotypische Bonitur sowie einen Trockenstressversuch im Gewächshaus mit diesen Nachkommenschaften von Plusbäumen aus sieben Bundesländern. Der vorliegende Beitrag geht der Frage nach, ob sich die temporäre Anpassung der Mutterbäume an die Standortwasserbilanz auf ihre Nachkommenschaften übertragen hat und sich dadurch Einschränkungen der Verwendung zum Beispiel an besonders trockenen Standorten ableiten lassen.

2 Material und Methoden

2.1 Beerntung ausgewählter Plusbäume und Anzucht der Nachkommenschaften

Die Rot-Eichen-Bestände für das Verbundvorhaben RubraSelect wurden im Projektgebiet ausgewählt, das die Bundesländer Brandenburg (BB), Baden-Württemberg (BW), Hessen (HE), Niedersachsen (NI), Sachsen (SN), Sachsen-Anhalt (ST) und Schleswig-Holstein (SH) umfasst. Für die Studie wurden 40 Plusbäume entlang eines Gradienten der Standortwasserbilanz (SWB) der ausgewählten Bestände von +160 mm (eher gut wasserversorgt) bis -100 mm (eher defizitär) ausgewählt (Abb. 1). Die trockensten Standorte befinden sich in Brandenburg und Sachsen-Anhalt (Minimum des Gradienten), die am besten wasserversorgten dagegen in Baden-Württemberg (Maximum des Gradienten).

Abbildung 1: Oben: Standorte der Rot-Eichenbestände (*Quercus rubra*), aus denen 40 Plusbäume für die Gewinnung von Absaaten und die physiologische Bonitierung der Nachkommenschaften gewonnen wurden. Plusbaumauswahl folgte einem Gradienten der Standortwasserbilanz (SWB) im Projektgebiet des Vorhabens RubraSelect; Farbskala von blau = maximale SWB bis rot = minimale SWB. Unten: Geworbenes Saatgut, Wurfseiltechnik zum Abschütteln und Planen bei der Saatguternte. Bundesländer: Brandenburg (BB), Baden-Württemberg (BW), Hessen (HE), Niedersachsen (NI), Sachsen (SN), Sachsen-Anhalt (ST) und Schleswig-Holstein (SH).



Quellen: Staatsbetrieb Sachsenforst (M. BRÜCKNER).

Zur Vorbereitung war es zuerst erforderlich, je Plusbaum 150 Eicheln zu gewinnen und daraus Pflanzen unter vergleichbaren Bedingungen anzuziehen. Die Saatguternte erfolgte aus administrativen Gründen im Jahr 2022 (Herbst), obwohl in diesem Jahr mit einer Spreng- bis Fehlmast zu rechnen war. Die Bestände, welche die beernteten Plusbäume beinhalten, hatten ein Alter zwischen 33 und 143 Jahren. Meist handelt es sich um

Bestände der ersten Generation nach der Einführung der Rot-Eiche nach Deutschland. In wenigen Fällen der jüngeren Bestände wurde anhand genetischer Analyseergebnisse vermutet, dass sie aus der Beerntung von bereits in Deutschland etablierten Beständen hervorgegangen sind.

Die Absaaten wurden mittels Wurfseiltechnik aus der betreffenden Plusbaumkrone geschüttelt und von den unter den gewünschten Kronen ausgelegten Planen gesammelt (Abb. 2, rechts). Je Plusbaum-Nachkommenschaft wurden 96 Eicheln in Quickpot-Baumschulplatten (HerkuPlast, Vertrieb Hermann Meyer GmbH) gesteckt und im Folienzelt bis Mai 2023 angezogen. Danach wurden die Pflanzen im Freiland, in der Vegetationsperiode zeitweise unter Schattiergewebe, weiter kultiviert. Im August 2023 wurden alle Nachkommenschaften in Rosentöpfe (2,0 L, Soparco, Vertrieb Hermann Meyer GmbH) in Anzuchtsubstrat umgetopft (Gramoflour Pikier+TonL, Gramoflor GmbH und Co. KG).

Da im Trockenstressversuch eine Mindestanzahl von 30 Pflanzen je Plusbaum-Nachkommenschaft trotz praxisüblicher Ausfälle zur Verfügung stehen musste, lag das Ziel in der Anzucht von mindestens 50-70 Pflanzen.

2.2 Charakterisierung der Nachkommenschaften mittels Anzuchtbonituren, genetischen Untersuchungen und Überprüfungen der Trockenstress-Toleranz

Beschreibung der Boniturschemata

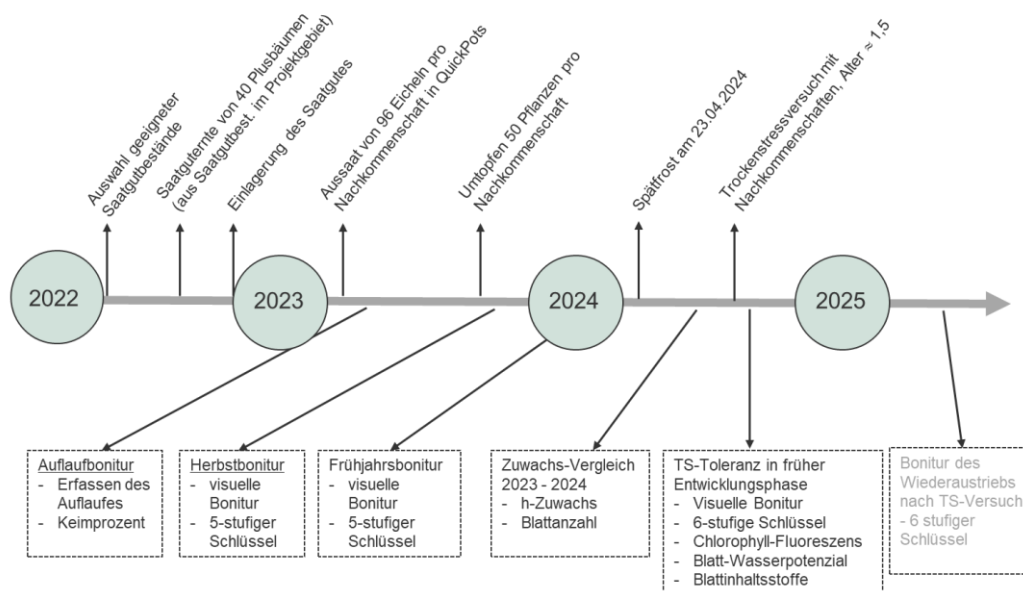
Während der Anzucht der Plusbaum-Nachkommenschaften wurden drei Bonituren durchgeführt (Zeitlicher Verlauf in Abb. 2): (1.) Die Auflaufbonitur dient zur Erfassung des Auflaufzeitraumes und der Keimrate. Die auskeimenden Eichen aller Nachkommenschaften wurden im Zeitraum vom 28.04. – 01.06.23 im Turnus von 3 Tagen erfasst. (2.) Mit der Herbstbonitur wurde das Verfärben der Blätter der Rot-Eichen zeitlich erfasst und quantifiziert. Der fünfstufige Boniturschlüssel (Abb. 3) wurde auf Grundlage des Boniturschemas für die Laubverfärbung bei Eichenarten nach ANONYMUS (1995) abgeleitet. Der Aufnahmeturnus war einmal wöchentlich im Zeitraum vom 18.09. bis zum 09.10.2023. (3.) Die darauffolgende Frühjahrsbonitur erfolgte vom 27.03. bis zum 04.06.24 zweimal wöchentlich mit einem sechsstufigen Schlüssel (ebenfalls nach ANONYMUS (1995) abgeleitet (Abb. 3).

Des Weiteren wurden Pflanzenhöhe, Wurzelhalsdurchmesser und Blattanzahl in dem ersten und zweiten Vegetationsjahr aufgenommen. Anhand der Werte konnte die Zuwachsrate der ersten beiden Vegetationsjahre berechnet werden.

Der Boniturschlüssel für den Austrocknungsversuch (Abb. 3) mit den ausgewählten Rot-Eichen-Nachkommenschaften war auf Grundlage eines eigenen Vorversuches im Jahr 2023 mit Wildlingen im Gewächshaus und auf Basis des Schlüssels nach KÄTZEL et al. (2015) zusammengestellt.

Abbildung 2: Chronologische Darstellung der wichtigsten Arbeitsschritte und Witterungsereignisse während der Anzucht von Plusbaum-Nachkommenschaften aus ausgewählten Beständen des Vorhabens RubraSelect sowie der saisonal aufeinanderfolgenden Bonituren und des Trockenstressversuchs im Versuchsgewächshaus (Projektpartner: Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Sachsenforst).

Charakterisierung des Vermehrungsgutes um die Eignung als Ausgangsmaterial einzuschätzen



Quelle: Staatsbetrieb Sachsenforst (M. BRÜCKNER).

Abbildung 3: Verwendete Boniturschlüssel angepasst nach ANONYMUS (1995) und KÄTZEL et al. (2015) zur Charakterisierung von phänologischen (Herbst- / Frühjahrsbonitur) und physiologischen Unterschieden (Bonitur Trockenstress) zwischen Plusbaum-Nachkommenschaften der Rot-Eiche (*Quercus rubra*) aus dem Vorhaben RubraSelect.

Herbstbonitur

Boniturstufe	Beschreibung	Bild
0	Alle Blätter grün	
1	< 50% rot/gelb verfärbt	
2	> 50% rot/gelb verfärbt	
3	< 50% braun verfärbt	
4	> 50% braun verfärbt	
5	Blätter abgefallen	

Frühjahrsbonitur

Bonitur	Nummer	Beschreibung	Bild
Knospen	geschlossen	1	
	angeschwollen/gestreckt	2	
	aufgebrochen	3	
Blätter	beginnende Entfaltung	4	Frühjahrsbonitur
	entfaltet	5	Frühjahrsbonitur
Frost	Frostschaden		
	Neuaustrieb nach Frost		

Bonitur Trockenstress Toleranz

Boniturstufe	Beschreibung	Bild
0	Keine Symptome	
1	Leichte Welcke	
2	Beginnendes einrollen der Blätter	
3	< 50% der Blätter eingerollt	
4	> 50% der Blätter eingerollt	
5	100 % Blätter abgestorben	
6	Pflanze abgestorben	

Quelle: Staatsbetrieb Sachsenforst (M. BRÜCKNER).

2.3 Genetische Analysen der Nachkommenschaften

Mittels Multilocus-Fingerprints aus 15 Kern-Mikrosatelliten-Markern (nSSR) wurde die genetische Struktur der Plusbaum-Nachkommenschaften untersucht und beschrieben. Je Nachkommenschaft wurde eine Stichprobe von 25 Pflanzen genetisch analysiert. Populationsgenetische Analysen und Berechnungen der Maßzahlen genetischer Strukturen der Saatgutpartien erfolgten mit den Software-Programmen GenA1Ex (PEAKALL UND SMOUSE 2012) und BioNumerics (Applied Maths NV, Gent, Belgien). Mit der Software Colony (JONES UND WANG 2010) konnten sowohl Verwandtschaftsverhältnisse (Voll- und Halbgeschwister) innerhalb der Stichprobe ermittelt werden.

Für die DNA-Extraktion wurden im Juni 2023 Blattproben von den Sämlingen entnommen, in Silica-Gel getrocknet und 20 bis 30 mg des getrockneten Blattmaterials eingewogen. Zusätzlich wurde bei drei morphologisch inhomogen aussehenden Saatgutpartien eine Überprüfung des Saatgutes zum Abgleich mit dem Mutterbaum unternommen. Dazu wurden 20 mg embryonales Gewebe der Eicheln eingewogen.

Isoliert wurde die DNA halbautomatisch mit dem Kit Innupure C 16 (Analytik Jena GmbH+Co. KG, Jena) und dem Isolier-Kit (Plant Kit II, IST Innuscreen GmbH, Berlin). Die Laborprotokolle für die 15 Kernmikrosatelliten-Marker (nSSR) wurden im Rahmen von Ringtests mit dem Projektpartner FVA-BW etabliert, um die Vergleichbarkeit der Ergebnisse im Projekt zu gewährleisten (vgl. NEOPHYTOU et al. 2025). Die DNA-Fragmentlängen-Analyse wurde mit dem Gerät GeXP (AB Sciex Germany GmbH, Darmstadt) nach Standard-Protokoll durchgeführt.

2.4 Untersuchung auf Wasserdefizit Reaktion im Gewächshaus

Um die Nachkommenschaften auf ihre Wasserdefizit-Reaktion im Gewächshaus zu untersuchen, wurde im Sommer 2024 im Forschungsgewächshaus des Sachsenforstes ein Austrocknungsversuch mit 960 getopften Jungpflanzen durchgeführt. Diese wurden einzelpflanzenweise in zufälliger Reihenfolge im Gewächshaus in gleichem Abstand verteilt. Am 14. Juni 2024 wurde eine 14-tägige Akklimatisierungsphase mit regelmäßiger Bewässerung aller Pflanzen begonnen. Danach erhielten die Versuchspflanzen der Trockenstress-Variante (TS) für insgesamt sechs Wochen keine Bewässerung mehr, die übrigen Pflanzen wurden normal weiter bewässert (Kontrollpflanzen). Der Austrocknungsversuch beinhaltete pro Nachkommenschaft 15 TS-Versuchspflanzen und 12 Kontrollpflanzen. Ziel war es, den Verlauf der Austrocknungsreaktionen der Plusbaum-Nachkommenschaften mittels visueller Einschätzung und anhand definierter Boniturstufen zu bewerten. Damit sollten die Nachkommenschafts-Unterschiede bei deren Wasserdefizitreaktionen, z. B. nach der Bestandesbegründung bei Frühsommertrockenheit, eingeschätzt werden.

3 Ergebnisse

3.1 Genetik der Plusbaum-Nachkommenschaften

Im Erntejahr 2022 erwies es sich in den ausgewählten Rot-Eichen Beständen zum Teil als schwierig, wirklich ausschließlich Eicheln des jeweils gewünschten Baumes zu sammeln, weil z. B. aufgrund des Reliefs oder ineinandergreifender Kronen unter dem Baum Samen verschiedener Mütter lagen. Um mögliche Fehler vorab vermeiden oder wenigstens einschätzen zu können, wurden drei ausgewählte Saatgutpartien mit nSSR-Markern auf ihre Homogenität geprüft. Im Ergebnis zeigte sich, dass die Absaaten ein- und desselben Samenbaumes, die genetisch also Halb- oder Vollgeschwister sind, sowohl in Form, Farbe wie auch Größe sehr ähnliche Eigenschaften besitzen.

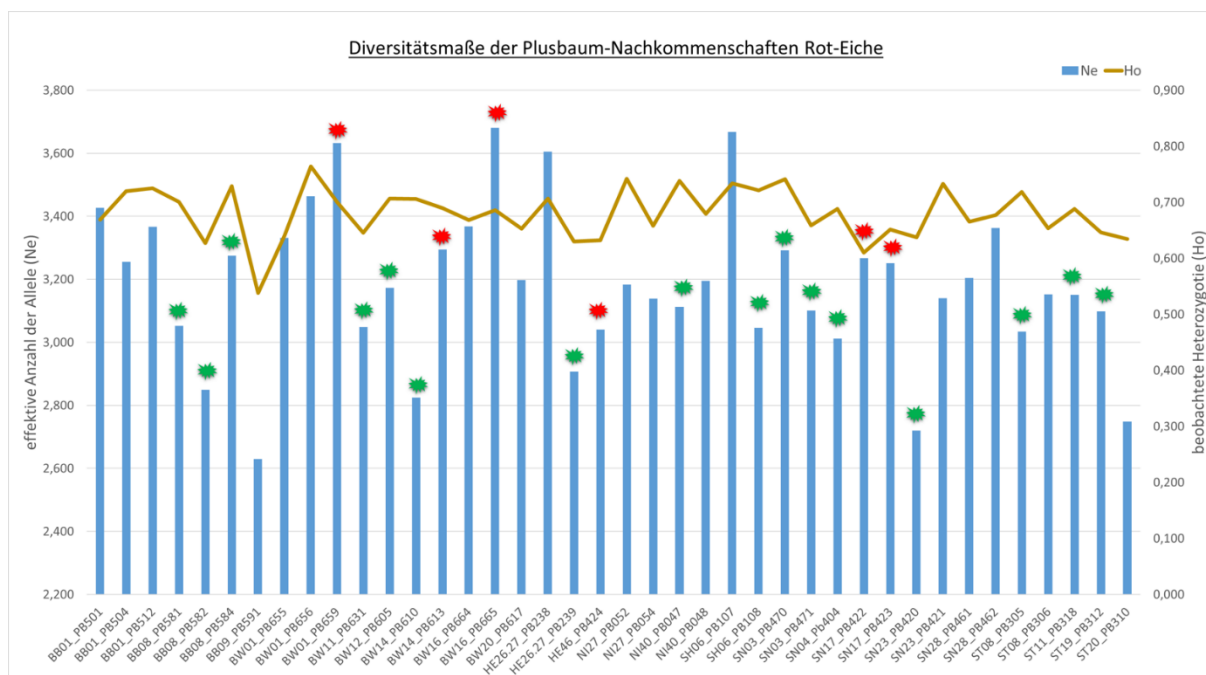
Für die je 25 Nachkommen der 40 im Trockenstressversuch berücksichtigten Plusbäume wurde das Programm Colony verwendet, um auf der Grundlage der analysierten Genotypen die Halb- und Vollgeschwister-Anteile in einzelnen Saatgutpartien zu schätzen. In den Analysen bestätigte sich, dass manche Saatgutproben nicht von

einem Mutterbaum stammen, sondern mehrere Samenbäume repräsentieren. Die Nachkommenschaften wurden nach der Homogenität der untersuchten Stichproben in drei Gruppen eingeteilt. Ergab die Simulation, dass 80 % der untersuchten Pflanzen innerhalb der Stichprobe als Halb- oder Vollgeschwister erkannt wurden, gilt die Saatgutpartie als homogen. Bei mehr als 50 % Halb- und Vollgeschwisteranteil gilt die Stichprobe als ausreichend homogen und wenn weniger als 50 % zugeordnet werden konnten, gelten diese Saatgutpartien als inhomogen. 40 % der Plusbaum-Nachkommenschaftsaatsen beinhalten homogene Saatgutpartien, 45 % konnten eine ausreichende Homogenität vorweisen und 15 % wurden als inhomogene Absaaten bewertet.

Populationsgenetische Strukturparameter (die Diversitätsmaße N_e , N_e und H_o , H_e) ergaben, dass der Standort des Plusbaumes im Bestand (Rand, zentral), die Flächenstruktur (Größe, Form der beprobten Flächen) sowie das Vorhandensein von Rot-Eichenbestockung in der Umgebung eine wichtige Rolle für die genetische Ausstattung der Plusbaum-Nachkommenschaften spielten. So zeigte die Plusbaum-Nachkommenschaft aus dem Revier Klosterheide, BB09-PB 591 (Brandenburg), eine verringerte beobachtete Heterozygotie (H_e), was auf die Bestandesstruktur, einen länglichen schlauchartigen Bestand, sowie auf die Randlage des Mutterbaumes im Bestand zurückzuführen war.

Die Beschaffenheit einer Saatgutpartie war nicht unbedingt ausschlaggebend für die Heterozygotie und die Anzahl der effektiven Allele (N_e) im Bestand. In Abbildung 4 wird ersichtlich, dass sowohl homogene Saatgutpartien gab, die eine geringe beobachtete Heterozygotie (H_o) hatten, als auch solche mit höherer H_o . Gleiches galt auch für das als inhomogen bewertete Saatgut.

Abbildung 4: Effektive Anzahlen der Allele (N_e) sowie beobachtete Heterozygotie (H_o) der untersuchten Plusbaum-Nachkommenschaften der Rot-Eiche (*Quercus rubra*), ausgewählt entlang eines Gradienten der Standortwasserbilanz über sieben Bundesländer (Brandenburg (BB), Baden-Württemberg (BW), Hessen (HE), Niedersachsen (NI), Sachsen (SN), Sachsen-Anhalt (ST) und Schleswig-Holstein (SH)). Mit grünem Stern markierte Nachkommenschaften = als homogene Saatgutpartien bewertet, mit rotem = inhomogene Saatgutpartie und mit geringen Anteilen von Saatgut benachbarter Bäume verunreinigt.



Quelle: Staatsbetrieb Sachsenforst (M. BRÜCKNER).

Generell zeigen die analysierten Nachkommenschaften keine starken genetischen Differenzierungen zwischen einander, was auch nach anderen Studien der genetischen Differenzierung der Rot-Eiche in Deutschland beschrieben worden ist (PETTENKOFER 2019).

3.2 Boniturergebnisse während der Anzucht

Die Auflaufbonitur ergab trotz der oben beschriebenen geringen genetischen Differenzierung der Rot-Eiche in Deutschland deutlich unterschiedliche Zeitpunkte des Auflaufens der Plusbaum-Absaaten aus verschiedenen Bundesländern. Die Nachkommenschaften aus Baden-Württemberg liefen im Frühjahr 2023 zuerst auf, jene aus Sachsen und Brandenburg zeigten eine bis zu zwei Wochen spätere Keimung. Insgesamt hatten die Rot-Eichen-Nachkommenschaften eine mittlere Keimungsrate von 89 %. Bei der Herbstbonitur wurden weniger deutliche Unterschiede im Beginn der Seneszenz gefunden, jedoch zeigten die Nachkommenschaften unterschiedlich stark ausgeprägte Herbstfärbungen. Sowohl die Auflaufbonitur-, als auch die Herbstboniturergebnisse ließen keinen Rückschluss auf eine Standortanpassung des Plusbaumes zu, denn die Unterschiede standen nicht in Zusammenhang mit der Standortwasserbilanz. Es musste also auch andere, eher auf einen individuellen oder Bestandes-Charakter zurückzuführende Unterschiede in der Phänologie gegeben haben.

Auch der Fröhjahrsaustrieb der Nachkommenschaften schien in der vorliegenden Studie individuell genetisch beeinflusst zu sein. Die mittleren Boniturstufen im Austrieb zeigten nur geringe Unterschiede zwischen den Bundesländern. Es gab keinen direkten Zusammenhang zu den mittleren Temperaturen oder Standortwasserbilanzen der Ursprungsbestände der Plusbäume. Die oben diskutierten individuellen genetischen Ursachen, wurden auch in der Literatur beschrieben, unter anderem dass der Austrieb der Bäume genetisch determiniert ist (ARENDT et. al. Ökophysiologie). Die Steuerung der Reaktion erfolgt jedoch in diesem genetischen Rahmen teilweise auch durch den Einfluss von Winterkälte und Photoperiodismus. Bei Jungpflanzen spielt zudem die Temperatursumme für den Austriebsbeginn eine wesentliche Rolle (ARENDT 2022). Ob sich an den Standorten der Plusbäume Anpassungen an das regionale Klima in epigenetischen Prozessen ausgewirkt haben, oder ob der genetische Rahmen für die beobachteten phänologischen Unterschiede auf die im Genom am Ursprungsort in Nordamerika entwickelte Anpassungen der betreffenden genetischen Ressource zurückzuführen sein kann, ist anhand der vorliegenden Studie nicht zu klären.

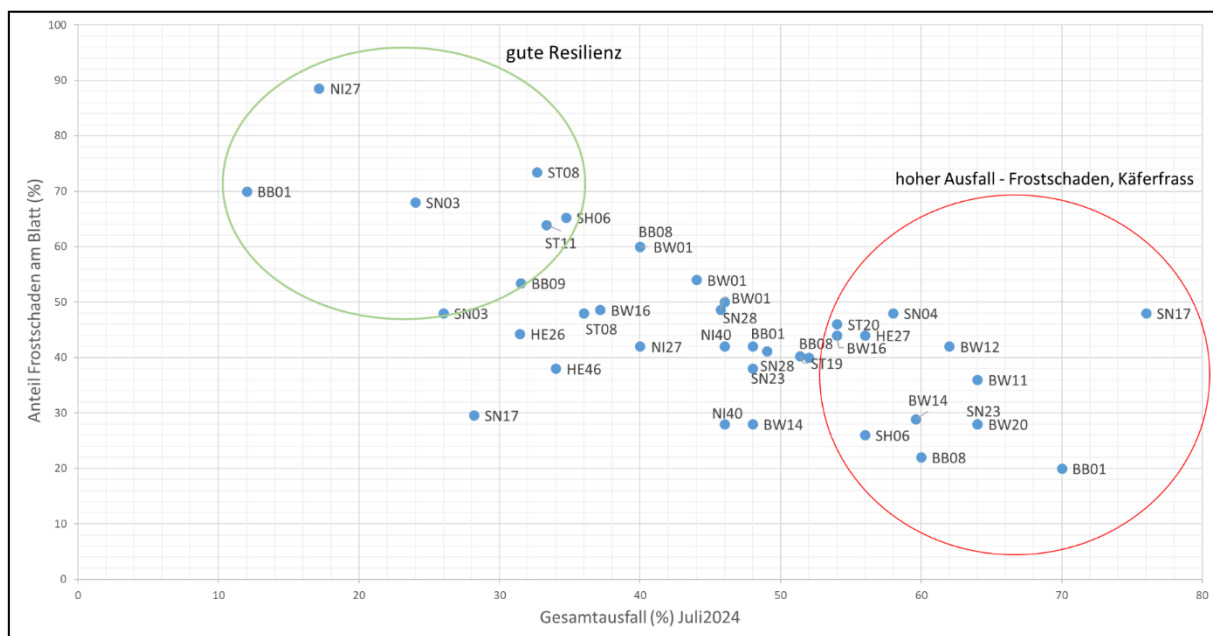
Ein Witterungsereignis, das in Teilen Deutschlands aufgrund früheren Austriebsbeginns von Baumarten im sich ändernden Klima immer häufiger auftritt, ist der Spätfrost. Am frühen Morgen des 23. April 2024 ereignete sich ein Spätfrostereignis mit Temperaturen von bis zu -6 °C in der Anzuchtbaumschule der untersuchten Plusbaum-Nachkommenschaften. Dies führte zu enormen Frostschäden sowohl an ausgetriebenen, als auch an noch nicht ausgetriebenen Pflanzen. Die meisten ausgetriebenen Pflanzen erlitten, mit nur wenigen Ausnahmen, einen starken Blattverlust, während die Mehrheit der noch nicht ausgetriebenen Pflanzen ihre Blattentfaltung in der Folge des Spätfrosts später oder gar nicht mehr begannen.

Doch auch hinsichtlich der Spätfrost-Resilienz wurden Unterschiede zwischen den Nachkommenschaften festgestellt. Setzt man den Wiederaustrieb und den Gesamtausfall der Nachkommenschaften nach diesem Stressereignis ins Verhältnis (Abbildung), so schienen einige Nachkommenschaften eine bessere Resilienz gegenüber Spätfrost zu haben als andere. Die Resilienz wird auf die Kapazität von Pflanzen bezogen, extreme Stressfaktoren zu überstehen und ihre Wachstums- oder Lebensprozesse nach dieser Störung erfolgreich fortzusetzen oder wiederherzustellen. Besonders die Nachkommenschaften aus Niedersachsen, Brandenburg, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein verkrafteten in der vorliegenden Studie das Spätfrostereignis am 23.04.2024 besser als jene aus Baden-Württemberg und Hessen (Markierungen in Abb. 5). In einem weiteren Detail zeigte sich aber, dass auch die Resilienz auf individuelle Fitnessunterschiede zurückzuführen sein musste. Während eine Nachkommenschaft (PB504) aus dem Bestand BB01 eine gute Resilienz aufwies, kam eine weitere Nachkommenschaft (PB512) aus demselben Bestand BB01 nicht gut mit dem Spätfrost zurecht (Abb. 5). Letztere hatte einen sehr hohen Gesamtausfall.

Die Aufzucht begleitend, wurden die Pflanzenhöhe und die Blattanzahl aufgenommen. Auffällig ist, dass Plusbaum-Nachkommenschaften aus Brandenburg und Sachsen im Mittel kleiner gewesen sind. Die mittlere Höhe der brandenburgischen Nachkommenschaften lag im ersten Jahr (2023) bei 12,97 cm und im zweiten (2024) bei 18,13 cm. Im Vergleich dazu erreichten die Nachkommenschaften aus Baden-Württemberg 2023 20,36 cm und 2024 23,32 cm mittlere Pflanzenhöhe. Es gab vereinzelt Ausreißer in den Nachkommenschaften, die ein starkes Höhenwachstum aufwiesen. Auffällig war bei Nachkommenschaften aus Brandenburg, Sachsen und Hessen, dass die deren Variabilität der Pflanzenhöhen geringer war als die der Nachkommenschaften aus den übrigen von der Studie abgedeckten Bundesländern. Im zweiten Lebensjahr zeigen die Messwerte besonders bei Nachkommenschaften aus Baden-Württemberg einen verringerten Höhenzuwachs im Vergleich zum Vorjahr von 3,0 cm. Nachkommenschaften von Plusbäumen aus Sachsen zeigten einen mittleren Höhenzuwachs von 7,0 cm. Die Ursache hierfür könnten möglicherweise die Unterschiede in der Spätfrostempfindlichkeit gewesen sein. Die Blattanzahl nahm innerhalb einer Vegetationsperiode bei allen Nachkommenschaften um 30 bis 70 % zu.

Auch bei den ermittelten Daten zu Zuwachsraten war, wie bei anderen phänotypischen Eigenschaften (s. o.), kein Zusammenhang mit der Standortwasserbilanz am Standort des Mutterbaumes der Nachkommenschaft ersichtlich. Darüber hinaus gab es keine Unterschiede von homogenen im Vergleich zu inhomogenen Saatgutpartien in deren Variabilität der Höhenzuwächse.

Abbildung 5: Bewertung der Resilienz nach einem Spätfrostereignis



Quelle: Staatsbetrieb Sachsenforst (M. BRÜCKNER).

3.3 Wasserdefizit-Toleranz der Plusbaum-Nachkommenschaften

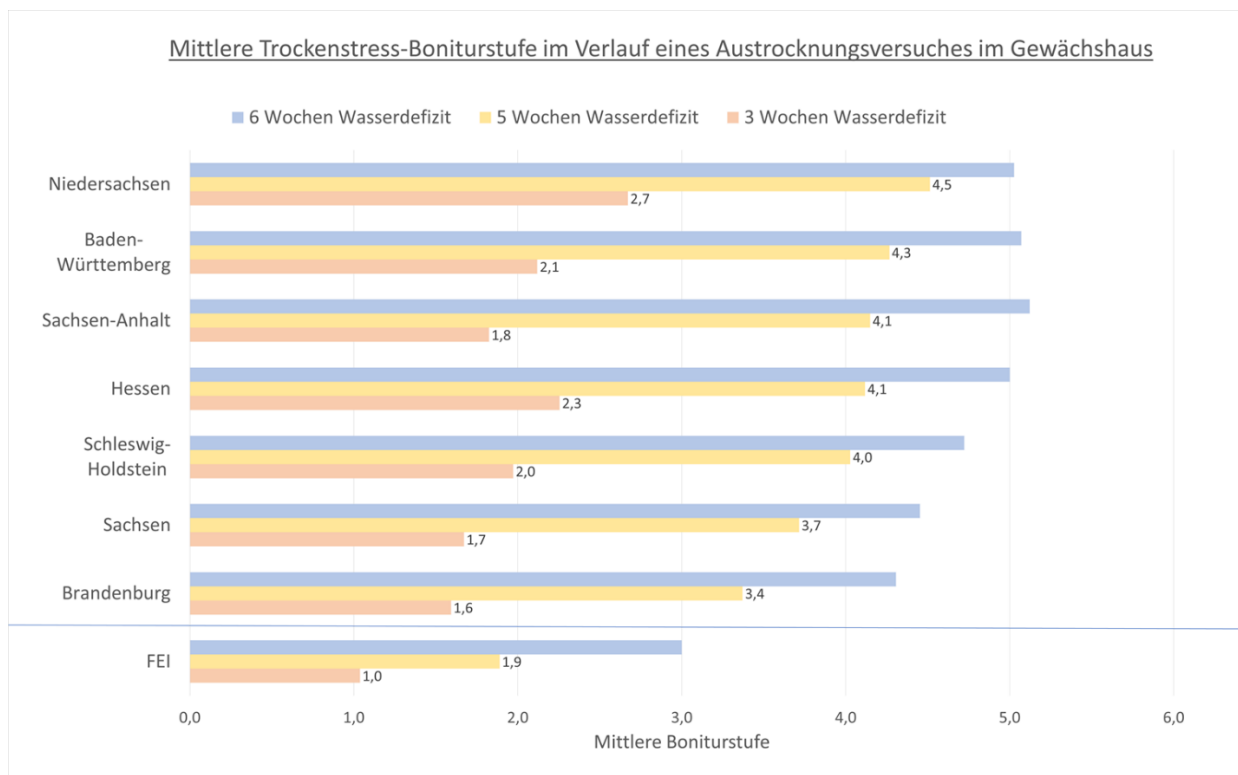
Bisher ausgewertete Ergebnisse des Austrocknungsversuches deuten wiederum auf keinen Zusammenhang mit dem Standort des Mutterbaumes der Nachkommenschaften hin. Die Daten clusterten weder nach dem Ursprungs-Bundesland noch spielte die Standortwasserbilanz des Ursprungsbestandes eine direkte Rolle im Verhalten der Nachkommenschaften bei Trockenstress.

Abbildung 6 zeigt die mittleren Boniturstufen der Nachkommenschaften nach 3, 5 und 6 Wochen Wasserdefizit, gruppiert nach den Ursprungs-Bundesländern der Mutterbäume. Nachkommenschaften aus Brandenburg kamen besser mit dem Wasserdefizit zurecht als Nachkommen aus Baden-Württemberg oder

Niedersachsen, was aus den geringen (BB) bzw. hohen (BW, NI) mittleren Boniturstufen abzuleiten war. Ohne Berücksichtigung des Bundeslandes ergab sich jedoch kein Zusammenhang zwischen den Trockenstress-Boniturergebnissen und Standortwasserbilanz des Ursprungs-Bestandes oder den dort herrschenden Standortformengruppen.

In der vorliegenden Studie wurde als Außengruppe eine Flaumeichen-Nachkommenschaft (Bestandesabsaat aus einem zugelassenen Saatgut-Erntebestand in Frankreich) in den Versuch mit einbezogen. Die Flaumeiche gilt als mediterran geprägte, trockenheitstolerante Eichen-Art, aber sie gehört einer anderen Sektion der Gattung *Quercus* an als die Rot-Eiche. Anhand des Vergleichs mit der Reaktion der Flaumeiche, als weit außenstehendem Prüfglied im Versuch, sollten die Unterschiede in der Wasserdefizit-Reaktion zwischen den Rot-Eichen-Nachkommenschaften besser quantifizierbar werden. Der Artunterschied zwischen dem guten Abschneiden der Flaum-Eiche bei den Trockenstress-Bonituren und den Rot-Eichen-Nachkommenschaften (Abb. 6) zeigte, dass die Rot-Eiche in Deutschland zwar nicht so trockenheitstolerant ist wie die Flaumeiche. Aber gemessen am Artunterschied war Variabilität der Trockenheitstoleranz-Boniturergebnisse zwischen den Rot-Eichen-Nachkommenschaften verschiedener Bundesländer sehr hoch. Dies deutet auf eine hohe und daher waldbaulich relevante, phänotypische Vielfalt der Trockenheitsreaktion der Rot-Eiche in Deutschland hin. Der Vergleich mit nur einer Flaumeichen-Herkunft kann jedoch keine wissenschaftlich gesicherte Aussage ermöglichen.

Abbildung 6: Mittlere Trockenstress-Boniturstufen (vgl. Boniturschlüssel in Abbildung 3) im Verlauf eines Austrocknungsversuchs, Sommer 2024, im Gewächshaus des Staatsbetrieb Sachsenforst mit 40 Plusbaum-Nachkommenschaften der Baumart Rot-Eiche, gruppiert nach den im Projekt RubraSelect bearbeiteten Bundesländern. Erhebung nach 3, 5 und 6 Wochen ohne Bewässerung im Versuch.



Quelle: Staatsbetrieb Sachsenforst (M. BRÜCKNER).

Auffallend an den Ergebnissen der Trockenstress-Bonituren war, dass Nachkommenschaften, welche eine hohe Resilienz nach dem Spätfrostereignis aufwiesen, im Austrocknungsversuch schlechter abschnitten. Möglicherweise erlaubte der komplexe Stress (Spätfrost in Frühjahr, Austrocknung im Frühsommer im Gewächshaus) diesen Nachkommenschaften nicht mehr, auf den Wassermangel zu reagieren. Beispielhaft war hier die Plusbaum-Nachkommenschaft Ni052 aus dem Bestand Ni27, Forstamt Wolfenbüttel, Revier Groß Dahlum in Niedersachsen. Diese Nachkommenschaft wies zu Beginn der Anzucht eine Keimungsrate von 100% auf, sie zeigte im Vergleich zum Gesamtmittel ein sehr gutes Höhenwachstum mit einer Pflanzenhöhe von 23,5 cm im zweiten Lebensjahr (2024) und hatte nach dem Spätfrost im April die höchste Wiederaustriebsrate von 87 %, was insgesamt zur geringsten Ausfallrate von 17 % der Individuen während der Anzucht führte. Im Trockenversuch zeigte diese Nachkommenschaft jedoch bereits zum ersten Trockenstress-Boniturtermin eine hohe mittlere Boniturstufe - also, dass diese Nachkommen nicht gut mit dem Wasserdefizit zurechtkamen.

4 Schlussfolgerung

Die vorgestellte Studie ging mit phänologischen und physiologischen Bonituren während der zweijährigen Entwicklung von Plusbaum-Nachkommenschaften der Frage nach, ob phänologische Charakteristika der Plusbaum-Nachkommenschaften einen Rückschluss auf eine mögliche Anpassung des Mutterbaumes an seinen Standort im Ursprungsbestand entlang eines Gradienten der Standortwasserbilanz in Deutschland zulassen. Obwohl die genetische Differenzierung zwischen den Ursprungs-Rot-Eichen-Beständen sehr gering war, konnten phänologische und physiologische Unterschiede zwischen den Nachkommenschaften nachgewiesen werden. Dies könnte auf die generell sehr hohe genetische Diversität der Rot-Eiche in Deutschland zurückzuführen sein, welche auf eine genetisch bedingte phänotypische Variabilität auf Individualebene schließen lässt. Die hohe genetische Diversität bei geringer Differenzierung zwischen distanzierten Beständen in Deutschland wurde bereits durch andere Autoren (PETTENKOFFER 2019) beschrieben.

Dies würde auch erklären, dass sich anhand der ersten Auswertungen der Bonituren und der Vergleiche des frühen Zuwachses zwischen den jungen Plusbaum-Nachkommenschaften kein Zusammenhang zwischen dem Standort eines Rot-Eichen-Plusbaumes und der Reaktion seiner Nachkommenschaft in den ersten beiden Wuchsjahren auf ein starkes Wasserdefizit im juvenilen Stadium erkennen lässt. Es dennoch gibt erhebliche Unterschiede im Umgang sowohl mit den einzelnen Stressoren, als auch mit einer Multistresssituation, wie sie während der vorgestellten Studie durch ein Spätfrostereignis entstand.

Die Jungpflanzen reagierten grundlegend entsprechend ihren Bedingungen und zeigten eine Reaktion im Rahmen ihres individuellen genetischen Fitness-Rahmens. Die Komplexität der Reaktionen auf multiple Umweltfaktoren in den ersten Lebensjahren, wie sie unter normalen forstbetrieblichen, waldbaulichen Bedingungen wechselwirken, können nur selten in Studien vollständig voneinander getrennt werden. Daher ist es auch mit der vorliegenden Studie nicht möglich, eine besonders vorteilhafte Saatgutquelle der Baumart Rot-Eiche zu identifizieren oder den Anbau potenziell besonders geeigneter Herkünfte zu empfehlen. Lediglich insgesamt eher geringe Risiken darstellende Reaktionen einzelner Plusbaum-Nachkommenschaften ließen sich identifizieren.

Die phänologischen Beobachtungen und Trockenstressreaktionen der jungen Rot-Eichen-Nachkommenschaften zeigten, dass die Rot-Eiche noch keine direkte Anpassung an ihren Standort in Deutschland erfahren hat. (PETTENKOFFER 2019) Es fehlen jedoch direkte Vergleiche zu den phänologischen Verhaltensmustern von Rot-Eichen im ursprünglichen Herkunftsgebiet in Nordamerika.

Die hier beobachtete Breite an Reaktionen auf verschiedene Stressoren (Frost, Wasserdefizit) offenbart das Potential dieser Baumart, mit unterschiedlichen, auch schwierigen standörtlichen Konditionen in Deutschland zurechtkommen und unterstützt die andernorts beschriebene hohe natürliche Standortamplitude (NAGEL 2015) der Rot-Eiche.

Bei jeder Einschätzung der Nachkommenschaften bezüglich Wachstum und Verhalten mit Multistressoren sollten Einflussgrößen wie die Anzuchtbedingungen, Pflanzenvitalität, genetische Konstitution und Effekte, wie der des Standorts innerhalb von Versuchen im Gewächshaus und Randeffekte mitberücksichtigt werden.

Genetisch repräsentierten die in der vorliegenden Studie genutzten Plusbaum-Nachkommenschaften in den meisten Fällen den betreffenden Plusbaum gut. Vereinzelt wurden unbeabsichtigte Beimengungen verschiedener Samenbäume festgestellt. Diese sollten gesondert betrachtet werden, wenn es um die Einschätzung des Frühjahrsaustriebes in Verbindung mit der genetischen Konstitution des Mutterbaumes geht.

Um die Nachkommenschaften vollumfänglich zu charakterisieren, wird innerhalb des Projektes ein Datenblatt erstellt, welches alle aufgenommenen Daten (Bestandesdaten und Vitalität des Mutterbaumes, Wachstumsparameter, phänologische Aufnahmen und genetische Analysen) umfasst.

Danksagung

Wir danken allen Projektarbeit für die gute Zusammenarbeit und die Beerntung und Bereitstellung des Saatgutes für die Anzucht der Plusbaum-Nachkommenschaften, welche für diese Studien als Grundlage dienten. Namentlich genannt: EVA ARDAO RIVERA, SILVIJA BILELA-ECKERT, ALEXANDER BRAUN, JÖRN ERBACHER und CHARALAMBOS NEOPHYTOU (Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg), FRANK BECKER und RALF KÄTZEL (Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde) sowie MARTHA TÖPPE, MIRIAM WATERMEIER und JULIA WENZEL (Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt).

Literatur

- ANONYMUS 1995: Boniturschemata der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt, Abteilung C, Forstpflanzenzüchtung, unveröffentlicht.
- AREND M, BRAUN S, BUTTLER A, SIEGWOLF RT, SIGNARBIEX C, KÖRNER C (2022): 3.1 Ökophysiologie: Reaktionen von Waldbäumen auf Klimaänderungen. Wald im Klimawandel: Grundlagen für Adaptationsstrategien, 77.
- DRESSEL R, JÄGER EJ (2002): Beiträge zur Biologie der Gefäßpflanzen des herzynischen Raumes 5. *Quercus rubra* L. (Roteiche): Lebensgeschichte und agriophytische Ausbreitung im Nationalpark Sächsische Schweiz. Hercynia 35: 37-64.
- FENNER R (2024): Die Rot-Eiche (*Quercus rubra*). Online 11.12.2024: <https://baum-des-jahres.de/baum-des-jahres/>
- JONES OR, WANG J (2010): COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. Mol Ecol Resour. 10 (3): 551 ff.
- KATZUR J, BÖCKER L (2011): Chronik der Rekultivierungsforschung und Landschaftsgestaltung im Lausitzer Braunkohlenrevier bis 1990 [219 ff.]. 688 S.
- LIESEBACH M, WOLF H, BEEZ J, DEGEN B, ERLEY M, HAVERKAMP M, JANßEN A, KÄTZEL R, KAHLERT K, KLEINSCHMIT J, LEMMEN P, PAUL M, VOTH W (2021): Identifizierung von für Deutschland relevanten Baumarten im Klimawandel und länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten - Empfehlungen der BLAG „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ zu den Arbeitsaufträgen der Waldbaureferenten. Thünen Working Paper 172, 48 S.
- NAGEL R-V (2015): Roteiche (*Quercus rubra* L.). In VOR T, SPELLMANN H, BOLTE A, AMMER C (Hrsg.): Potenziale und Risiken eingeführter Baumarten Baumartenportraits mit naturschutzfachlicher Bewertung. Göttinger Forstwissenschaften Bd. 7: 219-267.
- NAGEL R-V (2024): Wachstum und waldbauliche Behandlung der Roteiche (*Quercus rubra* L.) in Nordwestdeutschland. Dissertationsschrift, Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie der Georg-August-Universität Göttingen, 423 S.
- NEOPHYTOU C, JANSEN S, LEE F, BRÜCKNER M, BILELA-ECKERT S, TRÖBER U. (2025): Untersuchung der Herkunft und genetischen Vielfalt der Roteiche (*Quercus rubra* L.) in Mitteleuropa als Grundlage für zukünftige Züchtung. Thünen Report 119: 123-137. DOI:10.3220/253-2025-23

- NICOLESCU VN, VOR T, MASON WL, BASTIEN JC, BRUS R, HENIN JM, KUPKA I, LAVNYY V, LA PORTA N et al. (2020): Ecology and management of northern red oak (*Quercus rubra* L. syn. *Q. borealis* F. Michx.) in Europe: a review. *Forestry* 93 (4): 481-494.
- PEAKALL R, SMOUSE PE (2012): GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28, 2537-2539.
- PETTENKOFER T, BURKARDT K, AMMER C, VOR T, FINKELDEY R, MÜLLER, M et al. (2019): Genetic diversity and differentiation of introduced red oak (*Quercus rubra*) in Germany in comparison with reference native North American populations. *European Journal of Forest Research* 138: 275-285.
- SCHMIDT PA, HEMPEL W, DENNER M, DÖRING N, GNÜCHTEL A, WALTER B, WENDEL D (2002): Potentielle Natürliche Vegetation Sachsens (TU Dresden (Hrsg.)) https://luis.sachsen.de/natur/download/brosch_pot_nat_vegetat.pdf
- SBS [Staatsbetrieb Sachsenforst] (Hrsg.) (2013): Richtlinie zu den Waldentwicklungstypen im Staatswald des Freistaates Sachsen, Teil 1. Dresden. 41 S.
- THOMASIU H, HÄFKER U (1998): Forstwirtschaftliche Rekultivierung. In PFLUG W (Hrsg.): Braunkohlentagebau und Rekultivierung. Springer, Berlin, Heidelberg: 839–872.

Autorinnen und Autoren

MARIE BRÜCKNER, MATTHIAS MEYER, UTE TRÖBER, FLORIAN LASSIG

Staatsbetrieb Sachsenforst (SBS), Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna OT Graupa

Kontakt: ute.troeber@smekul.sachsen.de

Standortspezifische Herkunftsunterschiede der Rot-Buche in Überleben und Wachstum entlang eines Nord-Süd Gradienten in Deutschland

KATHARINA J. LIEPE, CHRISTOPH RIECKMANN, JONATHAN KORMANN, MIRKO LIESEBACH

Zusammenfassung

Die Rot-Buche (*Fagus sylvatica* L.) ist eine der bedeutendsten Laubbaumarten Europas und spielt eine zentrale Rolle in natürlichen sowie bewirtschafteten Waldökosystemen. Ihr weiträumiges natürliches Verbreitungsgebiet weist große standörtliche Unterschiede auf, an die sich die lokalen Populationen angepasst haben. Herkunftsversuche sind die gängigste Methode die Unterschiede in der Ausprägung phänotypischer Merkmale und damit die Anbaueignung dieser Populationen, im Folgenden Herkünfte, zu testen. In dieser Studie wurden Überleben und Wachstum von 30 Herkünften auf drei Flächen entlang eines Nord-Süd-Gradienten in Deutschland untersucht. Die Quantifizierung der für die Praxis relevanten Effekte der Herkunft und der Herkunft-Umwelt-Interaktion zeigte einen deutlichen Interaktionseffekt von 24 – 40,5 % im Überleben (Zielmerkmal Angepasstheit), wohingegen der Herkunftseffekt erst im Alter von 25, nach Einsetzen der natürlichen Selbstdifferenzierung zum ersten Mal zum Tragen kommt. Das heißt die Herkünfte reagierten für dieses Merkmal stark flächenspezifisch. Im Durchmesserwachstum (Zielmerkmal Produktivität) war die Interaktion marginal, wohingegen der Herkunftseffekt 16,4 – 23,3 % der Varianz erklärt. Von den 30 Herkünften stechen insbesondere zwei Hochlagenherkünfte aus Rumänien, die ihren Ursprung auf 1060 bzw. 860 m ü.NHN in den Karpaten haben, durch eine flächenübergreifend hohe Ausprägung beider Merkmale hervor. Darüber hinaus profitieren Herkünfte aus dem kontinental geprägten Südosten der Verbreitung der Slowakai vom Transfer ins atlantischere Klima Deutschlands, insbesondere auf der küstennahen Fläche in Schleswig-Holstein. Die deutschen Herkünfte schneiden hingegen in mindestens einem, häufig sogar auch beiden Merkmalen vergleichsweise schlechter ab. Mehrere Herkünfte, z. B. aus der Schweiz, zeigen eine starke Spezialisierung.

Abstract

Site specific provenance differentiation in survival and growth for European beech along a North-South gradient in Germany

European beech (*Fagus sylvatica* L.) is one of the most important deciduous tree species in Europe and plays a central role in natural and managed forest ecosystems. Its extensive natural distribution area shows great differences in location, to which the local populations have adapted. Provenance trials are the most common method to test the differences in the expression of phenotypic traits and thus the suitability for cultivation of these populations, hereinafter referred to as provenances. In this study, survival and growth of 30 provenances were investigated on three plots along a north-south gradient in Germany. The quantification of the relevant effects of provenance and provenance-environment interaction showed a clear interaction effect of 24 - 40.5 % in survival (target trait adaptability), whereas the interaction effect only comes into play for the first time at the age of 25, after the onset of natural self-differentiation. This means that the origins reacted in a strongly area-specific manner for this trait. In diameter growth (target trait productivity), the interaction was marginal, whereas the provenance effect explained 16.4 - 23.3 % of the variance. Of the 30 provenances, two high-altitude provenances from Romania, which originate at 1060 and 860 m above sea level in the Carpathians, stand out in particular due to a high expression of both traits across all areas. In addition, origins from the continental southeast of distribution in Slovakia benefit from the transfer to the more Atlantic climate in Germany, especially at the coastal site in Schleswig-Holstein. The German origins, on the other hand, perform comparatively worse in at least one, and often both, characteristics. Several origins, e. g. from Switzerland, show a strong specialization.

1 Einleitung

Die Rot-Buche (*Fagus sylvatica* L., im Folgenden Buche) ist eine der bedeutendsten Laubbaumarten Europas und spielt eine zentrale Rolle in natürlichen sowie bewirtschafteten Waldökosystemen (LEUSCHNER 2020). Laut der vierten Bundeswaldinventur ist der Flächenanteil der Buche in Deutschland zwischen 2012 – 2022 um 130.000 ha (+8 %) auf 1,89 Millionen Hektar gewachsen (BMEL 2024). Angesichts des Klimawandels und der damit verbundenen Veränderungen in Umweltbedingungen, wie etwa steigenden Temperaturen, veränderten Niederschlagsmustern und damit einhergehendem Trockenstress, steht die Buche jedoch vor erheblichen Herausforderungen. Nicht nur an den trockenen Grenzen ihrer Verbreitung wird sie zunehmend negativ beeinträchtigt (CZÚCZ et al. 2011), sondern auch im Kern ihres Verbreitungsgebietes (SCHULDT et al. 2020). So berichten dendroökologische Studien von starken Wachstumsrückgängen die bereits in den 1980er Jahren einsetzten (DIERS et al. 2022, MARTINEZ DEL CASTILLO et al. 2022). Sowohl Prognosen, die diese Wachstumsveränderungen für ganz Europa fortschreiben (GÁRATE-ESCAMILLA et al. 2019), als auch vorkommenbasierte Artverbreitungsmodelle (CHAKRABORTY et al. 2021) unterstreichen die Erfordernis der Anpassung unserer Wälder.

Das Verständnis der intraspezifischen Variabilität der Buche ist elementar für die Einschätzung der Regenerationsfähigkeit, Stabilität und Produktivität von Buchenwäldern, und damit für ihre Nutz- und Schutzfunktion (BWaldG §1). Die aus Sicht der Forstpraxis brennende Frage ist, ob die Besorgnis erregenden Auswirkungen des Klimawandels durch die Wahl der richtigen Herkunft gemindert werden können. Herkunftsversuche sind hierfür ein zentrales Werkzeug. Einerseits geben sie Rückschlüsse zur Herkunftseignung am jeweiligen Standort. Andererseits erlauben sie die Ableitung von Vorhersagen, welche Herkünfte unter zukünftigem Klima geeignet sein können. Dafür macht man sich die sogenannte „Raum-Zeit-Substitution“ zu Nutze, d. h. ein räumlicher Unterschied dient dazu eine zeitliche Entwicklung vorherzusagen (FRANKS et al. 2014).

Im Rahmen des Internationalen Buchennetzwerks wurden zwischen 1986 und 2007 sechs Herkunftsversuchsserien angelegt. Diese umfassen insgesamt 465 Herkünfte, die auf 75 Versuchsflächen in 23 Ländern mit einer variierenden Anzahl von 14-100 Herkünften je Fläche getestet wurden (LIESEBACH et al. 2023). Ursprünglich wurden diese Flächen mit der Prämisse angelegt, sie bis zu 60 Jahre lang beobachten und bewerten zu können (LIESEBACH 2015). Inzwischen haben vier der sechs Serien ein Pflanzenalter von 30 Jahren und damit die Hälfte des geplanten Beobachtungszeitraums überschritten.

Die Herkunftsdiversifizierung in Wachstum und Überleben ist seit Langem die zentrale Komponente bei der Auswertung von Herkunftsversuchen. Vor allem in den ersten 15 Versuchsjahren werden diesbezüglich regelmäßige Aufnahmen vorgenommen. Für zwei der Buchenserien wurden diese juvenilen Daten in der Datenbank *BeechCOSTe52* zusammengefasst (ROBSON et al. 2018), auf der inzwischen eine Vielzahl an Studien zur Quantifizierung lokaler Anpassung und phänotypische Plastizität aufbauen (z. B. GÁRATE-ESCAMILLA et al. 2019, PETRÍK et al. 2023). Allerdings sinkt die Koinzidenz der Aufnahmen einzelner Versuchsansteller mit zunehmendem Alter stark. Häufig wird die Messung genetisch bedingter Variation durch biotisch verursachte Mortalität oder auch erste waldbauliche Eingriffe beeinträchtigt. Dementsprechend sind spätere, mehrere Flächen einschließende Auswertungen eher selten. Eine Ausnahme ist die Arbeit von LIEPE et al. (2024) in der drei 25-jährige Buchenversuchsflächen in Nord-, West- und Ost-Deutschland miteinander verglichen werden.

Dieser Beitrag fokussiert auf die Evaluierung der dritten Serie des Internationalen Buchennetzwerks im Alter von 30 Jahren. Ziele dabei waren (1) die Quantifizierung herkunftsbedingter Variation hinsichtlich Angepasstheit (Überleben) und Produktivität (Durchmesser), (2) die Untersuchung von Herkunft-Umwelt-Interaktionen, d. h. der Phänotyp ist je nach Umweltbedingungen anders ausgeprägt, und (3) die Selektion geeigneter Herkünfte, welche der Forstpraxis für den Anbau empfohlen werden können. Das Verständnis der Variabilität zwischen den Herkünften dient (4) der Einschätzung, wieviel Mehrwert hinsichtlich Stabilität und Produktivität unserer Buchenwälder die Verwendung der selektierten Herkünfte bieten kann.

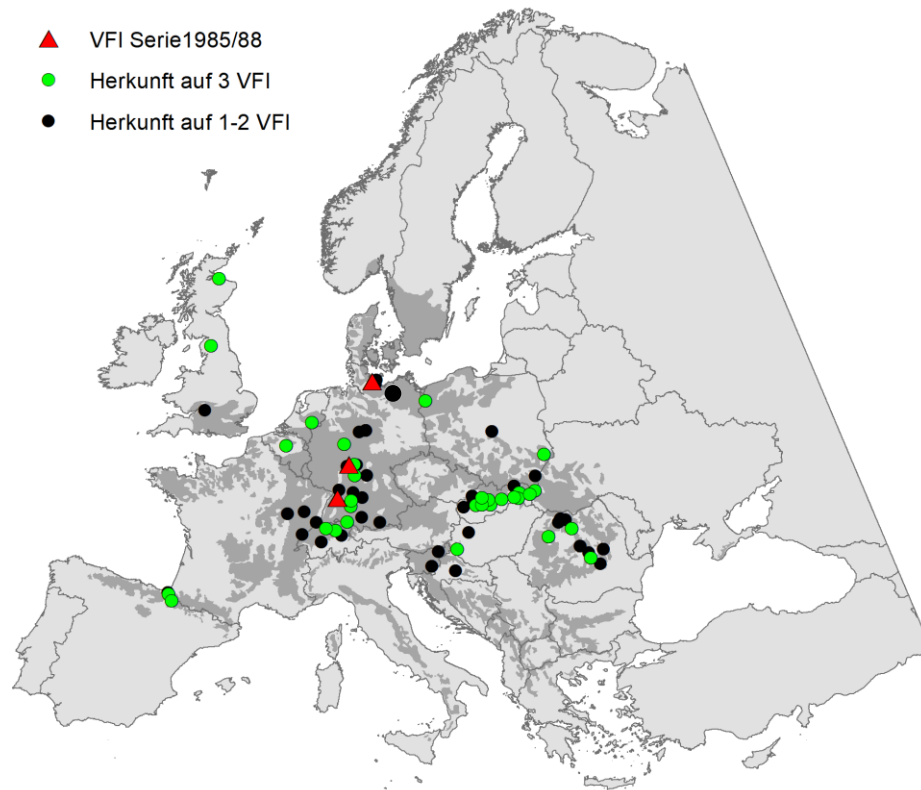
2 Material und Methoden

Diese Studie basiert auf drei deutschen Versuchsflächen der dritten Serie des Internationalen Buchen-Herkunftsversuchs, Bosau, Büdingen und Bad Wildbad (Abb. 1, Tabelle 1), die 1985 ausgesät und 1988 gepflanzt wurde (VON WÜHLISCH et al. 2008; LIESEBACH et al. 2023). Für diese Serie wurde Saatgut in 79, über Europa verteilten Buchenbeständen (im Folgenden Herkünfte) gesammelt (Abb. 1). Während Deutschland, Rumänien und die Slowakei in dieser Serie vielfach vertreten waren, konnten Österreich, Kroatien und Italien aufgrund unterschiedlicher Mastintensitäten und damals noch bestehender politischer Restriktionen nicht einbezogen werden. Nach der Ernte wurde das Saatgut nach Großhansdorf ans Thünen-Institut für Forstgenetik (damals noch Teil der Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft) gebracht, zur Aufhebung der Keimruhe stratifiziert und nach einem einheitlichen Protokoll ausgesät. Die Sämlinge wurden zunächst ein Jahr im Saatbeet kultiviert, dann verschult und schließlich im Alter von drei Jahren als wurzelnackte Sämlinge an insgesamt sechs Standorten in Deutschland, Belgien, Frankreich und den Niederlanden ausgepflanzt. Für die Anlage der Versuchsflächen war ein randomisiertes Blockdesign mit drei Wiederholungen und 100 Bäumen pro Parzelle vorgesehen, die bei einem Verband von $2 \times 0,5$ m eine Parzellengröße von 100 m^2 ergaben (LIESEBACH 2015). Die stark variierende Saatgutqualität und daraus resultierende Anzahl an Pflanzen am Ende der Baumschulphase hatten allerdings sowohl eine unterschiedliche Anzahl an Herkünften pro Versuchsfläche, als auch eine teilweise unvollständige Anzahl von Wiederholungen zur Folge. Die hier untersuchten drei Flächen liegen entlang eines Nord-Süd-Gradienten, von Schleswig-Holstein, über Hessen nach Baden-Württemberg (Abb. 1). Die Fläche Bosau stockt auf einem Sandboden mit Grundwassereinfluss und ausreichender Nährstoffversorgung, Büdingen auf einem mäßig-frischen skelettreichen Ranker mit geringer Lößauflage und Bad Wildbad auf einer podsolierten Braunerde über Buntsandstein, bei dicht anstehendem Grundgestein. Auf diesen Flächen wurden 31 bis 58 Herkünfte ausgepflanzt, 30 davon stehen auf allen dreien (Tabelle 1). Die Merkmalsausprägung dieser 30 Herkünfte wird im Folgenden untersucht.

Auf den drei Flächen wurden in regelmäßigen Intervallen von anfangs 3 Jahren, ab Alter 15 von 5 Jahren das Überleben sowie Wuchsparameter erfasst. Zunächst wurde die individuelle Baumhöhe gemessen, ab Alter 20 der Brusthöhendurchmesser (BHD). Die letzte turnusgemäße Aufnahme erfolgte im Alter 35. Diese ist hier der Vollständigkeit halber aufgezählt, aber mit Vorsicht zu interpretieren, da sie durch erste forstliche Eingriffe zur Anlage von Rückegassen beeinflusst ist. In Bad Wildbad wurden Protzen, d. h. vorwüchsige, qualitativ schlechte Bäume entnommen. Darüber hinaus wurde diese Fläche bedingt durch die Reiseeinschränkungen der COVID-19 Pandemie erst drei Jahre später aufgenommen.

Die vorliegende Studie konzentriert sich somit in erster Linie auf die im Alter 30 erhobenen Daten. Für die Analyse wurden einzelbaumbezogene Messwerte zunächst auf Parzellenebene zusammengefasst (WILLIAMS et al. 2002, ALÍ et al. 2011). Das Überleben ergibt sich prozentual über das Verhältnis Überlebender vs. der Individuenzahl bei der Pflanzung (N%). Für Baumhöhe und BHD wurde der Mittelwert ermittelt, wobei beim BHD nur die 15 stärksten Individuen pro Parzelle berücksichtigt wurden (LIEPE et al. 2024, UNTERHOLZNER et al. 2024). Ziel dessen ist die Konzentration auf die konkurrenzstärksten und damit langfristig bestandesbildenden Individuen. Darüber hinaus wird der Bias durch sehr dünne, unterständige Bäume minimiert, die aufgrund der hohen Schattentoleranz der Buche sehr lange am Leben bleiben, obwohl sie kein Wachstum mehr aufweisen (LIESEBACH et al. 2011, HORVÁTH UND MÁTYÁS 2016).

Abbildung 1: Geographische Lage der Herkünfte sowie der Versuchsflächen (VFI) Bosau, Bad Wildbad und Büdingen. 30 in grün gekennzeichnete Herkünfte wurden auf allen drei Versuchsflächen gepflanzt.



Quelle: Thünen-Institut (K. LIEPE).

Die Bezeichnung des Ursprungslandes bzw. Bundeslands ist entsprechend ISO 3166-1 Alpha 2 Code abgekürzt. Klima-variablen wurden mit ClimateDT von MARCHI et al. (2020) extrahiert. Für die Flächen sind dem Beobachtungszeitraum entsprechend Werte für die Normalperiode 1991-2020 angegeben, für die Herkünfte hingegen Werte für die Normalperiode 1961-90. Die Spalte Niederschlag gibt Durchschnitt für das Jahr sowie in Klammern für die Vegetationsperiode von Mai bis September. Für die Flächen ist neben der Gesamtdauer der forstfreien Periode auch ihr durchschnittlicher Beginn und ihr Ende in Klammern angegeben.

Um Unterschiede zwischen den Herkünften (P) als auch zwischen den drei Umwelten (E), d. h. den Flächen, sowie die Interaktion zwischen Herkunft und Umwelt ($P \times E$) zu untersuchen wurde für die quantitativen Merkmale Überleben, Höhe und BHD folgendes gemischtes Modell angewandt:

$$Y_{ijk} = \mu + P_i + E_j + (P \times E)_{ij} + B(E)_{jk} + e_{ijk}$$

Zusätzlich wurde zu den bereits genannten Faktoren wurde auch der experimentelle Designfaktor Wiederholung (B) berücksichtigt. Herkunft und Herkunft-Umwelt-Interaktion gingen als zufällige Effekte behandelt, Umwelt und Wiederholung als fixierte Effekte in das Modell ein. Im Falle einer signifikanten Interaktion werden Herkunftsmittel grundsätzlich getrennt nach einzelnen Flächen aus dem Modell extrahiert.

Tabelle 1: Geographische Lage und Klima der drei Versuchsflächen sowie der 30 gemeinsamen Herkünfte.

Flächen- / Herkunftsbezeichnung	Land	Latitude (°)	Longitude (°)	Höhe ü.NHN (m)	Temperatur (°C)	Niederschlag (mm)	Frostfreie Periode (d)
Bu13 Bosau (SH)	DE	54,135	10,474	35	9,1	749 (347)	236
Bu14 Büdingen (HE)	DE	50,292	9,177	361	9,3	917 (394)	204
Bu15 Bad Wildbad (BW)	DE	48,784	8,560	648	8,2	1070 (445)	187
29 Bertiz-Arana	ES	43,183	-1,583	600	10.9	1293 (444)	235
30 Oroz-Betelu	ES	42,917	-1,283	800	9.7	1089 (394)	197
31 Münsingen, Trailfingen	DE	48,417	9,483	760	7.0	941 (459)	166
33 Münsingen, Gomadingen	DE	48,667	9,500	730	6.7	794 (406)	161
34 Überlingen	DE	47,683	9,333	480	8.9	923 (492)	194
37 Glindfeld	DE	51,200	8,667	490	7.0	1012 (421)	181
39 Marktheidenfeld	DE	49,833	9,617	415	8.2	651 (315)	182
41 Velp, Middachten	NL	52,017	6,067	20	9.3	773 (350)	214
43 Zvolenska-Slatina	SK	48,533	19,250	750	6.0	740 (381)	153
44 Skycov	SK	48,550	18,217	540	7.2	639 (344)	168
45 Bystrica	SK	48,777	19,143	680	6.2	857 (458)	160
46 Solivar	SK	49,000	21,333	450	7.0	728 (418)	167
47 Crmel	SK	48,750	21,217	250	8.4	672 (389)	180
49 Hrabicov	SK	48,550	18,667	600	6.9	756 (395)	167
51 Propoc	SK	48,800	20,967	700	6.0	822 (468)	157
54 Kolbasov	SK	49,017	22,450	500	6.6	783 (429)	176
55 Kamienka	SK	48,883	22,067	550	6.6	811 (442)	172
57 Muran	SK	48,750	20,067	600	6.8	678 (398)	163
58 Nitrianske Pravno	SK	48,875	18,668	550	6.9	787 (428)	169
61 Oltarc	HU	46,583	16,833	280	9.4	747 (402)	191
66 Sacele	RO	45,667	25,667	1060	4.8	637 (390)	141
68 Huedin	RO	46,867	23,033	840	6.5	672 (380)	163
73 Bistrita	RO	47,117	24,683	860	5.6	702 (407)	149
74 Groenendaal-Hoeilaart	BE	50,833	4,417	110	9.9	810 (341)	225
76 Sihlwald	CH	47,250	8,567	640	8.1	1307 (685)	194
79 Aarburg	CH	47,317	7,900	400	9.3	1101 (518)	207
81 Westfield	GB	57,667	-3,417	10	8.1	672 (304)	195
82 Lowther Estate	GB	54,617	-2,733	150	7.9	1044 (398)	191
85 Schluechtern	DE	50,333	9,500	530	8.1	638 (311)	181
86 Gryfino	PL	53,333	14,667	115	8.0	579 (297)	191

Quelle: Thünen-Institut (K. LIEPE).

Darüber hinaus ist es möglich die Interaktion selbst genauer zu betrachten um damit eine zusätzliche Indikation für Managemententscheidungen zu erlangen. Für die Analyse der signifikanten Herkunft-Umwelt-Interaktion im BHD wurde der sogenannte *Y x WAAS biplot* verwendet (OLIVOTO et al. 2019, OLIVOTO und LÚCIO 2020). Der *Y x WAAS biplot* kombiniert die mittlere Merkmalsausprägung mit der Stabilität derselben über die unterschiedlichen Flächen hinweg und ermöglicht so eine Einteilung der Herkünfte in Generalisten mit flächenübergreifend ähnlichem Wuchsverhalten, sowie Spezialisten mit einem flächenspezifisch besseren oder schlechteren Abschneiden. Das diesem Verfahren zugrunde liegende statistische Modell ist in KORMANN et al. (2023) beschrieben.

Abschließend wurde unter Berücksichtigung von Überleben und BHD eine Rangfolge der Herkünfte je Fläche bestimmt. Dafür diente der *multi-trait genotype-ideotype distance index (MGIDI)* von OLIVOTO und NARDINO (2021), bei dem mehrere Merkmale einfließen, hier Überleben und BHD mit gleicher Gewichtung von 50:50. Die Selektionsintensität wurde auf 20 % festgelegt und der potentielle Gewinn (prozentual höheres Überleben bzw. BHD) durch Verwendung des ausgewählten Kollektivs im Vergleich zum jeweiligen Versuchsmittel berechnet (vgl. LIEPE et al., 2024). Dies dient der Einschätzung des zu erzielenden Mehrwertes durch eine dieser Selektion entsprechende Herkunftswahl bei der Bestandesbegründung auf vergleichbaren Standorten.

Alle statistischen Analysen wurden mit der Software R, Version 4.1.0, durchgeführt (R CORE TEAM 2022).

3 Ergebnisse

Mithilfe von Varianzanalysen wurde der Beitrag von Herkunft und Herkunft-Umwelt-Interaktion an der Merkmalsausprägung quantifiziert. Hierbei zeigt sich ein deutlicher Unterschied zwischen dem Überleben und der Wuchsmerkmalen Höhe und BHD. Von Alter 11 bis 25 werden 25,4 – 40,5 % der Variation durch den Interaktionseffekt bestimmt, wohingegen die Herkunft keinerlei Beitrag leistet. Das bedeutet, dass die Herkünfte ja nach Fläche unterschiedlich reagieren. Erst im Alter von 30 Jahren weist der Herkunftseffekt eine quantifizierbare Größe auf. Er erklärt in diesem fortgeschrittenen Alter 15,7 %, wohingegen der Varianzkomponente der Interaktion auf 24,8 % absinkt.

Für die Wuchsmerkmale Höhe und den BHD der 15 stärksten Individuen ergibt sich hingegen eine entgegengesetzte Varianzverteilung. Von Alter 11 bis 30 ist durchgehend ein signifikanter Herkunftseffekt nachweisbar, der 16,4 – 23,2 % der Varianz erklärt. Der Effekt der Interaktion ist hingegen deutlich kleiner mit 1,2 – 9,0 % und nicht signifikant. Bezüglich der fixierten Effekte im Modell haben die drei Flächen merkmalsübergreifend einen signifikanten Einfluss. Der Wiederholungseffekt hat Einfluss auf das Überleben sowie bis Alter 20 auch auf Höhe und BHD, ab Alter 25 ist er hingegen nicht mehr nachweisbar.

Der signifikante Umwelteinfluss im Überleben zeichnet sich in der zeitlichen Entwicklung deutlich ab (Abb. 2). Während Bosau und Bad Wildbad bis zum Alter 11 relativ konstant hohe Überlebensraten von ca. 90 und 80 % aufweisen, kommt es in Büdingen zwischen 1989 und 1992 zu einem massiven Einbruch auf 45 %. Danach folgt in Büdingen ein sehr flacher Kurvenverlauf (< 5 % Abnahme zwischen den Aufnahmen), bei der letzten Aufnahme stehen noch 21 % der Bäume. In Bosau nimmt die Pflanzenzahl in den 5-jährigen Intervallen bis Alter 25 jeweils um 15-20 % ab, dann trifft sich die Kurve mit Büdingen und überlappt für zwei Erhebungen. Zuletzt sinkt sie erneut, dieses Mal beeinflusst durch die Anlage von Rückegassen, sodass im Alter 35 noch 15 % der Bäume stehen. In Bad Wildbad hingegen lagen die Zahlen bis zum Alter 25 bei über 70 %, erst danach sinken sie stark. Am Ende stehen in Bad Wildbad mit 39 % noch deutlich mehr Individuen als auf den anderen Flächen.

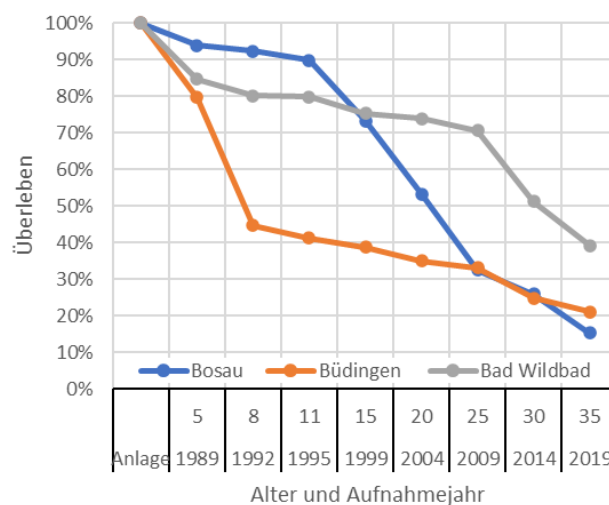
Tabelle 2: Ergebnisse der Varianzanalyse für die Merkmale Überleben (N%), Höhe (H) und Brusthöhendurchmesser (BHD)

Merkmal /Alter		LRT _P		LRT _{P×E}		V _P		V _{P×E}		V _R		MS E		MS B(E)		Mean ± SD
N%	11	0,0	n.s.	11,7	***	0,00	(0%)	46,6	(31,9%)	137,00	(68,1%)	19520	***	1068	***	72,1 ± 24,7
	15	0,0	n.s.	8,6	***	0,00	(0%)	42,1	(25,4%)	87,30	(74,6%)	14528	***	1095	***	63,2 ± 21,6
	20	0,0	n.s.	12,8	***	0,00	(0%)	42,1	(32,5%)	87,30	(67,5%)	10013	***	359	***	53,4 ± 18,6
	25	0,0	n.s.	18,9	***	0,00	(0%)	41,3	(40,5%)	60,70	(59,5%)	10526	***	350	***	43,2 ± 19,7
	30	4,5	*	9,1	**	14,4	(15,7%)	22,8	(24,8%)	54,60	(59,5%)	5097	***	140	*	32,6 ± 15,0
	35 ¹	2,7	n.s.	7,6	**	9,88	(11,4%)	20,7	(24,0%)	56,00	(64,6%)	3198	***	186	**	23,7 ± 13,5
H	11	8,5	**	0,3	n.s.	0,05	(18,9%)	0,01	(3,9%)	0,19	(77,2%)	11,7	***	5,1	***	2,3 ± 0,7
BHD	15	6,5	**	1,3	n.s.	0,15	(16,4%)	0,08	(9,0%)	0,72	(74,6%)	65,0	***	8,4	***	6,1 ± 0,1
	20	11,0	***	0,6	n.s.	0,20	(22,0%)	0,05	(5,7%)	0,67	(72,3%)	72,7	***	3,5	***	4,4 ± 0,1
	25	13,1	***	0,0	n.s.	0,35	(23,2%)	0,02	(1,2%)	1,12	(75,5%)	46,3	***	2,2	n.s.	11,8 ± 1,5
	30	11,1	***	1,3	n.s.	0,59	(23,0%)	0,20	(7,9%)	1,77	(69,1%)	27,8	***	2,0	n.s.	13,8 ± 1,8
	35 ¹	1,2	n.s.	0,5	n.s.	0,21	(6,1%)	0,20	(6,0%)	2,98	(87,9%)	32,4	***	3,9	n.s.	14,6 ± 2,0

¹ Die letzte Aufnahme in Bad Wildbad fand erst 2022/23 im Alter 38 statt. Des Weiteren fanden zwischen Alter 30 und 35/38 erste forstliche Eingriffe zur Anlage von Rückegassen statt. Die Spalten der Tabelle sind folgendermaßen definiert: LRT_P, LRT_{P×E} *likelihood ratio test* für Effekt der Herkunft und der Herkunft-Umwelt-Interaktion; V_P, V_{P×E} Varianzkomponenten der zufälligen Effekte Herkunft und Herkunft-Umwelt-Interaktion, V_R Restabweichung, Werte in Klammern geben die Varianzkomponenten an, die auf die einzelnen Effekte zurückzuführen sind; MS mittlere Quadrate für die Umwelt (E) und den Wiederholungseffekt innerhalb der Umwelt (B); Mean Gesamtmittel ± Standardabweichung (SD), Einheiten sind % für das Überleben, m für die Höhe bzw. cm für den BHD; *, **, ***: signifikant für die Schwelle 5%, 1%, bzw. 0.1%, n.s.: nicht signifikant.

Quelle: Thünen-Institut (K. LIEPE).

Abbildung 2: Überleben (N%) der 30 gemeinsamen Herkünfte. Entwicklung des Überlebens im Flächenmittel über acht Aufnahmen im Abstand von 3-5 Jahren.



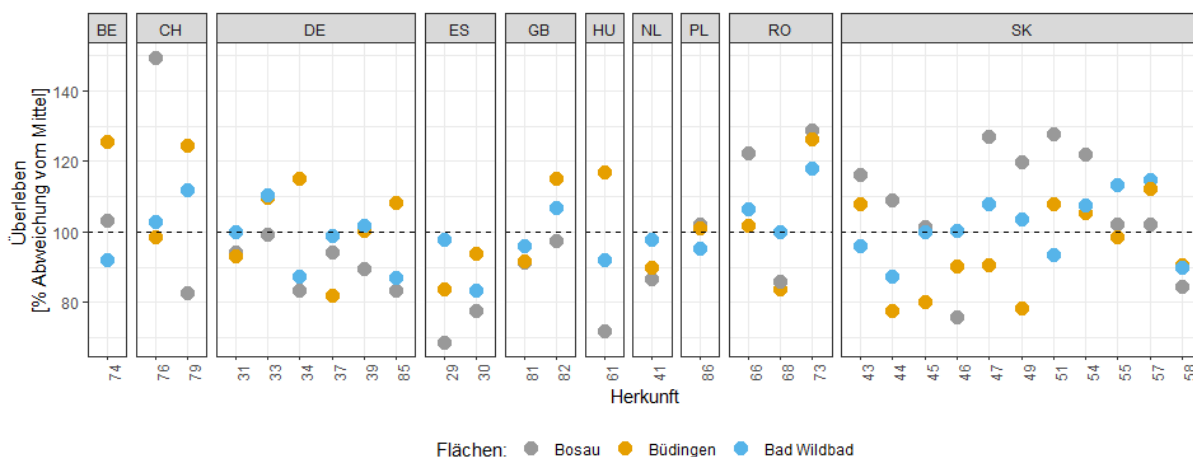
Quelle: Thünen-Institut (K. LIEPE).

Die Betrachtung der Herkunftsunterschiede wird hier für die letzte vollständige Aufnahme im Alter von 30 Jahren aufgezeigt. Aufgrund der durchgehend signifikantem Interaktionseffekte wurde das mittlere Überleben je Herkunft getrennt nach Flächen aus dem Modell extrahiert. Anschließend wurden die absoluten Werte in relative

Abweichung vom Flächenmittel umgerechnet und einander in Abbildung 3 gegenübergestellt. Liegen die drei farblich unterschiedlichen Punkte einer Herkunft oberhalb der 100 % Linie, so ist diese flächenübergreifend positiv zu beurteilen. Dies betrifft die rumänischen Hochlagenherkünfte 66 Sacele und 73 Bistrita, die ihren Ursprung auf 1060 bzw. 860 m ü.NN in den Karpaten haben. Darüber hinaus haben die slowakischen 54 Kolbasov und 57 Muran auf allen Flächen ein besseres Überleben. Liegen die drei Punkte dicht beeinander, so ist das Überleben der Herkunft flächenübergreifend sehr ähnlich (z. B. 58 Nitrianske Pravno, SK). Liegen sie hingegen weit auseinander, zeugt dies von ihrem flächenabhängigen Verhalten. Diese Herkünfte haben einen maßgeblichen Einfluss auf die Herkunft-Umwelt-Interaktion. Dies betrifft insbesondere die Herkünfte 74 Groenendaal-Hoeilaart (BE), 76 Sihlwald, 79 Aarburg (CH), 61 Oltarc (HU), 44 Skycov, 47 Crmel, 49 Hrabicev und 51 Propoc (SK).

Auch für den BHD wurden die Herkunftsmittel flächenweise extrahiert und einander als Abweichung vom jeweiligen Flächenmittel gegenübergestellt (Abb. 4). Grundsätzlich ist die Variation zwischen den Herkünften geringer als beim Überleben, die Abweichungen vom Mittel bewegen sich zwischen 85 – 115 %. Die rumänischen Hochlagenherkünfte 66 Sacele und 73 Bistrita sind im BHD erneut flächenübergreifend besser. Von den slowakischen Herkünften ist dieses Mal hingegen 55 Kamienka überall positiv. Flächenübergreifend negativ fallen hingegen die Herkünfte 39 Marktheidenfeld (DE) und 85 Schlüchtern (DE) 30 Oroz-Betulu (ES) und 58 Nitrianske Pravno (SK) auf. Tendenziell schneiden Herkünfte aus demselben Ursprungsland auf einer Fläche unterschiedlich ab. So ist 76 Sihlwald (CH) in Bosau mit Abstand die wuchskräftigste Herkunft, aber in Büdingen schlechter als das Flächenmittel, wohingegen dies für die Herkunft 79 Aarburg (CH) andersherum zutrifft.

Abbildung 3: Überleben der 30 gemeinsamen Herkünfte im Alter 30. Zur Gewährleistung eines Vergleichs zwischen den drei Flächen sind die adjustierten Mittel je Herkunft als Abweichung vom jeweiligen Flächenmittel (100 %, gestrichelte horizontale Linie) dargestellt, d. h. Punkte >100 % bedeuten ein höheres Überleben als das Mittel, Punkte < 100 % ein geringeres Überleben. Die Anordnung der Herkünfte ist entsprechend ihres Ursprungslandes untergliedert.

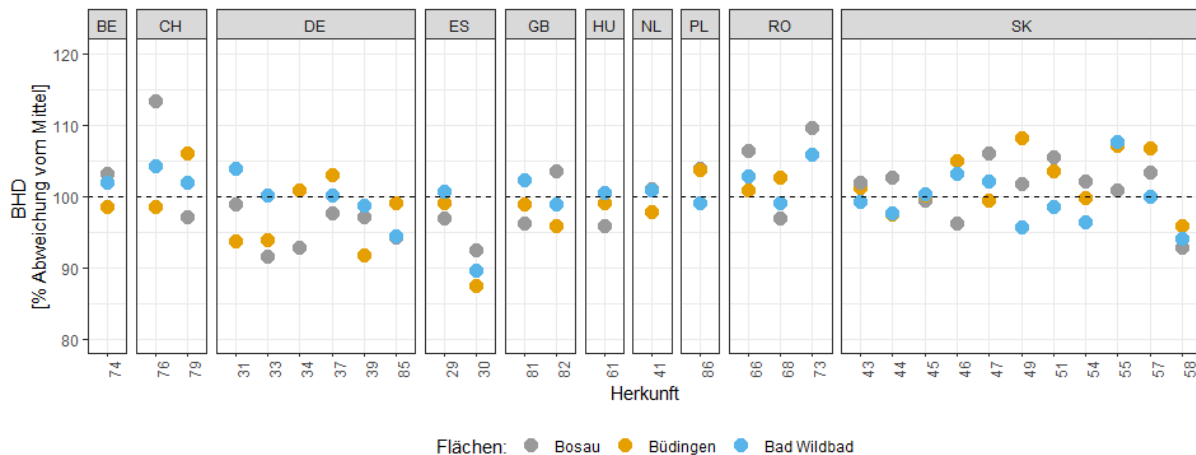


Quelle: Thünen-Institut (K. LIEPE).

Die Gegenüberstellung von Überleben und BHD zeigt eine sehr hohe Korrelation in Bosau ($R = 0,84$) sowie eine hohe Korrelation in Bad Wildbad ($R = 0,57$). Das bedeutet, dass bei der entsprechenden Herkunftswahl beide Zielmerkmale verbessert werden können. Spitzenreiter in Überleben und BHD in Bosau ist 76 Sihlwald (CH), es folgen 73 Bistrica und 66 Sacele (RO). Sieben der neun slowakischen Herkünfte sind ebenfalls besser als das Mittel (43, 44, 47, 49, 51, 54, 55). Die deutschen Herkünfte schneiden alle samt unterdurchschnittlich ab. In Bad Wildbad ist die Variation in beiden Merkmalen deutlich geringer ausgeprägt und auch die Verteilung der Herkünfte nach

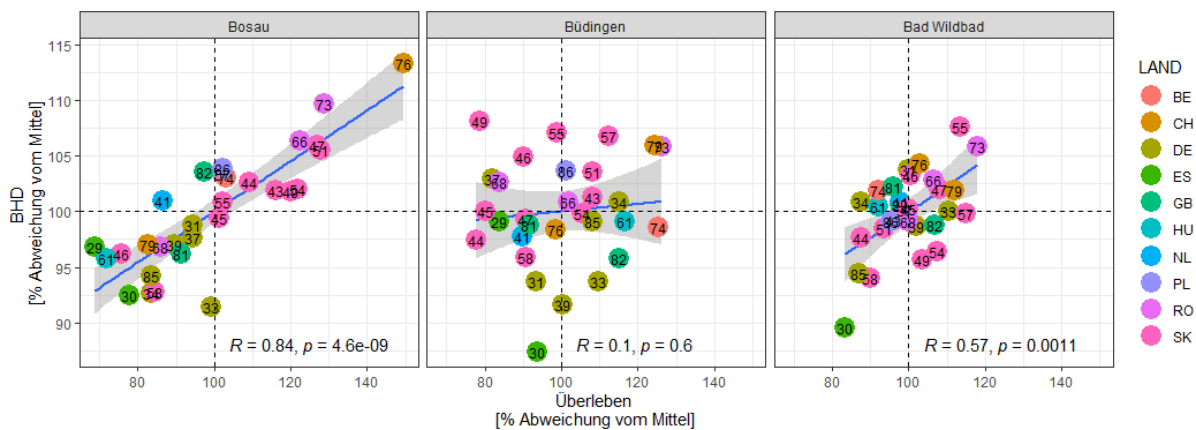
Ursprungsland ist weniger geclustert. Besonders positiv stehen 66, 73 (RO), 47, 55 (SK) und 76, 79 (CH). Mehrere Herkünfte aus der Slowakei sind auch hier im Überleben gut, haben dabei aber unterdurchschnittliche BHD (49, 54). Als einzige hervorzuhebende deutsche Herkunft weist 33 Münsingen, Gomadingen ein Überleben von 110 % bei durchschnittlichem BHD auf. In Büdingen hingegen besteht kein Zusammenhang zwischen Überleben und BHD im Alter 30. In beiden Merkmalen positiv schneiden folgende Herkünfte ab: 66, 73 (RO), 43, 51, 57 (SK), 79 (CH), sowie 34 Überlingen (DE).

Abbildung 4: BHD der 30 gemeinsamen Herkünfte im Alter 30. Eine detaillierte Beschreibung zum Aufbau ist Abbildung 3 zu entnehmen.



Quelle: Thünen-Institut (K. LIEPE).

Abbildung 5: Gegenüberstellung von Überleben und BHD im Alter 30 getrennt nach Flächen.



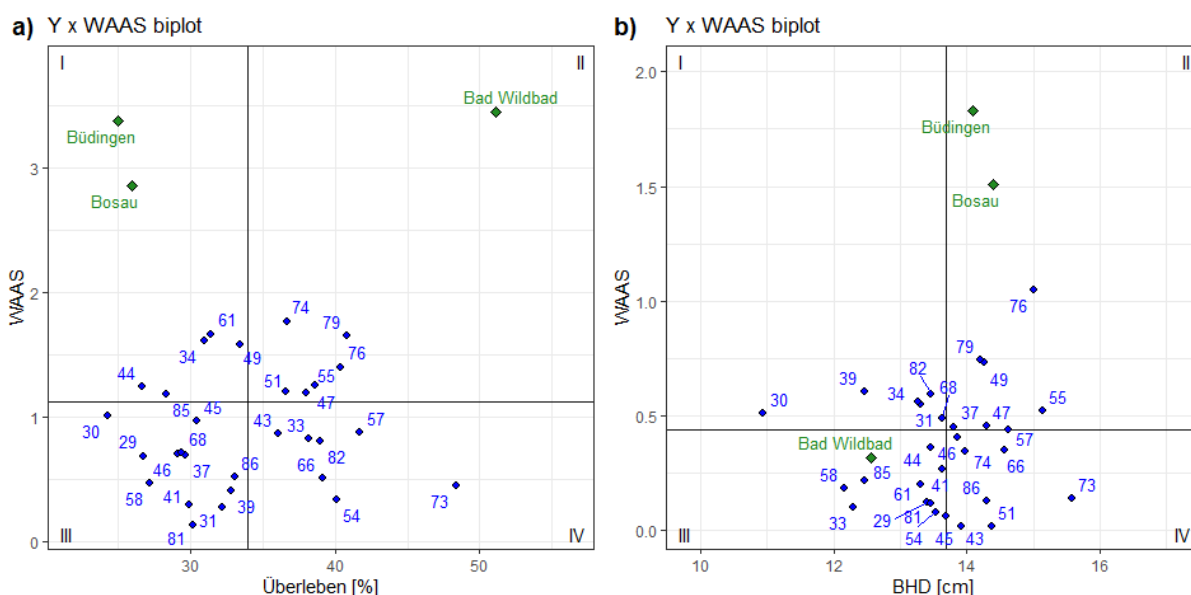
Quelle: Thünen-Institut (K. LIEPE).

Anschließend wurde die Interaktion für Überleben und BHD im Alter 30 genauer untersucht. Der $Y \times WAAS$ biplots teilt die Herkünfte entsprechend ihres Mittelwerts (x-Achse) sowie ihrer Stabilität in dessen Ausprägung (y-Achse) über die drei Flächen in Generalisten und Spezialisten ein (Abb. 6). Dabei werden sie, je nach Einordnung in die vier Quadranten, wie folgt definiert:

- Q-I = unterdurchschnittliche Spezialisten,
- Q-II = überdurchschnittliche Spezialisten,
- Q-III = unterdurchschnittliche Generalisten,
- Q-IV = überdurchschnittliche Generalisten.

Entsprechend weisen Herkünfte in Q-IV flächenübergreifend ein überdurchschnittliches Überleben bzw. einen überdurchschnittlichen BHD auf. So ist die Herkunft 73 Bistrita in beiden Merkmalen mit deutlichem Abstand der am besten geeignete Generalist unter den 30 gemeinsamen Herkünften. Darüber hinaus werden 66 Sacele sowie 43 Muran ebenfalls in beiden Merkmalen Q-IV zugeordnet. Eine gezielte Verwendung der Spezialisten in Q-II kann unter geeigneten Umweltbedingungen zu hohem Erfolg führen, was beispielsweise an den beiden Schweizer Herkünften 76 Sihlwald und 79 Aarburg gezeigt werden kann. Erstere ist besonders in Bosau geeignet, wohingegen letztere in Büdingen und Bad Wildbad hinsichtlich des Überlebens besser abschneidet (Abb. 3, 4). Herkünfte die Q-I und Q-III zugeordnet werden haben im Mittel eine unterdurchschnittliche Performance. Allerdings können die Spezialisten in Q-I bei einer Verwendung mit Bedacht durchaus erfolgreich sein, so der Fall für 34 Überlingen (DE) in Büdingen. Die Positionierung der Flächen (grüne Rauten) zeigt, dass Verhältnis der Flächen zueinander und damit den Umwelteinfluss, sowie die Variabilität zwischen den Herkünften (WAAS) auf der jeweiligen Fläche. So lag das Überleben im Alter 30 in Bad Wildbad insgesamt noch sehr viel höher als auf den anderen beiden Flächen, die Variabilität zwischen den Herkünften aber auf ähnlichem Niveau. Bezüglich des BHD hingegen sind die Bäume in Bosau und Bad Wildbad stärker und auch variabler als in Bad Wildbad.

Abbildung 6: Betrachtung der Herkunft-Umwelt-Interaktion (P×E) für Überleben (a) und BHD (b) im Alter 30. Der Y x WAAS biplot zeigt das jeweilige Merkmal im Vergleich zum gewichteten Durchschnitt der absoluten Werte für die beste lineare, unverzerrte Vorhersage der Herkunft-Umwelt-Interaktion (WAAS) von 30 Herkünften (blaue Punkte) auf drei Flächen (grüne Rauten). Je geringer der WAAS desto stabiler ist die Reaktion einer Herkunft von Fläche zu Fläche, bzw. die Variabilität zwischen den Herkünften auf der Fläche.



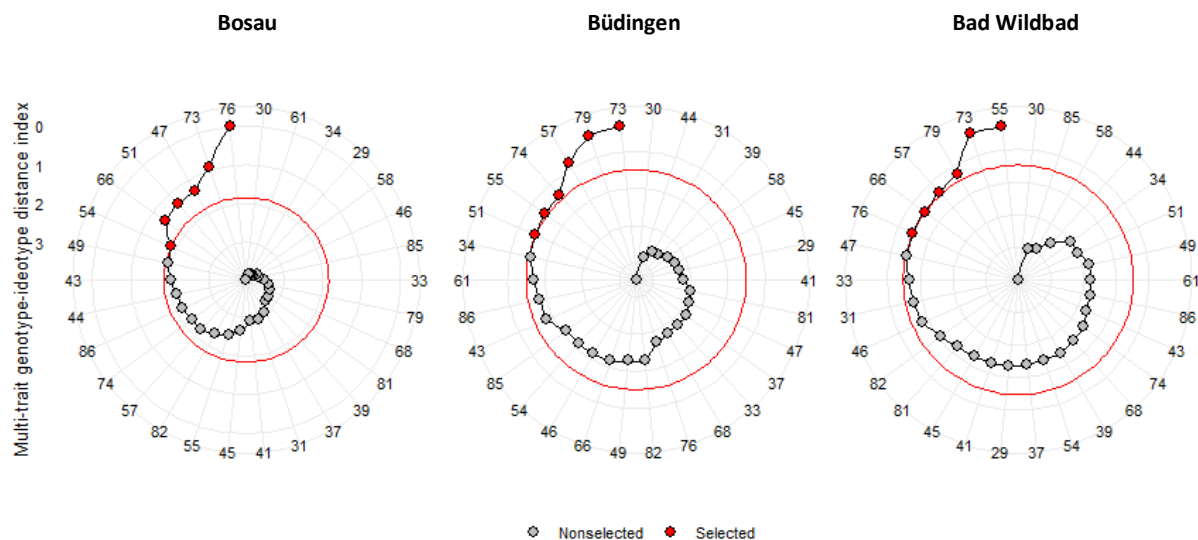
Quelle: Thünen-Institut (K. LIEPE).

Die bisherigen Darstellungen erlauben eine sehr detaillierte Betrachtung der unterschiedlichen Zielmerkmale, anhand derer die Forstpraxis eine standortbezogene Abwägung treffen kann. Zur Vereinfachung dieser Abwägung wurde zusätzlich ein relativ neues Verfahren angewendet, bei dem mehrere Zielmerkmale in einem multivariaten Selektionsindex (MGIDI) kombiniert werden. Für eine möglichst optimale Herkunftswahl wurden dabei Überleben (Zielmerkmal Anpassbarkeit) und BHD (Zielmerkmal Produktivität) zu gleichen Anteilen (50:50) berücksichtigt. Anhand dieses Indexes wurde dann für jede der drei Flächen eine Rangfolge der Herkünfte erstellt (Abb. 7). Als Selektionsintensität dienten die oberen 20 %, womit je sechs von 30 Herkünften selektiert werden. Erwartungsgemäß steht die Herkunft 73 Bistrita (RO) auf allen drei Flächen ganz weit oben (Rang 1 in Büdingen, Rang 2 in Bosau und Bad Wildbad). Darüber hinaus zählt 51 Propoc (SK) zu den besten sechs Herkünften in Bosau

und Büdingen, 66 Sacele (RO) in Bosau und Bad Wildbad, wohingegen 55 Kamienka, 57 Muran (SK) und 79 Aarburg (CH) in Büdingen und Bad Wildbad selektiert werden.

Abschließend wurde der mögliche Leistungsgewinn berechnet, der durch eine dieser Selektion (Abb. 7) entsprechenden Herkunftswahl bei der Bestandesbegründung für die jeweilige Fläche erzielt werden kann. Auffällig ist der hohe mögliche Gewinn von 29,5 % im Überleben durch die Wahl selektierter Herkünfte in Bosau im Vergleich zu 15,9 % in Büdingen, trotz nahezu gleichem Flächenmittel von etwa einem Viertel der ursprünglich gepflanzten Individuen (Tabelle 3). In Bad Wildbad, wo im Alter 30 immer noch mehr als die Hälfte der Pflanzen stehen liegt der mögliche Gewinn im Überleben bei 11,2 %. Auch im Wachstum ist der mögliche Gewinn durch Selektion in Bosau mit 7,1 % am höchsten, gefolgt von Büdingen. Schlusslicht ist erneut Bad Wildbad.

Abbildung 7: Rangfolge der 30 gemeinsamen Herkünfte im Alter 30. Diese wurde mithilfe des *multi-trait genotype-ideotype distance index* (MGIDI) berechnet, bei dem mehrere Merkmale, hier BHD und Überleben, berücksichtigt wurden. Die selektierten sechs Herkünfte (rote Punkte) entsprechen einer Selektionsintensität der oberen 20% (jeweils außerhalb des roten Kreises).



Quelle: Thünen-Institut (K. LIEPE).

Tabelle 3: Prozentualer Gewinn in Überleben [N%] und BHD [cm] bei Verwendung selektierter Herkünfte.

Fläche	Merkmal	Mittelwert der Fläche	Mittelwert selektierter Herkünfte	Gewinn durch Selektion [%]
Bosau	N%	25,9	33,6	29,5
	BHD	14,4	15,4	7,1
Büdingen	N%	24,8	28,8	15,9
	BHD	14,0	14,6	4,6
Bad Wildbad	N%	51,1	56,8	11,2
	BHD	12,6	13,0	3,7

Quelle: Thünen-Institut (K. LIEPE).

4 Diskussion

Die vorliegende Studie untersucht den Beitrag von Herkunft und Herkunft-Umwelt-Interaktion an der Merkmalsausprägung der Buche über drei Versuchsflächen entlang eines Nord-Süd-Gradienten in Deutschland quantifiziert. Gleichzeitig bilden die Flächen Bosau, Büdingen und Bad Wildbad einen aufsteigenden Gradienten hinsichtlich ihrer Höhenlage und der Niederschlagssumme sowie einen absteigenden in der Länge der frostfreien Periode (Tabelle 1). In Bad Wildbad ist die frostfreie Periode fast 50 Tage kürzer als in Bosau. Die damit einhergehend deutlich kürzere Vegetationsperiode ist wahrscheinlich ein ausschlaggebender Faktor für die insgesamt geringere Durchmesserentwicklung an diesem Standort. Einhergehend mit der klassischen varianzanalytischen Herangehensweise wurden die einzelbaumweise erhobenen Daten zunächst auf Parzellenebene zusammen gefasst um auf dieser Basis zum Anbau geeignete Herkünfte zu identifizieren (WILLIAMS et al. 2002, ALÍ et al. 2011). Interessant ist, dass sich hinsichtlich der Varianzkomponenten eine sehr unterschiedliche Verteilung für die beiden untersuchten Merkmale ergab. Bis Alter 25 ist das Überleben maßgeblich durch die Herkunft-Umwelt-Interaktion (25 – 40,5 %), also ein flächenspezifisches Verhalten einzelner Herkünfte, dominiert. Die Wuchsmerkmale hingegen weisen einen signifikanten Herkunftseffekt (16,4 – 23 %) und eine deutlich geringere Interaktion (1,2 – 9 %) auf, d. h. die Rangfolge der Herkünfte ähnelt sich flächenübergreifend.

Tatsächlich ist hier eine biotische Ursache für das Überleben von Bedeutung. So wurde von der Fläche in Büdingen in den Jahren 1993 und 1995 von Mäusefraß berichtet, der in Teilen des Versuchs zu erheblichen Schäden geführt hat (interne Dokumentation). Der dadurch bereits sehr früh vergrößerte Standraum, führte dazu, dass die verbleibenden Individuen wenig Konkurrenz hatten und die Stammzahl in den folgenden Messintervallen nur noch geringfügig abnahmen. Die natürliche Selbstdifferenzierung als Folge der Konkurrenz um Standraum und damit verbundene Ressourcen (NAGEL und SPELLMANN 2008) führt dazu, dass sich die stärkeren Individuen durchsetzen und Herkunftsunterschiede deutlicher hervortreten. Während diese Entwicklungsphase auf dem wüchsigsten Standort in Bosau bereits sehr früh mit ca. 15 Jahren begonnen hat (RUMPF und PETERSEN 2008), setzte sie schließlich auch in Bad Wildbad zwischen Alter 25 und 30 ein, sodass viele lange überlebende, unterdrückte Individuen (Kraft'sche Klasse 5) absterben. Erst zu diesem späten Zeitpunkt im Alter 30, erklärt die Herkunft zum ersten Mal einen nennenswerten Anteil von 15 % der Varianz in den Daten, der Beitrag der Interaktion sinkt auf 24,8 %.

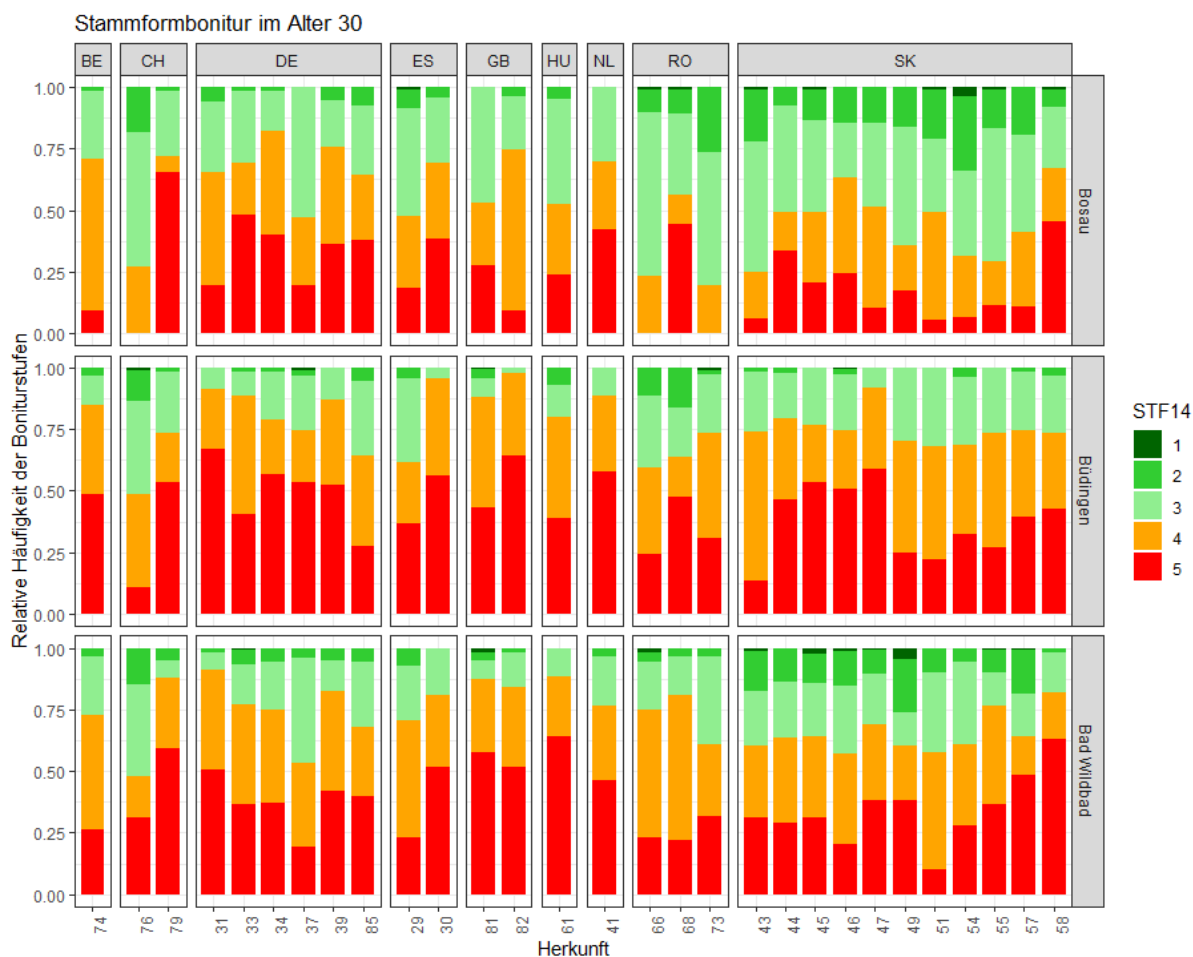
Die Gegenüberstellung zwischen Überleben und BHD weist auf einen hohen Zusammenhang zwischen den Merkmalen in Bosau und Bad Wildbad (Abb. 5). Aus evolutionsbiologischer Sicht widerspricht diese positive Korrelation der Hypothese einer Wechselwirkung zwischen einer konservativen Ressourcen-nutzung (Wasser, Nährstoffe) zur Maximierung des Überlebens und einer Zuwachsoptimierung zur Maximierung der Konkurrenzkraft (CLIMENT et al. 2024). Tatsächlich ist dieser positive Zusammenhang bei Bäumen, insbesondere in Herkunftsversuchen, aber häufig zu beobachten (RAMÍREZ-VALIENTE et al. 2022). Besonders positiv kommt dieser Effekt in Bosau zum Tragen, wo bei einer Selektionsintensität von 20 % ein Leistungsgewinn von durchschnittlich 29 % im Überleben und 7 % im BHD erzielt werden kann (Tabelle 3). In Büdingen bestand hingegen keine Korrelation zwischen den Merkmalen, was auf die Schädigung durch Mäuse zurückzuführen ist.

Nicht berücksichtigt wird bei der auf Parzellenmitteln basierten Auswertung die Variation innerhalb von Herkünften, welche bei Bäumen allgemein (HAMRICK 2004) und auch bei der Buche tendenziell hoch eingeschätzt wird (FRANK et al. 2017). Diese Diversität innerhalb der Herkünfte stellt hinsichtlich des Klimawandels das Potential zur natürlichen Selektion und Anpassung, wobei diese Prozesse in jungen Jahren am stärksten sind. Phänotypisch führt sie insbesondere bei den Wachstumsmerkmalen Höhe und BHD zu einer starken Variation zwischen den Individuen einer Herkunft (MÜLLER und FINKELDEY 2016, SCHMEDDES et al. 2023), wohingegen anpassungsrelevante Merkmale wie Austrieb und Frostresistenz stärker genetisch fixiert sind. Einerseits liegt dies daran, dass im Wachstum eine Vielzahl adaptiver Merkmale (Austrieb, Laubfall, Frosttoleranz, Trockenheitstoleranz) kumulieren. Andererseits haben beim BHD kleinstandörtliche Unterschiede, aber auch den Standraum beeinflussende Konkurrenz einen maßgeblichen Einfluss. Hinzu kommt bei der Buche die Fähigkeit

unterständiger Bäume sehr lange ohne nennenswertes Wachstum im Schatten zu überleben (SCHÜTT et al. 2006). Da von der Bestandesbegründung mit 10.000 Pflanzen (bei Verband 2 x 0,5 wie im Versuch) bis zum hiebsreifen Bestand von 80 - 150 Bäumen im Alter von 140 Jahren (Zahl variiert je nach Waldbaukonzept; NAGEL und SPELLMANN 2008) allerdings weniger als 0,1 % der Ausgangszahl verbleiben ist die Konzentration auf die 15 stärksten Individuen pro Parzelle, d. h. nach wie vor 1.500 Bäume je Hektar aus forstwirtschaftlicher Sicht gerechtfertigt. So sieht die Ertragstafel der NW-FVA eine Stammzahlreduktion auf 1761 Bäume/ha im Alter 30 sowie 1214 Bäume/ha im Alter 35 vor (bei einer Oberhöhenbonität 40.5 m im Alter 100, ALBERT et al. 2021).

Ein Vergleich zwischen den vorliegenden Ergebnissen der Serie 1985/88 und unserer vorangehenden Studie LIEPE et al. (2024) zu Serie 1993/95 ist nur sehr eingeschränkt möglich. Im Prinzip ist die methodische Herangehensweise in beiden Studien sehr ähnlich, allerdings beinhaltet die spätere Serie eine deutlich größere Zahl von 100 Herkünften je Fläche, von denen 82 auf drei Flächen in Nord-, West- und Ostdeutschland getestet wurden. Hier waren Herkunft-Umwelt-Interaktionen nicht signifikant. Dementsprechend wurde die Herkunftsdiversifizierung flächenübergreifend betrachtet und die Herkünfte anschließend mithilfe eines multivariaten Gliederungsansatzes in 11 Ökotypen eingeteilt wurden (LIEPE et al. 2024). Leider scheitert die Übertragung dieser Ökotypen auf die Serie 1985/1988, insbesondere an der nahezu vollständig fehlenden Abdeckung Südwestdeutschlands und Nordfrankreichs im Kollektiv der untersuchten Herkünfte, wo die besonders positiv hervortretenden Ökotypen geographisch lokalisiert waren. Es gibt aber auch Gemeinsamkeiten. So weisen beide Serien übereinstimmend auf einen positiven Effekt des Herkunftstransfers aus dem deutlich kontinentaler geprägten Osten der Verbreitung hin, insbesondere bei einem Anbau unter küstennahen Klima wie in Bosau. Auffällig ist, dass gleich zwei rumänische Hochlagenherkünfte (66 Sacele und 73 Bistrita) mit dem kältesten Ursprungsklima (Temperatur < 6°C, frostfreie Periode <150 d; Tabelle 2) zu den mehrfach selektierten Spitzenherkünften gehören. Diese Herkünfte profitieren deutlich vom Transfer in Richtung dem atlantischeren Klima in Deutschland. Die Ursache liegt wahrscheinlich in ihrem Austrieb. Herkünfte aus dem kontinentalen Osten erreichen die dafür nötigen Wärmesummen früher, treiben entsprechend früher aus (von Wühlisch et al. 1995) und verfügen schließlich über eine längere Periode aktiven Wachstums. Theoretisch wäre zu erwarten, dass diese Herkünfte aus Rumänien wegen ihres frühen Austriebs ein höheres Spätfrostisiko aufweisen (CLIMENT et al. 2024). Allerdings hat dieses Risiko über 30 Jahre der Beobachtung weder in Bosau, Büdingen, noch Bad Wildbad zu offensichtlich negativen Folgen für Überleben und Dickenwachstum geführt (Abb. 2). Auch in der Stammform gehören sie in Bosau zu den etwas besser bewerteten Herkünften (Abb. 8). In Büdingen und Bad Wildbad sind die Boniturnoten insgesamt schlechter ausgefallen. Herkunftsübergreifend wurden über 50 % der 15 stärksten Bäume als C-Qualität (Palette) oder gar Brennholzqualität eingestuft (Abb. 8). Abgesehen davon, dass alle drei Flächen als Ackeraufforstung keine für die Buche idealen Startbedingungen aufwiesen, ist es möglich, dass Spätfrostschäden die Formentwicklung in Büdingen und Bad Wildbad zusätzlich negativ beeinflusst haben. Leider gab es für diese Serie keine explizite Aufnahme von Frostschäden. Hinsichtlich der Qualität ist jedoch zu berücksichtigen, dass es in Buchenbeständen die gängige Praxis ist, Bestände in der Stangenholzphase dicht zu halten und die Läuterung auf Protzen zu konzentrieren. Die ab Alter 30 beginnende Auswahl von Z-Baumanwärtern und folgende Durchforstungen zur Förderung derselben trägt schließlich maßgeblich zur Erziehung der Bestände bei (NAGEL und SPELLMANN 2008). Angesichts des Versuchscharakters der Flächen wurde aber bis Alter 30 noch keine dieser Maßnahmen vorgenommen, da diese i. d. R. zu Rangfolgeänderungen führen. Dieser Effekt forstlicher Eingriffe zeigt sich auch in der vorliegenden Studie bei der letzten Aufnahme aus dem Alter 35 (Tabelle 2).

Abbildung 8: Relative Häufigkeit der fünf stufigen Stammformbonitur (STF14) im Alter 30. Die Häufigkeitsverteilung ist getrennt nach Flächen aufgezeigt und basiert auf den jeweils 15 stärksten Bäume je Parzelle. Der verwendete Boniturschlüssel lautete: (1) zweischnürig perfekt (Schäl furnierqualität, Güteklasse A nach HKS zu erwarten), (2) einschnürig mit nur leichter Krümmung (Sägequalität, Güteklasse B), (3) leicht schwingende Achse (B/C-Qualität), (4) deutliche Krümmung (C-Qualität bzw. Schwellen-/Palettenholz) (5) Brennholzqualität. Die Farbgebung der Balken sich mit jeder Stufe, sodass hinsichtlich der Holzverwertung gute bis akzeptable Stammformen in Grüntönen (Stufe 1-3) und nicht akzeptable Stammformen in Rottönen (Stufe 4-5) gekennzeichnet sind.



Quelle: Thünen-Institut (K. LIEPE).

5 Schlussfolgerung

Die vorliegende Studie zeigt das Potential eines Transfers von Herkünften der Buche aus dem kontinental geprägten Südosten der Verbreitung in das atlantischere Klima in Deutschland. So profitieren insbesondere Hochlagenherkünfte aus Rumänien (66 Sacele, 73 Bistrica) sowie mehrere Herkünfte aus Lagen über 500 m in der Slowakei (51 Propoc, 55 Kamienka, 57 Muran) von der verlängerten Vegetationsperiode durch ein verstärktes Höhen- und Dickenwachstum. Die fünf geprüften deutschen Herkünfte schnitten hingegen in mindestens einem, häufig sogar auch beiden Merkmalen vergleichsweise schlechter ab. Dies sollte jedoch nicht allgemein auf die Eignung deutscher Herkünfte übertragen werden, da die in anderen Versuchsserien ausgesprochen positiv abschneidenden Herkünfte aus dem Westen Deutschlands (LIEPE et al. 2024) hier nicht berücksichtigt sind. Diesbezüglich, sei abschließend erwähnt, dass eine acht Jahre jüngere Absaat des

Erntebestandes Seelzerthurm (NI, HKG 810 09), der von LIEPE et al. (2024) als mit Abstand herausragendster Generalist identifiziert wurde, auf der Fläche in Büdingen, aber nicht auf den anderen, angepflanzt wurde. Auch dort schnitt diese Herkunft sehr gut ab.

Danksagung

Unser Dank gilt den technischen Mitarbeitern des Instituts für die Erhebung der Daten, die mit vielen Dienstreisen verbunden waren. Die vorliegende Studie ist nur durch die langjährige Pflege der Versuchsflächen möglich, wofür wir den engagierten Mitarbeitern der Schleswig-Holsteinischen Landesforsten, der Constantia Forst GmbH und Forst BW danken.

Diese Studie ist Teil des Projektes „Forschungsschwerpunkt Genetik und Dendroökologie der Rotbuche – Trockenstress, In-vitro-Kultur und Genomik (BucheTIG)“ und wird durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert. Das Projekt wird durch die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. im Rahmen der Förderrichtlinie Waldklimafonds (Fkz.: 2219WK60A4) betreut.

Literatur

- ALBERT M, NAGEL J, SCHMIDT M, NAGEL R-V, SPELLMANN H (2021): Ertragstafel Buche. <https://doi.org/10.5281/zenodo.6343906>
- ALÍA R, BOZIC G, GÖMÖRY D, HUBER G, RASZTOVITS E, VON WÜHLISCH G (2011): The survival and performance of beech provenances over a Europe-wide gradient of climate. Monografias Inia: Serie Forestal–Madrid: Torrejen de Ardoz. No. 22-2011: 115–126.
- BMEL (2024): Der Wald in Deutschland: Ausgewählte Ergebnisse der vierten Bundeswaldinventur. Bonn, Germany
- CHAKRABORTY D, MÓRICZ N, RASZTOVITS E, DOBOR L, SCHUELER S (2021): Provisioning forest and conservation science with high-resolution maps of potential distribution of major European tree species under climate change. *Annals of Forest Science* 78 (26): <https://doi.org/10.1007/s13595-021-01029-4>
- CLIMENT J, ALÍA R, KARKKAINEN K, BASTIEN C, GARZON MB, BOUFFIER L et al. (2024): Trade-offs and trait integration in tree phenotypes: consequences for the sustainable use of genetic resources. *Current Forestry Reports* 10: 196–222. <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/s40725-024-00217-5>
- CZÚCZ B, GÁLHIDY L, MÁTYÁS C (2011): Present and forecasted xeric climatic limits of beech and sessile oak distribution at low altitudes in Central Europe. *Annals of Forest Science* 68 (1): 99–108. <https://doi.org/10.1007/s13595-011-0011-4>
- DIERS M, WEIGEL R, LEUSCHNER C (2022): Both climate sensitivity and growth trend of European beech decrease in the North German Lowlands, while Scots pine still thrives, despite growing sensitivity. *Trees* 37: 523–543. <https://doi.org/10.1007/s00468-022-02369-y>
- FRANK A, PLUESS AR, HOWE GT, SPERISEN C, HEIRI C (2017): Quantitative genetic differentiation and phenotypic plasticity of European beech in a heterogeneous landscape: Indications for past climate adaptation. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics* 26: 1–13. <https://doi.org/10.1016/j.ppees.2017.02.001>
- FRANKS SJ, WEBER JJ, AITKEN SN (2014): Evolutionary and plastic responses to climate change in terrestrial plant populations. *Evolutionary Applications* 7 (1): 123–139. <https://doi.org/10.1111/eva.12112>
- GÁRATE-ESCAMILLA H, HAMPE A, VIZCAÍNO-PALOMAR N, ROBSON TM, BENITO-GARZÓN M (2019): Range-wide variation in local adaptation and phenotypic plasticity of fitness-related traits in *Fagus sylvatica* and their implications under climate change. *Global Ecology and Biogeography* 28 (9): 1336–1350. <https://doi.org/10.1111/geb.12936>
- HAMRICK JL (2004): Response of forest trees to global environmental changes. *Forest Ecology and Management* 197 (1–3): 323–335. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2004.05.023>
- HORVÁTH A, MÁTYÁS C (2016): The decline of vitality caused by increasing drought in a beech provenance trial predicted by juvenile growth. *South-east European forestry* 7 (1): 21–28. <https://doi.org/10.15177/seeefor.16-06>

- KORMANN JM, LIESEBACH M, LIEPE KJ (2023): Provenances from introduced stands of Northern Red Oak (*Quercus rubra* L.) outperform those from the natural distribution. *Forest Ecology and Management* 531: 120803. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2023.120803>
- LEUSCHNER C (2020): Drought response of European beech (*Fagus sylvatica* L.) - A review. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics* 47: 125576. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ppees.2020.125576>
- LIEPE KJ, VAN DER MAATEN E, VAN DER MAATEN-THEUNISSEN M, KORMANN JM, WOLF H, LIESEBACH M (2024): Ecotypic variation in multiple traits of European beech: selection of suitable provenances based on performance and stability. *European Journal of Forest Research* 143: 831–845. <https://doi.org/10.1007/s10342-024-01656-2>
- LIESEBACH M (2015): The international network of European beech trials - the base to study intra-specific variation. In: *Dendroflora of Central Europe—utilization of knowledge in research, education and practice*. Technická Univerzita vo Zvolene, Zvolen: 169–187
- LIESEBACH M, LIEPE KJ, ŠEHO M, KÄTZEL R, BECKER F, LÖFFLER S (2023): Ergebnisse aus dem Internationalen Buchenherkunftsversuch 1996/98 von den Versuchsflächen in Deutschland. *Thünen Report* 105: 97–127.
- LIESEBACH M, SCHÜLER S, WOLF H (2011): Klima-Wachstums-Beziehungen von Rotbuchen-Herkünften (*Fagus sylvatica* L.) im Vergleich. *Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz* (69/11): 79–91.
- MARCHI M, CASTELLANOS-ACUÑA D, HAMANN A, WANG T, RAY D, MENZEL A (2020): ClimateEU, scale-free climate normals, historical time series, and future projections for Europe. *Scientific Data* 7 (1): 1–10. <https://doi.org/10.1038/s41597-020-00763-0>
- MARTINEZ DEL CASTILLO E, ZANG CS, BURAS A, HACKET-PAIN A, ESPER J, SERRANO-NOTIVOLI R et al. (2022): Climate-change-driven growth decline of European beech forests. *Communications Biology* 5 (1): 1–9. <https://doi.org/10.1038/s42003-022-03107-3>
- MÜLLER M, FINKELDEY R (2016): Genetic and adaptive trait variation in seedlings of European beech provenances from Northern Germany. *Silvae Genetica* 65 (2): 65–73. <https://doi.org/10.1515/sg-2016-0018>
- NAGEL R-V, SPELLMANN H (2008): Wachstum, Behandlung und Ertrag von Reinbeständen der Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.) in Nordwestdeutschland. *Beiträge aus der NW-FVA* 3: 221–265.
- OLIVOTO T, LÚCIO ADC (2020): metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution* 11 (6): 783–789. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>
- OLIVOTO T, LÚCIO ADC, DA SILVA JAG, MARCHIORO VS, DE SOUZA VQ, JOST E (2019): Mean performance and stability in multi-environment trials I: Combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal* 111 (6): 2949–2960. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>
- PETRÍK P, GROTE R, GÖMÖRY D, KURJAK D, PETEK-PETRIK A (2023): The role of provenance for the projected growth of juvenile European beech under climate change. *Forests* 14 (26): 17. <https://doi.org/10.3390/f14010026>
- R CORE TEAM (2022): A language and environment for statistical computing. <https://www.r-project.org/>
- RAMÍREZ-VALIENTE JA, SANTOS DEL BLANCO L, ALÍA R, ROBLEDO-ARNUNCIO JJ, CLIMENT J (2022): Adaptation of Mediterranean forest species to climate: Lessons from common garden experiments. *Journal of Ecology* 110 (5): 1022–1042. <https://doi.org/10.1111/1365-2745.13730>
- ROBSON MT, BENITO-GARZÓN M, MIRANDA RA, EGIDO DB, BOGDAN S, BOROVICS A et al. (2018): Phenotypic trait variation measured on european genetic trials of *Fagus sylvatica* L. *Scientific Data* 5: 180149. <https://doi.org/10.1038/sdata.2018.149>
- RUMPF H, PETERSEN R (2008): Waldumbau mit Buche unter Berücksichtigung ihrer ökologischen Ansprüche. *Beiträge aus der NW-FVA* 3: 193–220.
- SCHMEDDES J, MUFFLER L, BARBETA A, BEIL I, BOLTE A, HOLM S et al. (2023): High phenotypic variation found within the offspring of each mother tree in *Fagus sylvatica* regardless of the environment or source population. *Global Ecology and Biogeography* 32: 13794. <https://doi.org/10.1111/geb.13794>
- SCHULDT B, BURAS A, AREND M, VITASSE Y, BEIERKUHNLIN C, DAMM A et al. (2020): A first assessment of the impact of the extreme 2018 summer drought on Central European forests. *Basic and Applied Ecology* 45: 86–103. <https://doi.org/10.1016/j.baae.2020.04.003>
- SCHÜTT P, WEISGERBER H, SCHUCK, LANG U, STIMM B, ROLOFF A (2006): *Enzyklopädie der Laubbäume*. Nikol Verlagsgesellschaft mbH und Co. KG.

- UNTERHOLZNER L, STOLZ J, VAN DER MAATEN-THEUNISSEN M, LIEPE K, VAN DER MAATEN E (2024): Site conditions rather than provenance drive tree growth, climate sensitivity and drought responses in European beech in Germany. *Forest Ecology and Management* 572: 122308. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2024.122308>
- VON WÜHLISCH G, HANSEN JK, MERTENS P, LIESEBACH M, MEIERJOHANN E, MUHS H-J et al. (2008): Variation among *Fagus sylvatica* and *Fagus orientalis* provenances in young international field trials. In: The 8th International IUFRO Beech Symposium: 25–27.
- VON WÜHLISCH G, KRUSCHE D, MUHS HJ (1995): Variation in temperature sum requirement for flushing of beech provenances. *Silvae Genet.* 44: 343–346
- WILLIAMS ER, MATHESON AC, HARWOOD CE (2002): *Experimental design and analysis for tree improvement*, 2nd ed. CSIRO Publishing, Collingwood, Australia.

Autorin und Autoren

KATHARINA J. LIEPE, CHRISTOPH RIECKMANN, JONATHAN KORMANN, MIRKO LIESEBACH
Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
Kontakt: katharina.liepe@thuenen.de

Biotechnologische Innovationen an Rotbuchen und weiteren Baumarten

TOBIAS BRÜGMANN, VIRGINIA ZAHN, ALEXANDER FENDEL, MATTHIAS FLADUNG

Zusammenfassung

Die Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.) ist die häufigste Laubbaumart Deutschlands und spielt eine bedeutende Rolle in europäischen Waldökosystemen. Aufgrund des Klimawandels, insbesondere durch Trockenperioden, ist die Rotbuche jedoch langfristig gefährdet. Die *In-vitro*-Kultur stellt eine vielversprechende Technik dar, um wertvolle Genotypen der Rotbuche zu erhalten und vegetativ zu vermehren. Dafür wurde ein neues Protokoll entwickelt, das auf jungen Keimlingen basiert und eine Sprossbildungsrate von bis zu 94 % ermöglicht. Weiterhin ermöglicht die *In-vitro*-Kultur die weitere biotechnologische Forschung an dieser Baumart, da Methoden wie die genetische Transformation und das Werkzeug CRISPR/Cas darauf aufbauen. Mit diesen Verfahren wird zur forstgenetischen Grundlagenforschung beigetragen, indem beispielsweise die Funktion von Genen analysiert werden kann. Weitere Forschungsansätze zielen auf den Transfer der Methoden auf andere europäische Baumarten wie die Esche oder die Stieleiche ab.

Abstract

Biotechnological innovations on European beech and other tree species

The European beech (*Fagus sylvatica* L.) is the most common deciduous tree species in Germany and plays a significant role in European forest ecosystems. However, due to climate change, particularly through dry periods, the European beech is threatened in the long term. Also, *in vitro* culture represents a promising technique for preserving and vegetatively propagating valuable genotypes of the European beech. A new protocol has been developed based on young seedlings, achieving a shoot formation rate of up to 94 %. *In vitro* culture facilitates further biotechnological research on this tree species, as methods such as genetic transformation and the CRISPR/Cas tool build upon it. These procedures contribute to basic research in forest genetics by allowing the analysis of gene functions. Additional research approaches aim to transfer the biotechnological methods to other European tree species such as ash and pedunculate oak.

1 Rotbuchen im Klimawandel

Die Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.) ist die häufigste Laubbaumart Deutschlands (BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT 2024a). Rotbuchen haben einen großen waldbaulichen Wert, da sie bodenverbessernd sind und eine große ökologische Bedeutung als Habitat für andere Organismen haben (PACKHAM et al. 2012, PRETZSCH et al. 2021). Ein Sechstel aller mitteleuropäischen Tierarten lebt in Buchenmischwäldern. Etwa 1.800 Tierarten sind eng an dieses Habitat angepasst (FELBERMEIER UND MOSANDL 2006). Allerdings ist die Rotbuche gefährdet, wie anhand der Kronenverlichtung im Rahmen der Waldzustandserhebung 2023 zu ersehen ist: 44 % der Rotbuchen sind in die Schadstufe 1 eingeordnet, 36 % der Rotbuchen in die Schadstufen 2 bis 4. Nur 20 % der deutschen Rotbuchen haben keine Anzeichen der Kronenverlichtung (Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft 2024b). Die Rotbuche gerät durch den Klimawandel zunehmend unter Druck. Sie bevorzugen Standorte mit temperattem Klima sowie ausreichender Feuchte im Sommer (BOLTE et al. 2007). Insbesondere durch die intensiven Trockenperioden in den Sommern 2018 und 2019 wurden Rotbuchen geschädigt (FREI et al. 2022, NEYCKEN et al. 2022, RUKH et al. 2023).

2 *In-vitro*-Kultur der Rotbuche

Die *In-vitro*-Kultur ist eine Methode zur vegetativen Vermehrung von Pflanzen unter sterilen Bedingungen und daher eine bewährte Technik zur Erhaltung wertvoller Genotypen. In diesem abgeschlossenen und artifiziellen System können solche Genotypen gesichert werden, die in der natürlichen Umgebung oder auf Freilandplantagen abiotischen und biotischen Risiken ausgesetzt wären, darunter Trockenheit, Fraßfeinde oder Krankheitserreger, und diese möglicherweise nicht überleben würden. In der *In-vitro*-Kultur können auch Genotypen vegetativ vermehrt werden, die in der gärtnerisch-forstschulischen Praxis als schwierig vermehrbar gelten. Für die biotechnologische Forschung ist die *In-vitro*-Kultur eine grundlegende Technik, da mit diesem Pflanzenmaterial und einem etablierten Regenerationssystem die genetische Transformation, z. B. mittels *Agrobacterium*-vermittelter Transformation, ermöglicht wird. Die genetische Transformation ist wiederum meist eine Voraussetzung für die Etablierung der Genomeditierung, beispielsweise per CRISPR/Cas (BRUEGMANN et al. 2024).

Zur *In-vitro*-Kultur von Rotbuchen wird seit den späten 1970er Jahren geforscht (CHALUPA 1979, 1987, NADEL et al. 1991, VIEITEZ et al. 1992, MEIER UND REUTHER 1994). Weiterhin gilt die Rotbuche für die *In-vitro*-Kultur als rekalcitrant. Die Rekalcitranz von Gehölzen ist über die Rotbuche hinaus eine bekannte Schwierigkeit für deren *In-vitro*-Kultivierung (McCOWN 2021). Dennoch ist für die Rotbuche die vegetative Vermehrung per *In-vitro*-Kultur interessant, da *ex vitro* Sprossabschnitte schlecht bewurzeln (VON WÜHLISCH 2008).

Zur Etablierung einer *In-vitro*-Kultur für die Rotbuche wurde in unserer Forschungsgruppe ein Protokoll entwickelt, das junge Keimlinge verwendet (ZAHN et al., eingereicht). Bucheckern werden in einer Klimakammer zur Keimung angeregt. Die Keimlinge werden abgeschnitten, in drei Schritten sterilisiert und auf ein antibiotikumhaltiges Kulturmedium überführt. Das Kulturmedium basiert auf dem Woody Plant Medium (WPM) mit Zusatz von Cytokinin und Auxin (LLOYD UND McCOWN 1980). Mit dieser Methode wurde eine Sprossbildungsrate *in vitro* von bis zu 94 % nach 12 Wochen erreicht. Dennoch ist eine weitere methodische Forschung geboten, um Optimierungen des Protokolls zu erreichen, da das Wachstum der Explantate noch gesteigert werden kann.

3 Biotechnologische Forschung an Rotbuchen

Das langsame Wachstum der *In-vitro*-Explantate ist für eine intensive Anwendung der genetischen Transformation mittels Agrobakterien nachteilhaft, sodass andere Materialressourcen gesucht werden müssen, z. B. Protoplasten. Protoplasten sind zellwandlose Einzelzellen von Pflanzen. Sie lassen sich gewinnen, indem Blätter in einer Enzymlösung inkubiert werden, die die pflanzliche Zellwand abbaut. Mit einem erfolgreich optimierten Protokoll lassen sich aus Blättern der Buche vitale Protoplasten gewinnen, die für Transformationsexperimente genutzt werden können (Zahn et al., in Vorbereitung). Zur Transformation von Protoplasten wird üblicherweise eine Polyethylenglycol- (PEG-) vermittelte Transformation durchgeführt. Die PEG-Zugabe ins Medium der Protoplasten sorgt für die Perforation der Zellmembran, durch die ebenfalls ins Medium zugegebene DNA-Plasmide in die Pflanzenzellen gelangen können – ein gentechnisch veränderter Organismus (GVO) entsteht. Die zugegebene DNA wird in den Pflanzenzellen exprimiert.

Je nach Versuchsansatz können mit der biotechnologischen Bearbeitung von Pflanzen Genfunktionen und Genotyp-Phänotyp-Assoziationen erforscht werden. Beispielsweise können Pflanzen, die eine genetische Veränderung tragen, mit unveränderten Pflanzen unter Stressbedingungen, z. B. in einem Trockenstressversuch, verglichen werden. Mit Hilfe von diversen Methoden zur Charakterisierung des Phänotyps lässt sich bewerten, ob die genetische Veränderung zu einer höheren oder verringerten Toleranz gegenüber Trockenheit geführt hat. Solche Erkenntnisse ermöglichen Rückschlüsse auf die spezifische Rolle einzelner Gene oder Gengruppen und tragen dadurch zur Aufklärung der genetischen Grundlage, z. B. von Schädlings- oder Trockenstresstoleranz, bei.

Die ersten Ansätze zur genetischen Transformation von Rotbuchen-Protoplasten waren erfolgreich, sodass in den Pflanzenzellen der visuelle Fluoreszenzmarker mEGFP exprimiert werden konnte. Unter Nutzung des mEGFP-Markers wurden unterschiedliche genetische Regulationselemente getestet, um einen molekularen Werkzeugkasten zu etablieren und damit die Vorbereitungen für die Nutzung der neuen genomischen Technik CRISPR/Cas (siehe unten) zu treffen. Diese Protoplasten sind – auf Grundlage des bekannten Literaturwissens – die ersten genetisch veränderten Rotbuchenzellen überhaupt. Die weitere Kultivierung der Protoplasten beinhaltet die Bildung eines undifferenzierten Zellhaufens (Kallus) und daraus nachfolgend die Regeneration von vollständigen Pflanzen. Beides stellt eine weitere technische Hürde dar, für die weiterer Forschungsbedarf besteht.

4 Neue genomische Techniken als Züchtungswerkzeug

Bäume sind abiotischen Stressoren wie Trockenheit nicht hilflos ausgeliefert. Allgemein können Pflanzen mit zellulären und physiologischen Prozessen auf Trockenstress reagieren. Dazu gehören die Biosynthese von Abscisinsäure und Prolin, die stomatäre Regulation, osmotische Anpassungen sowie die Bildung von Antioxidantien. Ferner können anatomische Anpassungen, wie beispielsweise die Modifikation von Leitgefäßen oder der Zellwände, greifen (POLLE et al. 2018). Die genetischen Grundlagen dieser Prozesse sind geeignete Ansatzstellen für die züchterische Optimierung von Pflanzen.

Die Pflanzenzüchtung basiert ganz grundsätzlich auf rekurrenter Selektion, also auf sich wiederholender Auslese. Die Selektion vorteilhafter Pflanzen zur Sortenentwicklung oder für den weiteren Züchtungsprozess verengt die genetische Diversität. Neue genetische Diversität und damit auch neue Merkmale kommen durch Rekombination, nach Einkreuzen von Genotypen mit gewünschten Merkmalen, in den Züchtungsprozess hinein. Nach der Rekombination werden wieder vorteilhafte Pflanzen, die gewünschte Merkmalen aufweisen, selektiert und der Züchtungsprozess fortgesetzt (BECKER 2019). Allerdings ist die genetische Variabilität innerhalb einer Art begrenzt. Völlig neue Merkmale, die im Genpool der Art nicht vorhanden sind, können somit auch nicht eingekreuzt werden. Zudem können im Rahmen der Kreuzungszüchtung auch nachteilhafte Eigenschaften eingebracht werden.

Die Mutationszüchtung soll neue Variabilität innerhalb einer Art und daher auch neue Merkmale in verhältnismäßig kurzer Zeit erzeugen. Konventionell wird in der Mutationszüchtung Saatgut mit chemischen Substanzen, z. B. mit Ethylmethansulfonat, oder UV-Bestrahlungen oder anderen ionisierenden Strahlungen (Radioaktivität) bearbeitet. Diese Behandlungen sind allerdings ungerichtet, sodass nicht nur nützliche Merkmale, sondern auch viele genetische Veränderungen (Mutationen) entstehen können, die unerwünscht und nachteilig sind, teilweise sogar letal sein können. Ein Großteil der Mutationen bleibt in der Regel unentdeckt.

Mit der Genomeditierung (englisch *genome editing*) wurde eine zielgerichtete Form der Mutagenese entwickelt. CRISPR/Cas ist die populärste, wenn auch nicht die erste, entwickelte Technik der Genomeditierung. Für die Entdeckung der biochemischen Grundlagen dieses Mechanismus wurden die beiden Wissenschaftlerinnen CHARPENTIER und DOUDNA 2020 mit dem Chemie-Nobelpreis ausgezeichnet (JINEK et al. 2012, LEDFORD UND CALLAWAY 2020). Die Genomeditierung kann als neue Züchtungstechnologie bereits in vielen Gehölzarten angewendet werden, neben vielen Obstbaumarten auch in einigen forstlich relevanten Baumarten (BRUEGMANN et al. 2024). Verglichen mit Nutzpflanzen, die zur Ernährung verwendet werden und in denen neue Züchtungstechnologien schon weiter fortgeschritten sind, besteht allerdings weiterhin ein intensiver Forschungsbedarf zur Etablierung und Optimierung der Technik sowie zur Übertragung auf weitere Baumarten.

Biotechnologische Innovationen werden durch Fortschritte in der genomischen Forschung unterstützt. Anhand von Genomsequenzen lassen sich zielgenaue Editierungsbereiche identifizieren. Für mehrere Baumarten wird derzeit daran gearbeitet, nicht nur für ein einzelnes Individuum die vollständige Sequenz des Genoms zu haben, sondern eine Genomsequenz auf Basis mehrerer Individuen zu formulieren, was als sogenanntes Pangenom

bezeichnet wird (LAZIC et al. 2024). Dadurch lässt sich die genetische Variation einer Baumart besser abbilden und berücksichtigen. Dies ermöglicht auch die Identifikation von möglichen unbeabsichtigten Editierungsstellen im Genom, die als sogenannte *Off-Targets* unter Biosicherheitsaspekten relevant sind. Besonders für Forstbaumarten ist die Biosicherheitsforschung von großer Bedeutung bei der Konzeptionierung von Forschungsansätzen sowie für eine mögliche praktische Verwendung biotechnologisch veränderter Bäume (FLADUNG UND HOENICKA 2012). Forstbäume werden zwar nicht zur Ernährung genutzt, allerdings über mehrere Jahrzehnte kultiviert. Die Stabilität von biotechnologisch induzierten genetischen Veränderungen spielt daher eine bedeutende Rolle (FLADUNG et al. 1997, FLADUNG 1998). Diese grundlegenden genetischen Aspekte wurden bereits Ende der 1990er- und zu Beginn der 2000er-Jahre erforscht (FLADUNG 1999, KUMAR UND FLADUNG 2001, HOENICKA UND FLADUNG 2006). Für CRISPR/Cas bestehen neue Fragestellungen und neue technologische Möglichkeiten. So lassen sich mittels Genomsequenzierungen mögliche *Off-Target*-Veränderungen identifizieren und davon betroffene Pflanzen aussortieren. Unter Biosicherheitsaspekten sind auch *Double Nicking* Ansätze interessant, die mit modifizierten Cas-Nukleasen und die Kombination von zwei Zielregionen *Off-Target*-Veränderungen statistisch reduzieren (RAN et al. 2013, FAUSER et al. 2014).

5 Weitere Baumarten

Viele der zuvor beschriebenen Methoden basieren auf der forstlichen Modellbaumgattung *Populus* (Pappeln), speziell den Pappelhybriden *Populus tremula* × *Populus alba* und *Populus tremula* × *Populus tremuloides*. Diese und weitere Pappel- und Aspen(hybriden) werden seit Jahrzehnten erfolgreich *in vitro* kultiviert. Sie lassen sich insbesondere aufgrund ihres schnellen Wachstums gut für die genetische Transformation und Genomeditierung und sogar als Modellorganismen für die forstliche Biotechnologie verwenden (LEPLE et al. 1992, FLADUNG UND AHUJA 1996, BRUEGMANN et al. 2019).

Ein ähnlich schnelles Wachstum *in vitro* zeigt der Asiatische Götterbaum (*Ailanthus altissima*), für den bereits erste Transformationsversuche erfolgreich waren (BRUEGMANN et al., unpubliziert). Dennoch sind weitere technische Anpassungen für eine konsistent gute Regeneration notwendig. Erste Experimente wurden darüber hinaus mit der Stieleiche (*Quercus robur*) und der Gemeinen Esche (*Fraxinus excelsior*) durchgeführt. Auch für sie bestehen klimatische und damit verbunden auch phytopathologische Herausforderungen, wie das Eschentriebsterben für die Esche (MARÇAIS et al. 2022, BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT 2024b).

Literatur

- BECKER H (2019): Pflanzenzüchtung. utb GmbH, Stuttgart, Deutschland.
- BOLTE A, CZAJKOWSKI T, KOMPA T (2007): The north-eastern distribution range of European beech a review. *Forestry* (Lond) 80 (4): 413–429.
- BRUEGMANN T, FENDEL A, ZAHN V, FLADUNG M (2024): Genome Editing in Forest Trees. In RICOCH A et al. (eds.): *A Roadmap for Plant Genome Editing*, Springer Nature Switzerland; Imprint Springer, Cham: 347–372.
- BRUEGMANN T, POLAK O, DEECKE K, NIETSCH J, FLADUNG M (2019): Poplar Transformation. In KUMAR S et al. (eds.): *Transgenic Plants*, Springer New York, New York, NY: 165–177.
- BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT (BMEL) (2024a): Der Wald in Deutschland – Ausgewählte Ergebnisse der vierten Bundeswaldinventur.
- BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT (BMEL) (2024b): Ergebnisse der Waldzustandserhebung 2023.
- CHALUPA V (1979): *In vitro* propagation of some broad-leaved forest trees. *Commun Inst For Česosl* 11: 159–170.
- CHALUPA V (1987): European Hardwoods. In BONGA JM, DURZAN DJ (eds.): *Cell and Tissue Culture in Forestry*, Springer Netherlands, Dordrecht: 224–246.
- FAUSER F, SCHIML S, PUCHTA H (2014): Both CRISPR/Cas-based nucleases and nickases can be used efficiently for genome engineering in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Journal* 79 (2): 348–359.

- FELBERMEIER B, MOSANDL R (2006): *Fagus sylvatica*. In SCHÜTT P et al. (Hrsg.): Enzyklopädie der Laubbäume, 241–260.
- FLADUNG M (1998): Transgene Bäume – Perspektiven und Grenzen. *Biologie in unserer Zeit* 28 (4): 201–213.
- FLADUNG M (1999): Gene stability in transgenic aspen (*Populus*). I. Flanking DNA sequences and T-DNA structure. *Mol Gen Genet* 260 (6): 574–581.
- FLADUNG M, AHUJA M (1996): Gene Transfer in Aspen. In SCHMIDT ER, HANKELN T (eds.): *Transgenic Organisms and Biosafety*, Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg: 275–281.
- FLADUNG M, AHUJA M, MUHS H (1997): Wie stabil sind fremde Gene in Forstbäumen. *Forschungsreport* (1).
- FLADUNG M, HOENICKA H (2012): Fifteen years of forest tree biosafety research in Germany. *iForest* 5 (1): 126–130.
- FREI E, GOSSNER M, VITASSE Y, QUELOZ V, DUBACH V, GESSLER A, GINZLER C, HAGEDORN F, MEUSBURGER K, MOOR M, SAMBLÁS VIVES E, RIGLING A, UTTENTUIS I, VON ARX G, WOHLGEMUTH T (2022): European beech dieback after premature leaf senescence during the 2018 drought in northern Switzerland. *Plant biology (Stuttgart, Germany)* 24 (7): 1132–1145.
- HOENICKA H, FLADUNG M (2006): Biosafety in *Populus* spp. and other forest trees: from non-native species to taxa derived from traditional breeding and genetic engineering. *Trees* 20 (2): 131–144.
- JINEK M, CHYLINSKI K, FONFARA I, HAUSER M, DOUDNA J, CHARPENTIER E (2012): A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. *Science (New York, N.Y.)* 337 (6096): 816–821.
- KUMAR S, FLADUNG M (2001): Gene stability in transgenic aspen (*Populus*). II. Molecular characterization of variable expression of transgene in wild and hybrid aspen. *Planta* 213 (5): 731–740.
- LAZIC D, GEßNER C, LIEPE K, LESUR-KUPIN I, MADER M, BLANC-JOLIVET C, GÖMÖRY D, LIESEBACH M, GONZÁLEZ-MARTÍNEZ S, FLADUNG M, DEGEN B, MÜLLER N (2024): Genomic variation of European beech reveals signals of local adaptation despite high levels of phenotypic plasticity. *Nature communications* 15 (1): 8553.
- LEDFOORD H, CALLAWAY E (2020): Pioneers of revolutionary CRISPR gene editing win chemistry Nobel. *Nature* 586 (7829): 346–347.
- LEPLE J, BRASILEIRO A, MICHEL M, DELMOTTE F, JOUANIN L (1992): Transgenic poplars: expression of chimeric genes using four different constructs. *Plant cell reports* 11 (3): 137–141.
- LLOYD G, McCOWN B (1980): Commercially-feasible micropropagation of mountain laurel, *Kalmia latifolia*, by use of shoot-tip culture. *Proceedings of the International Plant Propagator's Society* (30): 421–426.
- MARÇAIS B, KOSAWANG C, LAUBRAY S, KJÆR E, KIRISITS T (2022): Ash dieback, *Forest Microbiology*, Elsevier, 215–237.
- McCOWN B (2021): Woody shrubs and trees. In PARK S (ed.): *Plant Tissue Culture. Techniques and Experiments*, Elsevier: 101–109.
- MEIER K, REUTHER G (1994): Factors controlling micropropagation of mature *Fagus sylvatica*. *Plant Cell Tissue Organ Cult* 39 (3): 231–238.
- NADEL B, ALTMAN A, PLEBAN S, HÜTTERMANN A (1991): *In vitro* Development of Mature *Fagus sylvatica* L. Buds. I. The Effect of Medium and Plant Growth Regulators on Bud Growth and Protein Profiles. *Journal of Plant Physiology* 138 (5): 596–601.
- NEYCKEN A, SCHEGGIA M, BIGLER C, LÉVESQUE M (2022): Long-term growth decline precedes sudden crown dieback of European beech. *Agric For Meteorol* 324: 109103.
- PACKHAM J, THOMAS P, ATKINSON M, DEGEN T (2012): Biological Flora of the British Isles: *Fagus sylvatica*. *Journal of Ecology* 100 (6): 1557–1608.
- POLLE A, CHEN S, ECKERT C, HARFOUCHE A (2018): Engineering Drought Resistance in Forest Trees. *Frontiers in plant science* 9: 1875.
- PRETZSCH H, POSCHENRIEDER W, UHL E, BRAZAITIS G, MAKRIKIELE E, CALAMA R (2021): Silvicultural prescriptions for mixed-species forest stands. A European review and perspective. *Eur J Forest Res* 140 (5): 1267–1294.
- RAN F, HSU P, LIN C-Y, GOOTENBERG J, KONERMANN S, TREVINO A, SCOTT D, INOUE A, MATOBA S, ZHANG Y, ZHANG F (2013): Double nicking by RNA-guided CRISPR Cas9 for enhanced genome editing specificity. *Cell* 154 (6): 1380–1389.
- RUHK S, SANDERS T, KRÜGER I, SCHAD T, BOLTE A (2023): Distinct Responses of European Beech (*Fagus sylvatica* L.) to Drought Intensity and Length—A Review of the Impacts of the 2003 and 2018–2019 Drought Events in Central Europe. *For Ecol Manag* 14 (2): 248.
- VIEITEZ F, BALLESTER A, VIEITEZ A (1992): Somatic embryogenesis and plantlet regeneration from cell suspension cultures of *Fagus sylvatica* L. *Plant cell reports* 11 (12): 609–613.
- VON WÜHLISCH G (2008): *Fagus sylvatica* - Technical guidelines for genetic conservation and use for European beech, Rome, Italy.

Autorin und Autor

TOBIAS BRÜGMANN, VIRGINIA ZAHN, ALEXANDER FENDEL, MATTHIAS FLADUNG
Thünen-Institut für Forstgenetik, Siekr Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
Kontakt: tobias.bruegmann@thuenen.de

Epigenetische Untersuchungen an der Kiefer (*Pinus sylvestris*) - Klimaplan Hessen (KPH-Epigenetik)

SOFIA RUBIN, MARTIN HOFMANN

Zusammenfassung

Das Epigenetik-Projekt geht der Frage nach, ob eine im Phänotyp erkennbare Plastizität der Merkmalsausprägung innerhalb der genetisch determinierten Reaktionsnorm liegt oder epigenetisch induziert ist und möglicherweise sogar an die Nachkommenschaft weitergegeben werden könnte.

Die Untersuchungen konzentrieren sich auf messbare Effekte in Bezug auf die Trockenstresstoleranz der Prüfglieder. Dazu werden Sämlinge von ausgewählten Einzelbäumen unterschiedlicher Reifejahre verglichen. Als Modellbaumart wurde die Kiefer vor allem wegen ihrer häufigen Mast und langen Samenlagerfähigkeit gewählt. Die Kiefer ist in Deutschland weit verbreitet, zeigt eine hohe klimatische Anpassungsfähigkeit und hat bereits eine relativ gute Klimaprognose.

Abstract

Epigenetic studies on Scots pine (*Pinus sylvestris*) - Klimaplan Hessen (KPH-Epigenetics)

The epigenetics project addresses the question of whether a plasticity of trait expression recognizable in the phenotype lies within the genetically determined reaction norm or is epigenetically induced and could possibly even be passed on to the offspring.

The investigations focus on measurable effects in relation to the drought stress tolerance of the test links. For this purpose, saplings from selected individual trees of different maturity years are compared. Pine was chosen as the model tree species primarily because of its frequent masting and long seed storage life. Pine is widespread in Germany, shows great climatic adaptability and already has a relatively good climate prognosis.

1 Einleitung

Spürbare Trockenheit während der Reproduktionsphase eines Baumes könnte sich auf die Trockenstresstoleranz seiner Nachkommen auswirken. Neben der klassischen Umweltanpassung durch Vererbung, Selektion und Mutation besteht auch die Möglichkeit, dass umweltinduzierte Informationen zum An- und Abschalten von Genen ebenfalls an Nachkommen weiter gegeben werden. Man spricht dann von Epigenetik. Auf einem bestimmten Genabschnitt sind sehr viel mehr Erbinformationen vorhanden als später im Organismus ausgeprägt werden. Warum bestimmte Genabschnitte abgelesen werden während andere praktisch ausgeschaltet bleiben, ist Gegenstand intensiver Forschung. Maßgeblich sind aber die Umweltbedingungen während der Reproduktionsphase. Bei solchen epigenetischen Effekten geht man davon aus, dass sie sehr lange wirksam sind, evtl. sogar über die gesamte Lebensdauer eines Baumes. Auf diese Weise könnten epigenetische Effekte zu einer weiteren Steigerung des Anpassungspotenzials führen. Während in anderen Forschungsbereichen bereits intensiv an dem Phänomen der Epigenetik gearbeitet wird, ist der Umwelteinfluss auf die Weitergabe von Erbinformationen bei Waldbäumen noch weitgehend ungeklärt.

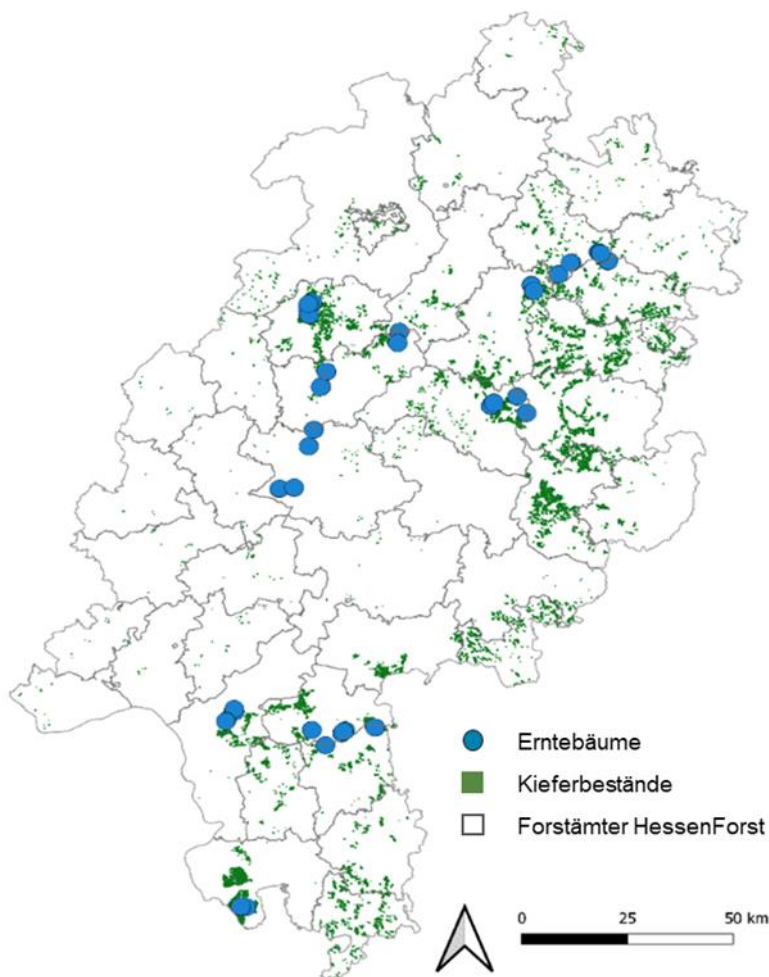
Das Projekt geht deshalb zunächst der Frage nach, ob eine im Phänotyp erkennbare Plastizität der Merkmalsausprägung innerhalb der genetisch bedingten Reaktionsnorm liegt oder etwa epigenetisch induziert sein kann und damit möglicherweise an die Nachkommen weiter gegeben werden könnte.

2 Methodik

Im Vordergrund der Untersuchungen stehen messbare Effekte in Bezug auf die Trockenstresstoleranz der Prüfglieder. Dazu werden Absaaten von ausgewählten Einzelbäumen unterschiedlicher Reifejahre verglichen. Vor allem wegen ihrer häufigen Mast und langen Lagerfähigkeit des Saatgutes fiel die Kiefer als Modellbaumart. Die Kiefer ist in Deutschland weit verbreitet, zeigt eine große klimatische Anpassungsfähigkeit und besitzt bereits eine relativ gute Klimaprognose.

Mit dem Reifejahr (= Erntejahr) wird jedoch nur ein Teil der Reproduktionsphase abgedeckt, die bei Kiefer insgesamt 2 Jahre dauert. Die Bildung von Pollen und Eizellen sowie die Blüte und Bestäubung erfolgen bereits im Jahr davor. Es dauert dann bis zum nächsten Jahr bis es zur Befruchtung und anschließender Samenbildung kommt. Mit einer Vorauswahl nach Reifejahren sind demnach nur mögliche Epigenetik-Effekte während der Samenentwicklung erfasst, aber nicht während der vorhergehenden Entwicklung.

Abbildung 1: Lage der Erntebäume in Hessen.



Quelle: NW-FVA (S. RUBIN).

Für das Projekt lag es nahe, sich auf die Reifejahre zu konzentrieren. Dabei darf nicht außer Acht gelassen werden, dass unterschiedliches Verhalten der Nachkommenschaften evtl. auch durch die Witterungsbedingungen des Blühjahres erklärt werden könnten. Gerade die lange Dauer von rund einem Jahr zwischen Gametenbildung und Befruchtung lässt epigenetische Effekte in dieser Phase möglich erscheinen. Analysen zum Einfluss des Blühjahres lassen sich auch nachträglich noch gut durchführen und sind auch vorgesehen.

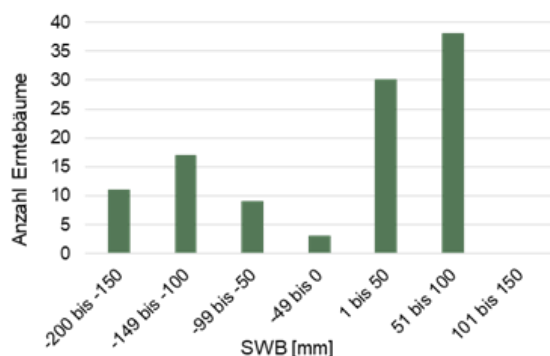
Zunächst wurden in ganz Hessen Kiefern ausgewählt, und für eine künftige regelmäßige Beerntung dauerhaft markiert. Alle in Hessen vorkommenden zonalen Kiefern-Waldstandorte wurden berücksichtigt. Kriterien für die Auswahl der Bestände waren Alter, Bestandesgröße, Standortwasserbilanz und Höhenlage. Innerhalb der Bestände wurden Einzelbäume vorrangig nach der Kronenvitalität und Beerntbarkeit ausgewählt (Abb. 1). Mit dem Saatgut sollen Nachkommenschaftsprüfungen angelegt und Trockenstressversuche durchgeführt werden.

Eine zweite Säule bildet in der Genbank eingelagertes Material, dessen Erntedatum bis in das Jahr 1960 zurückreicht. Hier lag das Augenmerk auf Absaaten aus Jahren mit Weisercharakter.

3 Ergebnisse und Diskussion

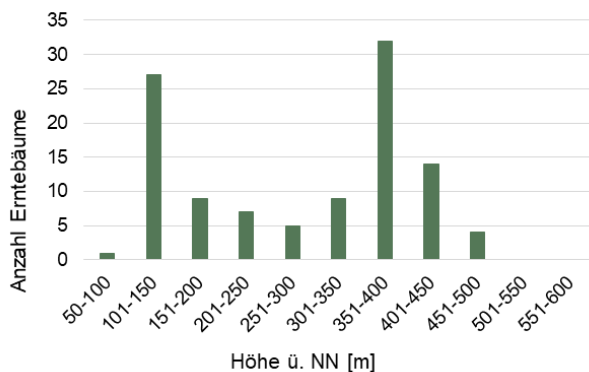
Die Kartierung und erste Beerntung von Einzelbäumen ausgesuchter Bestände ist inzwischen erfolgt, das Probesaatgut wird derzeit zur Einlagerung vorbereitet. Insgesamt wurden 108 Bäume in 32 Beständen einer Probebeerntung unterzogen. Die Verteilung der Erntebäume über die Standortwasserbilanzstufen und die Höhenlage sind in den Abbildungen zwei und drei aufgezeigt. Es wird erkennbar, dass besonders die Standorte in der Rhein-Main Ebene sowie auch die feuchten Höhenlagen in Nordhessen abgedeckt wurden. Dies entspricht in etwa der Hauptverbreitung der Kiefer in Hessen.

Abbildung2: Verteilung der Erntebäume nach der Standortwasserbilanz.



Quelle: NW-FVA (S. RUBIN).

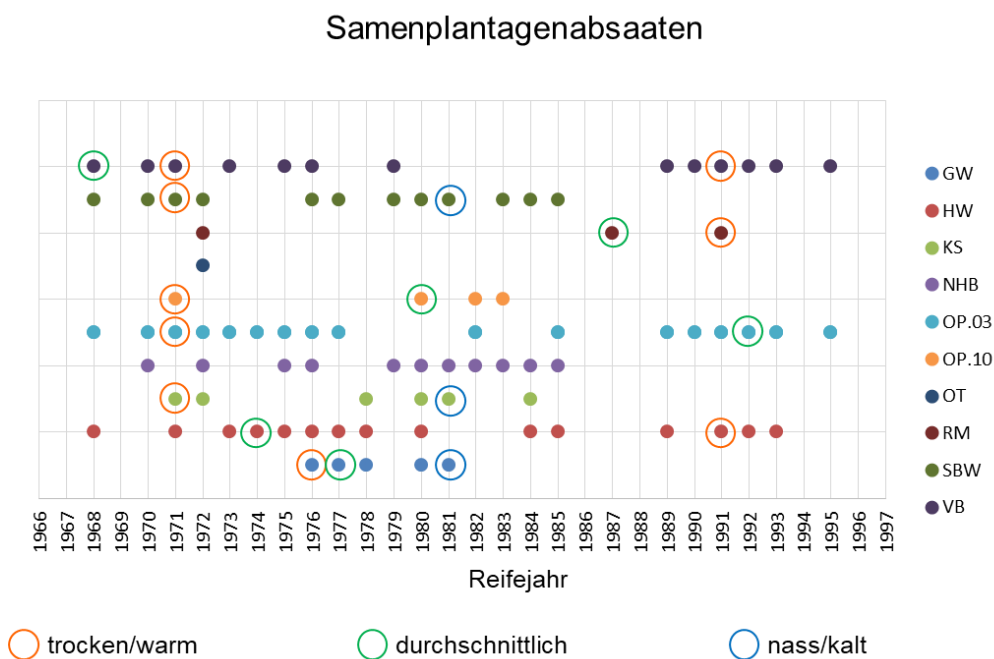
Abbildung 3: Verteilung der Erntebäume nach der Höhenlage.



Quelle: NW-FVA (S. RUBIN).

Einen zweiten Arbeitsschwerpunkt bildeten Auswahl und Aussaat von Material aus der Genbank zur Anlage einer Nachkommenschaftsprüfung sowie eines Trockenstressversuches. Grundsätzlich war Saatgut von gelenkten Kreuzungen, Einzelbäumen, Beständen und Samenplantagen eingelagert worden. Leider ergab die Suche nach mehrjährig eingelagertem Saatgut aus gelenkten Kreuzungen aber nicht das erhoffte Ergebnis. Saatgut aus Kreuzungen war nicht in ausreichender Menge vorhanden. Deshalb musste auf Samenplantagenabsaaten zurückgegriffen werden. In den Jahren 1968 bis 1995 wurden 10 Samenplantagen regelmäßig beerntet (Abb. 4) von denen Probemengen zurückbehalten wurden. Es handelt sich um Samenplantagen aus Hessen, Niedersachsen und Rheinland-Pfalz. Die Auswahl erfolgte anhand der Klimadaten der Ernte Flächen. Die in der Abbildung durch Kreise markierten Saatgutproben kamen zur Aussaat.

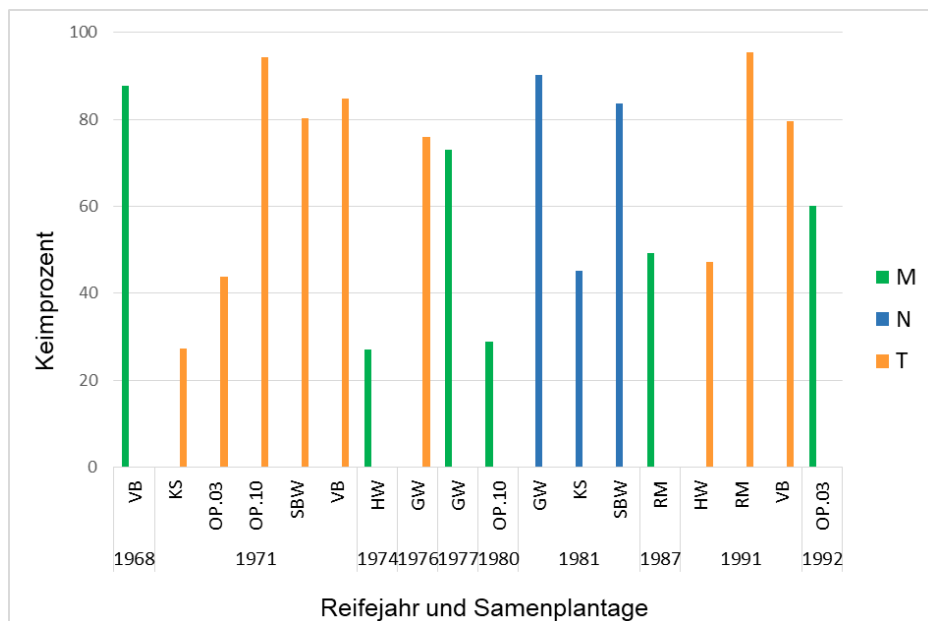
Abbildung 4: Auswahl der Prüfglieder anhand von Klimadaten.



Quelle: NW-FVA (S. RUBIN).

Bei der Keimprüfung ergaben sich keine Auffälligkeiten bestimmter Erntejahre auf die Keimfähigkeit bestimmter Partien. Aus Abbildung 5 ist kein Zusammenhang zwischen der Witterung im Reifejahr und Keimprozent ablesbar. Mit nur wenigen Ausnahmen zeigte das langjährig eingelagerte Material erfreulich gute Keimergebnisse.

Abbildung 5: Keimprozent der Prüfglieder nach Herkunft und Erntejahr (farblich markiert ist die Einordnung nach moderat, nass, trocken).



Quelle: NW-FVA (S. RUBIN).

Von dem geplanten Trockenstressversuch mit Jungpflanzen unter kontrollierten Bedingungen sind erste Hinweise zu erwarten. Valide Ergebnisse sind aber erst nach Auswertung einer Versuchsserie mit dem über viele Jahre gewonnenen Saatgut erzielbar. Das beschriebene Vorhaben nähert sich dem Thema Epigenetik im Feldversuch und sieht sich deshalb allen dabei zu erwartenden Störgrößen gegenüber. Möglicherweise legt aber die regelmäßige systematische Einsammlung von Saatgutproben eine Grundlage für spätere genetische Analysen, die zum Verständnis epigenetischer Prozesse bei Waldbäumen beitragen können.

Autorin und Autor

SOFIA RUBIN, MARTIN HOFMANN

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), Abteilung Waldgenressourcen, Sachgebiet Prüfung und Züchtung forstlichen Vermehrungsgutes; Professor-Oelkers-Straße 6, 34346 Hann. Münden
Kontakt: martin.hofmann@nw-fva.de

Thünen Report

Bereits in dieser Reihe erschienene Hefte – *Volumes already published in this series*

1 - 95	siehe http://www.thuenen.de/de/infothek/publikationen/thuenen-report/
96	Jacob Jeff Bernhardt, Lennart Rolfes, Peter Kreins, Martin Henseler Ermittlung des regionalen Bewässerungsbedarfs für die Landwirtschaft in Bayern
97	Uwe Krumme, Steffi Meyer, Isabella M. F. Kratzer, Jérôme C. Chladek, Fanny Barz, Daniel Stepputtis, Harry V. Strehlow, Sarah B. M. Kraak, Christopher Zimmermann STELLA - Stellnetzfisherei-Lösungsansätze : Projekt-Abschlussbericht
98	Anne Alix, Dany Bylemans, Jens Dauber, Peter Dohmen, Katja Knauer, Lorraine Maltby, Christoph J. Mayer, Zélie Pepiette, Balthasar Smith (eds) Optimising agricultural food production and biodiversity in European landscapes Report of an online-Workshop
99	Andreas Tietz, Antje G. I. Tölle „Bauernland in Bauernhand“: Gutachten im Auftrag des Bayerischen Staatsministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten
100	Marlen Haß, Claus Deblitz, Florian Freund, Peter Kreins, Verena Laquai, Frank Offermann, Janine Pelikan, Viktoriya Sturm, Johannes Wegmann, Thomas de Witte, Friedrich Wüstemann, Maximilian Zinnbauer Thünen-Baseline 2022 – 2032: Agrarökonomische Projektionen für Deutschland
101	Daniel Stepputtis, Thomas Noack, Uwe Lichtenstein, Constanze Hammerl, Juan Santos, Bernd Mieske Verringerungen von Kunststoffmüll aus der Krabbenfischerei durch Netzmodifikationen – Dolly Rope Suspension (DRoS) : Projekt-Abschlußbericht
102	Elke Brandes, Martin Henseler, Peter Kreins, Gholamreza Shiravani, Björn Tetzlaff, Frank Wendland, Andreas Wurpts Modellierung von Mikroplastikeinträgen und Migrationspfaden im Einzugsgebiet der Weser : MOMENTUM – Weser
103	Susanna Esther Hönle Wie gelingt eine ambitionierte Agrarklimaschutzpolitik? Eine vergleichende Analyse nationaler Ansätze zur Integration des Sektors Landwirtschaft in die Klimapolitik am Beispiel Uruguays und Deutschlands
104	Marcel Dehler Maßnahmen zur Reduzierung des Pflanzenschutzmitteleinsatzes – Anpassungsoptionen, Kosten und Möglichkeiten zur umweltpolitischen Steuerung
105	Mirko Liesebach (ed.) Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen : 7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 12. bis 14. September 2022 in Ahrensburg Tagungsband
106	Samuel Ferreira Balieiro Modeling regional supply responses using farm-level economic data and a biophysical model: a case study on Brazilian land-use change



- 107** Heino Fock, Robin Dammann, Finn Mielck, Gerd Kraus, Rebecca A. M. Lauerburg, Alfonso López González, Pernille Nielsen, Margarethe Nowicki, Matthias Pauli, Axel Temming
Auswirkungen der Garnelenfischerei auf Habitate und Lebensgemeinschaften im Küstenmeer der Norddeutschen Bundesländer Schleswig-Holstein, Hamburg und Niedersachsen (CRANIMPACT)
- 108** Maximilian Zinnbauer, Max Eysholdt, Martin Henseler, Frank Herrmann, Peter Kreins, Ralf Kunkel, Hanh Nguyen, Björn Tetzlaff, Markus Venohr, Tim Wolters, Frank Wendland
Quantifizierung aktueller und zukünftiger Nährstoffeinträge und Handlungsbedarfe für ein deutschlandweites Nährstoffmanagement – AGRUM-DE
- 109** Nele Schmitz, Andreas Krause, Jan Lüdtko
Critical review on a sustainable circular bio-economy for the forestry sector : Zirkuläre Bioökonomie in der Forst- und Holzwirtschaft für eine nachhaltige Entwicklung - Eine wissenschaftliche Einordnung
- 110** Verena Beck, Josef Efken, Anne Margarian
Regionalwirtschaftliche Auswirkungen einer Reduzierung der Tierhaltung in Konzentrationsgebieten : Abschlussbericht zum Projekt ReTiKo
- 111** Tuuli-Marja Kleiner, Marie Kühn
Engagement im Spiegel sozialer und räumlicher Ungleichheit : Empirische Analyseergebnisse auf Basis des Deutschen Freiwilligensurveys (2019) und des Sozio-oekonomischen Panels (2001–2019)
- 112** Maximilian Zinnbauer, Max Eysholdt, Peter Kreins
Entwicklung eines Modells zur Quantifizierung landwirtschaftlicher Stickstoffbilanzen in Rheinland-Pfalz – AGRUM-RP
- 113** Hauke T. Tergast
Produktionsökonomische Analyse von Tierwohlmaßnahmen in typischen Milchviehbetrieben Nordwestdeutschlands
- 114** Joachim Kreis
Lebensverhältnisse in ländlichen Räumen – Bewertungen Befragter zu ihrer Gegend: Inhaltliche und methodische Analysen auf Grundlage einer repräsentativen Bevölkerungsbefragung
- 115** Wolf-Christian Lewin, Marc Simon Weltersbach, Josefa Eckardt, Harry V. Strehlow
Stakeholder-Beteiligung – Erkenntnisse und Perspektiven für ein nachhaltiges Fischereimanagement
- 116** Andreas Tietz, Lena Hubertus
Erweiterte Untersuchung der Eigentumsstrukturen von Landwirtschaftsfläche in Deutschland: Ergebnisse der deskriptiven Analyse
- 117** Marlen Haß, Martin Banse, Max Eysholdt, Alexander Gocht, Verena Laquai, Frank Offermann, Janine Pelikan, Jörg Rieger, Davit Stepanyan, Viktoriya Sturm, Maximilian Zinnbauer
Thünen-Baseline 2024 – 2034: Agrarökonomische Projektionen für Deutschland
- 118** Annett Steinführer, Frank Osterhage (Hrsg.)
Vom Kommen, Gehen und Bleiben. Wanderungsgeschehen und Wohnstandortentscheidungen aus der Perspektive ländlicher Räume
- 119** Mirko Liesebach, Ute Tröber (eds.)
**Wald der Zukunft - Beitrag von Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung
8. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 11. bis 13. September 2024 in Freiburg i. Br.**



THÜNEN

Thünen Report 119

Herausgeber/Redaktionsanschrift

Johann Heinrich von Thünen-Institut
Bundesallee 50
38116 Braunschweig
Germany

www.thuenen.de



9

783865

762856