



Genetische Variation und Anpassung heimischer Eichenarten: auf der Suche nach Saatgutquellen für klimafitte Wälder

Dr. Charalambos Neophytou
(FVA, Abteilung Waldnaturschutz)

FVA-Kolloquium: Laubholzforschung in ganzer Breite – von der Waldgenetik bis zur Holznutzung
Freiburg, 1. Februar 2024

Gliederung

- Saatgutherkunft / Empfehlungen – *status quo* / Frage der Klimafitness, die heimischen Eichen
- Eichenwälder auf trockenen vs. wüchsigen Standorten, I. Erkenntnisse molukgenetischer Forschung:
 - Herkunft / Autochthonie, Folgen der Bewirtschaftung
 - Inner- / Zwischenartliche gen. Variation, Hybridisierung
- II. Genetische Anpassung der Eichen:
 - Genomik, Physiologie
 - Feldversuche
- Zusammenfassung und Ausblick:
 - Beitrag genetischer Forschung bei Eiche zu: Forstvermehrungsgut, Generhaltung, Züchtung
 - Weitere Vorhaben mit Eiche und anderen Laubholzarten



Mooswald, Freiburg

Fotos: C. Neophytou



Linthal (Vogesen)

Forstliches Vermehrungsgut: aktuelle Herkunftsempfehlungen



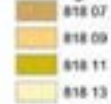
Herkunftsempfehlungen für forstliches Vermehrungsgut in Baden-Württemberg

23. Quercus petraea (Mattuschka) Liebl. – Traubeneiche

Stand: 8/2019

Anbaug Gebiet [Ökologische Grundeinheit nach FoVG]	Empfohlene Herkünfte
a.) GE 31	Ausgewähltes Vermehrungsgut aus zugelassenen Beständen: HKG 818 07 – Harz, Weser- und hessisches Bergland außer Spessart
b.) GE 30	Ausgewähltes Vermehrungsgut aus zugelassenen Beständen: HKG 818 09 – Oberrheingraben
c.) GE 23	Ausgewähltes Vermehrungsgut aus zugelassenen Beständen: HKG 818 11 – Fränkisches Hügelland
d.) GE 32 – 33, 38 – 41, 43, 44, 46	Ausgewähltes Vermehrungsgut aus zugelassenen Beständen: HKG 818 13 – Süddeutsches Mittelgebirgsland sowie Alpen

Herkunftsgebiete



Traubeneiche (Quercus petraea, links) und Stieleiche (Quercus robur, rechts)

Land-/Stadtkreise
43 Nr. der ökol. Grundeinheit

- Einzige Saatgutquelle für Traubeneiche (*Q. petraea* Matt. Liebl.): zugelassene Erntebestände
- Hauptempfehlung: Verwendung von Saatgut innerhalb von Herkunftsgebieten („local is best“)
- Situation bei anderen Waldbaumarten: ähnlich
- Annahme: Bestände lokal angepasst, aber...
- Klimafitness?

Die drei heimischen Eichen (im westlichen Mitteleuropa)



Quercus petraea



Quercus pubescens



Quercus robur



Photo: Ch. Neophytou



Photo: Ch. Neophytou



Photo: Ch. Neophytou

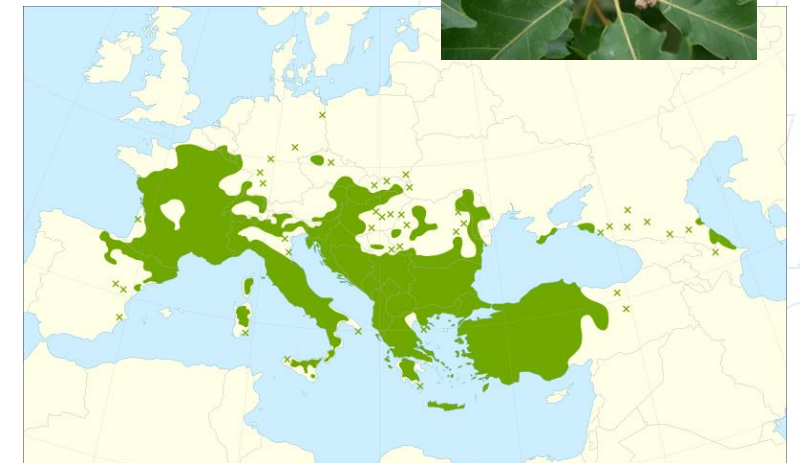
- Traubeneiche (*Q. petraea* Matt. Liebl.): auf gut drainierten Böden, etwas schattenertragender
- Flaumeiche (*Q. pubescens* Willd.): seltenes Vorkommen in unserer Region → trockene Standorte, Kalk
- Stieleiche (*Quercus robur* L.): kann Staunässe ertragen, lichtbedürftig, Pioniercharakter ausgeprägter

Die drei heimischen Eichen: Verbreitungsareale



Stiel-, Traubeneiche:
~europaweit verbreitet,
SW-Deutschland in der
Mitte vom heutigen
Areal

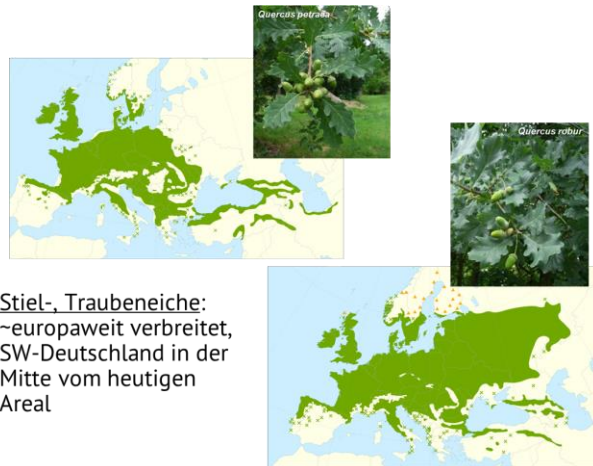
Flaumeiche: vorwiegend
im N Mittelmeerraum,
SW-Deutschland am
Nordrand des nat.
Verbreitungsareals



Karten: Caudullo, G., Welk, E., San-Miguel-Ayanz, J., 2017. **Chorological maps for the main European woody species.** Data in Brief 12, 662-666. DOI: [10.1016/j.dib.2017.05.007](https://doi.org/10.1016/j.dib.2017.05.007)

Fotos: C. Neophytou

Die heimischen Eichen: besonders geeignet für genetische Forschung im Klimawandel



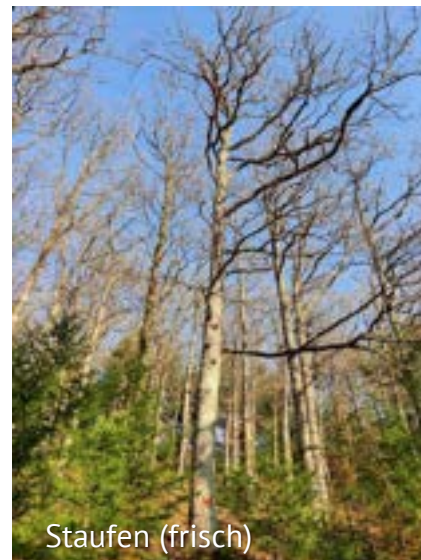
Karten: Caudullo, G., Welk, E., San-Miguel-Ayanz, J., 2017. **Chorological maps for the main European woody species**. Data in Brief 12, 662-666. DOI: 10.1016/j.dib.2017.05.007

- Große Verbreitungsareale, weite klimatische Amplitude
- Auch kleinräumig: breite Standortpalette
- Gute Voraussetzungen, um Anpassungen genetisch zu untersuchen und klimaresiliente Saatgutquellen zu identifizieren



Staufen (trocken)

Fotos: C. Neophytou



Staufen (frisch)

I. Eichenwälder auf trockenen vs. wüchsigen Standorten, Erkenntnisse genetischer Forschung



- AQUAREL-Projekt (Waldklimafonds-finanziert):
 - Laufzeit 2019-2024 (2 Phasen)
 - Ziel: Untersuchung der Herkunft und Anpassung der Eichen auf Reliktstandorten
 - Untersuchungsraum: Süddeutschland (BW, RP, BY), Elsass (Frankreich), insgesamt 64 Bestände
- QREG-Projekt (Interreg-IV):
 - Laufzeit 2009-2012
 - Ziel (genetischer Teil): Genetische Untersuchung von Wirtschaftswäldern der Eiche
 - Untersuchungsraum: Südwestdeutschland (BW), Elsass (Frankreich), insgesamt 86 Bestände

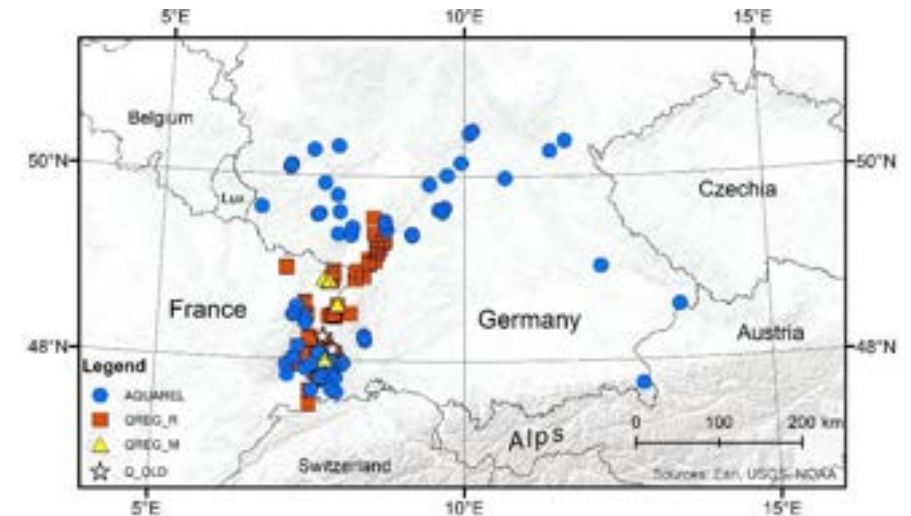


Fotos: C. Neophytou

Projekte, Untersuchungsbestände, Untersuchungsansätze (Molekulargenetik)



- **AQUAREL:**
 - 52 vermutete Reliktstandorte (trocken)
 - 12 gut wasserversorgte Standorte, in räumlicher Nähe von jeweils einem Reliktstandort
- **QREG:**
 - 86 bewirtschaftete Bestände: davon 38 in Erstdurchforstungsphase, sonst Altbestände (vorwiegend ehem. Mittelwälder)
- **Molekulare Marker :**
 - Chloroplasten-Mikrosatelliten: **mütterlich vererbt, durch Samen verbreitet** → Ermittlung der mütterlichen Abstammung (refugiale Herkunft)
 - Kern-Mikrosatelliten (**biparental vererbt**): Artidentität, innerartliche genetische Variation



Staufen (trocken)

Fotos, Karte: C. Neophytou

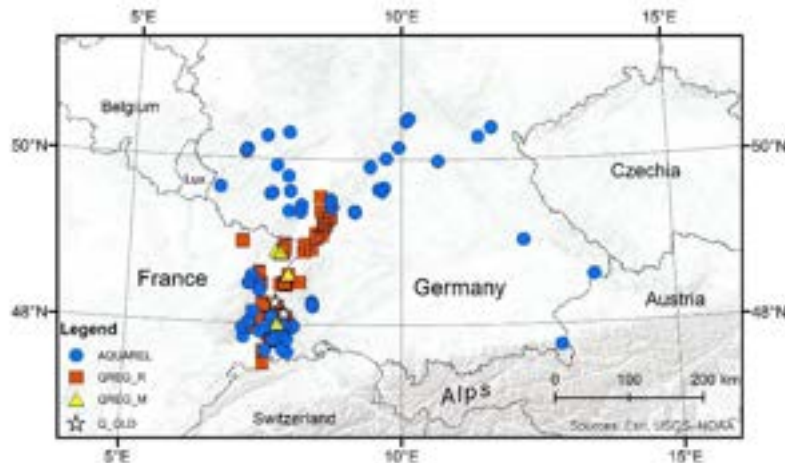


Staufen (frisch)

Genetik, Herkunft der Eichen und menschlicher Einfluss



- Studie mit insgesamt 154 Beständen (AQUAREL, QREG u.a.), ca. 5000 Eichen:
 - Herkunft / Autochthonie: Reliktvorkommen vs. Wirtschaftswälder?
 - Zwischenartlicher Austausch über Hybridisierung: historisch - über viele Generationen / neu?
 - Innerartliche genetische Variation?



Forest Ecology and Management 331 (2024) 121334

Contents lists available at ScienceDirect

Forest Ecology and Management

Journal homepage: www.elsevier.com/locate/foreco

Relict stands of Central European oaks: Unravelling autochthony and genetic structure based on a multi-population study

Charalambos Neophytou^{a,b,c}, Devrim Semizer-Cuning^{a,c}, Hans-Gerhard Michiels^a, Antoine Kremer^d, Simon Jansen^b, Barbara Furtal^e

^a Department of Forest Nature Conservation, Forest Research Institute of Baden-Württemberg (FON), Wiesenstrasse 4, D-74300 Pforzing, Germany
^b Department of Forest and Soil Sciences, Institute of Silviculture, University of Natural Resources and Life Sciences (BOKU), Peter-Jordan-Str. 22, A-1030 Vienna, Austria
^c German Office for Forest Genetics (AGFG), Forstweg 1, D-33117 Talsheim, Germany
^d University of Bordeaux, INRAE, BORDEAUX, F-33000 Bordeaux, France

ARTICLE INFO

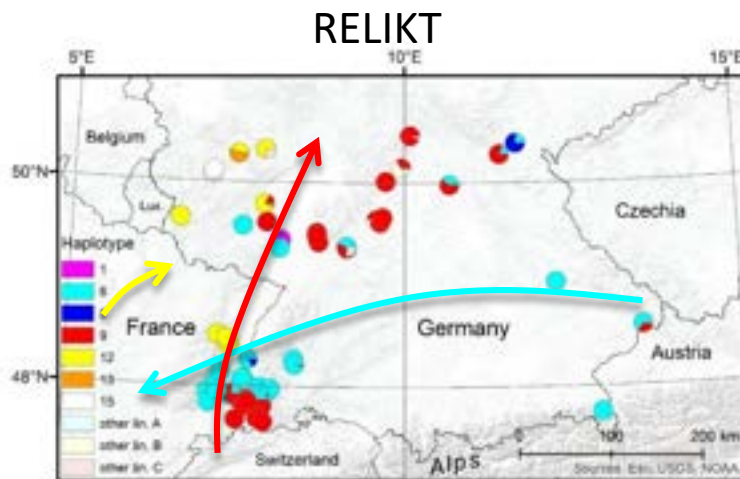
Keywords:
 Quercus petraea
 Quercus pubescens
 Quercus robur
 Hybridization
 Genetic diversity
 Gene flow

ABSTRACT

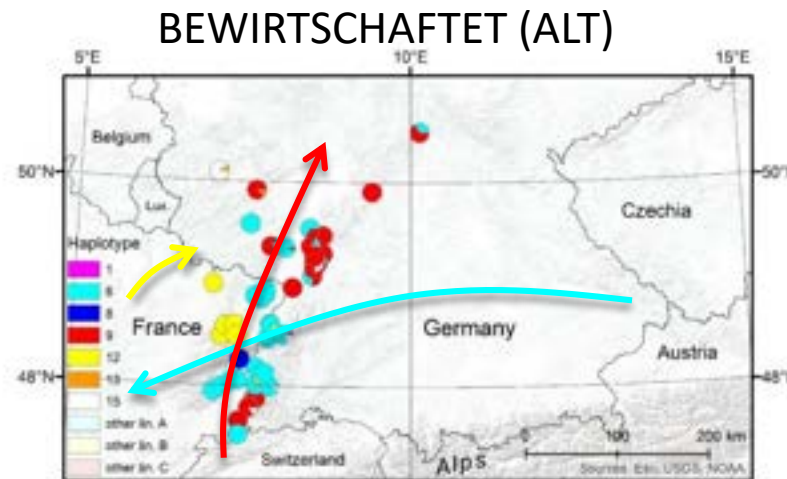
Central European white oaks expanded rapidly after the last glacial period and reached their current distribution range during the early Holocene. They have been an important resource of timber, fuelwood and animal feed for humans, who actively promoted their presence in forests and other landscape types at least since the early historical times. Besides stands with intensive management, putatively relict populations of three native oak species can be found on unproductive sites with restricted accessibility. Here, we apply chloroplast and nuclear microsatellite markers in order to address the autochthony of relict and managed stands and compare the spatial distribution of genetic variation between them. Based on data from more than 150 populations, we demonstrate that oak autochthony was preserved throughout historical times which is likely the result of traditional silvicultural practices. This is supported by the fact that the spatial pattern of chloroplast haplotype distribution still reflects the post-glacial recolonization in both relict and old managed stands. We observed significant admixture of haplotypes only in stands established after the Second World War, which is attributable to the transfer of reproductive material used for afforestation. In terms of nuclear genetic variation, we observed marked differences among species. *Quercus pubescens* exhibited a pronounced genetic structure. Genetic drift and limited gene flow among its small and isolated populations in our study area might have contributed to this pattern. Varying extent of genetic introgression with other congeneric oak species could offer an additional explanation. On the contrary, the gene pools of *Q. petraea* and *Q. robur* are highly homogeneous, displaying only weak isolation-by-distance. We found no significant differences of genetic diversity and differentiation between relict and managed stands. This suggests that seed transfer mostly occurred within our study area, even in forest stands established in post-war times, revisiting previous findings which point out limited human interference. We recommend consideration of population genetic structure for gene conservation, with a focus on evolution of gene introgression with *Q. pubescens* due to its spatial genetic structure. Both relict and old managed stands, species-pure or mixed, are suitable for conservation, as they host autochthonous gene pools. Coppice-with-stand management could contribute to preservation of autochthony. In the face of climate change, it is also important to maintain the evolutionary potential of the stands, by facilitating generative reproduction and allowing for hybridization in mixed stands.

Herkunft der Eiche und menschlicher Einfluss

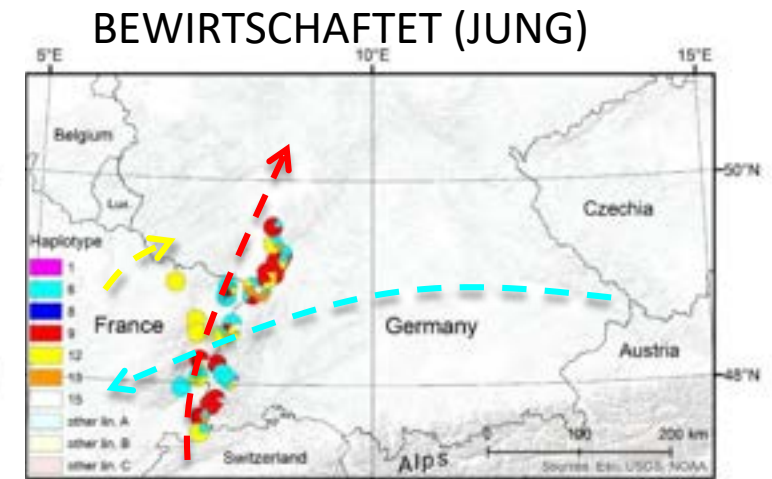
- cpDNA-Haplotypen (Varianten): spiegeln nacheiszeitliche Rückwanderung wider
- Reliktstandorte und alten ehem. Mittelwälder beherbergen autochthone Varianten und sind relativ homogen in ihrer haplotypischen (cpDNA) Konstitution
- Durchmischung durch Pflanzung in jüngeren Beständen (begründet nach 2. Weltkrieg)



$$H_S = 0,120 \pm 0,033$$



$$H_S = 0,131 \pm 0,044$$



$$H_S = 0,284 \pm 0,109$$

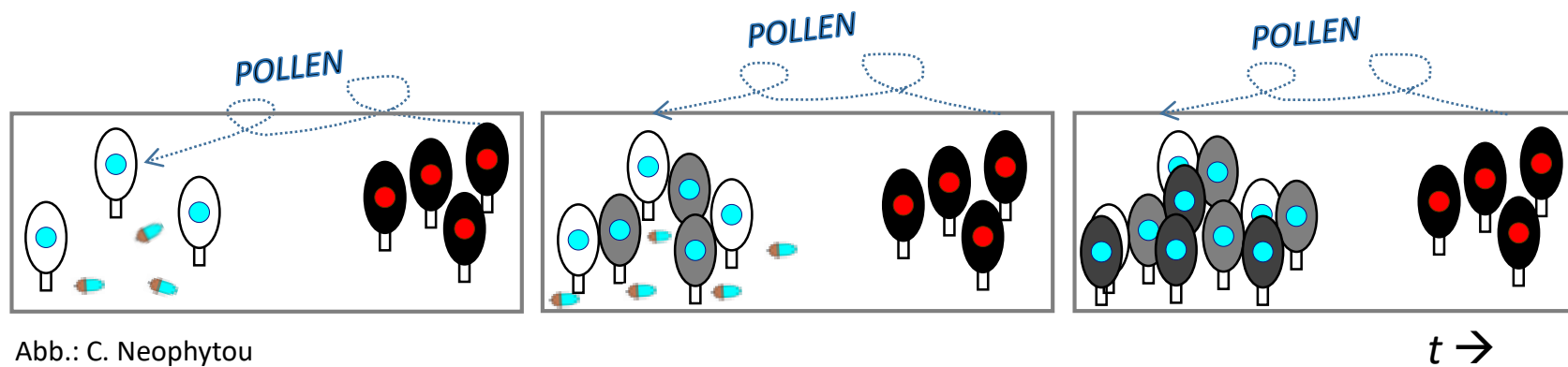
- **Bewahrung der Autochthonie durch traditionelle Bewirtschaftung**

Ergebnisse aus: Neophytou, C., Semizer-Cuming, D., Michiels, H. G., Kremer, A., Jansen, S., & Fussi, B. (2024). Relict stands of Central European oaks: Unravelling autochthony and genetic structure based on a multi-population study. *Forest Ecology and Management*, 551, 121554.

Hybridisierung und genetischer Austausch zwischen Arten (genetische Introgression)



- Besiedlung durch eine Art z.B. Stieleiche (eher Pionier)
- Bestäubung durch eine weitere Art (z.B. Traubeneiche). Die Nachkommen (Hybride) sind Zwischenformen, die Chloroplasten wurden nur durch die erste Art (in unserem Beispiel Stieleiche) vererbt
- Rückkreuzungen in eine Richtung (z.B. Traubeneiche ♂): “Besiedlung durch Pollen” durch 2. Art, die Chloroplasten-DNA ist kam aber ursprünglich mit der 1. Art¹



¹Petit, R. J., Bodénès, C., Ducouso, A., Roussel, G., & Kremer, A. (2004). Hybridization as a mechanism of invasion in oaks. *New Phytologist*, 161(1), 151-164.

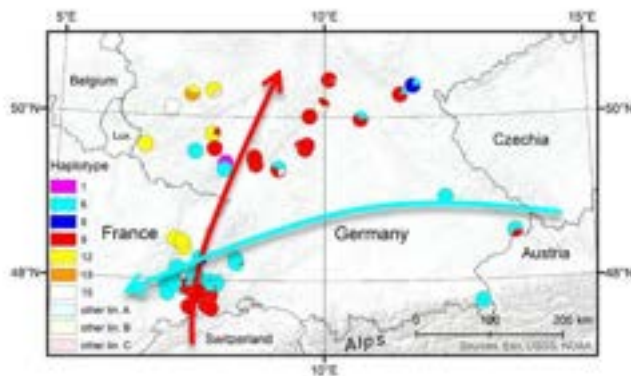
Hybridisierung und genetische Introgression: Heiteren (Elsass)



- Bäume teils dem balkanischen teils dem apenninischen Refugium zugeordnet (räumliche Trennung)
 - Artidentität nach genetischem Fingerabdruck: Traubeneichen, Stieleichen, Hybride
- Kontakt zwischen zwei Migrationswegen, Austausch der Artidentität durch genetische Introgression: Kontaktzone hängt nicht mehr mit Arten zusammen!



Foto: C. Neophytou



TAXONOMISCHE ZUORDNUNG

Pop. ID	T	T-	S	S-	F	F-	hy
213	17	8	10	7			6

Genetik, refugiale Herkunft der Eichen und menschlicher Einfluss (Chloroplasten-Haplotypen)



- Sind die Arten über viele Generationen in Kontakt, werden sowohl mehr Hybride gefunden als auch die Chloroplaste zwischen den Arten ausgetauscht
- Hybridisierung: ein natürlicher Prozess bei Eichen (u.a. Waldbaumarten), Mittel zum Austausch anpassungsrelevanter Genvarianten.

Table 6

Introgression ratios based on nSSRs (IG_{ms} according to the results of STRUCTURE analysis for taxonomic identification) and cpSSR haplotypes (IG_{cp} ; [Belahbib et al., 2001](#)) for 14 mixed populations, sorted by increasing IG_{ms} . D = Germany, F = France. qpe = *Quercus petraea*, qro = *Q. robur*, qpu = *Q. pubescens*, rel = presumably relict, m/o = managed old, m/y = managed young.

ID	Type	Population Name	Region	Species present	Haplotypes present	IG_{ms}	IG_{cp}
307 ¹	rel	Mockenhalde	Rhineland-Palatinate, D	qpe, qro	9, 12, 13, 15	0,010	0,013
121 ¹	rel	Schramberg	Baden-Württemberg, D	qpe, qro	6, 9, 12	0,053	0,856
405 ¹	rel	Donauleiten	Bavaria, D	qpe, qro	6, 9, 12a	0,056	0,000
R65 ²	m/y	Westhalten	Grand Est, F	qpe, qro	6	0,056	1,000
308 ²	m/o	Heidenkopf_frisch	Rhineland-Palatinate, D	qpe, qro	9, 13	0,071	1,000
R72 ²	m/y	Kastenwald	Grand Est, F	qpe, qro	6, 12	0,083	0,333
R15 ²	m/y	Müllheim	Baden-Württemberg, D	qpe, qro	6, 9	0,100	0,000
R56 ²	m/y	Harthwald	Grand Est, F	qpe, qro	6, 9, 13	0,143	0,667
125 ²	rel	Schönau-Utzenfluh	Baden-Württemberg, D	qpe, qro	9	0,146	1,000
104 ²	rel	Külshelm	Baden-Württemberg, D	qpe, qro	9	0,177	1,000
129 ²	rel	Waldstadt-Mosbach	Baden-Württemberg, D	qpe, qro	6, 9a, 9	0,194	0,524
213 ¹	rel	Heiteren	Grand Est, F	qpe, qro	6, 9	0,201	1,026
103 ¹	rel	Tauberbischofsheim	Baden-Württemberg, D	qpe, qro	9	0,296	1,000
200 ¹	rel	Hirtfelden	Grand Est, F	qpe, qpu	6	0,406	1,000

¹ stands, where haplotypes were exhaustively analyzed.

² stands, where cpSSRs were analyzed for a subsample of individuals.

Genpool der Eichen anhand von Kern-DNA (Vergleich zwischen den drei Arten)



- Weiträumiger Pollenflug: ein effizienter Ausbreitungs- und Austauschmechanismus → Ausgleich zwischen verschiedenen Genpools
- Genpool sehr homogen bei Stiel und Traubeneiche → kaum Differenzierung zwischen Reliktorkommen und Wirtschaftswäldern feststellbar
- Genetische Differenzierung zwischen Beständen der Flaumeiche höher

Table 5

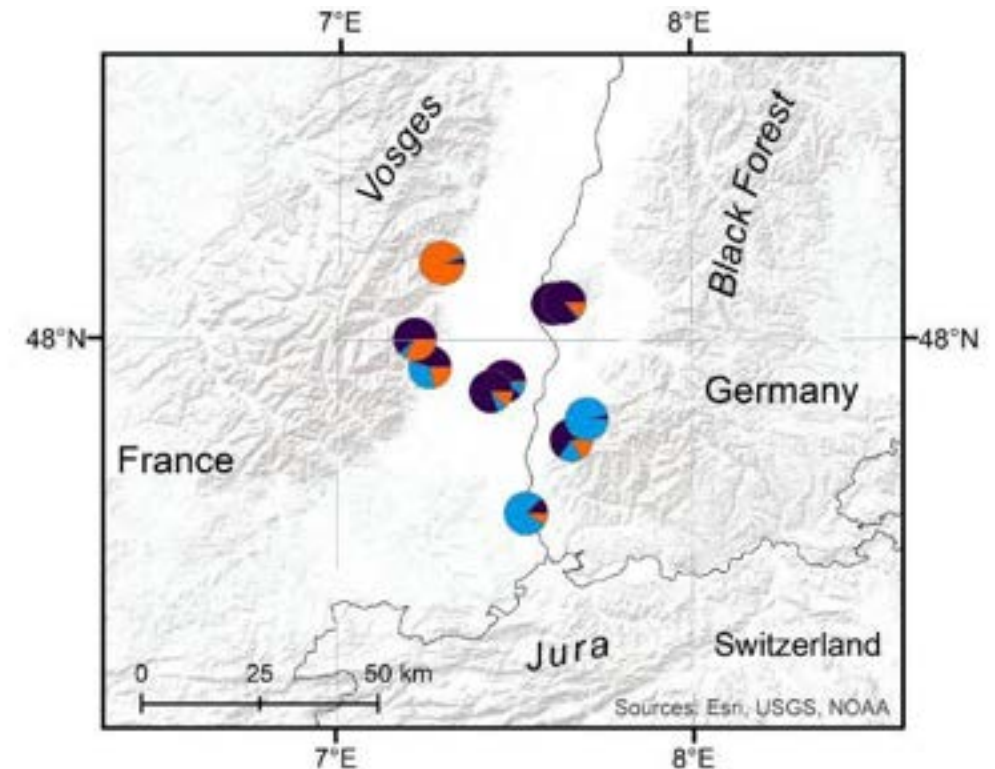
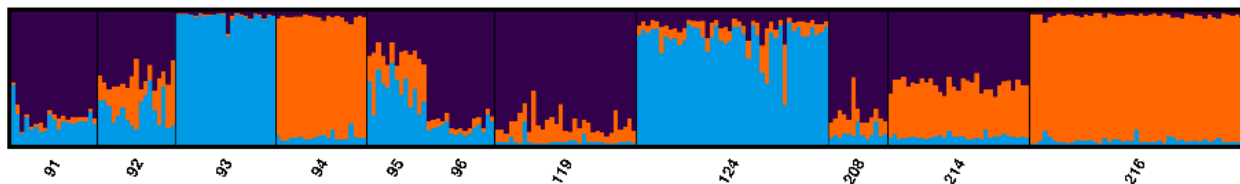
Measures of genetic diversity and differentiation within species and subsets of populations based on data from 11 standardized loci across the AQUAREL and QREG_R nSSR datasets. N_{pop} = number of populations, AR_7 = allelic richness with rarefaction (rarefaction size = 7 individuals) ± standard error (SE) over populations, H_o = observed heterozygosity ± SE over loci, H_e = observed heterozygosity ± SE over loci, F_{is} = inbreeding coefficient ± SE over loci, F_{st} = Wright's F_{st} (Nei, 1987) ± SE over loci, Jost's D_{st} ± SE over loci.

Sp.	Populations included	N_{pop}	AR_7	H_o	H_e	F_{is}	F_{st}	D_{st}	Mantel test R (F_{st} vs. geogr. dist.)
<i>Q. petraea</i>	Relict	32	5,114 ± 0,036	0,606 ± 0,045	0,700 ± 0,040	0,021 ± 0,016	0,000 ± 0,001	0,020 ± 0,016	-0,007 (P = 0,548)
	Managed old	10	5,160 ± 0,032	0,670 ± 0,040	0,704 ± 0,047	0,036 ± 0,019	0,000 ± 0,001	0,019 ± 0,011	0,007 (P = 0,219)
	Managed young	7	5,079 ± 0,054	0,649 ± 0,043	0,694 ± 0,049	0,066 ± 0,010	0,007 ± 0,002	0,010 ± 0,005	0,005 (P = 0,470)
	all	57	5,127 ± 0,024	0,679 ± 0,043	0,701 ± 0,040	0,031 ± 0,016	0,000 ± 0,001	0,020 ± 0,009	-0,001 (P = 0,516)
<i>Q. robur</i>	Relict	3	4,991 ± 0,197	0,670 ± 0,040	0,609 ± 0,044	0,027 ± 0,010	0,013 ± 0,005	0,045 ± 0,012	Not performed
	Managed old	10	4,094 ± 0,197	0,662 ± 0,052	0,673 ± 0,052	0,015 ± 0,010	0,007 ± 0,001	0,015 ± 0,006	0,050 (P = 0,216)
	Managed young	23	5,006 ± 0,041	0,664 ± 0,045	0,600 ± 0,051	0,023 ± 0,010	0,007 ± 0,002	0,015 ± 0,005	0,121 (P = 0,023)
	all	44	4,959 ± 0,03	0,662 ± 0,049	0,672 ± 0,052	0,016 ± 0,007	0,000 ± 0,001	0,017 ± 0,005	0,125 (P = 0,004)
<i>Q. pubescens</i>	all relict	10	5,740 ± 0,062	0,779 ± 0,020	0,779 ± 0,024	-0,001 ± 0,015	0,024 ± 0,003	0,095 ± 0,023	0,105 (P = 0,173)

Genpool der Eichen anhand von Kern-DNA (Großteil des Erbguts): Flaumeiche



- Kleine und relativ isolierte Vorkommen → Ausdifferenzierung über die Generationen (Gendrift)
- Oberrhein: unterschiedliche genetische Cluster mit regionaler Verteilung
- Auch phänotypische Differenzierung zwischen den verschiedenen Vorkommen (Pyakurel 2008)



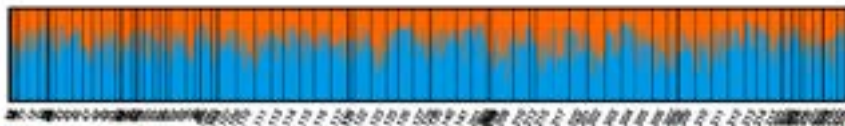
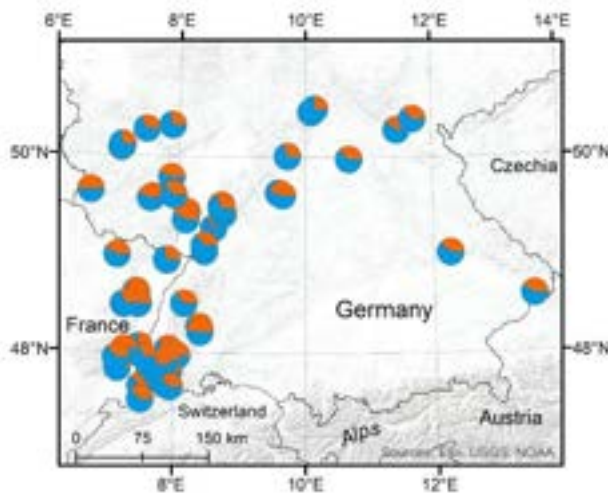
Fotos, Abbildungen: C. Neophytou

Genpool der Eichen anhand von Kern-DNA (Großteil des Erbguts): Stiel- und Traubeneiche

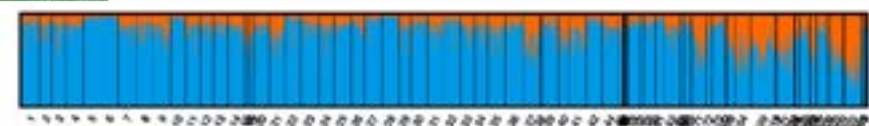
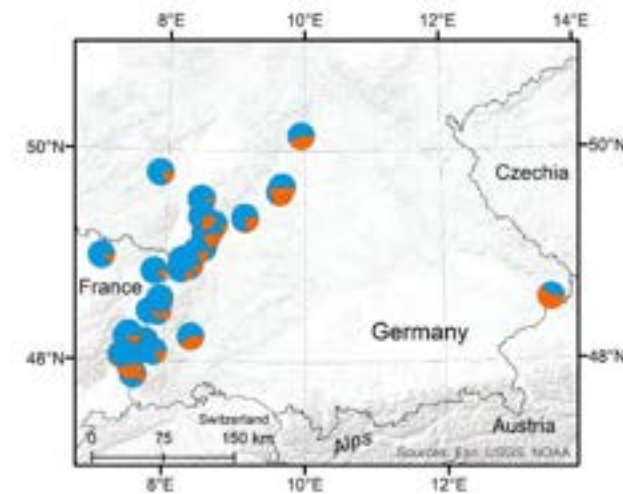


- Große Bestände mit intensivem Genaustausch über Pollenflug (im Vgl. zu Flaumeiche) → Homogenität der Genpools
- Leichte West-Ost-Differenzierung (Werte sehr niedrig) v.a. bei der Stieleiche

Traubeneiche



Stieleiche

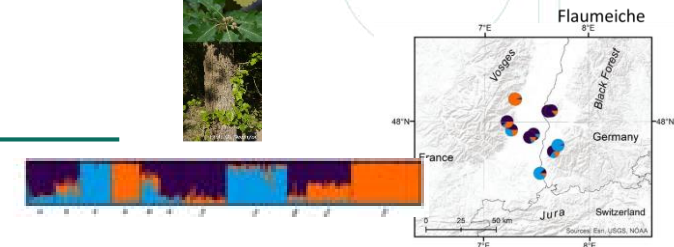
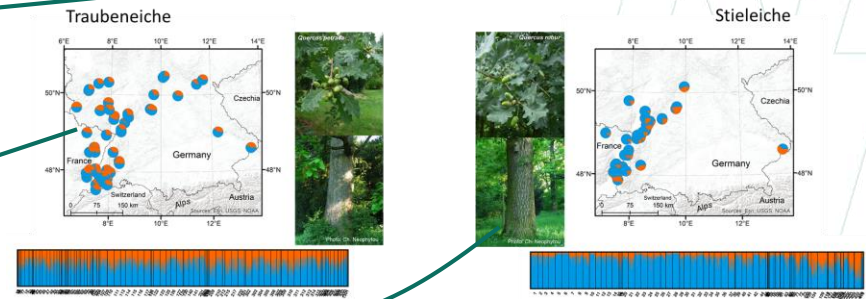
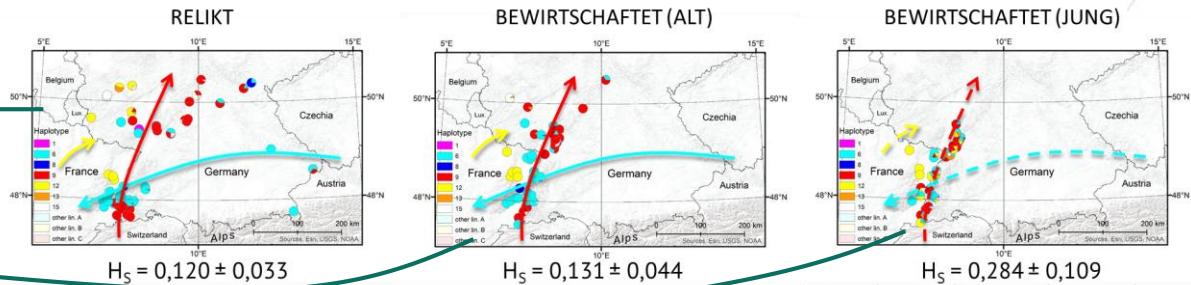


Fotos, Abbildungen: C. Neophytou

Welche Geschichte(n) erzählt uns die molekulargenetische Untersuchung?



- Autochthonie der Eiche wurde auf Reliktstandorten bewahrt
- Auch traditionelle Bewirtschaftungsformen förderten die Autochthonie der Eichen
- Verfrachtung von Vermehrungsgut geschah „in großem Stil“ nach dem II. Weltkrieg
- Die Genpools (Kern-DNA) der Stiel- und Traubeneiche sind homogen. Daher ist regionale Saatgutverfrachtung mittels Kern-DNA nicht feststellbar
- Der Genpool der Flaumeiche ist deutlich fragmentierter (trotz kleinen Areal)



Fotos, Abbildungen: C. Neophytou

II. Genetische Anpassung der Eichen: konnten sich die Eichen über die Generationen an ihre Umwelt anpassen?

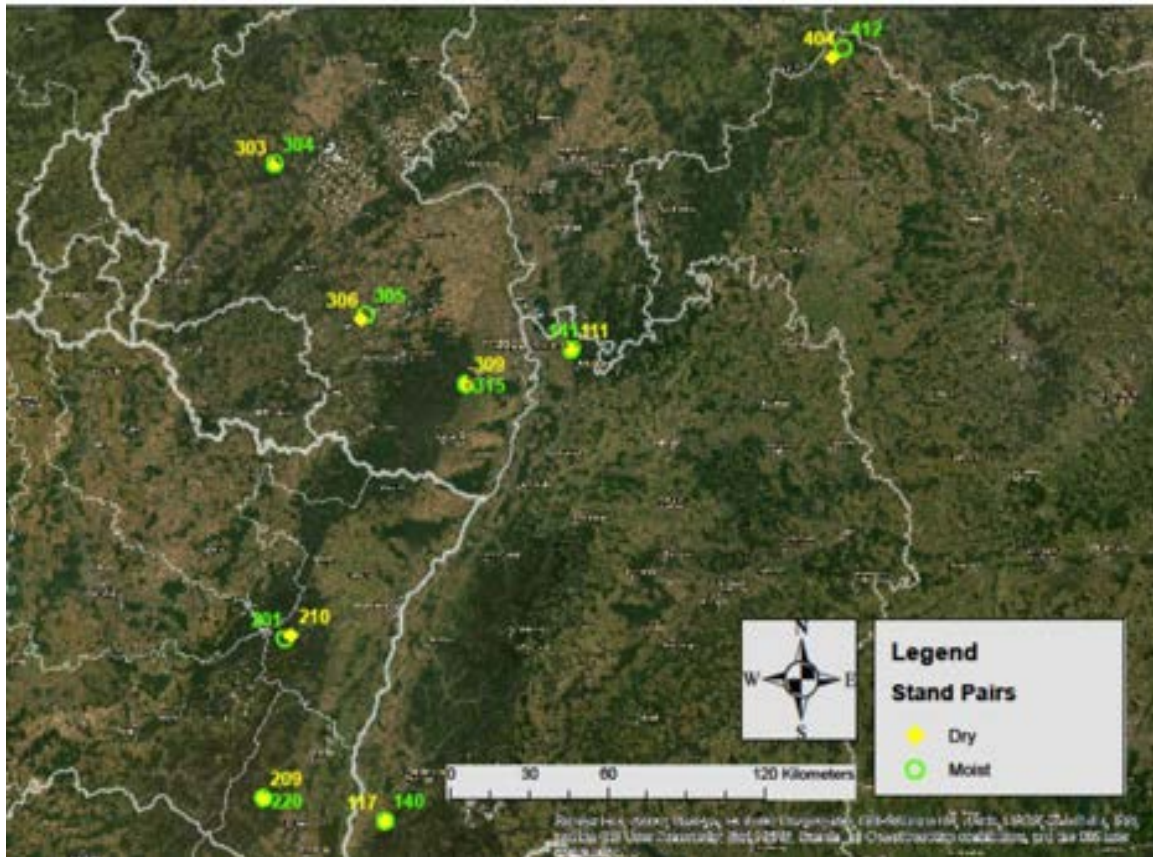


- Untersuchungsansätze im AQUAREL-Projekt:
 - Genomweite (alle Gene im Erbgut) Untersuchung + Assoziation mit Umweltparametern (Klima, Boden, Topografie) → vorläufige Ergebnisse
 - Physiologische Untersuchung: Stressmetabolite der Eichen und deren Nachkommen (Feldversuch) → ausgewählte Ergebnisse
 - Langfristiger Feldversuch (Nachkommenschaftsprüfung)

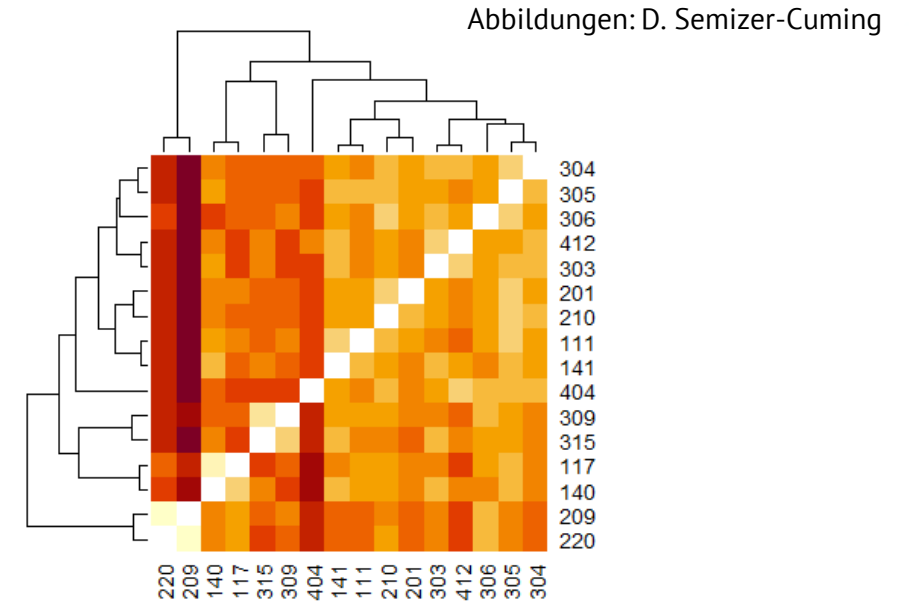


Fotos: C. Neophytou

Genomweite Untersuchung; Unterscheidung auf lokaler, regionaler und interregionaler Ebene (Traubeneiche)



Paare *Q. petraea* trocken vs. frisch, die genomisch untersucht wurden (Millionen variabler Stellen im Erbgut)



Benachbarte trockene vs. frische Bestände clustern zusammen

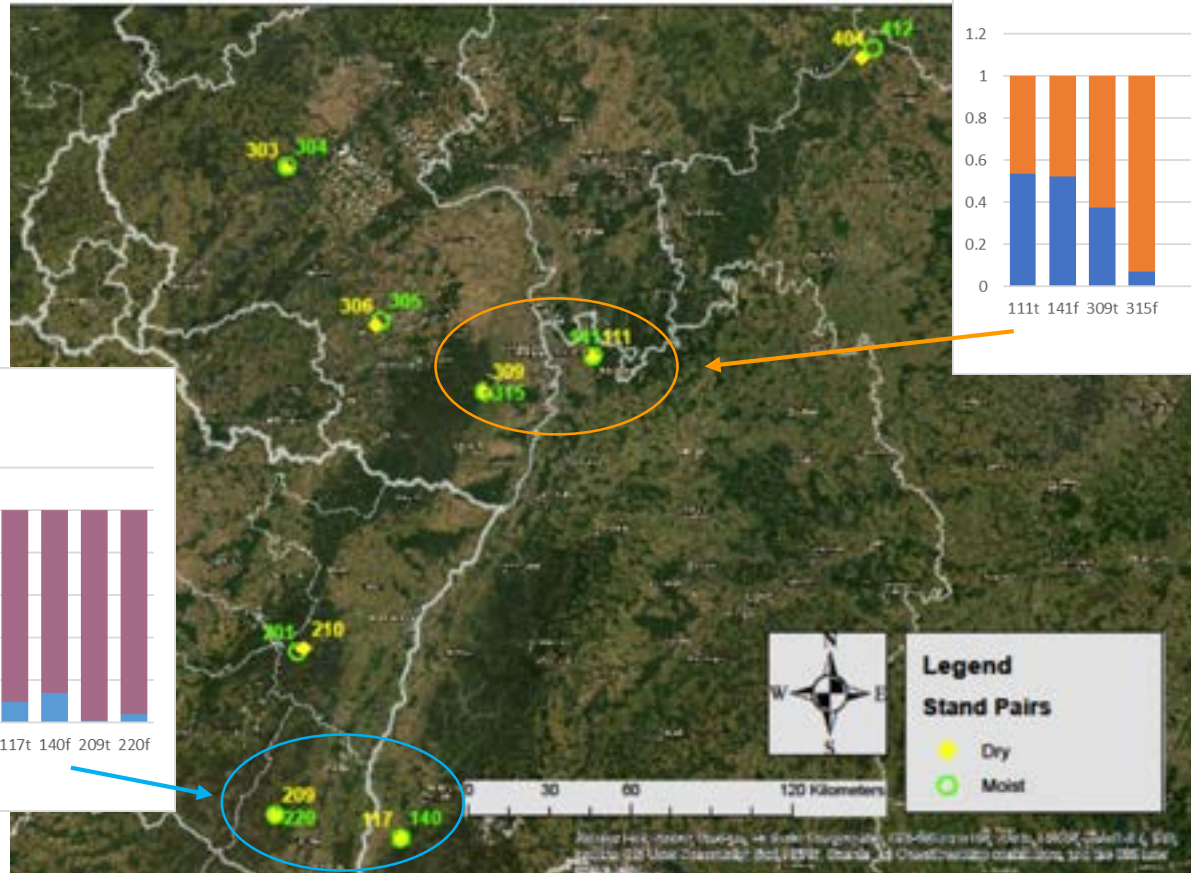
Genomweite Untersuchung bestätigt die niedrige genetische Differenzierung ($F_{ST} = 0,004$), **homogenen Genpool**

(vorläufige Ergebnisse)

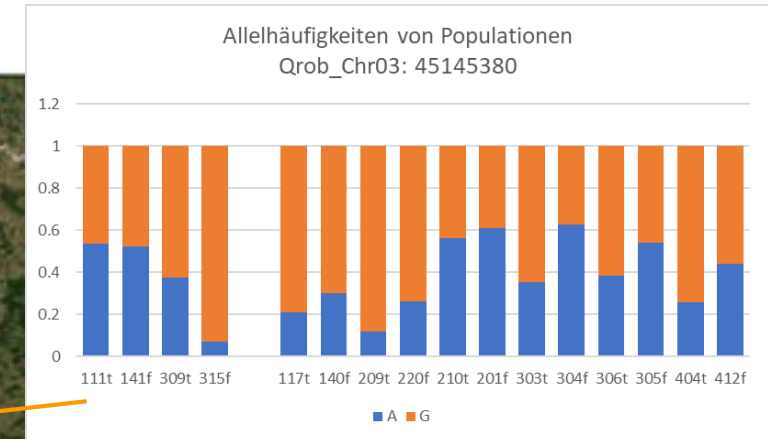
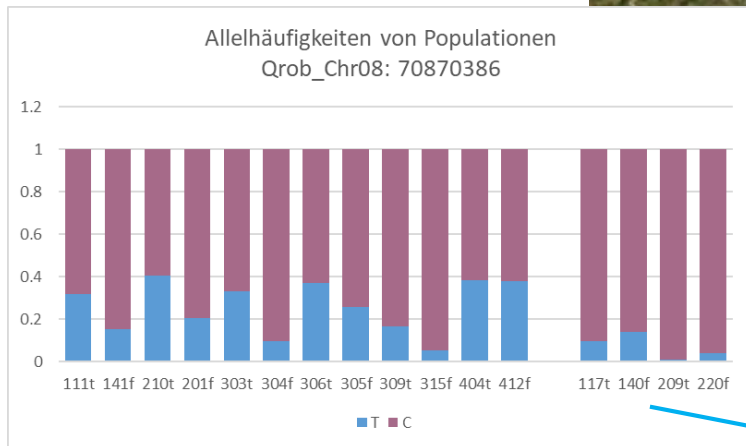
Ausreißer-Genorte mit Mustern, die sich über mehrere Paare (trocken-frisch) hinweg wiederholen → Anpassung!



Abbildungen: D. Semizer-Cuming



Qrob_T0181480.2:
Proteintyrosinkinase (PTK)

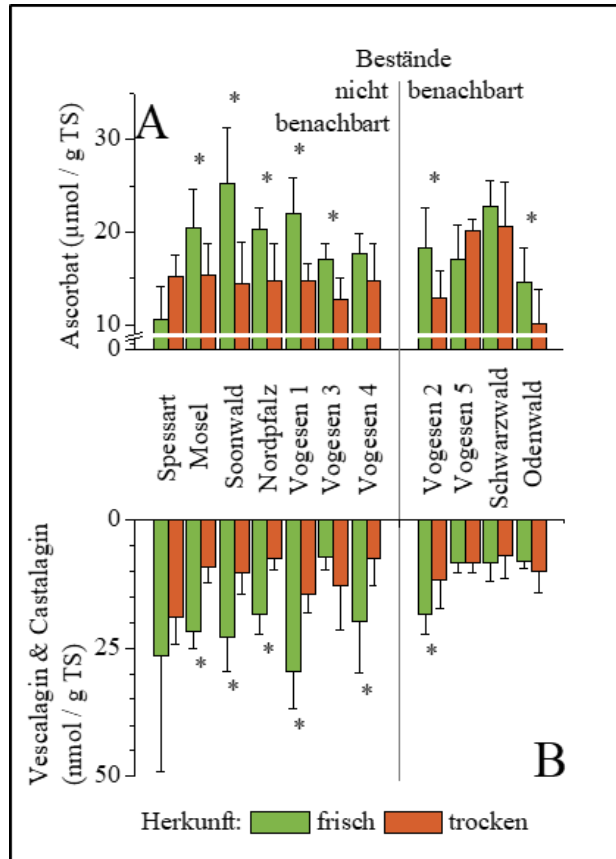


Qrob_T0693450.2:
Geraniol 8-hydroxylase

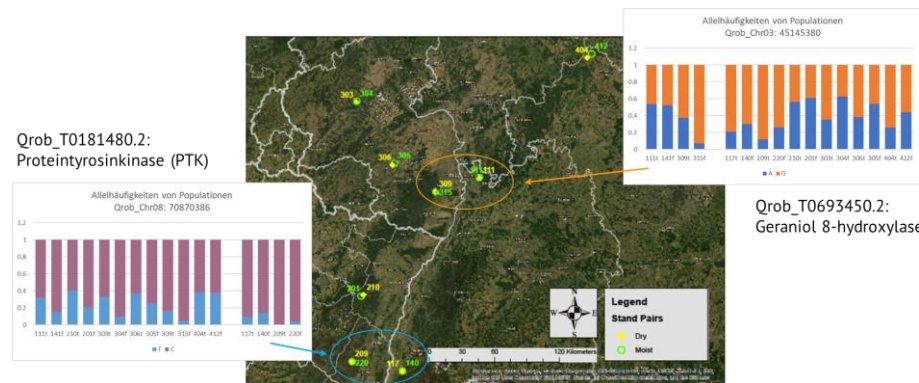
*Herausforderung: es handelt sich um einige wenige Varianten unter Millionen!
Risiko falscher Positive!

(hier vorläufige Ergebnisse)

Parallelen zwischen Ergebnissen der physiologischen und genomischen Untersuchung



- Auch die Produktion von sog. Stressmetaboliten folgt oft ähnlichem Muster (trocken vs. frisch) über mehrere Bestandespaare hinweg, feststellbar bei Nachkommen → **Anpassung (genetisch fixiert)**
- Die genomische Untersuchung zeigt mögliche Signaturen **lokaler, genetischer Anpassung** an Genen, die in diesen metabolischen Prozessen involviert sind.



Schlosser et al. 2022
Austrian J. For. Science

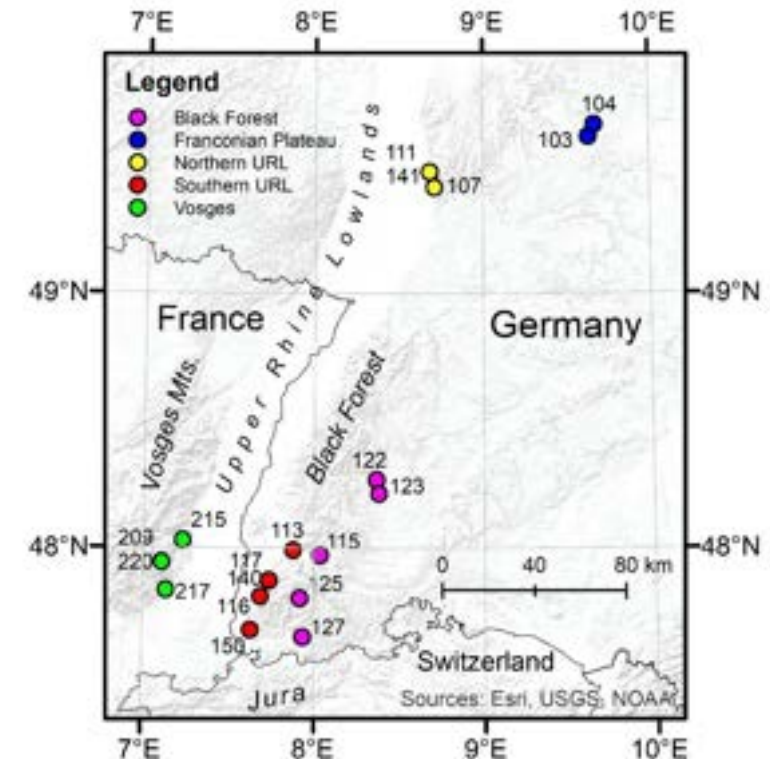
Abbildungen links: F. Schlosser (FAWF)
rechts: D. Semizer-Cuming

Feldversuch, um die genetisch fixierten Anpassungsmerkmale der Eichen langfristig zu untersuchen



Nachkommenschaftsprüfung, ausgesät im Frühjahr 2021

- 25 Herkünfte (18 Bestände aus Reliktstandorten, 7 frisch)
- 12 Herkünfte mit je 5 Einzelstammabsaaten, restliche 13 aus Bestandesabsaaten (Samen nicht nach Mutterbaum getrennt), insgesamt > 13 000 Baumschulpflanzen
- Versuchsorte (Pflanzung Frühling 2023):
 - Walldorf (Rhein-Neckar-Kreis)
 - Durmersheim (LKR Rastatt)
 - Leibertingen (LKF Sigmaringen)



Losch et al. Genetic variation in seed, leaf phenology and growth performance in Sessile Oak populations (*Quercus petraea*) from Baden-Württemberg and Alsace. In Vorbereitung.

Karte: C. Neophytou

Frühes Wachstum und Phänologie der Eichen anhand des Feldversuchs



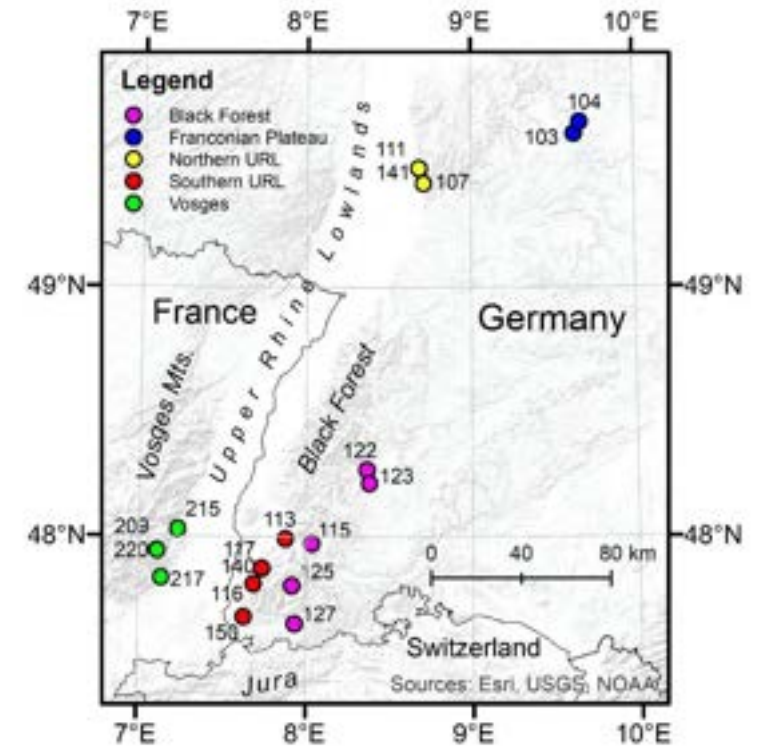
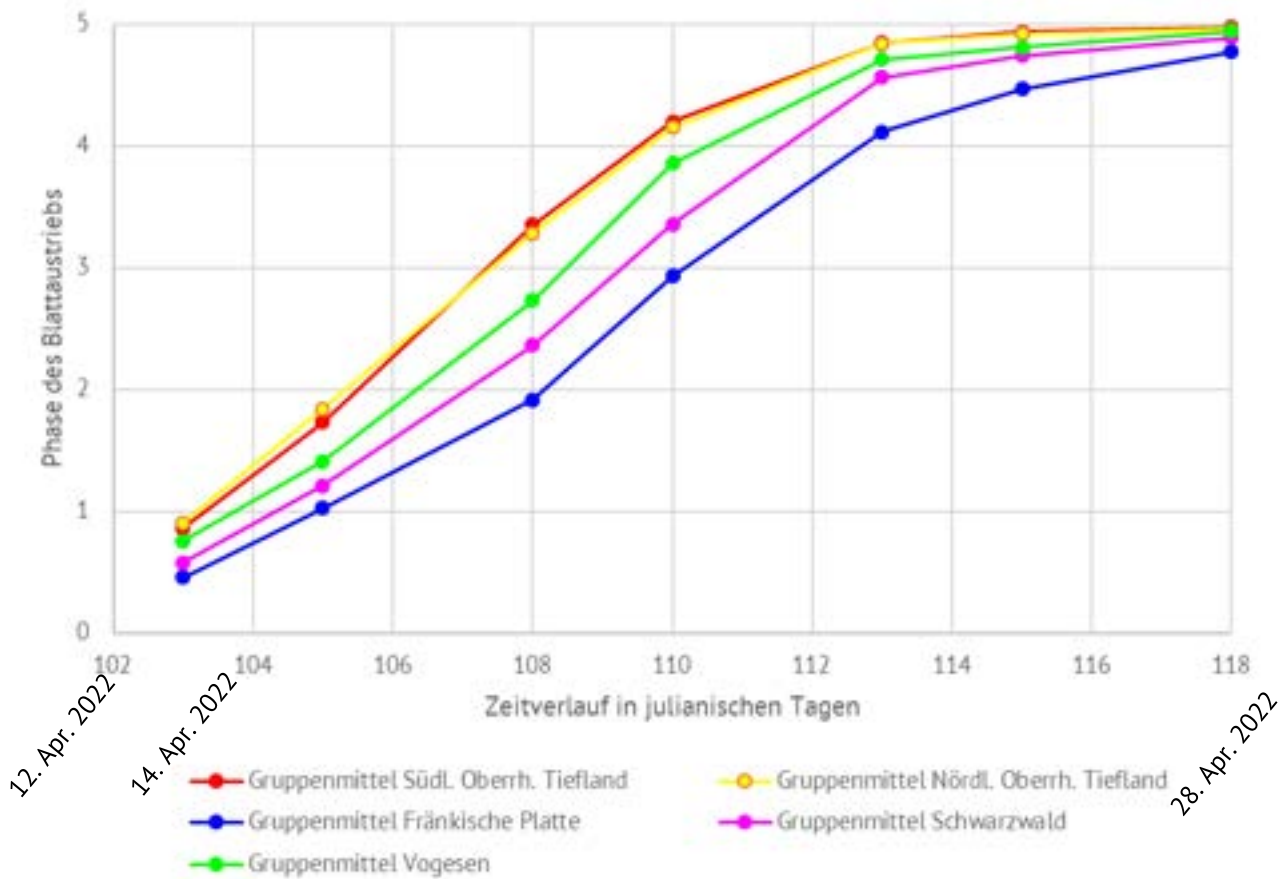
Aufnahmen in der Baumschule (Freiland, Pflanzgarten der FVA an der Wonnhalde, Freiburg):

- Höhenentwicklung im 1. und 2. Lebensjahr
- Verlauf des Knospenaustriebs im Frühling 2022 (2. Lebensjahr):
Bachelorarbeit Benjamin Dudschuss
- Seneszenz (Blattverfärbung und –abwurf):
Bachelorarbeit Nora Losch

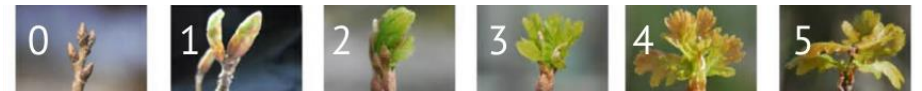


Foto: C. Neophytou

Anpassung der Eichen: regionale Unterschiede beim Knospenaustrieb: Anpassung an Spätfröste



Karte: C. Neophytou

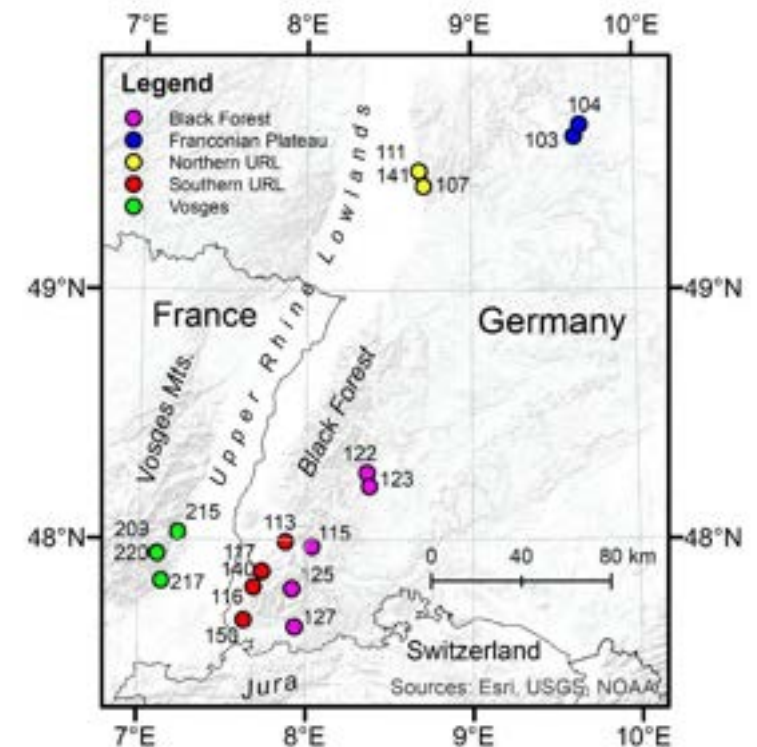


Fotos Knospenaustrieb: Antoine Kremer

Anpassung der Eichen: regionale Unterschiede bei morphologischen und phänologischen Merkmalen

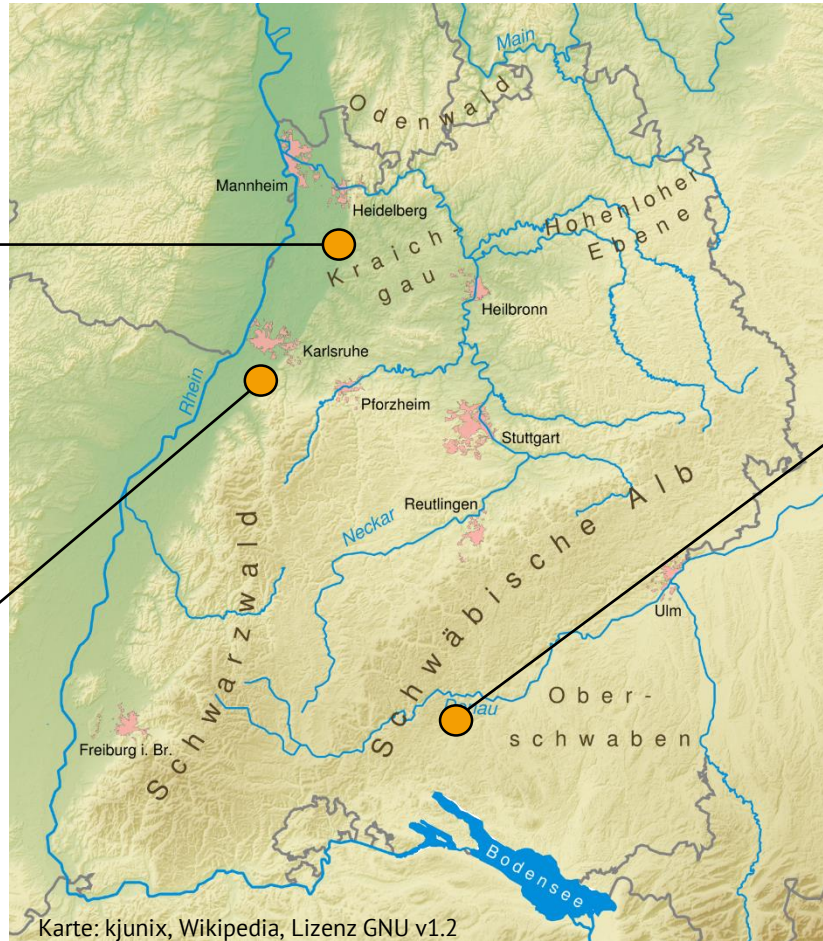


Origin	Höhe im Alter 2 (cm)	Knospenaustrieb (jul. Tag)	Seneszenz (jul. Tag)
113 – Freiburg (Hirzberg)	18,2 ± 2,2	102,9 ± 0,4	307,2 ± 8,6
117 – Staufen (trocken)	24,6	103,5	310,5
140 – Staufen (frisch)	12,8	103,6	306,6
111 – Schriesheim (trocken)	19,9 ± 2,1	103,2 ± 0,4	310,9 ± 2,5
141 – Schriesheim (frisch)	26 ± 4,4	103,3 ± 0,6	311 ± 3,6
107 – Heidelberg (trocken)	26,1 ± 2,7	102,3 ± 0,3	295,7 ± 4,2
103 – Tauberbischofsheim	30,4 ± 4,8	105,1 ± 0,7	312,4 ± 1,3
104 – Impfingen (nahe TBB)	19,1 ± 3,8	105 ± 0,8	309,2 ± 4,2
122 – Welschdorf (nahe Schriesheim)	20,6 ± 3,4	105 ± 0,9	317,6 ± 3,8
115 – Buchenbach (Höllental)	18,3 ± 1,8	103,8 ± 0,2	302,7 ± 3,5
127 – Wehratal	22,7 NA	105,1 ± 0,6	298,6 ± 7,6
123 – Falkenstein (nahe Schramberg)	23,9 ± 1,6	105 ± 0,5	309,7 ± 2,4
125 – Schönau Utzenfluh	34,8 ± 5,7	103,8 ± 0,3	311,9 ± 2,4
209 – Linthal (trocken)	18,3	103,6	317
220 – Linthal (frisch)	21,3	103,9	306
215 – Uffholtz (Vogesen)	15	103,8	316,2
217 – Le Stauffen (Vogesen)	22,7	103,6	311,2
P-Wert	0,016*	0,001***	0,239



Karte: C. Neophytou

Anpassung der Eichen: langfristige Beobachtung der Wuchseigenschaften auf 3 verschiedenen Standorten

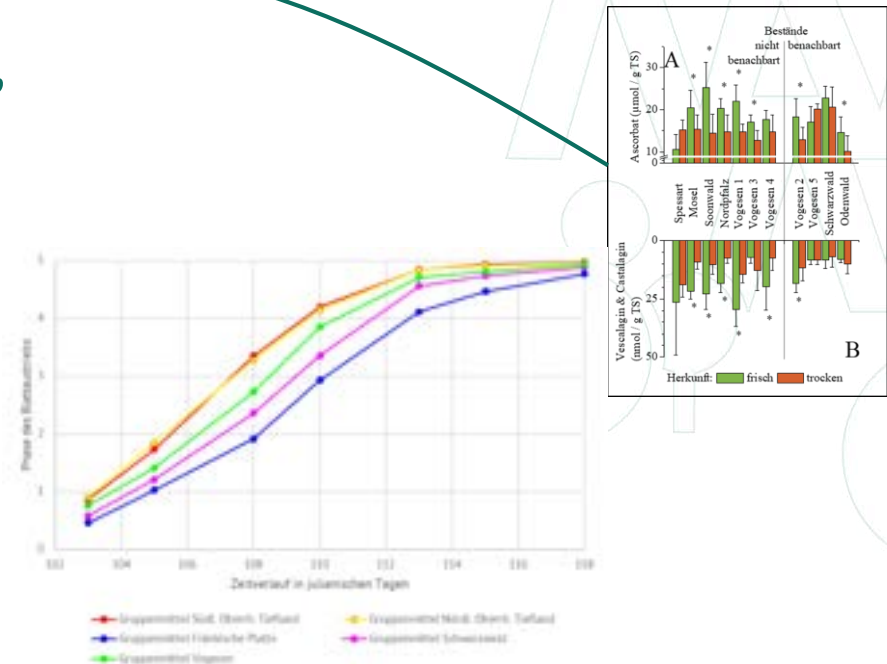
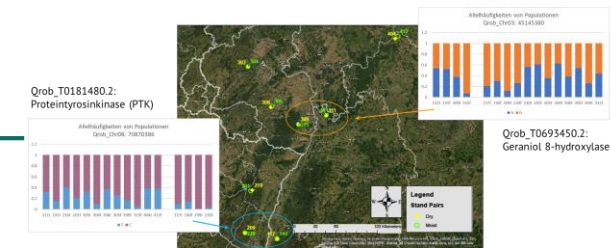


Fotos: Jakob Wittkamp

Zusammenfassung: Tragen die Eichen der Projektbestände Spuren lokaler (genetischer) Anpassung?



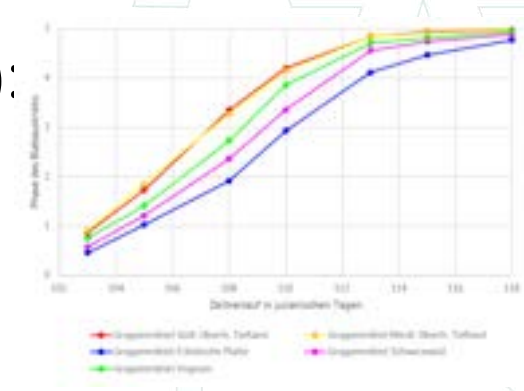
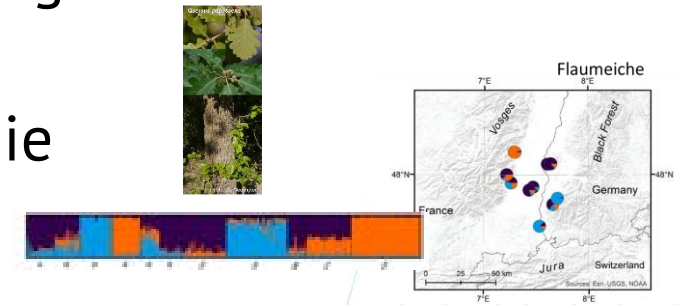
- Trocken vs. frisch: erste Indizien genomischer Signaturen lokaler Anpassung (kleinräumig)
- Auch Unterschiede bei den Stressmetaboliten → Anpassung physiologischer Merkmale
- Teilweise betroffenen Genvarianten aus Bereichen, die für o.g. Stressmetabolite kodieren
- Herausforderungen bei Genomik, Physiologie: Viele kodierende Gene, Muster komplex
- Nachkommenschaftsprüfung: Nachweis regionaler sowie Höhenanpassung



Zusammenfassung: Schlussfolgerungen für die Forstpraxis (Generhaltung, forstliches Vermehrungsgut)



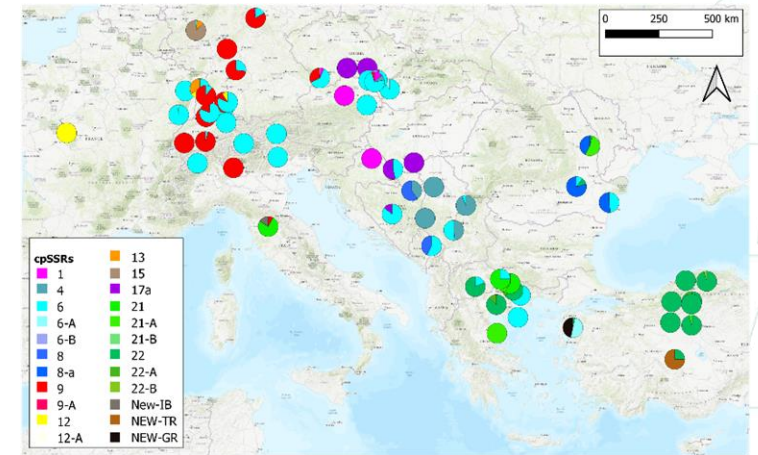
- **Autochthonie**: gefördert durch traditionelle Bewirtschaftungsformen wie Mittelwald (Relevanz bei Wald(um)bau)
- Genetische Struktur: eine wichtige Vorabinformation für die **Generhaltung** (Verteilung von Generhaltungseinheiten)
- **Hybridisierung**: ein wichtiger Evolutionsprozess bei Eichen, nichts negatives!
- Beweis der Anpassung über **Feldversuche** (z.B. Höhenanpassung): relevante Information bzgl. Forstvermehrungsgut
- Anpassungssignaturen von **Trockenanpassung** (Genomik, Physiologie): erste Hinweise, Vorkommen auf trockenen Standorten **könnten** an Bedeutung gewinnen...



Fotos, Abbildungen: C. Neophytou

Ausblick: Anschlussvorhaben, Wissenstransfer

- Erweiterung der Untersuchungen: Verbundprojekt ACORN (www.acorn-biodiversa.net) → Untersuchung klein- und großräumig, >120 Bestände der drei Eichenarten, 5 Partnerländer, Mitteleuropa bis östl. Mittelmeer
- Praxisbezogene Vorhaben:
 - Neue Saatgutquellen für die Flaumeiche (und anderen Laubbaumarten) im Programm „Erhalt seltener Baumarten und deren Genetik“ (<https://www.fva-bw.de/aktuelles/artikel/seltene-baumarten-und-ihre-genetik-erhalten>; MLR Baden-Württemberg)
 - Neues Interreg-NWE-Projekt (MigFoRest): Assisted Migration (unterstützte Migration) → Pflanzung klimaresilienter Herkünfte (wichtiger Schwerpunkt: Eichen) in Pilotregionen
- Forschungsergebnisse (wie in dieser Präsentation) bilden bereits eine wichtige Grundlage für Maßnahmen in den Bereichen **Forstvermehrungsgut und Generhaltung**

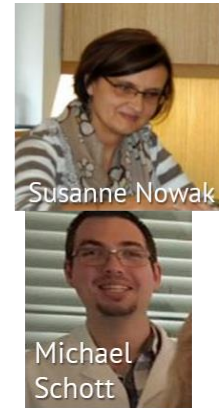


Karte: S. Jansen

Vielen Dank!



AQUAREL



QREG

Nour Alhammoud, Peter Bischofberger, Bärbel Daub, Katerina Dounavi, Pierre Geldreich, Armin Jacob, Klaus Kienzler, Hans-Gerd Michiels, Marc Morell, Julien Prinot und Mitarbeiter, Thomas Seliger, Armin Strehle, Klaus Winkler, Regina Zimmerman



Ben Dudschuss
Nora Losch



Fotos: privat

