

8. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung

„Wald der Zukunft - Beitrag von Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung“

Freiburg

11. bis 13. September 2024

Abstract-Band und Exkursionsführer

Ausrichter der Tagung:



Inhalt

	Seite
Programm	3
Zusammenfassungen der Präsentationen	8
Trockenstresstoleranz	9
Biotischer Stress	16
Alternativbaumarten	23
Forstliches Vermehrungsgut	28
Neue Saatgutquellen	34
Genetische Analysen	42
Rot-Eiche 1	49
Rot-Eiche 2	54
Anpassung	58
Innovative Ansätze	65
Autorenindex	70
Exkursion	72
Informationen zu Tagung und Tagungsort	85
Teilnehmende	86

8. Tagung der Sektion „Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung“ im DVFFA

vom **11. bis 13. September 2024** in Freiburg.

Das Thema der Tagung, einer Gemeinschaftsveranstaltung der Sektion Forstgenetik / Forstpflanzenzüchtung im DVFFA und der Deutschen Dendrologischen Gesellschaft, lautet

„Wald der Zukunft - Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik“.

Die Auswirkungen des Klimawandels stellen Waldbesitzer und -bewirtschafter in weiten Teilen Deutschlands vor Herausforderungen. Mit der Veranstaltung versuchen wir auf einige der anstehenden Fragen eine Antwort zu geben und neue Ansätze der Forschung zu vermitteln. Wie in den vorangegangenen Tagungen wollen wir aktuelle Ergebnisse und laufende Vorhaben einem breiten Interessentenkreis zugänglich machen. Die Beiträge sollen auch wieder in einem Tagungsband veröffentlicht werden.

Die Vortragsveranstaltung beginnt am Mittwochmittag und endet am Freitagmittag. Am Freitagnachmittag wird eine Exkursion angeboten.

LIESEBACH M, TRÖBER U, NEOPHYTOU C (Hrsg.) (2024): Abstract-Band und Exkursionsführer zur 8. Tagung der Sektion Forstgenetik / Forstpflanzenzüchtung „Wald der Zukunft - Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik“ in Freiburg, 11.-13.09.2024. Großhansdorf, Graupa und Freiburg, 89 S.

8. Sektionstagung Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung

„Wald der Zukunft - Beitrag von Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung“

Freiburg, 11.-13.09.2024

Programm (Änderungen vorbehalten)

Mittwoch, 11. Sept. 2024	
Ab 12:00	Registrierung und <i>Mittagsimbiss</i>
13.00	Begrüßung
13:15-14:45	Trockenstresstoleranz (4 Vorträge, 2 Poster)
	<i>Pause</i>
15:15-16:45	Biotischer Stress (4 Vorträge, 2 Poster)
	<i>Pause</i>
17:10-18:00	Alternativbaumarten (2 Vorträge, 2 Poster)
18:00	Geschäftssitzung
Donnerstag, 12. Sept. 2024	
8:30-10:00	Forstliches Vermehrungsgut (4 Vorträge, 1 Poster)
	<i>Pause</i>
10:30-12:00	Neue Saatgutquellen (3 Vorträge, 4 Poster)
	<i>Mittagessen</i>
13:30-15:00	Genetische Analysen (4 Vorträge, 2 Poster)
	<i>Pause</i>
15:30-16:35	Rot-Eiche 1 (3 Vorträge, 1 Poster)
	<i>Pause</i>
17:00-18:00	Rot-Eiche 2 (3 Vorträge)
Ab 19:00	Gemeinsamer Abend (Ganter Brauereiausschank, Münsterplatz 18-20)
Freitag, 13. Sept. 2024	
8:30-10:00	Anpassung (4 Vorträge, 2 Poster)
	<i>Pause</i>
10:30-11:50	Innovative Ansätze (4 Vorträge)
11:50	Ausgabe der <i>Lunchpakete</i>
Ab 12:15	Exkursion
20:45 (21:00)	Ankunft in Freiburg

Mittwoch, 11. September 2024

13:00	Begrüßung, Organisatorisches
Trockenstresstoleranz	
13:15	FENDEL A, FLADUNG M, BRÜGMANN T Erforschung der Trockenstresstoleranz in Bäumen durch Einzelgen-Modifikationen in Pappeln (<i>Populus</i>)
13:30	AHMAD M, SEITNER S, JEZ J, STEWART E, CHAKRABORTY D, VAN LOO M, TRUJILLO-MOYA C Multi-Sensor-Hochdurchsatz-Phänotypisierung zur Analyse der Trockenstressreaktion bei tausenden Fichtensämlingen (<i>Picea abies</i> Karst.) mit bisher unerreichter zeitlicher Auflösung
13:45	MITTELBERG H, KLENKE K, LIEPE KJ, LIESEBACH H, LIESEBACH M Erste Ergebnisse eines 50-tägigen Trockenstresses an Herkünften der Hainbuche (<i>Carpinus betulus</i> L.) in der Jungwuchsphase
14:00	CARÉ O, HARDTKE A, GÖTZ J, KUCHMA O, HOSIUS B, STEINER W, GAILING O, LEINEMANN L Geografisch/genetische Variation der Küstentanne (<i>Abies grandis</i>) im amerikanischen Ursprungsgebiet im Vergleich zu deutschen Herkünften
14:15	BECKER F, FRANK E, KÄTZEL R Phänotypisierung und Stresserkennung von Baumschulpflanzen mittels UAV-Thermal-Imaging (Poster)
14:20	MEYER M, STEINIGEN T, GALILÄER J, SIEMOKAT P, WOLF H Vergleich von Sommer- und Winterbonitur der Vitalität von sächsischen Eschen-Plusbäumen im Verbund FraxGen (Poster)
14:25	Diskussion
Biotischer Stress	
15:15	MADER M, SCHRÖDER H, NOSENKO T, SCHNITZLER J-P, ORGEL F, KERSTEN B Genexpressionsanalysen zur Untersuchung von Herbivorie-induziertem Stress in Eichen
15:30	SZUKALA A, UNGER G, TRUJILLO-MOYA C, KIRISITS T, GEBUREK T, KONRAD H Ash in Distress: results from a large experimental field trial on ash dieback in Austria
15:45	BUBNER B, KRAUTWURST M, PAST F, MÜLLER N Jungeschen-Bonitur auf Eschentriebsterben und QTL-Analysen in der Nachkommenschaftsprüfung Schulzendorf
16:00	RAMIRES M, NETHERER S, SCHEBECK M, HUMMEL K, SCHLOSSER S, RAZZAZI-FAZELI E, ERTL R, AHMAD M, ESPINOSA-RUIZ A, CARRERA E, MARTÍNEZ-GODOY MÁ, BAÑOS J, CABALLERO T, LEDERMANN T, VAN LOO M, TRUJILLO-MOYA C Molekulardynamik der Fichte in Reaktion auf Borkenkäferbefall
16:15	LIEDEL K, MORGENSTERN K, LODE CM, SCHULDT B SeedProtect: Entwicklung von Schnelltests zur Erkennung phytopathogener Pilze in der forstlichen Pflanzenzucht (Poster)
16:20	EISOLD A-ME, BANDTE M, VON BARGEN S, BÜTTNER C, BUBNER B Risiken für Wald und Forst durch phytopathogene Viren (Poster)
16:25	Diskussion
Alternativbaumarten	
17:10	BÄUCKER C, LIESEBACH M, LIESEBACH H Empfehlungen für forstlich geeignetes Vermehrungsgut der insektenbestäubten Baumart Spitz-Ahorn auf Basis genetischer Saatgutanalysen
17:25	WEISSENBACHER L „Form und Eleganz treffen auf Wuchsfreudigkeit“, wenn es nur immer so einfach wäre. Österreichische Vogelkirschen Herkunftsversuchsserie 2008/09, erste Ergebnisse
17:40	ŠEHO M, FUSSI B, SEMIZER-CUMING D, KAVALIAUSKAS D Anbau von Alternativbaumarten im Klimawandel am Beispiel der Atlaszeder (Poster)
17:45	EISOLD A-ME, KARFIK V, BÄUCKER C, LIESEBACH H, SCHNECK V Das Projekt WERTHOLZ - eine (Erfolgs-)Geschichte in der Forstpflanzenzüchtung (Poster)
17:50	Diskussion
18:00	Geschäftssitzung

Donnerstag, 12. September 2024 (Vormittag)

Forstliches Vermehrungsgut

- 8:30 LIESEBACH H, BÄUCKER C, PAKULL B, LIEPE KJ, MITTELBERG H, EUSEMANN P
Gewinnung von hochwertigem forstlichen Vermehrungsgut – Schlussfolgerungen aus Analysen zum artspezifischen Reproduktionsverhalten
- 8:50 HAMBERGER J, ŠEHO M
Das Bayerische Samenplantagenprogramm
- 9:05 TRILLER L, QUEGWER J, POPP A, TRÖBER U, MEYER M
Herausforderungen für das sächsische Samenplantagenprogramm im Hinblick auf die Saatgutverfügbarkeit für die zukünftige Waldzusammensetzung
- 9:20 LIESEBACH M
Eine EU-Verordnung für forstliches Vermehrungsgut?
- 9:35 ZÜF-TEAM, SCHMID R
Herkunftskontrolle am Beispiel des Spitzahorns – eine Spurensuche (Poster)
- 9:40 Diskussion

Neue Saatgutquellen

- 10:30 JANSEN S, ACAR P, ARAVANOPOULOS FA, ÇİFTÇİ A, BLYTH C, DEĞİRMENCI FÖ, İDMAN ÖM, KANSU Ç, ZEİ KAYA Z, KLEINSCHMIT J, LEIGH DM, LITTMANN L, RELLSTAB C, SEMIZER-CUMING D, TOURVAS N, NEOPHYTOU C
Auf der Spur klimaresistenter Saatgutquellen: Genetische Variation und Anpassungspotenzial von Weißbeichen
- 10:45 VAN LOO M, UFIMOV R, AHMAD M, GRABNER M, ÜBL C, WATZINGER A, IRAUSCHEK F, PIŠOVÁ S, KONRAD H, TRUJILLO-MOYA C
Quercus petraea (Matt.) Liebl. aus dem Nationalpark Thayatal in Österreich: Auswahl potenziell trockenoleranter Phänotypen
- 11:00 STÜWE R
Vorstellung des QPFC-Projekts: Bewertung der Anbaueignung von Herkünften der drei mediterranen Eichenarten Flaumeiche, Ungarische Eiche und Zerreiche in Süddeutschland
- 11:15 RENTSCHLER F, LSTIBŮREK M, NEOPHYTOU C, SEIDEL H, FUSSI B
Anlage der Eschen-Samenplantage (*Fraxinus excelsior* L.) Großbottwar mittels hybridem ONA Design (Poster)
- 11:20 SCHIRMER R, TUBES M, ARGE LÄNDERZÜCHTER
Alternative im Klimawandel: Rumänische Tannen aus den Karpaten (Poster)
- 11:25 HOENICKA H, ULRICH K, ULRICH A, HAFFNER C, KARAU M, STARCZAK M, GACKOWSKI D, BUBNER B
Epigenom- und Mikrobiom-Therapie - Neue Hoffnung für Ulmen und andere bedrohte Baumarten (Poster)
- 11:30 HOFFMANN Y-D, FUSSI B, SEMIZER-CUMING D, ŠEHO M
Untersuchung räumlich-genetischer Strukturen und genetischer Vielfaltsparameter der Baumarten Moorbirke und Moorspirke in Bayern (Poster)
- 11:35 Diskussion

Donnerstag, 12. September 2024 (Nachmittag)

Genetische Analysen

- 13:30 RIECKMANN CA, LIEPE KP, LIEPE KJ, SCHNECK V, LIESEBACH M, LIESEBACH H
Der individuelle Beitrag der Pollengeber in einer norddeutschen Hybridlärchen-Samenplantage
- 13:45 TRÖBER U
Untersuchung der genetischen Variation von potentiellen Weiß-Tannen-Erntebeständen
- 14:00 BUDE KB, HÖLTKEN A, SHRESTHA K, WAGNER N, GAILING O, MEYER N
Intergenerische Hybridisierung zwischen Mehlbeere, Elsbeere und Vogelbeere
- 14:15 VU GTH, CAO HX, HOFMANN M, STEINER W, GAILING O
Genetische und epigenetische Auswirkungen auf das Wachstum der Douglasie
- 14:30 REICHE B, RASCHKE J, WALTHER M, MAIWALD S, HEITKAM T, MEYER M, TRÖBER U, WOLF H, JOFFE R, LIEBSCH S, DEMBNY H, DAWYDOW J, SCHULDT B, RUPPS A
Bereitstellung von Lärchen-Vermehrungsgut mit hoher Qualität und Diversität zur Erhöhung der waldbaulichen Flexibilität (**Poster**)
- 14:35 FEICHTER J, NEOPHYTOU C, GRABNER M, STAUFFER C, HEINZE B
TannenGen: Entwicklung molekularer SNP-Marker für die Selektion klimaangepasster Weißtannen-Provenienzen (**Poster**)
- 14:40 Diskussion

Rot-Eiche 1

- 15:30 KORMANN JM, VAN DER MAATEN-THEUNISSEN M, UNTERHOLZNER L, LIESEBACH M, LIEPE KJ, VAN DER MAATEN E
Intraspezifische Unterschiede in der Reaktion auf Klimaeinflüsse bieten Möglichkeiten für die Herkunftswahl der Roteiche (*Quercus rubra* L.)
- 15:45 CAO HX, KELLY AA, ABREU IN, KORMANN JM, VU GTH, FEUßNER K, LIESEBACH M, FEUßNER I, GAILING O
Unveiling the Genetic Blueprint: Empowering German Forests with Northern Red Oak Resilience
- 16:00 NEOPHYTOU C, JANSEN S, LEE F, BRÜCKNER M, BILELA-ECKERT S, TRÖBER U
Untersuchung der Herkunft und genetischen Vielfalt der Roteiche (*Quercus rubra* L.) in Mitteleuropa als Grundlage für zukünftige Züchtung
- 16:15 WENZEL J, ARDAO RIVERA E, BECKER F, BILELA-ECKERT S, BRAUN A, BRÜCKNER M, ERBACHER J, KÄTZEL R, KLEINSCHMIT J, LÖFFLER S, MEYER M, NEOPHYTOU C, RIEDEL D, STEINER W, TÖPPE M, TRÖBER U, WATERMEIER M, HOFMANN M
Anlage einer Pflanzlings-Samenplantage zur Erzeugung von hochwertigem Vermehrungsgut am Beispiel der Roteiche (*Quercus rubra* L.) (**Poster**)
- 16:20 Diskussion

Rot-Eiche 2

- 17:05 KÄTZEL R, BECKER F, FRANK E, LÖFFLER S
Phänotypisierung und Differenzierung von Plusbäumen der Rot-Eiche
- 17:20 SCHIRMER R, TUBES M
Verbesserung der Saatgutversorgung bei Roteiche
- 17:35 BRÜCKNER M, ARDAO RIVERA E, BECKER F, BILELA-ECKERT S, BRAUN A, ERBACHER J, HOFMANN M, KÄTZEL R, KLEINSCHMIT J, LÖFFLER S, NEOPHYTOU C, RIEDEL D, STEINER W, TÖPPE M, TRÖBER U, WATERMEIER M, WENZEL J, MEYER M
Phänologische Bonitur von Plusbaum-Nachkommenschaften der Rot-Eiche aus sieben Bundesländern über die Vegetationsperiode 2024 - Ist eine Bewertung des gewonnenen Saatgutes zur temporären Anpassung an den Standort des Mutterbaumes möglich?
- 17:50 Diskussion

Freitag, 13. September 2024

Anpassung	
8:30	SEKELY J, MARCHELLI P, ARANA V, DALLA-SALDA G, DAUPHIN B, MARTINEZ-MEIER A, MATTERA MG, PASTORINO M, IVAN SCOTTI I, SERGENT A-S, SOLIANI C, OPGENOORTH L, HEER K Lokalanpassung der Südbuche entlang der Umweltgradienten der Anden und Abschätzung des Risikos für Fehlanpassung
8:45	SEMIZER-CUMING D, MELLERT K-H, FUSSI B, KAVALIAUSKAS D, ŠEHO M Klimasensitivität von Forstgenressourcen der Weißtanne (<i>Abies alba</i>) in Deutschland
9:00	UFIMOV R, IRAUSCHEK F, WEIßENBACHER L, KORMANN JM, LIESEBACH M, CHAKRABORTY D, SCHÜLER S, VAN LOO M Bewertung des Wachstums und der Umwelthanpassungsfähigkeit von Eichenarten: Eine Herkunftsstudie in Österreich
9:15	LIEPE KJ, UNTERHOLZNER L, GÖMÖRY D, WOLF H, VAN DER MAATEN E, LIESEBACH M Die Klimasensitivität der Rot-Buche und ihre Bedeutung für die Herkunftswahl
9:30	FUSSI B, JETSCHNI J, TRÖBER U, KÄTZEL R, HÖLTKEN A, KLEINSCHMIT J, LEMMEN P, PROFFT I, POEPEL S, ŠEHO M, JOCHNER-OETTE S Phänologische Reaktion von Buche und Fichte auf Klimaveränderungen (PhänoKlim) (Poster)
9:35	SCHILDBACH M, TRÖBER U, BRÜCKNER M, WOLF H Maßnahmen zur Arterhaltung der Schwarz-Pappel in Sachsen (Poster)
9:40	Diskussion
Innovative Ansätze	
10:30	BRÜGMANN T, ZAHN V, FENDEL A, FLADUNG M Biotechnologische Innovationen an Rotbuchen und weiteren Baumarten
10:45	RUBIN S, KLIPPERT N, HOFMANN M Epigenetische Untersuchungen an der Kiefer (<i>Pinus sylvestris</i>) - Klimaplan Hessen (KPH-Epigenetik)
11:00	BUBNER B, THIESEN F, MORGENROTH D <i>In vitro</i> -Kultur der Rotbuche: Stabile Produktion vermehrter Klone als Schlüssel für Züchtungsprogramme und Resistenzforschung
11:15	AHMAD M, PRIEMER C, OLSSON S, CICEU A, KAROLAK M, MADER S, SCHINNERL J, WIENKOOP S, SCHÖNDORFER S, SEITNER S, JEZ J, STEWART E, GROBKINSKY DK, HAMMERBACHER A, TRUJILLO-MOYA C, VAN LOO M Phänomik, Transkriptomik und Metabolomik lässt einen Gradienten der Trockenheitsempfindlichkeit bei der Schwarzkiefer (<i>Pinus nigra</i> J.F. Arnold) erkennen
11:30	Diskussion
11:55	Ende der Vortragsveranstaltung
Exkursion	
12:15	Abfahrt mit dem Bus
13:45	Lunchpause und Führung im Versuchsgelände Liliental (geplant sind: My Garden of Trees, asiatische Baumarten, FitForClim-Fläche, Mammutbäume, Tulpenbaum, Baumhasel usw.)
15:45	Fahrt
16:15	Flaum-Eichen im NSG Bitzenberg
17:30	Fahrt
18:00	Ausklang in einer Straußenwirtschaft, Ihringen
20:00	Abfahrt
20:45	Ankunft in Freiburg

Zusammenfassungen der Präsentationen

Trockenstresstoleranz

Mittwoch, 11. Sept. 2024

13:15-14:45 Uhr

(4 Vorträge, 2 Poster)

Vorträge

FENDEL A, FLADUNG M, BRÜGMANN T: Erforschung der Trockenstresstoleranz in Bäumen durch Einzelgen-Modifikationen in Pappeln (*Populus*)

AHMAD M, SEITNER S, JEZ J, STEWART E, CHAKRABORTY D, VAN LOO M, TRUJILLO-MOYA C: Multi-Sensor-Hochdurchsatz-Phänotypisierung zur Analyse der Trockenstressreaktion bei tausenden Fichtensämlichen (*Picea abies* Karst.) mit bisher unerreichter zeitlicher Auflösung

MITTELBERG H, KLENKE K, LIEPE KJ, LIESEBACH H, LIESEBACH M: Erste Ergebnisse eines 50-tägigen Trockenstresses an Herkünften der Hainbuche (*Carpinus betulus* L.) in der Jungwuchsphase

CARÉ O, HARDTKE A, GÖTZ J, KUCHMA O, HOSIUS B, STEINER W, GAILING O, LEINEMANN L: Geografisch/genetische Variation der Küstentanne (*Abies grandis*) im amerikanischen Ursprungsgebiet im Vergleich zu deutschen Herkünften

Poster

BECKER F, FRANK E, KÄTZEL R: Phänotypisierung und Stresserkennung von Baumschulpflanzen mittels UAV-Thermal-Imaging

MEYER M, STEINIGEN T, GALILÄER J, SIEMOKAT P, WOLF H: Vergleich von Sommer- und Winterbonitur der Vitalität von sächsischen Eschen-Plusbäumen im Verbund FraxGen

Erforschung der Trockenstresstoleranz in Bäumen durch Einzelgen-Modifikationen in Pappeln (*Populus*)

ALEXANDER FENDEL, MATTHIAS FLADUNG, TOBIAS BRÜGMANN

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf, alexander.fendel@thuenen.de

Der voranschreitende Klimawandel und die damit verbundenen Wetterextreme bedrohen das Wachstum und die Holzproduktion von Waldbäumen weltweit. Obwohl die meisten Baumarten als nicht-domestizierte Pflanzen über eine große innerartliche genetische Vielfalt verfügen und damit ein großes Potenzial für die Züchtung und Selektion angepasster Individuen bietet, ist die spezifische Rolle einzelner Gene an z. B. einer Trockenstresstoleranz noch weitgehend unerforscht. Am Thünen-Institut für Forstgenetik in Großhansdorf werden deshalb durch Genomeditierungsmethoden wie CRISPR/Cas und weiterer genetischer Modifikationen gezielte genetische und regulatorische Veränderungen ausgewählter Kandidatengene durchgeführt, um ihren einzelnen Beitrag an einer Trockenstresstoleranz zu untersuchen. Als Modellbaumart dient hierzu die *in vitro*-etablierte und biotechnologisch einfach zugängliche Pappelhybride INRA 717-1B4 (*Populus* × *canescens*). Gene, wie das *Homeobox-Leucine-Zipper-Protein 3* (*PcCHAT3*) und die *Delta1-Pyrrolin-5-Carboxylat-Synthase 1* (*PcP5CS1*), wurden entweder mittels CRISPR/Cas gezielt ausgeschaltet oder konstitutiv überexprimiert. Anschließend wurden die genetisch veränderten Bäume unter kontrollierten Bedingungen im Gewächshaus auf ein verändertes Trockenstressverhalten untersucht. Dabei konnte unter anderem festgestellt werden, dass Bäume mit überexprimiertem *PcP5CS1*-Gen eine verbesserte Überlebensrate von über 40 % gegenüber Wildtyp-Pappeln aufwiesen. Dieser Ansatz liefert wertvolle Erkenntnisse über die Bedeutung einzelner Gene innerhalb des komplexen Netzwerks der Trockenstresstoleranz. Die identifizierten Kandidatengene könnten zukünftig in gezielte Züchtungsprogramme für Waldbäume einfließen, entweder durch molekulare Selektion trockenstresstoleranter Genotypen aus natürlichen Populationen des gesamten Verbreitungsgebiets einer Art oder durch biotechnologische Ansätze.

Multi-Sensor-Hochdurchsatz-Phänotypisierung zur Analyse der Trockenstressreaktion bei tausenden Fichtensämlingen (*Picea abies* Karst.) mit bisher unerreichter zeitlicher Auflösung

MUHAMMAD AHMAD¹, SEBASTIAN SEITNER², JAKUB JEZ², ETHAN STEWART,² DEBOJYOTI CHAKRABORTY¹, MARCELA VAN LOO¹, CARLOS TRUJILLO-MOYA¹

¹ Bundesforschungszentrum für Wald (BFW), Institut für Waldbau, Waldwachstum und Genetik, Seckendorf-Gudent-Weg 8, 1131 Wien, Österreich, muhammad.ahmad@bfw.gv.at

² Plant Sciences Facility, Vienna BioCenter Core Facilities GmbH (VBCF), Wien, Österreich

Trockenheit ist ein wichtiger Stressfaktor, der mit der zunehmenden Sterblichkeit von Fichten in ihrem gesamten Verbreitungsgebiet in Verbindung gebracht wird. Traditionelle Ansätze zur Testung der Trockentoleranz beruhen auf Herkunftsversuchen im Feld, bei denen Durchmesser, Höhe und Jahrringe gemessen werden. Im Freiland kann Trockenstress jedoch nicht gleichmäßig auf eine große Anzahl von Herkünften angewandt werden und die Messungen sind sehr arbeitsintensiv. Darüber hinaus liefern diese Merkmale nur wenig Informationen über die physiologischen Grundlagen der Reaktion auf Trockenstress. Hier zeigen wir die Anwendung der automatisierten Multisensor-Phänotypisierung mit hohem Durchsatz beim Screening von Variationen in der Reaktion auf Trockenstress bei 4000 Sämlingen von 66 Herkünften der Fichte aus ihrem zentral- und südeuropäischen Verbreitungsgebiet. Wir verwendeten 3D-Laserscanner, pulsamplitudenmodulierte Chlorophyllfluoreszenz, RGB, und hyperspektrale (VNIR und SWIR) Bildgebung, um die Wachstumsrate, die Photosystem-II-Leistung und Vegetations-/Wasserindizes unter Trockenstress über einen Zeitraum von vier Wochen zu verfolgen. Die Daten mit hoher zeitlicher Auflösung zeigten signifikante Unterschiede zwischen den Herkünften bei den meisten analysierten Merkmalen unter Trockenstress und ermöglichten die Charakterisierung der Herkünfte in extreme Klassen (anfällig und resistent). Die Multisensor-Hochdurchsatz-Phänotypisierung ist ein zuverlässiges Instrument, um Variationen in der Reaktion auf Trockenstress in einem noch nie dagewesenen Ausmaß zu verfolgen. Neben der umfassenden Charakterisierung der Herkünfte unter Trockenheit im Hinblick auf Wachstum und physiologische Phänotypen wird versucht die genetischen und mechanistischen Grundlagen der Trockenstresstoleranz mithilfe von GWAS, Metabolomik und Transkriptomik zu entschlüsseln.

Erste Ergebnisse eines 50-tägigen Trockenstresses an Herkünften der Hainbuche (*Carpinus betulus* L.) in der Jungwuchsphase

HANNAH MITTELBERG¹, KRISTIN KLENKE², KATHARINA J. LIEPE¹, HEIKE LIESEBACH¹, MIRKO LIESEBACH¹

¹Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf, hannah.mittelberg@thuenen.de

²Universität Hamburg, Mittelweg 177, 20148 Hamburg

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, bei Pflanzungen 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 nun sieben Bestände sowie eine Samenplantage, 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 50 Tagen wurden die einjährigen Sämlinge variantenabhängig bewässert. Im Vergleich zu einer Kontrolle mit optimaler Bewässerung wurden zwei Trockenstress-Varianten untersucht: ein extremer Trockenstress mit 50-tägiger Dürre (0 % Wasser) und ein starker Trockenstress, der jeweils parallel mit der Kontrolle 25 % der optimalen Bewässerung erhielt. Nach 50 Tagen wurden alle Varianten rehydriert um die Erholungsfähigkeit der Pflanzen zu beobachten. Im Verlauf des Sommers, wurden während den Phasen der Eingewöhnung (Frühsommer), des Trockenstresses (Hochsommer) und der Rehydrierung (Spätsommer) Untersuchungen an den Pflanzen durchgeführt. Es 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.

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

OLIVER CARÉ^{1,2}, ANDRÉ HARDTKE³, JEREMIAS GÖTZ², OLEKSANDRA KUCHMA², BERNHARD HOSIUS², WILFRIED STEINER³, OLIVER GAILING¹, LUDGER LEINEMANN^{1,2}

¹Georg-August-Universität Göttingen, Buisgen-Institut, Abteilung Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Buisgenweg 2, 37077 Göttingen, oliver.care@forst.uni-goettingen.de

²ISOGEN GmbH & Co KG, Buisgenweg 2, 37077 Göttingen

³Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), Abt. Waldgenressourcen, 34346 Hann. Münden,

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.

Phänotypisierung und Stresserkennung von Baumschulpflanzen mittels UAV-Thermal-Imaging

FRANK BECKER, ERIC FRANK, RALF KÄTZEL

Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde,
ralf.kaetzel@lfb.brandenburg.de

Lässt sich der Einfluss unterschiedlicher Behandlungsmethoden während der Anzuchtphase großflächig mittels drohnengetragenen Infrarotkameras kontrollieren? Dieser Frage wurde in den Jahren 2022 und 2023 in einem Eichenbeet (*Quercus petraea*, ein- und zweijährig) der Forstbaumschule „Stadtsee“ (Brandenburg) untersucht. Das Eichenbeet wurde in zwölf (1x2 m große) Parzellen unterteilt, die mit dreimaliger Wiederholung mit folgenden Varianten (Praxiskontrolle/Kreisregner, Wassermangel/Folienzelt, Zusatzbewässerung, N+-Düngung) behandelt wurden.

Der Behandlungserfolg wurde auf der Grundlage von Blattinhaltsstoffen überprüft. Hierzu wurden während der Vegetationsperiode an jeweils drei Probenahmetermenen (Juli, August, September) je Parzelle drei Mischproben von Blättern entnommen. Gleichzeitig wurden die Parzellen mit einer drohnengetragenen Infrarot- bzw. 2023 zusätzlich mit einer Multispektralkamera (verschiedene Flughöhen, UAVs: DJI Mavic 2 Enterprise Advanced Thermal bzw. M300 mit Mica Sense Multispektralkamera) überflogen. Begleitend wurde die Lufttemperatur in 1,3 m Höhe kontinuierlich gemessen, die in dem Folienzelt erwartungsgemäß signifikant im Mittel ca. 2,1 Grad über den Freilandtemperaturen lag. Die gemessenen Maximaltemperaturen im Folienzelt lagen im Mittel 7,7 Grad über denen im Freiland gemessenen.

Die Eichen reagierten erwartungsgemäß auf die unterschiedlichen Behandlungsmethoden, die sich z.B. in deutlich erhöhten oder erniedrigten relativen Blattwasseranteilen, Chlorophyllgehalten und Chlorophyll/Carotinoid-Verhältnissen widerspiegelten. Überraschend war, dass nicht nur die drei induzierten Trockenstressvarianten, sondern auch die Praxiskontrollvarianten im Trockensommer 2022 deutliche Wassermangelsymptome zeigten, was sich sowohl in den biochemischen Daten als auch in den Fernerkundungsindizes widerspiegelte. So konnte die thermale Drohnenüberwachung im Nebenergebnis zeigen, dass die übliche Bewässerung mit Kreisregnern uneinheitlich und teilweise unzureichend war.

Die zusätzlich bewässerten Varianten hatten im Sommer 2023 bis zu 10 %Punkte höhere Blattwassergehalte als die Trockenstressvariante. Die signifikant höchsten Chlorophyll- und Carotinoidgehalte wurden in den Blättern der stickstoffgedüngten Eichen nachgewiesen, während wiederum die Trockenstressvariante die geringsten Gehalte und die geringsten Chlorophyll-Carotinoid-Verhältnisse aufwies. Der drohnengetragene Thermalsensor konnte mit einer Auflösung von 5 cm die Parzellen mit unzureichender Wasserversorgung eindeutig identifizieren, deren Blattoberflächentemperatur um 2 Grad über denen der anderen Parzellen lag. Der *Normalized Difference Red Edge* (NDRE) -Index ($NDRE = (NIR - RedEdge)/(NIR + RedEdge)$) reagierte erwartungsgemäß auf die erhöhten Chlorophyllgehalte der Stickstoffvarianten. Dagegen hatten die anderen drei Varianten (auch die bewässerten Eichen) geringere NDRE-Indizes, die auch durch höhere Ausfälle (Bodenecho!) und Nährstoffmangel verursacht sein könnten.

Am Versuchsende wurden die Baumhöhen der Eichen gemessen. Auch hier blieben die Eichen der Kontroll- und Trockenstressvariante deutlich hinter den Düngungs- und Bewässerungsvarianten zurück. Die Möglichkeiten und Grenzen bildgebender Verfahren mittels UAV und Wärmebildsensoren zur Baumschulüberwachung werden diskutiert.

Vergleich von Sommer- und Winterbonitur der Vitalität von sächsischen Eschen-Plusbäumen im Verbund FraxGen

MATTHIAS MEYER¹, TINO STEINIGEN¹, JAKOB GALILÄER², PATRICK SIEMOKAT¹, HEINO WOLF¹

¹ Staatsbetrieb Sachsenforst, Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Straße 34, 01796 Pirna – OT Graupa, matthias.meyer@smekul.sachsen.de

² Stowasserplan GmbH & Co. KG, Hauptstraße 47f, 01445 Radebeul

Innerhalb des Forschungsvorhabens FraxForFuture konzentrierte sich der Verbund FraxGen auf genetische Analysen sowohl der Gemeinen Esche (*Fraxinus excelsior*) als auch des Pathogens *Hymenoscyphus fraxineus*, welches das Eschen-Triebsterben seit etwa 2002 in DE verursacht und mithin die forstliche Zukunft der Baumart aus ökologischen und auch betrieblichen Gründen in Frage stellt. Vorgestellt wird ein Teil der Charakterisierung von Plusbäumen in Sachsen durch den Partner KWuF des Staatsbetrieb Sachsenforst.

Wie auch bei anderen, in Mitteleuropa vergleichsweise neuen Pathogenen mit gravierend negativer Auswirkung auf die ökologische Fitness der Wirtsbaumart (vgl. z.B. *Ulmus* spp., *Alnus glutinosa*), ist das Identifizieren von vitalen, adulten Bäumen und deren Sicherung in Plusbaum-Klonarchiven ein erster Schritt, um das genetische Potential zu erhalten und die Grundlage für züchterische Maßnahmen zu schaffen. Die Anlage solcher Klonarchive als Samenplantagen mit abveredelten Pfropfreisern ermöglicht Paarungskontakt zwischen den als pathogen-tolerant eingeschätzten Genotypen. Mit der künftigen Erzeugung von Saatgut zur Begründung von potenziell toleranteren neuen Beständen soll gegenüber dem natürlichen Anpassungsprozess in vorhandenen Populationen eine beschleunigte Verbesserung der Toleranz in der Gesamtpopulation bei bestmöglich erhaltener genetischer Diversität erreicht werden.

Voraussetzung für die künftige Produktion solchen Saatgutes ist die Herstellung von Reproduktionseinheiten, deren Design eine umfangreiche gegenseitige Bestäubung der Klone ermöglicht und damit auch Toleranzverbesserungen dient. Dies erfordert zum gegenwärtigen Zeitpunkt vor der Anlage, dass der pathogen-tolerante Phänotyp der Plusbäume sicher belegt und, was bei der Esche als triözischer Art besonders wichtig ist, das Geschlecht des Plusbaumes bestimmt werden kann. Der Verbund FraxGen nutzte deutschlandweit einen vereinheitlichten Boniturschlüssel (PETERS et al. 2021), welcher für Winter- und Sommer-Bonituren von Eschen angepasst worden ist, sowie Pathogenitätstests *ex situ*. Sowohl die Pathogen-Toleranz als auch das Geschlecht (Blüten- oder Fruchtbehang) der einzelnen Plusbäume kann anhand von zu verschiedenen Zeitpunkten wiederholten Bonituren *in situ* ermittelt werden. Einmalige Bonituren reichen i.d.R. nicht aus, da sowohl die Vitalität als auch die Blüte bzw. Fruktifikation der Individuen zwischen den Jahren variieren kann. Der vorliegende Poster-Beitrag informiert über die Ergebnisse einer Sommer- und einer Winterbonitur an den sächsischen FraxGen-Plusbäumen im Vergleich. Die Winterbonitur wurde erst zur Blütezeit 2024 durchgeführt. Anhand der Einschätzung des Samen-Behangs 2023 und der Blüte 2024 konnte für einen Teil der Plusbäume erfolgreich das Geschlecht bestimmt werden.

Quelle:

PETERS S, LANGER G, KÄTZEL R (2021): Bonitur geschädigter Eschen im Kontext des Eschentriebsterbens. AFZ-DerWald, 76. (12): 28-31

Biotischer Stress

Mittwoch, 11. Sept. 2024

15:15-16:45 Uhr

(4 Vorträge, 2 Poster)

Vorträge

MADER M, SCHRÖDER H, NOSENKO T, SCHNITZLER J-P, ORGEL F, KERSTEN B: Genexpressionsanalysen zur Untersuchung von Herbivorie-induziertem Stress in Eichen

SZUKALA A, UNGER G, TRUJILLO-MOYA C, KIRISITS T, GEBUREK T, KONRAD H: Ash in Distress: results from a large experimental field trial on ash dieback in Austria

BUBNER B, KRAUTWURST M, PAST F, MÜLLER N: Jungeschen-Bonitur auf Eschentriebsterben und QTL-Analysen in der Nachkommenschaftsprüfung Schulzendorf

RAMIRES M, NETHERER S, SCHEBECK M, HUMMEL K, SCHLOSSER S, RAZZAZI-FAZELI E, ERTL R, AHMAD M, ESPINOSA-RUIZ A, CARRERA E, MARTÍNEZ-GODOY MÁ, BAÑOS J, CABALLERO T, LEDERMANN T, VAN LOO M, TRUJILLO-MOYA C: Molekulardynamik der Fichte in Reaktion auf Borkenkäferbefall

Poster

LIEDEL K, MORGENSTERN K, LODE CM, SCHULDT B: SeedProtect: Entwicklung von Schnelltests zur Erkennung phytopathogener Pilze in der forstlichen Pflanzenzucht

EISOLD A-ME, BANDTE M, VON BARGEN S, BÜTTNER C, BUBNER B: Risiken für Wald und Forst durch phytopathogene Viren

Genexpressionsanalysen zur Untersuchung von Herbivorie-induziertem Stress in Eichen.

MALTE MADER¹, HILKE SCHRÖDER¹, TETYANA NOSENKO², JÖRG-PETER SCHNITZLER², FRANZISKA ORGEL¹, BIRGIT KERSTEN¹

¹Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf, malte.mader@thuenen.de

²Helmholtz Zentrum München GmbH (HMGU), Institute of Biochemical Plant Pathology, Ingolstädter Landstraße 1, 85764 Neuherberg

Die Stieleiche (*Quercus robur*) zeigt - insbesondere aufgrund ihrer Temperatur- und Trockentoleranz - ein vergleichsweise hohes Anpassungsvermögen an Umweltveränderungen und ist damit ein Hoffnungsträger in Zeiten verstärkten Klimawandels. Ziel des Projekts „Survivor-Oaks“ ist es, für den Wald der Zukunft Klima-angepasste Stieleichen zur Verfügung zu stellen, die eine erhöhte Toleranz gegen Klimawandel-relevante biotische und abiotische Stressoren (Herbivorie-, Pilz- und Trockentoleranz) besitzen. Als Teil dieses Projekts präsentieren wir Ergebnisse, die die Transkriptom-Antworten von Eichen gegenüber dem Befall mit zwei Insekten vergleichen: einem Spezialisten (*Tortrix viridana*) und einem Generalisten (*Lymantria dispar*), um Rückschlüsse auf eine generelle Herbivorie-Toleranz bei Stieleichen ziehen zu können.

In früheren Projekten sind Eichen als tolerant oder anfällig gegenüber *Tortrix viridana* klassifiziert worden, basierend auf dem Entlaubungsgrad nach Befall. Getrennte Fraßexperimente mit den genannten Insekten wurden an toleranten und anfälligen Eichen-Klonen durchgeführt. Extrahierte RNA der zwei separaten Gruppen wurden mit Hochdurchsatz-Verfahren (RNASeq) sequenziert. Die bioinformatischen Auswertungen der Daten umfassten das Mapping gegen ein neues Chromosomen-Level Referenzgenom von *Quercus robur* (entstanden im Darwin Tree Of Life-Projekt), differentielle Genexpressionsanalysen und funktionelle Analysen durch Gene Set Enrichment Analysen auf Gen-Ontologien. Die Stressantworten auf *Lymantria dispar* und *Tortrix viridana* zeigen ähnliche funktionale Muster, basierend auf angereicherten Gen-Ontologie-Termen (z.B. Terme in Bezug auf Terpen-Synthasen oder der Regulierung des Jasmonatstoffwechsels). Erste Hinweise deuten jedoch darauf hin, dass diese funktionalen Muster zwischen den beiden Gruppen unterschiedlich stark ausgeprägt sind.

Ash in Distress: results from a large experimental field trial on ash dieback in Austria

AGLAIA SZUKALA, GREGOR UNGER, CARLOS TRUJILLO-MOYA, THOMAS KIRISITS, THOMAS GEBUREK, HEINO KONRAD

Bundesforschungs- und Ausbildungszentrum für Wald, Naturgefahren und Landschaft (BFW), Seckendorff-Gudent-Weg 8, 1131 Wien, Österreich, aglaia.szukala@bfw.gv.at

Common ash (*Fraxinus excelsior*) is a highly valuable broadleaved species, whose survival is threatened by the alien invasive ash dieback pathogen *Hymenoscyphus fraxineus*. Studies provided evidence that ash dieback tolerance has a polygenic basis and identified tolerance-associated genetic loci (STOCKS et al. 2019). Here, we report on one of the largest extant field trials aiming at the identification and characterization of ash dieback tolerant genotypes, while encompassing the genetic diversity of common ash in Austria. The overall goal of the project “Ash in Distress” is the selection of highly disease-tolerant clones and in consequence the establishment of seed orchards to provide improved reproductive material to forest owners. In detail, seeds from 715 disease-tolerant female trees were collected in 2015 and 2017 giving rise to more than 35,000 offspring which were raised in a common garden. Disease incidence and severity was evaluated for consecutive three years for all seedlings. Eventually approximately 20% of the offspring evaluated remained disease free, providing a broad base for further selection. We observed that susceptibility in juveniles can strongly increase during the first three years following germination, whereas trees showing no disease symptoms towards the end of the third vegetation period are likely to remain symptomless or become only slightly damaged over the following years. Genotype-tolerance association analyses of over 1,000 individual trees including one susceptible and one putative tolerant progeny from tolerant mothers using the 4TREE array (Guilbaud et al., *in prep*) targeting 13,407 single-nucleotide polymorphisms (SNPs) were performed. Our genotype-tolerance association analyses overall failed to detect candidate loci that could be used for future genotype-informed breeding. Nevertheless, the array proves powerful to study genetic structure and detect introgression from the closely related species, as well as explore associations with environmental variables and other traits of interest.

Quelle:

STOCKS JJ, METHERINGHAM CL, PLUMB WJ, LEE SJ, KELLY LJ, NICHOLS RA, BUGGS RJA (2019): Genomic basis of European ash tree resistance to ash dieback fungus. *Nature ecology & evolution* 3 (12): 1686-1696

Jungeschen-Bonitur auf Eschentriebsterben und QTL-Analysen in der Nachkommenschaftsprüfung Schulzendorf

BEN BUBNER¹, MELINA KRAUTWURST², FRANZISKA PAST¹, NIELS MÜLLER²

¹Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, 15377 Waldsieversdorf, ben.bubner@thuenen.de

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

Die Esche (*Fraxinus excelsior*) ist in Europa stark von dem durch den Pilz *Hymenoscyphus fraxineus* ausgelösten Eschentriebsterben betroffen. Das Merkmal der Widerstandsfähigkeit gegen diese Krankheit hat eine erbliche Komponente, so dass Züchtungs- und Selektionsprogramme auf dieses Merkmal prinzipiell möglich sind. Für ein besseres Verständnis der erblichen Komponente soll die genetische Architektur des Merkmals Widerstandsfähigkeit bestimmt werden, wofür genomische Analysen von Nachkommenschaften verwendet wurden.

Im Jahr 2021 wurde bei Schulzendorf, Brandenburg, eine Nachkommenschaftsprüfung mit je 960 Pflanzen von vier Mutterbäumen der Esche angelegt. Die 4 Mutterbäume stehen in Mecklenburg-Vorpommern und haben bei Bonituren im Feld eine erhöhte Widerstandsfähigkeit gegenüber dem Eschentriebsterben gezeigt. Da diese vier Bäume zum Zeitpunkt der Samenernte im Jahr 2018 hauptsächlich von durch Eschentriebsterben betroffenen Eschen umgeben waren, ist davon auszugehen, dass die Bestäubung durch Pollen von anfälligen Eschen erfolgte. In Nachkommen von Kreuzungen von anfälligen und widerstandsfähigen Eschen ist zu erwarten, dass das Merkmal Widerstandsfähigkeit stark variiert. Deshalb wurde in mittlerweile 3 Winterbonituren die Vitalität der jungen Eschen nach den Vegetationsperioden 2021, 2022, 2023 bestimmt. Das dafür verwendete Bonitursystem ist dreistufig. Da es von dem üblicherweise verwendeten Bonitursystem für Altbäume stark abweicht, soll es in diesem Beitrag näher vorgestellt werden.

Die Bonitur der Widerstandsfähigkeit ist die Grundlage für eine QTL (Quantitative Trait Locus)-Analyse. Diese Analyse wird üblicherweise an Nachkommen gezielter Kreuzungen (Vollgeschwister) durchgeführt. Da die vier Nachkommenschaften Halbgeschwister sind, wurden mit einer Kombination aus Mikrosatelliten-basierter Elternchaftsanalyse und Genomweiter SNP-Analyse (Illumina-Genom-Resequenzierung) die Nachkommen bestimmt, die denselben Vater haben. Unter den rund 4000 Pflanzen konnten 5 größere Vollgeschwisterfamilien mit 90 bis 212 Mitgliedern extrahiert werden. Mit den Daten aus der Illumina-Sequenzierung wurde eine genetische Karte erstellt, deren 23 Kopplungsgruppen den 23 Chromosomen der Esche entsprechen. Als Ergebnis der QTL-Analyse der Vollgeschwister konnte mit Kopplungsgruppe 8 bereits eine Region des Genoms bestimmt werden, die eine Assoziation zwischen dem Genotyp und dem Phänotyp Widerstandsfähigkeit für aufweist. Weitere Analysen sind notwendig um diesen Befund zu erhärten. Mit fortschreitendem Krankheitsverlauf können in den nächsten Jahren mögliche weitere Assoziationen für besondere Widerstandsfähigkeit identifiziert werden und damit zu einem besseren Verständnis der genetischen Grundlagen beitragen.

Molekulardynamik der Fichte in Reaktion auf Borkenkäferbefall

MARCELO RAMIRES¹, SIGRID NETHERER², MARTIN SCHEBECK², KARIN HUMMEL³, SARAH SCHLOSSER³, EBRAHIM RAZZAZI-FAZELI³, REINHARD ERTL³, MUHAMMAD AHMAD¹, ANA ESPINOSA-RUIZ⁴, ESTHER CARRERA⁴, MARIA ÁNGELES MARTÍNEZ-GODOY⁴, JORGE BAÑOS⁴, TERESA CABALLERO, THOMAS LEDERMANN¹, MARCELA VAN LOO¹, CARLOS TRUJILLO-MOYA¹

¹ Bundesforschungszentrum Wald BFW - Fachinstitut Waldwachstum, Waldbau & Genetik, Seckendorff-Gudent-Weg 8, 1131 Wien, Österreich, marcelo.ramires@bfw.gv.at

² BOKU Universität, Institut für Forstentomologie, Forstpathologie und Forstschutz (IFFF), Peter-Jordan Straße 82/I, 1190 Wien, Österreich

³ Veterinärmedizinische Universität, VetCore Facility for Research, Veterinärplatz 1, 1210 Wien, Österreich

⁴ Institute for Plant Molecular and Cell Biology (IBMCP), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) - Universidad Politécnica de Valencia (UPV), Calle Ingeniero Fausto Elio, s/n, 46022 Valencia, Spanien

Im Kontext zunehmender Herausforderungen im Klimawandel, ist ein detailliertes Wissen über die Abwehrmechanismen unserer Wälder gegen Schädlinge wichtiger denn je. In dieser Studie untersuchten wir die molekularen Abwehrmechanismen erwachsener Fichten (*Picea abies* (L.) H. Karst) während des Befalls durch Borkenkäfer (*Ips typographus* (L.)). Für unser Experiment wurden an 40 klonalen Bäumen jeweils 6 Plastikkapseln angeheftet (bei 20 Bäumen wurde darin jeweils ein Borkenkäfer angesetzt, 20 waren negative Kontrollbäume). Proben des Kambiums wurden an den Tagen 2, 3, 5 und 7 nach der Inokulation gesammelt.

Zunächst wurde eine RT-qPCR-Analyse von 22 stressbezogenen Genen durchgeführt, welche aufzeigte, dass Genexpressionsänderungen als Reaktion auf den Borkenkäferangriff lokal am Inokulationspunkt auftraten. Eine eingehende molekulare Analyse ergab einen signifikanten Anstieg von Jasmonsäure, eines Schlüsselhormons in der biotischen Stressantwort. Die anschließende Analyse der differentiellen Genexpression (RNA-Seq), offenbarte bis zu 1900 differentiell exprimierte Gene über alle Zeitpunkte hinweg. Tiefergehende Analysen brachten die Aktivierung mehrerer Verteidigungspfade zum Vorschein, was auf eine robuste molekulare Antwort auf den Käferangriff hinweist. Die Analyse der pflanzlichen Sekundärmetaboliten zeigte einen Anstieg spezifischer phenolischer Verbindungen wie Flavonoide und Diterpenoide, sowie einen signifikanten Anstieg flüchtiger Verbindungen, insbesondere Monoterpene und Sesquiterpene, was das chemische Arsenal der Bäume gegen den Angriff unterstreicht. Unsere Untersuchungen erstreckten sich auch auf das Proteom, wo die quantitative LC-MS-Analyse einen Anstieg verteidigungsbezogener Proteine nach Käferexposition zeigte, was bisherige genetischen und metabolomische Erkenntnisse bestätigt. Diese Studie erforscht die komplexe Abwehrreaktion der Fichtenbäume experimentell und bringt uns der Identifizierung wichtiger molekularer Pfade und Marker näher. Mit unseren Erkenntnissen wollen wir den Weg für die Entwicklung gezielter Züchtungsprogramme ebnen, welche die Resilienz der Wälder gegen Schädlingsangriffe verbessern könnte und damit zu nachhaltigeren Bewirtschaftungs- und Erhaltungsstrategien beitragen.

SeedProtect: Entwicklung von Schnelltests zur Erkennung phytopathogener Pilze in der forstlichen Pflanzenzucht

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

Technische Universität Dresden/Fakultät Umweltwissenschaften/Institut für Forstbotanik und Forstzoologie,
Pienner Straße 7, 01737 Tharandt, Katja.Liedel@tu-dresden.de

Schäden und Ausfälle im Baumbestand durch die pflanzenschädigende Wirkung diverser Pilzarten stellen ein ernstzunehmendes Problem in der Forstwirtschaft dar. Insbesondere neue, invasive Arten gewinnen in Folge von Klimawandel und Globalisierung zunehmend an Bedeutung. Das Erkennen und Identifizieren dieser Pilze ist daher eine wesentliche Voraussetzung, um die Ausbreitung der Krankheitserreger zu reduzieren und Pflanzenschutzmaßnahmen effektiv umzusetzen.

Von besonderem Interesse ist dabei der frühzeitige Nachweis in Saatguterntebeständen und Jungpflanzen. Für diesen Zweck werden effiziente und praxistaugliche Diagnoseverfahren benötigt.

Ziel unseres hier vorgestellten Forschungsvorhabens „SeedProtect“ ist daher die Entwicklung eines DNA-basierten Schnelltests zum Nachweis pathogener Pilzarten. Die dafür ausgewählte Analyseverfahren ist das Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP)-Verfahren, das sich im Vergleich zu den bisherigen Standardverfahren zur Identifizierung pathogener Pilzarten in forstlichem Saat- und Pflanzgut (z.B. Kultivierung, PCR-basierte Verfahren) durch seine hohe Sensitivität, einen geringen Kostenaufwand und eine einfache Durchführbarkeit auszeichnet. In diesem Projekt werden die Kiefern-Pathogene *Lophodermium seeditiosum* (Kiefernscütte), *Diplodia sapinea* (Diplodia-Triebsterben der Kiefer) und *Fusarium circinatum* (Pechkrebs der Kiefer) einbezogen und die für diese Pilze etablierten LAMP-Testverfahren präsentiert. Die genannten Schaderreger wurden aufgrund der forstwirtschaftlichen Bedeutung der Wirtspflanze, dem aktuellen Schadpotenzial der Pilze sowie der erwarteten zunehmenden Beeinträchtigung der Wirtsbaumart durch die ausgewählten Pathogene aufgrund klimatischer Veränderungen ausgewählt.

Darüber hinaus werden die Ergebnisse einer Untersuchung zur Verbreitung dieser Pathogene in deutschen Saatguterntebeständen vorgestellt, womit das Risiko einer Übertragung über Saatgut bewertet werden kann. Dabei werden die neu etablierten LAMP-Tests mit bereits etablierten Testverfahren verglichen und hinsichtlich ihrer Praktikabilität evaluiert.

Risiken für Wald und Forst durch phytopathogene Viren

ANNE-MAREEN E. EISOLD¹, MARTINA BANDTE², SUSANNE VON BARGEN², CARMEN BÜTTNER², BEN BUBNER¹

¹Thünen Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, 15377 Waldsiedersdorf, fg-ws@thuenen.de

²Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

Aktuelle Untersuchungen zur Verbreitung von Viren in Forst- und naturnahen Beständen zeigen, dass Viren als Pathogene in Gehölzen verbreitet sind und bei der phytosanitären Einschätzung der Bestände als ein determinierender Faktor mit einbezogen werden müssen (BÜTTNER et al. 2022).

Ahorn (*Acer* sp.), Hainbuche (*Carpinus betulus*), Rotbuche (*Fagus sylvatica*), Eiche (*Quercus* sp.) und Ulme (*Ulmus* sp.) zählen derzeit zu den wichtigsten Laubbaumarten bzw. Baumarten mit hohem Zukunftspotential in der Forstwirtschaft wie auch im urbanen Grün angesichts des Klimawandels (DE AVILA et al. 2021). Für diese und die ökologisch interessante, weil gefährdete Art Wildapfel (*Malus sylvestris*) sind derzeit 14 pathogene Viren bekannt. Diese können an der Wirtspflanze typische Symptome wie beispielsweise Chlorosen, Nekrosen, Ringflecken und Linienmuster verursachen. Dies führt langfristig, v. a. im Zusammenspiel mit anderen Schadorganismen und -faktoren, zum Absterben der Gehölze und verursacht ökonomisch relevante Schäden.

Für Rotbuche, Stiel-Eiche, Berg-Ahorn und Flatterulme wurden Virusinfektionen in deutschen Beständen, für Wildapfel und Hainbuche in tschechischen Beständen dokumentiert. Die Ausbreitung von Viren ist über verschiedene Übertragungswege, bspw. über Pollen, Samen oder auch saugende Insekten, möglich. Angesichts der bereits nachgewiesenen Virusvorkommen ist somit davon auszugehen, dass Bäume auf sensiblen forstlichen Versuchsflächen bzw. an natürlichen Standorten über kurz oder lang von Viren infiziert werden. Derzeit liegen noch keine fundierten Daten zum Infektionsgeschehen der genannten Arten auf (Versuchs-)Flächen vor, ebenso wenig wie für natürliche Bestände.

Virale Pathogene beeinflussen die Vitalität der Bäume in Wald und Forst maßgeblich, so dass von ihnen eine ernste Gefahr für den Bestand der Genressourcen ausgeht (VAINIO et al. 2024). Es besteht die dringende Notwendigkeit, das Vorkommen phytopathogener Viren in sensiblen forstlichen Versuchsflächen wie auch in natürlichen Beständen gezielt zu evaluieren, um damit eine gesicherte Datenbasis zu Virusauftreten und -verbreitung zu schaffen.

Quellen:

- DE AVILA AL, HÄRING B, RHEINBAY B, BRÜCHERT F, HIRSCH M, ALBRECHT A (2021): Alternative Baumarten im Klimawandel - Eine Stoffsammlung. Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (FVA).
- BÜTTNER C, LANDGRAF M, FERNANDEZ H, VON BARGEN S, BANDTE M (2023): Virus diseases of forest and urban trees. Forest Microbiology, Volume 3, Fred Asiegbu and Andriy Kovalchuk (eds), Elsevier Verlag, 61-97. <https://doi.org/10.1016/B978-0-443-18694-3.00011-0>
- VAINIO EJ, RUMBOU A, DIEZ JJ, BÜTTNER C (2024): Forest tree virome as a source of tree diseases and biological control agents. Current Forestry Reports 10: 153–174

Alternativbaumarten

Mittwoch, 11. Sept. 2024

17:10-18:00 Uhr

(2 Vorträge, 2 Poster)

Vorträge

BÄUCKER C, LIESEBACH M, LIESEBACH H: Empfehlungen für forstlich geeignetes Vermehrungsgut der insektenbestäubten Baumart Spitz-Ahorn auf Basis genetischer Saatgutanalysen

WEISSENBACHER L: „Form und Eleganz treffen auf Wuchsfreudigkeit“, wenn es nur immer so einfach wäre. Österreichische Vogelkirschen Herkunftsversuchsserie 2008/09, erste Ergebnisse

Poster

ŠEHO M, FUSSI B, SEMIZER-CUMING D, KAVALIAUSKAS D: Anbau von Alternativbaumarten im Klimawandel am Beispiel der Atlaszeder

EISOLD A-ME, KARFIK V, BÄUCKER C, LIESEBACH H, SCHNECK V: Das Projekt WERTHOLZ - eine (Erfolgs-)Geschichte in der Forstpflanzenzüchtung

Empfehlungen für forstlich geeignetes Vermehrungsgut der insektenbestäubten Baumart Spitz-Ahorn auf Basis genetischer Saatgutanalysen

CORNELIA BÄUCKER¹, MIRKO LIESEBACH², HEIKE LIESEBACH²

¹Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3A, 15377 Waldsiedersdorf,
cornelia.baeucker@thuenen.de

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

Der Spitz-Ahorn (*Acer platanoides* L.) wurde als eine für Deutschland relevante und zukunftssträchtige Baumart im Klimawandel herausgestellt. Aus diesem Grund wird forstliches Vermehrungsgut von dieser insektenbestäubten Baumart stärker nachgefragt, was vor allem in Jahren schlechter Fruktifikation zu einem Saatgutmangel beim Spitz-Ahorn führt. Da der Spitz-Ahorn in der Vergangenheit nur eine untergeordnete Rolle in der deutschen Forstwirtschaft spielte, existieren momentan nur wenige Samenplantagen. Zudem fehlt es an Herkunftsversuchen mit dieser Baumart und an Wissen über den Genfluss in Populationen. Mit dem Ziel, einen deutschlandweiten Herkunftsversuch anzulegen und populationsgenetische Untersuchungen anhand von Saatguternten aus dem In- und Ausland durchzuführen, startete im Jahr 2020 am Thünen-Institut für Forstgenetik das Projekt „SpitzAhorn“ (Projekträger FNR, Fkz.: 22040618).

Im Beitrag werden Ergebnisse aus dem populationsgenetischen Arbeitspaket des Projekts vorgestellt. Dabei werden Saatguternten aus Samenplantagen der Kategorie „Qualifiziert“ und aus Erntebeständen der Kategorien „Ausgewählt“ und „Quellengesichert“ näher betrachtet. Als wichtige Aspekte werden die Parameter effektive Populationsgröße und der Selbstungsanteil im Saatgut vergleichend für die verschiedenen Kategorien dargestellt. Weiterhin wird berichtet, inwieweit sich gartenbaulich verwendete Spitzahorn-Sorten in natürliche Populationen einkreuzen. So zeigen die im Projekt durchgeführten genetischen Analysen an ausländischen Saatgutlieferungen der Kategorie „Quellengesichert“ deutliche Hinweise auf die Einkreuzung von Spitzahorn-Sorten und äußerst unausgewogene Anteile der Erntebäume mit zum Teil sehr hohen Selbstungsraten im Saatgut. Kommerzielles Saatgut der Kategorie „Quellengesichert“ sollte daher keine Option für die forstliche Praxis in Deutschland – auch nicht in Zeiten von Saatgutmangel – darstellen. Für den Waldumbau in Deutschland wird Saatgut aus großen Samenplantagen der Kategorie „Qualifiziert“ und bestimmten Saatguterntebeständen der Kategorie „Ausgewählt“ vorgeschlagen. Des Weiteren werden Empfehlungen für eine nachhaltige Saatguternte gegeben.

**„Form und Eleganz treffen auf Wuchsfreudigkeit“, wenn es nur immer so einfach wäre.
Österreichische Vogelkirschen Herkunftsversuchsserie 2008/09, erste Ergebnisse**

LAMBERT WEISSENBACHER

Bundesforschungszentrum für Wald, Naturgefahren und Landschaft, Seckendorff-Gudent-Weg 8, 1131 Wien, Österreich, lambert.weissenbacher@bfw.gv.at

Die Vogelkirsche (*Prunus avium*) stößt aufgrund ihres raschen Wachstums und der bei guter Qualität erzielbaren hohen Erlöse auf zunehmendes Interesse der Waldbesitzer. Damit wertvolle Stämme kein Zufallsprodukt bleiben, erfordert die Vogelkirsche neben einer intensiven Pflege die Verwendung von hochwertigem Vermehrungsgut. Nur genetisches Spitzenmaterial führt langfristig zum gewünschten Erfolg.

Vor diesem Hintergrund und der Tatsache, dass wenig über die Qualität, aber auch die Anbaueignung der heimischen Vogelkirschen Herkünfte bekannt war, hat sich das Bundesforschungszentrum für Wald (BFW) im Jahr 2007 entschlossen, eine Versuchsserie, bestehend aus fünf Einzelversuchen, verteilt auf vier Bundesländer, zu etablieren und wissenschaftlich zu begleiten. Für das Monitoring ist ein Zeitraum von 20 Jahren vorgesehen.

Getestet wird Material aus heimischen Beständen und Plantagennachkommenschaften sowie höherwertiges und häufig nach Österreich verfrachtetes Material aus Deutschland (Plantage Liliental, „silvaSELECT Echerode I“) sowie eine handelsübliche Vogelkirschen Herkunft aus Ungarn. Zwei der fünf Versuchsflächen entwickelten sich sehr positiv, zwei Flächen entwickelten sich gegenläufig, eine Fläche liegt im Plan. Die Vogelkirschen sind derzeit 15 Jahre alt und haben drei Vollerhebungen (Alter 5, 10 und 15 Jahre) durchlaufen.

Der Untersuchungszeitraum ist noch nicht ausreichend, um belastbare Empfehlungen auszusprechen. Dennoch lassen sich deutliche Trends erkennen und Entwicklungen ableiten: So zeigt sich, dass die einzige im Versuch genetisch geprüfte und als geprüftes Vermehrungsgut zugelassene Klonsorte (silvaSELECT) sich insgesamt sehr positiv entwickelt und zu den Gewinnern dieser Versuchsserie zählt. Das geprüfte Pflanzgut (Kategorie „qualifiziert“) variiert in seinen Leistungen sehr stark. Eine bemerkenswerte Entwicklung nahmen die Plantagennachkommenschaften Liliental/DE und Mayr-Melnhof/AT. Konstant auf hohem Niveau zeigt sich die lokale Bestandes Herkunft Sommerein/AT aus dem Burgenland, Kategorie „ausgewählt“.

Beim Anbau mit Vogelkirsche ist trotz aller genetischen Höherwertigkeit des Ausgangsmaterials der Erfolg nicht garantiert. Wertvolle Sortimente können nur durch ein aufwendiges waldbauliches Begleitprogramm (dauerhafte Beschattung der wertvollen Stammabschnitte) und aktive Eingriffe (Erziehungsschnitt, Wertastung) in der Jugendphase erzielt werden.

Anbau von Alternativbaumarten im Klimawandel am Beispiel der Atlaszeder

MUHIDIN ŠEHO¹, BARBARA FUSSI¹, DEVRIM SEMIZER-CUMMING¹, DARIUS KAVALIAUSKAS^{2,3}

¹ Bavarian Office for Forest Genetics, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, Germany,
muhidin.seho@awg.bayern.de

² Vytautas Magnus University Agriculture Academy, Studentų str. 11, 53361 Akademija, Kauno distr. Lithuania

³ Lithuanian Research Centre for Agriculture and Forestry, Institute of Forestry, Liepų St. 1, Girionys, 53101
Kaunas distr., Lithuania

Die Auswirkungen des Klimawandels werden immer sichtbarer und betreffen ganze Ökosysteme sowie deren Leistungen. Nach den immer häufiger auftretenden Trockenjahren und einer invasionsartigen Ausbreitung von Schadorganismen steigt das Interesse an trockenheitstoleranten Alternativbaumarten seitens der Forstpraxis. Im Rahmen des CorCed Projektes wurden Atlas- und Libanonzeder als mögliche Ersatzbaumarten erforscht. Beide Zedernarten werden wegen ihrer hohen Klimatoleranz (Trockenheits- und Frosttoleranz) zunehmend als mögliche Alternativbaumarten in Bayern und Deutschland diskutiert. Sie sollen zur Stabilisierung von labilen Fichten- und Kiefernbeständen beitragen und damit langfristig Engpässe bei der Nadelstammholzversorgung vermeiden. Zukünftig sollte bewertet werden, ob die beiden Baumarten ökologisch und ökonomisch in unsere Wälder integriert werden können. Da bisher kaum Anbauerfahrungen in Bayern vorliegen, werden sie nun im Rahmen von Herkunfts- und Praxisanbauversuchen ausprobiert. Besonderes Augenmerk wird auf die Herkunft des Vermehrungsgutes gerichtet, da diese für die Anpassungsfähigkeit und den erfolgreichen Anbau eine entscheidende Rolle spielt. Wie bei heimischen Baumarten sollten vor der Einbringung die Eignung von Saatguterntebeständen bewertet werden. Neben der Bewertung des Phänotyps (Erscheinungsbild), ist es wichtig die genetische Vielfaltparameter sowie die räumlich genetische Differenzierung der Populationen zu ermitteln. Die verwendeten 15 Kernmikrosatellitengenorte haben bei beiden Zedernarten leicht auszuwertende Fragmentmuster erzeugt. Durch die Längenunterschiede konnten die beiden Zedernarten eindeutig voneinander getrennt werden. Für die Untersuchung der Artunterscheidung wurden 24 Populationen analysiert. Die beobachtete genetische Differenzierung zwischen den beiden Zedernarten war stark und signifikant. Innerhalb der Atlaszedern zeigte die Bayes'sche Clustering-Methode ebenfalls eindeutige unterscheidbare geographische Muster. So lassen sich bei der Atlaszeder Populationen aus Marokko und Frankreich (Sekundärbestände algerischen Ursprungs) eindeutig trennen.

Alle 11 untersuchten Populationen der Atlaszeder zeigten eine mittlere genetische Vielfalt. Anhand der vorliegenden Ergebnisse können Saatguternte- und Erhaltungsbestände für die Atlaszeder vorgeschlagen werden. Auf der Grundlage der Bestandesbeschreibungen und der genetischen Analysen können seit 2020 geeignete Bestände im Rahmen von Praxisanbauversuchen gem. Leitlinien "Baumarten für den Klimawald" angebaut werden. Bis Juni 2023 konnten auf 65 Teilflächen im Bayerischen Privat- und Körperschaftswald 7,2 ha Atlaszeder etabliert werden. In dem genannten Zeitraum betrug die durchschnittlichen Überlebensraten 80%. Des Weiteren konnten im bayerischen Staatswald ca. 5 ha Atlaszeder erfolgreiche etabliert werden. Neben den Herkunftsversuchen bilden die Praxisanbauversuche eine wichtige Grundlage für die Bewertung der Anbauwürdigkeit und Anbaufähigkeit von möglichen Alternativbaumarten.

Das Projekt WERTHOLZ - eine (Erfolgs-)Geschichte in der Forstpflanzenzüchtung

ANNE-MAREEN E. EISOLD¹, VITALINA KARFIK², CORNELIA BÄUCKER¹, HEIKE LIESEBACH³, VOLKER SCHNECK¹

¹Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, 15377 Waldsiedersdorf, a.eisold@thuenen.de

²Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abt. Waldgenressourcen, Prof.-Oelkers-Straße 6, 34346 Hann. Münden

³Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstr. 2, 22927 Großhansdorf

Holz mit einzigartigen Maserungseigenschaften, wie beispielsweise der Riegelung, ist aufgrund der optischen wie auch physikalischen Eigenschaften besonders geschätzt. Stämme von Berg-Ahorn und anderen Baumarten, die diese besondere Holzstruktur aufweisen, erzielen bei Holzsubmissionen regelmäßig Spitzenpreise.

Im Rahmen des Verbundprojektes Wertholz (gefördert über die FNR, Fkz.: 2221NR009C) wird nach den bislang noch unbekannt Ursachen der Riegelung gesucht. Dafür stehen an der NW-FVA Versuchsflächen mit Berg-Ahorn zur Verfügung, auf denen vor mehr als 30 Jahren Nachkommenschaften von teilweise geriegelten Eltern gepflanzt wurden. Mittels Mikrovermehrung werden Klone dieser geriegelten Spenderbäume wie auch weiterer Standorte in der Gewebekultur etabliert, propagiert und schließlich zum Zweck der Klonprüfung ausgepflanzt. Zusätzlich werden die Klone mittels molekularer Marker genotypisiert und das Erscheinungsbild des Holzes charakterisiert, um die potentielle Vererbbarkeit der Riegelung nachzuweisen. Voraussetzung für diese Arbeiten sind die langjährigen Züchtungsbemühungen, die eine generationenübergreifende Erforschung geriegelter Berg-Ahorne ermöglichen, was die grundlegende Bedeutung langfristiger Versuchsflächen für Forstwirtschaft und -wissenschaft verdeutlicht.

Forstliches Vermehrungsgut

Donnerstag, 12. Sept. 2024

8:30-10:00 Uhr

(4 Vorträge, 1 Poster)

Vorträge

LIESEBACH H, BÄUCKER C, PAKULL B, LIEPE KJ, MITTELBERG H, EUSEMANN P: Gewinnung von hochwertigem forstlichen Vermehrungsgut – Schlussfolgerungen aus Analysen zum artspezifisches Reproduktionsverhalten

HAMBERGER J, ŠEHO M: Das Bayerische Samenplantagenprogramm

TRILLER L, QUEGWER J, POPP A, TRÖBER U, MEYER M: Herausforderungen für das sächsische Samenplantagenprogramm im Hinblick auf die Saatgutverfügbarkeit für die zukünftige Waldzusammensetzung

LIESEBACH M: Eine EU-Verordnung für forstliches Vermehrungsgut?

Poster

ZÜF-TEAM, SCHMID R: Herkunftskontrolle am Beispiel des Spitzahorns – eine Spurensuche

Gewinnung von hochwertigem forstlichen Vermehrungsgut – Schlussfolgerungen aus Analysen zum artspezifischen Reproduktionsverhalten

HEIKE LIESEBACH¹, CORNELIA BÄUCKER², BIRTE PAKULL¹, KATHARINA LIEPE¹, HANNAH MITTELBERG¹, PASCAL EUSEMANN¹

¹Thünen Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf, heike.liesebach@thuenen.de

²Thünen Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, 15377 Waldsiedersdorf

Überall dort, wo Naturverjüngung im Wald schwer möglich, nicht ausreichend oder unerwünscht ist, wird genetisch hochwertiges forstliches Vermehrungsgut benötigt. Dieses Vermehrungsgut geht vornehmlich auf Saatguterntebestände oder Samenplantagen zurück. Die bestehenden Kriterien für die Zulassung von Saatguterntebeständen basieren überwiegend auf der Begutachtung phänotypischer Merkmale (Wuchsleistung, Qualität, Gesundheit) und sind derzeit nicht ersetzbar. Die Erfüllung der vorgeschriebenen Mindestanforderungen einschließlich der minimalen Bestandesgrößen führt jedoch nicht automatisch zu qualitativ hochwertigem Vermehrungsgut, das gleichzeitig genetisch hinreichend divers ist. Die Anforderungen für die Zulassung und Ernte sollen daher erweitert werden und Erkenntnisse aus der Populationsgenetik einbeziehen. In zahlreichen Forschungsprojekten der letzten Jahre und Jahrzehnte wurden die Reproduktionsprozesse in Beständen und Samenplantagen vieler Baumarten untersucht. Dazu gehören sowohl bestandesbildende und windbestäubte als auch seltenere oder insektenbestäubte Baumarten. In den meisten Fällen wurden sowohl die Elterngeneration als auch die Nachkommen mit neutralen Markern (nuklearen Mikrosatelliten) genetisch analysiert. Sowohl die Größe des Erntebestandes selbst als auch die Anzahl der beernteten Bäume haben einen erheblichen Einfluss darauf, inwieweit die genetische Diversität der Elterngeneration im Saatgut repräsentiert ist. Dabei hat sich die sogenannte effektive Populationsgröße als robustes Maß zur Quantifizierung der genetischen Diversität erwiesen. Es werden konkrete Vorschläge für verschiedene Artengruppen vorgestellt, die das Risiko des Verlustes an Anpassungsfähigkeit minimieren sollen.

Das Bayerische Samenplantagenprogramm

JOACHIM HAMBERGER, MUHIDIN ŠEHO

Bayer. Amt für Waldgenetik, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, joachim.hamberger@awg.bayern.de

Bayerns Wälder sind den schnellen und deutlich spürbaren Auswirkungen des Klimawandels massiv ausgesetzt. Die Bayerische Forstverwaltung hat deshalb großes Interesse, die Verfügbarkeit von qualitativ hochwertigem und herkunftsgesichertem Saatgut klimatoleranter Baumarten zu erhöhen. Es ist geplant den Umfang der Samenplantagen und Saatgutzukunftsbestände in Bayern bis zum Jahr 2030 deutlich anzuheben, um die Saatgutversorgung für alle Waldbesitzarten im Klimawandel sicherzustellen. Das neue bayerische Samenplantagenprogramm sieht eine stärkere Einbindung der BaySF vor, aber auch in besonderen Fällen kommunale und private Waldbesitzer. Die dadurch entstehende enorme Arbeitsbelastung braucht eigene Konzepte. Bestehende Samenplantagen klimatoleranter Baumarten (z.B. Winterlinde, Feldahorn, Elsbeere, Weißtanne) des AWG sollen kopiert, mit weiteren Klonen ergänzt werden und in mehrfacher Ausführung bei verschiedenen Waldbesitzern angelegt werden. Dazu sollten die Samenplantagen genetisch analysiert sein. Die genetischen Vielfaltsparameter von vielen Samenplantagen liegen über den einzelnen Beständen. Erste Ergebnisse zu verschiedenen Baumarten (z.B. Elsbeere, Sommerlinde, Feldahorn usw.) aus Bayern werden präsentiert. Des Weiteren sollen geplante Neuanlagen gleich in doppelter Ausführung (BaySF und Forstverwaltung) angelegt werden. Dadurch kann ein sog. „Doppelter Boden“ für die Sicherung der Plantage gespannt werden sowie die Versorgung mit hochwertigem und herkunftssicherem Vermehrungsgut von allen Waldbesitzarten bereitgestellt werden. In Absprache mit den Kollegen aus anderen Bundesländern, koordiniert durch die BLAG FGR, sollen gemeinsam bundesweit Samenplantagen mit Baumarten begründet werden, die bereit in Projekten bearbeitet wurden und Klonarchive etabliert wurden (z.B. heimische Eichenarten, Douglasie und Kiefer). Daneben ist geplant, Saatgutzukunftsbestände mit besonders hochwertigem und genetisch vielfältigem Vermehrungsgut (z.B. aus geprüften Erntebeständen und Samenplantagen) anzulegen und dadurch die Erntebasis für die Zukunft zu erweitern. Ein Vorteil von diesem Instrument ist, dass das Betriebsrisiko im Verhältnis zum Aufwand geringer ist. Auch eine spätere Holznutzung ist grundsätzlich möglich.

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

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

Staatsbetrieb Sachsenforst, Referat Forstgenetik/ Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Straße 34, 01796 Pirna
OT Graupa, Lina.Triller@smekul.sachsen.de

Die Aufrechterhaltung einer nachhaltigen Forstwirtschaft unter Berücksichtigung aller Waldfunktionen steht vor großen Herausforderungen. Durch den Klimawandel ist zukünftig mit häufiger eintretenden Extremwetterereignissen wie z.B. langanhaltenden Trockenperioden und daraus folgend mit einer Zunahme von Kalamitäten zu rechnen. Sowohl für die Wiederaufforstung als auch für den Waldumbau mit dem Ziel standortgerechter, resilienterer, vielfältiger und produktiver Wälder ergibt sich ein steigender Bedarf an geeignetem und qualitativ hochwertigem Forstvermehrungsgut. Dieser kann vor allem bei heutigen Nebenbaumarten auch künftig nicht aus Staatgutbeständen allein gedeckt werden. Für Hauptbaumarten, v.a. die einheimischen Eichen, wird eine Verringerung der Fläche effektiv beerntbarer Saatgutbestände infolge klimatischer Standortveränderungen und Flächenstilllegungen zu berücksichtigen sein. Deshalb müssen je nach Baumart und Herkunftsgebiet neben Saatgutbeständen auch dringend weitere Vermehrungsgutquellen erschlossen werden.

Samenplantagen sind ein wichtiges Instrument, um den steigenden Bedarf nach hochwertigem und genetisch geeignetem Forstsaatgut zu begegnen. Aus diesem Grund wurde 2023 im Freistaat Sachsen ein befristetes Samenplantagenprogramm begonnen, um den Anteil an forstlichem Saatgut aus Samenplantagen zu erhöhen. Das Projekt umfasst mehrere Schwerpunkte. Zum einen ist die Evaluierung des aktuellen Samenplantagenbestandes und die Klärung aller langfristigen betrieblichen Zuständigkeiten vorgesehen. Diejenigen Samenplantagen, die den Anforderungen im Sinne des Forstvermehrungsgutgesetzes (FoVG) entsprechen, sollen zur Erzeugung von Vermehrungsgut der Kategorien „qualifiziert“ bzw. „geprüft“ zugelassen werden. Zum anderen sollen mindestens sechs neue Samenplantagen angelegt werden. Hierbei liegt der Fokus zuerst auf heimischen Laubbaumarten, welche toleranter gegenüber den vorhergesagten Klimaveränderungen sind.

Mit dem Vortrag wird ein Überblick über den Zustand der derzeit bestehenden Samenplantagen im Freistaat Sachsen gegeben. Zudem werden die Fortschritte zur Etablierung der neuen Samenplantagen für die Baumarten Spitzahorn und Hainbuche vorgestellt. Als zentrale Herausforderung wird hierbei die Plusbaumsuche als Grundlage für die Neuanlage von Samenplantagen herausgearbeitet. Ziel ist es, in den neu angelegten Samenplantagen die genetische Abdeckung der Bestände sowie einen genetischen und züchterischen Gewinn für die jeweilige Baumart bestmöglich zu realisieren. Dafür sind je nach Verbreitung und Häufigkeit der Arten unterschiedliche Wege zu wählen.

Eine EU-Verordnung für forstliches Vermehrungsgut?

MIRKO LIESEBACH

Thünen Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf, mirko.liesebach@thuenen.de

Das Rechtssetzungsverfahren der EU wird kurz angerissen. Es folgt der aktuelle Stand zur EU-Verordnung über forstliches Vermehrungsgut. Abschließend werden Auswirkungen auf Waldbesitzer, Unternehmen und Behörden aufgezeigt.

Herkunftskontrolle am Beispiel des Spitzahorns – eine Spurensuche

ZÜF-TEAM¹, RAINER SCHMID²

¹Zertifizierungsring für überprüfbare Forstliche Herkunft (ZüF) e.V., Aspachstr. 8a, 89290 Buch, eva.cremer@zuef.net

² Regierungspräsidium Freiburg - Abt. 8 Forstdirektion, Schönbuchstraße 4, 72074 Tübingen

Der Spitzahorn gehört zu den seltenen heimischen Baumarten, die als trockentolerant gelten. Er zeigt eine gute Anpassung an mäßig frische bis sehr trockene Standorte (ROLOFF und GRUNDMANN 2008). In Anbetracht des Klimawandels stellt er somit eine wichtige Baumart dar. Beim Einsatz der künstlichen Verjüngung ist es dabei essentiell, geeignetes Pflanzmaterial zur Verfügung zu haben, das aus gesicherter Herkunft stammt. Eine deutlich erhöhte Herkunftssicherheit wird durch die Verwendung herkunftszertifizierter Pflanzen erreicht, die mit Rückstellproben und aktuellen Datenbankeinträgen eine Identitätsprüfung möglich macht. Vor diesem Hintergrund wird ein Fall zur Herkunftskontrolle an Spitzahorn vorgestellt, der bei einer Stichprobenkontrolle im Zertifizierungsverfahren negativ aufgefallen war. Dieses Praxisbeispiel zeigt eine gemeinsame Spurensuche von Zertifizierungsorganisation und staatlicher Kontrollinstanz mittels genetischer Fingerabdrücke und einer nachträglichen Ernteüberprüfung.

Quelle:

ROLOFF A, GRUNDMANN B (2008): Klimawandel und Baumarten-Verwendung für Waldökosysteme. Archiv für Forstwesen und Landschaftsökologie 42 (3): 97-109

Neue Saatgutquellen

Donnerstag, 12. Sept. 2024

10:00-12:00

(3 Vorträge, 4 Poster)

Vorträge

JANSEN S, ACAR P, ARAVANOPOULOS FA, ÇİFTÇİ A, BLYTH C, DEĞİRMENCI FÖ, İDMAN ÖM, KANSU Ç, ZEİ KAYA Z, KLEINSCHMIT J, LEIGH DM, LITTMANN L, RELLSTAB C, SEMIZER-CUMING D, TOURVAS N, NEOPHYTOU C: Auf der Spur klimaresistenter Saatgutquellen: Genetische Variation und Anpassungspotenzial von Weißeichen

VAN LOO M, UFIMOV R, AHMAD M, GRABNER M, ÜBL C, WATZINGER A, IRAUSCHEK F, PIŠOVÁ S, KONRAD H, TRUJILLO-MOYA C: *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. aus dem Nationalpark Thayatal in Österreich: Auswahl potenziell trockenoleranter Phänotypen

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

Poster

RENTSCHLER F, LSTIBŮREK M, NEOPHYTOU C, SEIDEL H, FUSSI B: Anlage der Eschen-Samenplantage (*Fraxinus excelsior* L.) Großbottwar mittels hybridem ONA Design

SCHIRMER R, TUBES M, ARGE LÄNDERZÜCHTER: Alternative im Klimawandel: Rumänische Tannen aus den Karpaten

HOENICKA H, ULRICH K, ULRICH A, HAFFNER C, KARAU M, STARCZAK M, GACKOWSKI D, BUBNER B: Epigenom- und Mikrobiom-Therapie - Neue Hoffnung für Ulmen und andere bedrohte Baumarten

HOFFMANN Y-D, FUSSI B, SEMIZER-CUMING D, ŠEHO M: Untersuchung räumlich-genetischer Strukturen und genetischer Vielfaltsparameter der Baumarten Moorbirke und Moorspirke in Bayern

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

SIMON JANSEN¹, PELIN ACAR², FILIPPOS A. ARAVANOPOULOS³, ASIYE ÇİFTÇİ⁴, COLETTE BLYTH¹, FUNDA ÖZDEMİR DEĞİRMENCI⁴, ÖZLEM MAVİ İDMAN², ÇIĞDEM KANSU⁵, ZEKI KAYA⁴, JÖRG KLEINSCHMIT⁶, DEBORAH MARIE LEIGH⁷, LARS LITTMANN⁶, CHRISTIAN RELLSTAB⁷, DEVRİM SEMİZER-CUMING^{6,8}, NIKOS TOURVAS³, CHARALAMBOS NEOPHYTOU^{1,6}

¹ Universität für Bodenkultur Wien (BOKU), Österreich, simon.jansen@boku.ac.at

² Türkischer Nationaler Botanischer Garten Ankara (TAGEM), Türkei

³ Aristoteles Universität Thessaloniki (AUTH), Griechenland

⁴ Technische Universität des mittleren Ostens Ankara (METU), Türkei

⁵ Tekirdağ Namık Kemal Universität, Türkei

⁶ Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt BW (FVA), Deutschland

⁷ Eidgenössische Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft (WSL), Schweiz

⁸ Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG), Deutschland

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 abdeckten und verschiedene Standortbedingungen auf regionaler Ebene repräsentierten. Ziel war es, mittels genetischer und genomischer Untersuchungen Populationen auf kontinentaler wie lokaler Ebene zu identifizieren, die bereits an künftige Klimabedingungen vorangepasst sind. Unsere 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. Darüber hinaus geben unsere Ergebnisse Aufschluss 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 wurden Signaturen lokaler Anpassung untersucht, insbesondere die Assoziation bestimmter Gene und genomischer Regionen mit dürrebezogenen Umweltparametern sowie das Vorhandensein einer gemeinsamen Anpassungssignatur an Trockenheit unter den Populationen. 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.

***Quercus petraea* (Matt.) Liebl. aus dem Nationalpark Thayatal in Österreich: Auswahl potenziell trockenoleranter Phänotypen**

MARCELA VAN LOO¹, ROMAN UFIMOV¹, MUHAMMAD AHMAD¹, MICHAEL GRABNER², CHRISTIAN ÜBL³, ANDREA WATZINGER⁴, FLORIAN IRAUSCHEK¹, SONA PIŠOVÁ⁵, HEINO KONRAD⁵, CARLOS TRUJILLO-MOYA¹

¹ Forschungszentrum für Wald (BFW), Fachinstitut für Waldwachstum, Waldbau & Forstgenetik, Seckendorff-Gudent-Weg 8, 1131 Vienna, Austria, marcela.vanloo@bfw.gv.at

² Universität für Bodenkultur, Institut für Holztechnologie und Nachwachsende Rohstoffe, Konrad Lorenz-Straße 24, 3430 Tulln an der Donau, Österreich

³ Nationalpark Thayatal GmbH, Merkersdorf 90, 2082 Hardegg, Österreich

⁴ Universität für Bodenkultur, Department für Wald- und Bodenwissenschaften, Institut für Bodenforschung, Konrad Lorenz-Straße 24, 3430 Tulln an der Donau, Österreich

⁵ Forschungszentrum für Wald (BFW), Fachinstitut für Waldbiodiversität & Naturschutz, Seckendorff-Gudent-Weg 8, 1131 Wien, Österreich

Die steigende Nachfrage nach klimaangepasstem Saatgut, insbesondere für Eichen, wird vor allem durch die begrenzte und unregelmäßige Verfügbarkeit erschwert. In Österreich wird das meiste forstliche Vermehrungsgut (FRM) in Saatgutbeständen geerntet, während Saatgutplantagen einen kleineren Beitrag leisten. Für die Traubeneiche wird der Großteil des FRM (60%) sogar importiert. Nationalparks wie der Thayatal Nationalpark in Österreich bieten durch ihre Artenvielfalt wertvolle Ressourcen für Züchtungs- und Erhaltungsstrategien. Unsere Forschung zielte darauf ab, wertvolle forstgenetische Ressourcen der Traubeneiche des Nationalparks Thayatal zu identifizieren, indem potenziell trockenolerante Phänotypen ausgewählt wurden. Wir selektierten 404 ausgewachsene *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. aus acht Populationen auf mittleren bis trockenen Standorten. Diese Bäume wurden dann auf Autochthonie, genetische Struktur und Diversität mittels genetischer Marker (Plastid- und Kern-SSRs) analysiert und ihr Alter bestimmt. Mithilfe von Bohrkernanalysen evaluierten wir ihre Trockenheitstoleranz und Reaktion auf drei historische Dürreereignisse. Insgesamt konnten 85 potenziell trockenolerante Bäume selektiert werden. Wir diskutieren die weitere Verwendung dieser ausgewählten Eichenbäume für die Einrichtung von Saatgutplantagen zur Steigerung der lokalen Saatgutproduktion und die Integration anderer Omik-Ansätze, wie z.B. Transkriptomik (RNA-Seq) und die Testung durch Hochdurchsatz-Pflanzenphänotypisierung (HTPP) für tiefgreifende Analysen der Trockenoleranz ausgewählter Phänotypen.

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

REBEKKA STÜWE

Bayerisches Amt für Waldgenetik, 83317 Teisendorf, Rebekka.Stuewe@awg.bayern.de

Das Projekt QPFC (KlifW010) schafft Grundlagen für die Bewertung der trockenheitstoleranten mediterranen Eichenarten Flaum-, Zerr- und Ungarische Eiche auf heimischen Standorten. Bei Eignung können diese Eichenarten die Palette der Hauptbaumarten ergänzen und einen Beitrag zur Risikostreuung im Klimawandel leisten. Sie kommen, abgesehen von Reliktvorkommen der Flaumeiche, in Deutschland nicht natürlich vor.

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

Die Saatgutbeschaffung erfolgte im Herbst 2021 und 2022. Es wurden insgesamt 580 kg Eichensaatgut aus 8 verschiedenen Ländern geerntet (Bulgarien, Frankreich, Griechenland, Italien - Südtirol, Rumänien, Schweiz, Serbien und Ungarn) mit 24 Herkünften: 8 Herkünfte der Flaumeiche (*Quercus pubescens*), 15 der Zerreiche (*Q. cerris*) und 1 der Ungarischen Eiche (*Q. frainetto*). Aus den 580 kg konnten im Pflanzgarten Stützpunkt Laufen der BaySF etwa 70.000 Jungpflanzen angezogen werden.

Darauf folgte im Frühjahr 2024 die vollständige Anlage und Pflanzung der sechs Versuchsflächen in Alzenau, Sailershausen, Hohnhausen, Elsendorf, Werneck und Emmendingen. Das Projekt wird durch das AWG Teisendorf koordiniert. Folgende Aufgabenschwerpunkte werden unter Federführung der genannten Institutionen institutionsübergreifend bearbeitet:

- Erfassung Erntebestände, Saatgutbeschaffung, Pflanzenanzucht, genetische Analyse, Anlage von Herkunftsversuchen (AWG)
- Ertragskundliche Versuchsflächen, Anlage von Standort- und Durchforstungsversuchen (TU München, Lehrstuhl für Waldwachstumskunde)
- Klima- und standortkundliche Bewertungen, Umweltmonitoring (LWF Freising)

Anlage der Eschen-Samenplantage (*Fraxinus excelsior* L.) Großbottwar mittels hybridem ONA Design

FELIX RENTSCHLER¹, MILAN LSTIBŮREK², CHARALAMBOS NEOPHYTOU¹, HANNES SEIDEL³, BARBARA FUSSI³

¹ Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt, Abteilung Waldnaturschutz, Freiburg, Baden-Württemberg, Deutschland, felix.rentschler@forst.bwl.de

² Czech University of Life Sciences Prague, Faculty of Forestry and Wood Sciences, Department of Forest Genetics and Physiology, Prag, Tschechien

³ Bayerisches Amt für Waldgenetik, Teisendorf, Bayern, Deutschland

Im Rahmen des Verbundprojektes FraxGen wurde nach der Selektion, Vermehrung und Testung von gesund erscheinenden Genotypen der Baumart Esche eine Klonsammlung aus Pfropflingen etabliert, die eine potentiell erhöhte Toleranz gegenüber dem Eschentriebsterben aufweist. Diese widerstandsfähigen Klone sollen auf einer Fläche in Großbottwar, Baden-Württemberg unter bestmöglichen Bedingungen in einer Samenplantage angelegt werden.

Zu diesem Zweck werden die Verwandtschaftsverhältnisse der selektierten Genotypen mittels nSSR Markern überprüft, um verwandte Individuen in der Anlage auszuschließen.

Um eine ideale gleichmäßige räumliche Verteilung der verwendeten Klone zu ermöglichen, die Panmixie innerhalb der Plantage zu erhöhen sowie der Verteilung der Geschlechter der Baumart Esche gerecht zu werden wird in einem nächsten Schritt ein neues hybrides ONA Samenplantagendesign (Optimum Neighborhood Algorithm) angewendet. Dieses Design setzt sich aus einem Algorithmus für optimierte Nachbarschaftsverhältnisse zusammen mit der Ergänzung um eine Gewichtung mit der Variable Geschlecht. Somit werden für die optimale Anordnung in der Plantage, die minimale Varianz der Häufigkeiten der Nachbarschaft zwischen zwei verschiedenen Klonen angesehen mit der geringstmöglichen diagonalen Übereinstimmung von Genotypen auf der Fläche und der maximalen Gleichverteilung der Geschlechter.

Alternative im Klimawandel: Rumänische Tannen aus den Karpaten

RANDOLF SCHIRMER¹, MARTIN TUBES¹ und ARGE Länderzüchter

¹ Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG), Forstamtplatz 1, 83317 Teisendorf;
randolf.schirmer@awg.bayern.de

Weißtannen aus den eiszeitlichen Rückzugsgebieten des Balkans weisen eine hohe genetische Diversität auf. Sie ist Voraussetzung für die Anpassungsfähigkeit im Klimawandel. Plantagensaatgut aus den warm-trockenen Regionen Rumäniens wird daher in den Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen als klimaplastische Alternative zu den bisher bewährten heimischen Herkünften für die Regionen im nördlichen Bayern, im Bayerischen und Oberpfälzer Wald (HKG 827 06, - 07, - 10) aufgeführt. Grundlage dieser Empfehlung sind Ergebnisse einer Versuchsserie von 1986 und dem hier dargestellten Herkunftsversuch.

Versuchsanlage:

Anlagezeitpunkt: Frühjahr 2016; Alter: 3+2

Anzahl der Flächen: 11 Versuchsstandorte im Bundesgebiet

Pflanzverband: 2 x 2 m

Versuchsdesign: Blockmodell (Parzellengröße: 48 Pflanzen) mit dreifacher Wiederholung

In die Auswertung im Alter 10 wurden zehn rumänische Herkünfte (davon drei Samenplantagenabsaaten) und drei deutsche Standardherkünfte einbezogen.

Ausfälle: Alle rumänischen Herkünfte zeigten deutlich geringere Ausfälle als die deutschen Vergleichsstandards. Mit 92 % Anwuchsrate wiesen die rumänischen Samenplantagenabsaaten überdurchschnittlich gute Ergebnisse auf.

Höhenentwicklung: Die Herkünfte erreichten im Mittel eine Höhe von 82 cm. Der Schwerpunkt lag in der Größenklasse 40/60 cm. Die Herkünfte aus höheren Lagen der Karpaten hatten höhere Zuwächse. Plantagenabsaaten lagen 9 % über den Höhen der deutschen Standards und auch über dem Mittel der rumänischen Bestandesnachkommenschaften. Die Herkunft Dobra übertraf mit einer Mittelhöhe von 94 cm sämtliche Plantagen- und Bestandesabsaaten.

Spätfrostschäden sind herkunftsabhängig: Rumänische Herkünfte zeigten insbesondere bei Absaaten von Samenplantagen geringere Spätfrostschäden als deutsche Vergleichsbestände. Herkünfte aus höheren Lagen der Karpaten waren weniger betroffen als solche aus tieferen Lagen. Die mit Abstand geringsten Schäden (7 %) waren bei Pflanzen des Hochlagenbestands Dobra zu beobachten.

Epigenom- und Mikrobiom-Therapie - Neue Hoffnung für Ulmen und andere bedrohte Baumarten

HANS HOENICKA¹, KRISTINA ULRICH², ANDREAS ULRICH³, CHARLOTTE HAFFNER¹, MARLIES KARAU², MARTA STARCZAK⁴, DANIEL GACKOWSKI⁴, BEN BUBNER²

¹Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstr. 2, 22927 Großhansdorf, hans.hoenicka@thuenen.de

²Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3A, 15377 Waldsiedersdorf

³Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) e. V., Eberswalder Straße 84, 15374 Müncheberg

⁴Nicolaus Copernicus University in Toruń, Karłowicza 24, 85-095 Bydgoszcz, Poland

Die Wälder stehen aufgrund des Klimawandels und der Einführung invasiver pathogener Pilze und Schädlinge vor einer Reihe dringender Herausforderungen. Konventionelle Züchtungsmethoden, die auf langen Generationszeiten beruhen, geraten oft an ihre Grenzen. Neue Ansätze in der Forschung zur Baumresistenz sind unerlässlich, um die Entwicklung widerstandsfähiger Baumpopulationen zu beschleunigen. Epigenetische Modifikationen, die die Genexpression beeinflussen, ohne die DNA-Sequenz zu ändern, können eine schnellere Alternative darstellen. Auch das Mikrobiom, bestehend aus der Gemeinschaft von Mikroorganismen, die auf und in der Pflanze leben, spielt eine entscheidende Rolle für die Gesundheit und Widerstandsfähigkeit. Durch Ansätze zur Veränderung des Mikrobioms und des Epigenoms wollen wir die Entwicklung resistenter Waldbaumpopulationen beschleunigen, ihr langfristiges Überleben sichern und zu einem widerstandsfähigen und nachhaltigen Waldökosystem beitragen.

Epigenetische Untersuchungen haben eine Resistenzförderung durch Behandlungen mit β -Aminobuttersäure (BABA) bestätigt. Darüber hinaus wurden nach den Behandlungen umfangreiche epigenetische Veränderungen bei den DNA- und RNA-Nukleinsäurebasen festgestellt.

Im Rahmen einer neuen Studie werden die Epigenome und Mikrobiome der gegen das Ulmensterben toleranten chinesischen Ulme (*Ulmus parvifolia*) und der nicht-toleranten Bergulme (*Ulmus glabra*) verglichen. Sowohl im bakteriellen als auch im pilzlichen Mikrobiom und im Epigenom zeigten sich signifikante Unterschiede zwischen beiden Baumarten. Es konnten mikrobielle Gruppen identifiziert werden, die in der resistenten Art *U. parvifolia* signifikant erhöht waren und so möglicherweise mit der Resistenz im Zusammenhang stehen.

Untersuchung räumlich-genetischer Strukturen und genetischer Vielfaltsparameter der Baumarten Moorbirke und Moorspirke in Bayern

YVES-DANIEL HOFFMANN, BARBARA FUSSI, DEVRIM SEMIZER-CUMMING, MUHIDIN ŠEHO

Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG), Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, poststelle@awg.bayern.de

Im Rahmen des Projekts »BePiGen« wurden erstmalig bayerische Vorkommen der Moorbirke (*Betula pubescens* E.) und der Moorspirke (*Pinus rotundata* L.) untersucht. Beide Baumarten sind typische Baumarten der Moore, vor allem im Alpenvorland. Sie stehen aufgrund der Bemühungen um den Moorerhalt im Fokus der Gesellschaft, der Wissenschaft und der Politik. Das Wissen um die räumlich-genetischen Strukturen ist eine wichtige Grundlage für die Erhaltung und Nutzung der forstlichen Genressourcen beider Baumarten, insbesondere im Zusammenhang mit Moorrenaturierungen sowie Bewirtschaftungsmaßnahmen in und um Moore herum.

Die Moorspirke ist eine Art der Berg-Kiefern-Artengruppe (*Pinus mugo* agg.) und eine Eiszeit-Reliktart.

Sie kommt weltweit nur im südlichen Mitteleuropa vor. Aktuell ist die Moorspirke durch den Kiefern-Pilz *Lecanosticta acicola*, aber auch durch die Trockenheit gefährdet. Die Moorbirke unterliegt den Regelungen des Forstvermehrungsgutgesetzes (FoVG). Innerhalb Bayerns gibt es zwei Herkunftsgebiete (HKG 805 03 und 805 04) mit bis vor kurzem nur zwei Zulassungseinheiten (reduzierte Fläche insgesamt 5,7 ha); beide liegen im HKG 805 04. Das Herkunftsgebiet 805 04 erstreckt sich vom Alpenrand bis ins südliche Niedersachsen und betrifft sogar neun Bundesländer.

Im Rahmen des Projekts wurde eine repräsentative Beprobung von elf Moorbirken- und zehn Moorspirkenpopulationen in Bayern durchgeführt. Die Populationen wurden anschließend mit molekulargenetischen Markern untersucht. Zum Vergleich wurden Proben von drei zugelassenen Samenplantagen der Moorbirke in Niedersachsen sowie drei Populationen der Moorspirke aus Baden-Württemberg untersucht. Es werden erste Ergebnisse zum genetischen Status, der Differenzierung möglicher Unterarten der Moorbirke sowie der Abgrenzungen der Moorspirke gegenüber anderer (Unter-) Arten der *Pinus mugo*-Artengruppe vorgestellt. Die bayerischen Populationen weisen eine relativ hohe genetische Vielfalt auf und sind genetisch wenig differenziert. Die beiden BaWü-Populationen (Elzhof und Weissenbach) sind dagegen räumlich deutlich gerklumpt.

Bei der Moorbirke und der Sandbirke kann eine mögliche Hybridisierung mittels der verwendeten Marker gut überprüft werden. Zwischen den Moorbirken-Beständen kann eine mittlere genetische Differenzierung beobachtet werden. Im nächsten Schritt erfolgt die Gesamtbewertung der Untersuchungsbestände hinsichtlich der Kriterien Erhaltungswürdigkeit und -dringlichkeit, sowie Auswahl von Generhaltungsbeständen. Zur Verbesserung der Erntebasis und Deckung des zukünftigen Bedarfs an hochwertigem Vermehrungsgut der Projektbaumarten erfolgt eine Empfehlung weiterer Moorbirken-Saatguterntebestände für die Zulassung nach Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung (FoVZV) bzw. Aufnahme von erntewürdigen Vorkommen der Moorspirke in das bayerische Erntezulassungsregister.

Genetische Analysen

Donnerstag, 12. Sept. 2024

13:30-15:00 Uhr

(4 Vorträge, 2 Poster)

Vorträge

RIECKMANN CA, LIEPE KP, LIEPE KJ, SCHNECK V, LIESEBACH M, LIESEBACH H: Der individuelle Beitrag der Pollengeber in einer norddeutschen Hybridlärchen-Samenplantage

TRÖBER U: Untersuchung der genetischen Variation von potentiellen Weiß-Tannen-Erntebeständen

BUDDE KB, HÖLTKEN A, SHRESTHA K, WAGNER N, GAILING O, MEYER N: Intergenerische Hybridisierung zwischen Mehlbeere, Elsbeere und Vogelbeere

VU GTH, CAO HX, HOFMANN M, STEINER W, GAILING O: Genetische und epigenetische Auswirkungen auf das Wachstum der Douglasie

Poster

REICHE B, RASCHKE J, WALTHER M, MAIWALD S, HEITKAM T, MEYER M, TRÖBER U, WOLF H, JOFFE R, LIEBSCH S, DEMBNY H, DAWYDOW J, SCHULDT B, RUPPS A: Bereitstellung von Lärchen-Vermehrungsgut mit hoher Qualität und Diversität zur Erhöhung der waldbaulichen Flexibilität

FEICHTER J, NEOPHYTOU C, GRABNER M, STAUFFER C, HEINZE B: TannenGen: Entwicklung molekularer SNP-Marker für die Selektion klimaangepasster Weißtannen-Provenienzen

Hybridanteil und individuelle Klonbeteiligung in einer norddeutschen Hybridlärchen-Samenplantage

CHRISTOPH A. RIECKMANN¹, KLAUS P. LIEPE², KATHARINA J. LIEPE¹, VOLKER SCHNECK³, MIRKO LIESEBACH¹, HEIKE LIESEBACH¹

¹Thünen Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf, christoph.rieckmann@thuenen.de

²Klaus Liepe GmbH, Kirchenstraße 6, 69429 Strümpfelbrunn

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

Nachkommen aus Kreuzung zwischen Europäischer (*Larix decidua* MILL.) und Japanischer Lärche (*Larix kaempferii* LAMM.), bezeichnet als Hybridlärche, zeigen typischerweise ein kräftiges Wachstum aufgrund des Heterosis-Effekts, der die Eignung beider Elternarten für unterschiedliche Umwelten und Resistenzeigenschaften kombiniert. In Nachkommenschaftsprüfungen des Thünen-Instituts erreichte Hybridlärche 120-180 % des Grundflächenzuwachses der elterlichen Arten.

Hier analysieren wir eine in diesen Nachkommenschaftsprüfungen bewährte Samenplantage. Im Jahr der Zulassung 1992 bestand sie aus einer 500-fach als Mutterklon replizierten europäischen Lärche und 195 japanischen Lärchenklonen aus 36 Herkünften im Ursprungsgebiet als Pollenspender. Aufgrund von Landnutzungsänderungen ab 2010 und Sanitärhiebsen wurde die Plantagenfläche indes sukzessive von 1,7 auf 0,8 Hektar reduziert und ging vor allem die Zahl der verbleibenden Japanischen Lärchen zurück. Im Vorfeld der Zulassung lagen die Hybridanteile dreier Jahre nach Isoenzymanalyse bei 82-85 %. In jüngeren Erntejahrgängen gingen sie zurück.

Im Jahr 2021 waren noch 85 japanische Lärchenklone übrig, die wir zur Genotypisierung beproben. Absaaten aus drei Fortpflanzungsereignissen (2009, 2013 und 2018) wurden ausgesät, angezogen und ebenfalls genotypisiert (Stichprobengrößen 160 - 200 Sämlinge). Wir verwenden 13 nSSR-Mikrosatelliten, um die Nachkommenschaftsstrukturen zu rekonstruieren. Wir stellen die Beiträge der einzelnen Pollenspender heraus, die Selbstungsrate des Mutterklons und die Auswirkungen der Flächenreduzierung. Für das Jahr 2009, vor der ersten Verkleinerung, konnten wir 62 japanische Lärchenklone als Pollenspender zuweisen, von denen 35 noch leben. Über 80 % der Nachkommenschaft stammen von 34 Vätern. Die Selbstung des Mutterklons lag bei 25 %. Auch 2018 war von 29 zugewiesenen Vätern mit 16 nur gut die Hälfte wesentlich beteiligt. Im Vortrag werden die Ergebnisse der Nachkommenschaften verglichen.

Um die Überlappung der Blütezeit zwischen den elterlichen Klonen zu beurteilen, haben wir außerdem das Austriebs- und Blühverhalten an Pflöpfingen der Japanlärchen untersucht.

Die Ergebnisse dieser Studie werden genutzt, um optimierte, hochproduktive Samenplantagen zu etablieren, in denen eine europäische Lärche mit den effektivsten Pollenspendern kombiniert wird.

Untersuchung der genetischen Variation von potentiellen Weiß-Tannen-Erntebeständen

UTE TRÖBER

Staatsbetrieb Sachsenforst, Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Straße 34, 01796 Pirna – OT Graupa, ute.troeber@smekul.sachsen.de

Obwohl der Weiß-Tanne (*Abies alba* Mill.) in den natürlichen Waldgesellschaften des Erzgebirges eine Schlüsselstellung zukommt, gingen ihre Vorkommen aus verschiedenen Gründen seit langem - und besonders im 20. Jahrhundert sehr stark - zurück. Bereits etwa ab der Mitte des vorigen Jahrhunderts wurde hier vielen Forstleuten das artgefährdende Ausmaß dieses Rückgangs bewusst. Mit verschiedenen Maßnahmen versuchten sie, Vorkommen zu erhalten und neue Bestände künstlich zu begründen. Da regionales Vermehrungsgut schon in den 1960er Jahren kaum, später gar nicht mehr zur Verfügung stand, wurde auf Saat- und Pflanzgut aus anderen Gebieten zurückgegriffen. Im Gegensatz zu recht klaren Vorgaben, aus welchen Regionen des europäischen Areals Tannen-Saatgut für das Erzgebirge als geeignet angesehen wurde, musste die Umsetzung den beschränkten internationalen Kontaktmöglichkeiten Rechnung tragen und erfolgte mit mehr oder weniger genauer Dokumentation.

Von den Weiß-Tannen-Anbauten aus den 1960er und 70er Jahren ist heute ein großer Teil nicht mehr auffindbar. Die Bestände, die noch vorhanden sind, erreichen zunehmend das Mindestalter für eine Zulassung nach FoVG, und einige wurden vom zuständigen Forstbezirk (FoB) bereits vorgeschlagen. Für sechs dieser potentiellen Erntebestände und einen vermutlich autochthonen Bestand im FoB Eibenstock (Erzgebirgskreis) erfolgte eine genetische Untersuchung mit Isoenzym- und Kern-Mikrosatelliten-Markern. Die Ergebnisse der Analysen werden präsentiert und vor dem Hintergrund aktueller Fragen diskutiert, die sich aus Themen wie Engpässe in der Saatgutversorgung, Klimawandel, Möglichkeiten und Risiken der Verwendung von nichtheimischem Vermehrungsgut sowie Langfristigkeit forstlicher Herkunftsversuche ergeben.

Intergenerische Hybridisierung zwischen Mehlbeere, Elsbeere und Vogelbeere

KATHARINA BIRGIT BUDDE^{1,2}, AKI HÖLTKEN¹, KARUNA SHRESTHA^{2,3}, NATASCHA WAGNER⁴, OLIVER GAILING³, NORBERT MEYER⁵

¹ Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Professor-Oelkers-Str. 6, 34346 Hann. Münden, katharina.budde@nw-fva.de

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

³ Teagasc, Forestry Development Department, Oak Park Research Centre, Carlow, R93 XE12, Irland

⁴ Georg-August Universität Göttingen, Abteilung Systematik, Biodiversität und Evolution der Pflanzen mit Herbarium, Untere Karspüle 2, 37073 Göttingen

⁵ Norbert Meyer, Botaniker, Adlerstraße 6, 90522 Oberasbach

Der Klimawandel ist eine der größten Bedrohungen für die biologische Vielfalt und die natürlichen Waldökosysteme. Wenn die derzeitigen Baumpopulationen nicht in der Lage sind, neue klimatische Bedingungen zu tolerieren, müssen sie sich anpassen, abwandern oder werden aussterben. Hybridisierung (Paarung verwandter Arten) und Polyploidisierung (Vervielfachung des gesamten Genoms) sind wichtige Quellen für genetische Neuerungen, die besonders in sich rasch verändernden Umgebungen von Bedeutung sein können. Bislang gibt es jedoch nur wenige Studien bei Waldbaumarten, die die Rolle intergenerischer Hybridisierung untersucht haben. Das Verständnis der Rolle von Hybridisierung und Gesamtgenomvervielfachung für die genetische Struktur und das Anpassungspotenzial von Baumarten ist von entscheidender Bedeutung, insbesondere im Zusammenhang mit dem raschen Klimawandel.

Die Gattung *Sorbus* wurde durch phylogenetische Analysen kürzlich in mehrere Gattungen unterteilt. Somit gehören die Mehlbeere (*Aria edulis*, (Willd.) M.Roem.), die Elsbeere (*Torminalis glaberrima*, (Gand.) Sennikov & Kurtto) und die Vogelbeere (*Sorbus aucuparia*, L.) nun unterschiedlichen Gattungen an, obwohl diese Arten hybridisieren können. Neben diploiden Hybriden können diese Arten auch polyploide, überwiegend apomiktische Taxa hervorbringen, welche sich durch zum Mutterbaum genetisch identische Samen fortpflanzen und die teilweise bei ausreichender Etablierung als Kleinarten beschrieben wurden. Die BLAG-FGR hat unter anderem die Elsbeere als eine besonders zukunftsfähige Baumart in Deutschland identifiziert. Die populationsgenetische Struktur der Elsbeere in Deutschland und auch die Häufigkeit der Hybridisierung mit anderen Arten wurden bislang jedoch nur in einzelnen Regionen untersucht. Aus diesem Grund haben wir insgesamt 516 Blattproben von Elsbeere, Mehlbeere, Vogelbeere und von potentiellen Hybriden in Bayern, Niedersachsen, Thüringen und Sachsen gesammelt. Alle Proben wurden an acht Kernmikrosatelliten und an vier Chloroplastenmikrosatelliten genotypisiert. Die Kernmikrosatelliten erlauben die genetische Identifizierung der einzelnen Arten und auch die Bestimmung der Mischungsanteile bei verschiedenen Hybriden. Die Kombination von genetischen Markern der Kern- und mütterlich vererbten Chloroplasten-DNA ermöglichen es zudem die Richtung des Genflusses zwischen Arten zu bestimmen.

Neben den drei Hauptarten haben wir sowohl diploide als auch polyploide Hybriden der drei Arten identifiziert, wobei in allen Fällen die Mehlbeere als eine der Elternarten beteiligt war. Insbesondere im Altmühltal gab es viele polyploide, apomiktische Taxa, während in der Rhön und in Thüringen eher, jedoch nicht ausschließlich, diploide Hybride gefunden wurden. Trotzdem war die Introgression zwischen den drei Hauptarten relativ gering. Nur in einem Fall wurde ein Chloroplastenhaplotyp, der typisch für die Elsbeere ist, in einem Individuum gefunden, das ansonsten genetisch eindeutig der Mehlbeere zuzuordnen ist. Somit scheint Introgression selten, jedoch nicht unmöglich zu sein.

Genetische und epigenetische Auswirkungen auf das Wachstum der Douglasie

GIANG T.H. VU^{1,2}, HIEU X. CAO^{1,2}, MARTIN HOFMANN³, WILFRIED STEINER³, OLIVER GAILING^{1,2}

¹ Forest Genetics and Forest Tree Breeding, University of Göttingen, Büsgenweg 2, 37077 Göttingen.
ogailin@gwdg.de

² Center for Integrated Breeding Research (CiBreed), University of Göttingen, Wilhelmsplatz 1, 37073 Göttingen.

³ Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abt. Waldgenressourcen, Prof.-Oelkers-Str. 6, 34346 Hann. Münden

Die Douglasie (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco) nimmt unter den nicht-einheimischen Baumarten in Mitteleuropa aufgrund ihrer überlegenen Wuchsleistung und Stressresistenz eine wichtige Stellung ein. In Erwartung höherer Temperaturen und zunehmender Sommertrockenheit im Zuge des Klimawandels stellt die Douglasie eine vielversprechende Alternative zur Fichte dar, da sie eine höhere Produktivität und Trockenheitsresistenz aufweist. In diesem Zusammenhang gewinnt die Untersuchung der genetischen und epigenetischen Variationen, die zur phänotypischen Plastizität der Wachstumseigenschaften der Douglasie beitragen, stark an praktischer Bedeutung.

Im Rahmen des EPIGEN-Projekts haben wir 160 Altbäume mit unterschiedlichen Wachstumsmustern, einschließlich der Variablen wie Brusthöhendurchmesser (DBH), für die ddRAD- und RRBS-Sequenzierung ausgewählt. In unserer Studie werden gleichzeitig genomweite genetische Variationen (Einzelnukleotid-Polymorphismen, SNPs) und epigenetische Variationen (einzelne Methylierungsvarianten, SMVs) identifiziert und analysiert. Mithilfe eines umfassenden vergleichenden Analyseansatzes mit gezielter DNA-Genotypisierung und Charakterisierung der DNA-Methylierung haben wir die spezifischen genetischen Loci und Gennetzwerke aufgedeckt, die die beobachteten Wachstumsmerkmale beeinflussen. Unsere Ergebnisse deuten auf eine potenzielle Rolle der DNA-Methylierung bei der Ausprägung ertragsbestimmender Merkmale der Douglasie hin.

Bereitstellung von Lärchen-Vermehrungsgut mit hoher Qualität und Diversität zur Erhöhung der waldbaulichen Flexibilität

BIRGIT REICHE¹, JULIANE RASCHKE², MADLEN WALTHER², SOPHIE MAIWALD⁴, TONY HEITKAM^{4,5}, MATTHIAS MEYER³, UTE TRÖBER³, HEINO WOLF³, RICARDO JOFFE³, SILVIAN LIEBSCH³, HARDY DEMBNY⁶, JULIUS DAWYDOW⁶, BERNHARDT SCHULDT¹, ANDREA RUPPS²

¹TU-Dresden, Institut für Forstbotanik und-zoologie, Piener Str. 19, 01737 Tharandt, birgit.reiche@tu-dresden.de

²Humboldt-Universität-Berlin, Invalidenstr. 42, 10115 Berlin, andrea.rupps@hu-berlin.de

³Staatsbetrieb Sachsenforst, Bonnewitzer Str. 42, 01796 Pirna, matthias.meyer@smekul.sachsen.de

⁴TU-Dresden, AG Zell- und Molekularbiologie der Pflanzen, Zellscher Weg 20b, 01062 Dresden, tony.heitkam@tu-dresden.de

⁵Institute of Biology, NAWI Graz, Karl-Franzens-Universität, A-8010 Graz, Austria

⁶Baumschulen Oberdorla GmbH, Burgstr. 57, 99986 Oberdorla, h.dembny@baumschulen-oberdorla.de

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- und Klimaschutz sowie Erholungs- und Naturschutzfunktion. Dabei stellt die Wahl geeigneter Baumarten sowie die Verfügbarkeit von hochwertigem Vermehrungsgut Waldeigentümer häufig vor Probleme. Ziel des aktuellen Verbundvorhabens LarchForFlexibility ist die Bereitstellung von vegetativ vermehrten Hybridlärchen zur Ergänzung des Vermehrungsgutangebotes und als Alternative für klimawandelbedingt ausfallende Waldbestände. Die Methodik der somatischen Embryogenese (SE) konnte bereits an Lärche 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 Erweiterung der bereits vorhandenen Klonsammlung durch gelenkte Kreuzungen zur Erhöhung der Diversität, eine umfassende genotypische und phänotypische Charakterisierung zur Sicherung der Qualität sowie die Optimierung eines hochproduktiven und teilautomatisierten Verfahrens zur Anzucht von *in vitro* vermehrtem Pflanzenmaterial und 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 besondere Wuchsleistung und hohe Standorttoleranz der Hybridlärchen zu quantifizieren. Zusätzlich sollen die Vorteile verschiedener molekularer 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 trägt somit maßgeblich zur Förderung der Resilienz von Waldökosystemen bei und bietet einen vielversprechenden Ansatz zur Bewältigung der aktuellen Herausforderungen sowie zur nachhaltigen Entwicklung der Forstwirtschaft.

TannenGen: Entwicklung molekularer SNP-Marker für die Selektion klimaangepasster Weißtannen-Provenienzen

JONATHAN FEICHTER¹, CHARALAMBOS NEOPHYTOU², MICHAEL GRABNER³, CHRISTIAN STAUFFER⁴, BERTHOLD HEINZE¹

¹ Institut für Waldwachstum, Waldbau und Genetik, Bundesforschungszentrum für Wald, 1130 Wien, Österreich, jonathan.feichter@bfw.gv.at

² Abteilung Waldnaturschutz, Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, 79100 Freiburg

³ Department für Materialwissenschaften und Prozesstechnik, Boku University, 3430 Tulln an der Donau, Österreich

⁴ Department für Wald und Bodenwissenschaften, Boku University, 1190 Wien, Österreich

Abies alba, die Weißtanne ist weniger anfällig für Folgeschäden des Klimawandels als andere heimische Nadelbäume und könnte in Zukunft die Fichte auf vielen Standorten ersetzen. Der Klimawandel schreitet schneller voran, als sich lokale Populationen an die neuen Bedingungen anpassen können. Die *assisted migration* von an unser zukünftiges Klima angepassten Herkünften kann dazu beitragen, der daraus resultierende Fehlanpassung entgegenzuwirken und hat im letzten Jahrzehnt große Aufmerksamkeit erlangt. Neue genomische Methoden ermöglichen die Identifizierung von präadaptierten Herkünften auf der Basis ihres genomischen Profils, was eine enorme Zeitersparnis gegenüber den traditionellen und auch weiterhin unverzichtbaren Herkunftsversuchen bedeuten würde. Für Nadelbäume bleibt dieses Potenzial bisher weitgehend ungenutzt, da ihre großen und komplexen Genome solche Anstrengungen erschweren. Das Projekt TannenGen hat zum Ziel, molekularbiologische Werkzeuge zu etablieren, welche die Selektion von klimaangepassten Tannenherkünften unterstützen. Erste Teileergebnisse geben Einblick in die erste arealweite Resequenzierung der Weißtanne als Grundlage für die Entwicklung hochauflösender SNP-Panels. In einer genomweiten Assoziationsstudie mit 20.000 *single nucleotide polymorphism* (SNP) Markern, dendroökologischen Resilienzkomponenten und anatomisch-morphologischen Nadelmerkmalen werden klimasensitive Kandidatengene im Herkunftsversuch identifiziert. Darauf aufbauend werden Kandidaten-SNP-Marker für die Hochdurchsatzsequenzierung entwickelt, die es ermöglichen, viele tausend Individuen auf diese Varianten zu untersuchen.

Rot-Eiche 1

Donnerstag, 12. Sept. 2024

15:30-16:35 Uhr

(3 Vorträge, 1 Poster)

Vorträge

KORMANN JM, VAN DER MAATEN-THEUNISSEN M, UNTERHOLZNER L, LIESEBACH M, LIEPE KJ, VAN DER MAATEN E:
Intraspezifische Unterschiede in der Reaktion auf Klimaeinflüsse bieten Möglichkeiten für die Herkunftswahl der Roteiche (*Quercus rubra* L.)

CAO HX, KELLY AA, ABREU IN, KORMANN JM, VU GTH, FEUßNER K, LIESEBACH M, FEUßNER I, GAILING O: Unveiling the Genetic Blueprint: Empowering German Forests with Northern Red Oak Resilience

NEOPHYTOU C, JANSEN S, LEE F, BRÜCKNER M, BILELA-ECKERT S, TRÖBER U: Untersuchung der Herkunft und genetischen Vielfalt der Roteiche (*Quercus rubra* L.) in Mitteleuropa als Grundlage für zukünftige Züchtung

Poster

WENZEL J, ARDAO RIVERA E, BECKER F, BILELA-ECKERT S, BRAUN A, BRÜCKNER M, ERBACHER J, KÄTZEL R, KLEINSCHMIT J, LÖFFLER S, MEYER M, NEOPHYTOU C, RIEDEL D, STEINER W, TÖPPE M, TRÖBER U, WATERMEIER M, HOFMANN M: Anlage einer Pfropflings-Samenplantage zur Erzeugung von hochwertigem Vermehrungsgut am Beispiel der Roteiche (*Quercus rubra* L.)

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

JONATHAN M. KORMANN^{1,2}, MARIEKE VAN DER MAATEN-THEUNISSEN², LUCREZIA UNTERHOLZNER², MIRKO LIESEBACH¹, KATHARINA J. LIEPE^{1,2}, ERNST VAN DER MAATEN²

¹Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße2, 22927 Großhansdorf, jonathan.kormann@thuenen.de

²Professur für Waldwachstum und Produktion von Holzbiomasse, TU Dresden, Piener Str. 8, 01737, Tharandt

Die Häufigkeit und Schwere von Extremereignissen wie Trockenheit oder Frost werden in Zukunft durch den Klimawandel weiter zunehmen. Dadurch rücken alternative Baumarten wie die Roteiche, die durch eine hohe Produktivität und Klimatoleranz charakterisiert sind, in den Fokus für die Waldwirtschaft. Neben der Baumartenwahl, hat auch die Wahl der Herkunft eine essentielle Bedeutung für die Klimaangepasstheit einer Art. Dendroökologische Studien in Herkunftsversuchen bieten hier ein großes Potential, um geeignete Herkünfte unter bestimmten Umwelteinflüssen zu identifizieren. Für die Quantifizierung von Klima-Wachstumsbeziehungen wurden Bohrkerne von 12 Roteichenherkünften auf drei Flächen eines Herkunftsversuches mit dem Fokus auf Jahrringbreiten und holzanatomischen Merkmalen, wie beispielsweise die Gefäßgröße oder -anzahl, analysiert. Der Vergleich zwischen eingeführten deutschen Herkünften und solchen aus Nordamerika ermöglicht einen Vergleich von intraspezifischen Unterschieden in adaptiven Anpassungsstrategien auf jährliche Klimavariationen und Extremereignisse. Da das Risiko von Trockenheits- oder Frostschäden mit der Gefäßgröße zunimmt, wurde der Zusammenhang zwischen Resistenz gegenüber Extremereignissen und Gefäßdurchmesser untersucht.

Die Ergebnisse zeigten eine hohe Variation im Wachstum und der Klimasensitivität zwischen Herkünften und Flächen. Sommertrockenheit und niedrige Temperaturen im Frühjahr konnten als wachstumslimitierende Faktoren identifiziert werden. Die Ausprägung von holzanatomischen Merkmalen zeigte sich primär abhängig von den Vorjahresbedingungen und von Klimabedingungen während der Holzbildung im Frühjahr, die zwischen den Flächen variierten. Die Reaktion auf Trockenheit und Frost unterschied sich zwischen Herkünften, Flächen und untersuchten Merkmalen. Deutsche Herkünfte zeigten im Vergleich zu nordamerikanischen Herkünften ein höheres Wachstum kombiniert mit einer höheren Resistenz gegenüber Spätfrösten. Die Resistenz gegenüber Trockenheit hingegen war tendenziell höher für langsam wachsende Herkünfte. Auf Standorten mit einer hohen Wasserverfügbarkeit waren Herkünfte mit einem höheren Gefäßdurchmesser auch mit einer höheren Frosttoleranz assoziiert.

Die standortspezifische Variation und die Reaktion auf Extremereignisse von Herkünften in der Jahrringbreite sowie holzanatomischen Merkmalen weisen auf eine lokale Anpassung hin und zeigen, dass Herkünfte aus deutschen Beständen für eine anpassungsfähige Waldbewirtschaftung zu bevorzugen sind.

Unveiling the Genetic Blueprint: Empowering German Forests with Northern Red Oak Resilience

HIEU X. CAO^{1,2}, AMÉLIE A. KELLY³, ILKA N. ABREU³, JONATHAN M. KORMANN⁴, GIANG T.H. VU^{1,2}, KIRSTIN FEUßNER³, MIRKO LIESEBACH⁴, IVO FEUßNER³, OLIVER GAILING^{1,2}

¹ Forest Genetics and Forest Tree Breeding, University of Göttingen, Büsgenweg 2, 37077 Göttingen, ogailin@gwdg.de

² Center for Integrated Breeding Research (CiBreed), University of Göttingen, Von-Siebold-Str. 4, 37075 Göttingen

³ Department for Plant Biochemistry, Albrecht-von-Haller-Institute for Plant Sciences, University of Göttingen, Justus-von-Liebig-Weg 11, 37077 Göttingen

⁴ Thünen Institute of Forest Genetics, Sieker Landstr. 2, 22927 Großhansdorf

Northern Red Oak (*Quercus rubra* L.), a native forest tree species of North America, has emerged as a crucial component of Germany's forest strategy in the face of climate change. Appreciated for its rapid growth, compressive strength of wood, and resilience to various stressors, *Q. rubra* has become integral to Germany's forest landscape. Here, the RubraSelect consortium aims to establish a robust framework for supplying high-quality, climate-adapted *Q. rubra* reproductive material across Germany. Through genome-wide association mapping, we delve into the genetic mechanisms governing growth traits and drought tolerance in *Q. rubra*. A meticulous greenhouse experiment, involving over 1041 seedlings from eleven German locations, subjected to controlled drought stress, provided comprehensive insights into various physiological and morphological parameters. We endeavour to identify genetic markers such as SNPs, and metabolites, and/or transcripts associated with drought tolerance. Validation of important SNPs is carried out through the examination of selected mature trees from provenance trials and over 200 plus trees from forest stands across Germany. Our findings suggest a potential improvement in the adaptability of *Q. rubra* to evolving climatic conditions, potentially contributing to the resilience and sustainability of German forests.

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

CHARALAMBOS NEOPHYTOU^{1,2}, SIMON JANSEN², FLORENCE LEE², MARIE BRÜCKNER³, SILVIJA BILELA-ECKERT¹, UTE TRÖBER³

¹ Fortliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Abt. Waldnaturschutz, Wonnhaldestraße 4, 79100 Freiburg, charalambos.neophytou@forst.bwl.de

² Universität für Bodenkultur (BOKU) Wien, Institut für Waldbau, Peter-Jordan-Str. 82, 1190 Wien, Österreich

³ Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna OT Graupa

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 eine interessante Alternative für die Laubbaumwirtschaft von Mitteleuropa im Klimawandel dar, da sie eine gute Wuchsleistung mit einer relativ breiten Standortsamplitude kombiniert. Aus diesen Gründen rückte sie in den letzten Jahren in den Fokus von Projekten in Deutschland und Österreich, die unter anderem die Grundlagen für die Bereitstellung hochwertigen Vermehrungsguts dieser Art schaffen sollen. Die Frage des Ursprungs mitteleuropäischer Vorkommen ist gerade bei der Roteiche zentral, denn das natürliche Verbreitungsareal ist groß und die verschiedenen Herkünfte unterscheiden sich wesentlich in ihren Wuchseigenschaften. Dieser Frage widmeten sich molekulargenetische Untersuchungen unter Verwendung von 15 Kern- und 5 Chloroplastenmikrosatelliten-Markern. Insgesamt wurden 23 Populationen bekannten Ursprungs aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet genetisch charakterisiert und als Referenz verwendet, um die Herkunft von ca. 350 Plusbäumen sowie 20 Beständen der Roteiche in Europa zu identifizieren. Erste Resultate weisen darauf hin, dass nach Europa importiertes Saatgut der Roteiche vorwiegend aus dem nördlichen Teil des Areals stammte. 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 Lage zu 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. Erste Ergebnisse liefern interessante Einblicke in diese Thematik.

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

JULIA WENZEL¹, EVA ARDAO RIVERA², FRANK BECKER³, SILVIJA BILELA-ECKERT², ALEXANDER BRAUN², MARIE BRÜCKNER⁴, JÖRN ERBACHER², RALF KÄTZEL³, JÖRG KLEINSCHMIT², SONJA LÖFFLER³, MATTHIAS MEYER⁴, CHARALAMBOS NEOPHYTOU², DORIT RIEDEL⁴, WILFRIED STEINER¹, MARTHA TÖPPE¹, UTE TRÖBER⁴, MIRIAM WATERMEIER¹, MARTIN HOFMANN¹

¹ Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Prof.-Oelkers-Str. 6, 34346 Hann. Münden, julia.wenzel@nw-fva.de

² Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Waldnaturschutz, Waldgenetik und forstliches Vermehrungsgut, Wonnhaldestraße 4, 79100 Freiburg i. Br.

³ Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Fachbereich Waldökologie und Monitoring, Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde

⁴ Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna OT Graupa,

Die aus Nordamerika stammende Roteiche (*Quercus rubra* L.) ist die häufigste nichtheimische Laubbaumart in Deutschland. In Zeiten des Klimawandels wird sie aufgrund ihrer guten Wuchseigenschaften als Alternativbaumart an Bedeutung gewinnen. Für den Aufbau stabiler Mischwälder und eine Diversifizierung des Baumartenspektrums ist die Bereitstellung von hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut wichtig. In Deutschland existieren bisher keine zugelassenen Samenplantagen (Kategorie: „Qualifiziert“) der Roteiche. Bisher kann Roteichen-Saatgut nur aus Erntebeständen (Kategorie: „Ausgewählt“) bezogen werden.

Im Verbundvorhaben „Auslese und Charakterisierung von hochwertigem Vermehrungsgut bei Roteiche (*Quercus rubra* L.) unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz“ (RubraSelect) beschäftigt sich die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) als eine von sieben Projektpartnern mit der Auswahl, Beerntung und Vermehrung von herausragenden Phänotypen (Plusbäume) der Roteiche. Ziele des Teilvorhabens sind die Anlage einer Nachkommenschaftsprüfung sowie die Anlage einer Samenplantage.

Das Poster skizziert die Anlage der Pfropflings-Samenplantage. Dazu werden die Standorte der einhundert ausgewählten Plusbäume aus den Bundesländern Niedersachsen, Hessen, Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein, Brandenburg und Sachsen sowie deren Einordnung nach Standortswasserbilanz betrachtet. Es werden die Reiserernte, die Pfropfung (Anwucherfolg) und die Anlage der Samenplantage dargestellt. Mit der Anlage dieser Fläche wird nicht nur der Erhalt wertvoller genetischer Ressourcen, sondern auch die Bereitstellung von hochwertigem Vermehrungsgut der Roteiche sichergestellt und damit ein Beitrag zur Sicherung der Produktivität zukünftiger Wälder gewährleistet.

Rot-Eiche 2

Donnerstag, 12. Sept. 2024

17:00-18:00 Uhr

(3 Vorträge)

Vorträge

KÄTZEL R, BECKER F, FRANK E, LÖFFLER S: Phänotypisierung und Differenzierung von Plusbäumen der Rot-Eiche

SCHIRMER R, TUBES M: Verbesserung der Saatgutversorgung bei Roteiche

BRÜCKNER M, ARDAO RIVERA E, BECKER F, BILELA-ECKERT S, BRAUN A, ERBACHER J, HOFMANN M, KÄTZEL R, KLEINSCHMIT J, LÖFFLER S, NEOPHYTOU C, RIEDEL D, STEINER W, TÖPPE M, TRÖBER U, WATERMEIER M, WENZEL J, MEYER M:

Phänologische Bonitur von Plusbaum-Nachkommenschaften der Rot-Eiche aus sieben Bundesländern über die Vegetationsperiode 2024 - Ist eine Bewertung des gewonnenen Saatgutes zur temporären Anpassung an den Standort des Mutterbaumes möglich?

Phänotypisierung und Differenzierung von Plusbäumen der Rot-Eiche

RALF KÄTZEL, FRANK BECKER, ERIC FRANK, SONJA LÖFFLER†

Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde,
ralf.kaetzel@lfb.brandenburg.de

Im Rahmen des Verbundprojektes RubraSelect (Waldklimafonds FKZ: TV6 2220WK03F4) wurden in den Jahren 2022 und 2023 insgesamt 314 vorausgewählte Plusbäume von 108 Saatguterntebeständen der Rot-Eiche in sieben Bundesländern visuell bonitiert (Kronenverlichtung, Totholzanteil und Wasserreiser in Krone und Stamm, Fraßschäden an Blättern, Fruchtbildung) 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 erhebliche Blattverluste auf. Der hohe Anteil von Wasserreisern am Stamm der Rot-Eichen in den Bundesländern Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Sachsen, Baden-Württemberg wies auf Anpassungsstrategien hin, um die Blattverluste zumindest teilweise zu kompensieren. Im Jahr 2023 waren die Blätter nahezu aller Erntebestände (Ausnahme Brandenburg) durch Insektenfraß stark geschädigt.

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 und nach Standorten/Bundesländern für jedes Untersuchungsjahr bewertet. Okulare sichtbare Vitalitätseinbußen spiegelten sich auch in Gehalten stressrelevanter Blattinhaltsstoffe wider. So hatten Rot-Eichen mit abnehmender Vitalität z.B. höhere Prolin- und Kohlenhydratgehalte sowie geringere Blattgehalte an Stärke- und Chlorophyllen.

Der Zielstellung entsprechend, war es möglich einzelne Plusbäume hinsichtlich ihrer multivariaten biochemischen Muster nach Risikogruppen zu differenzieren. Insbesondere der Trockensommer 2022 (n=202 Einzelbäume) ermöglichte eine Differenzierung nach Standorten/Bundesländern. Für den Trockensommer 2022 ließen sich alle Plusbäume in vier unterschiedliche physiologische Cluster (Biomarkermuster) unterteilen, die mit unterschiedlicher Häufigkeit im Bundesgebiet auftraten. Den größten Beitrag zur regionalen Differenzierung der Bäume 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, keine Akkumulation von Stressmetaboliten) waren mit hohen Anteilen in Baden-Württemberg, Niedersachsen und auch in Brandenburg vertreten. Rot-Eichen mit einem 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.

Die These, dass sich die Rot-Eiche trotz ihrer vergleichsweise kurzen Einwanderungsgeschichte auch an Standorte mit besonders negativer klimatischer Wasserbilanz angepasst haben, konnte bisher nicht bestätigt werden. Plusbäume auf besonders trockenen und nährstoffarmen Grenzstandorten, wie z.B. Klosterheide (Brandenburg) zeigten eine eindeutige physiologische Stresssymptomatik.

Verbesserung der Saatgutversorgung bei Roteiche

RANDOLF SCHIRMER, MARTIN TUBES

Bayer. Amt für Waldgenetik, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, randolf.schirmer@awg.bayern.de

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.

Phänologische Bonitur von Plusbaum-Nachkommenschaften der Rot-Eiche aus sieben Bundesländern über die Vegetationsperiode 2024 - Ist eine Bewertung des gewonnenen Saatgutes zur temporären Anpassung an den Standort des Mutterbaumes möglich?

MARIE BRÜCKNER¹, EVA ARDAO RIVERA², FRANK BECKER³, SILVIJA BILELA-ECKERT², ALEXANDER BRAUN², JÖRN ERBACHER², MARTIN HOFMANN⁴, RALF KÄTZEL³, JÖRG KLEINSCHMIT², SONJA LÖFFLER³, CHARALAMBOS NEOPHYTOU², DORIT RIEDEL¹, WILFRIED STEINER⁴, MARTHA TÖPPE⁴, UTE TRÖBER¹, MIRIAM WATERMEIER⁴, JULIA WENZEL⁴, MATTHIAS MEYER¹

¹ Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna OT Graupa, ute.troeber@smekul.sachsen.de

² Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Waldnaturschutz, Waldgenetik und forstliches Vermehrungsgut, Wonnhaldestraße 4, 79100 Freiburg i. Br.

³ Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Fachbereich Waldökologie und Monitoring, Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde

⁴ Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abt. Waldgenressourcen, Prof.-Oelkers-Str. 6, 34346 Hann. Münden

Die Rot-Eiche (*Quercus rubra* L.) ist schon vergleichsweise lange in Europa eingeführt und erweist sich zurzeit als eine der klimatoleranten Arten in der Forstwirtschaft Deutschlands. Sie ergänzt seit vielen Jahrzehnten das einheimische forstliche Baumartenspektrum, ohne es zu verdrängen. Sie lieferte bereits in der Vergangenheit zuverlässig zufriedenstellende Wuchsergebnisse und gute Stammqualitäten auch unter mittleren oder schwierigen standörtlichen Bedingungen. Deshalb fand sie beispielsweise lange Zeit auch in der Rekultivierung von Braunkohle-Bergbaufolgelandschaften Verwendung. Das vom Waldklimafonds geförderte Verbundprojekt RubraSelect soll dazu beitragen, eine Basis für die zukünftige Versorgung des Marktes mit qualitativ hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut der Rot-Eiche für ganz Deutschland zu schaffen.

Neben anderen Arbeitspaketen beinhaltet das Projekt einen Trockenstressversuch im Gewächshaus mit Nachkommenschaften ausgewählter Plusbäume. Die Aufzucht der dafür benötigten Pflanzen umfasst Nachkommenschaften aus 7 Bundesländern und ermöglicht eine umfangreiche Bonitur aller Entwicklungsschritte der Sämlinge. 2185 Pflanzen von 40 Mutterbäumen wurden regelmäßig bonitiert, um einen Gesamteindruck vom Keimungs- und Austriebsverhalten bis zum Vegetationsabschluss zu erhalten. Dabei wird die Reaktion der Nachkommenschaften auf Extremereignisse wie Spätfrost in der Anzuchtphase dokumentiert. Die Ergebnisse werden in Bezug gesetzt zu den Standorts- und Klimadaten der Mutterbäume, sowie der genetischen Konstitution der Nachkommenschaften, welche mit 15 Kern-Mikrosatelliten-Markern charakterisiert wird. Im Zusammenhang mit der Auswertung des Trockenstressexperimentes im Gewächshaus soll so die umfangreiche Beschreibung der Nachkommenschaften ermöglicht werden, um die Auswirkungen multipler Stressereignisse auf das Pflanzgut abzuschätzen.

Anpassung

Freitag, 13. Sept. 2024

8:30-10:00 Uhr

(4 Vorträge, 2 Poster)

Vorträge

SEKELY J, MARCHELLI P, ARANA V, DALLA-SALDA G, DAUPHIN B, MARTINEZ-MEIER A, MATTERA MG, PASTORINO M, IVAN SCOTTI I, SERGENT A-S, SOLIANI C, OPGENOORTH L, HEER K: Lokalanpassung der Südbuche entlang der Umweltgradienten der Anden und Abschätzung des Risikos für Fehlanpassung

SEMIZER-CUMING D, MELLERT K-H, FUSSI B, KAVALIAUSKAS D, ŠEHO M: Klimasensitivität von Forstgenressourcen der Weißtanne (*Abies alba*) in Deutschland

UFIMOV R, IRAUSCHEK F, WEIßENBACHER L, KORMANN JM, LIESEBACH M, CHAKRABORTY D, SCHÜLER S, VAN LOO M: Bewertung des Wachstums und der Umwelanpassungsfähigkeit von Eichenarten: Eine Herkunftsstudie in Österreich

LIEPE KJ, UNTERHOLZNER L, GÖMÖRY D, WOLF H, VAN DER MAATEN E, LIESEBACH M: Die Klimasensitivität der Rot-Buche und ihre Bedeutung für die Herkunftswahl

Poster

FUSSI B, JETSCHNI J, TRÖBER U, KÄTZEL R, HÖLTKEN A, KLEINSCHMIT J, LEMMEN P, PROFFT I, POEPEL S, ŠEHO M, JOCHNER-OETTE S: Phänologische Reaktion von Buche und Fichte auf Klimaveränderungen (PhänoKlim)

SCHILDBACH M, TRÖBER U, BRÜCKNER M, WOLF H: Maßnahmen zur Arterhaltung der Schwarz-Pappel in Sachsen

Lokalanpassung der Südbuche entlang der Umweltgradienten der Anden und Abschätzung des Risikos für Fehlanpassung

JILL SEKELY^{1,2}, PAULA MARCHELLI³, VERÓNICA ARANA³, GUILLERMINA DALLA-SALDA³, BENJAMIN DAUPHIN⁴, ALEJANDRO MARTINEZ-MEIER³, MARÍA GABRIELA MATTERA³, MARIO PASTORINO³, IVAN SCOTTI⁵, ANNE-SOPHIE SERGENT³, CAROLINA SOLIANI³, LARS OPGENOORTH², KATRIN HEER¹

¹ Eva Mayr-Stihl Professur für Forstgenetik, Universität Freiburg, Bertoldstraße 17, 79098 Freiburg, katrin.heer@forgen.uni-freiburg.de

² Pflanzenökologie und Gebotanik, Universität Marburg, Karl-von-Frisch-Straße 8, 35043 Marburg

³ INTA Bariloche, Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche IFAB (INTA-CONICET), San Carlos de Bariloche, Argentina

⁴ Swiss Federal Research Institute WSL, Zürcherstrasse 111, 8903 Birmensdorf, Schweiz

⁵ INRAE Avignon, 228 route de l'Aérodrome, Site Agroparc - CS 40509, 84914 Avignon Cedex 9, Frankreich

Der Klimawandel wird die Beziehungen von lokal angepassten Populationen und ihrer Umwelt beeinflussen und hat somit das Potenzial, den Selektionsdruck auf adaptive Genvarianten zu verändern. Das südliche Andengebirge ist durch zwei orthogonale Umweltgradienten ein idealer Untersuchungsort: Temperatur und Tageslänge verändern sich von Süd nach Nord, während es einen Niederschlagsgradienten von Ost nach West gibt. Dies ermöglicht es uns, die Umwelteinflüsse auf die genetische Anpassung der Südbuche (*Nothofagus pumilio*) zu untersuchen, deren Verbreitungsgebiet sich über 2.000 Kilometer entlang dieser Gradienten erstreckt. Wir nutzten dafür einen landschafts-genomischen Ansatz und kombinierten ein paarweises Stichprobendesign, eine Populationsstrukturanalyse und Genotyp-Umwelt-Assoziationsanalysen. Wir nutzten dafür aktuelle und zukünftig prognostizierte Umweltbedingungen und genotypisierten fast 500 Bäume an 47.000 SNPs in Kandidatengenomen, die mit Wachstum, zirkadianem Rhythmus und Stressreaktion zusammenhängen.

Die genetischen Cluster orientierten sich entlang des Nord-Süd-Gradienten, was wahrscheinlich auf vergangene Glazial- und Interglazialzyklen zurückzuführen ist. Eine Identifikation von Outlier Loci und Genotyp-Umwelt-Assoziationsanalysen deutete darauf hin, dass *N. pumilio* stark an das aktuelle Klima angepasst ist. So unterschieden sich 447 SNPs stark zwischen den Subpopulationen und/oder waren mit der Temperatur, der Tageslänge oder, in geringerem Maße, mit dem Niederschlag assoziiert. Diese Ergebnisse extrapolierten wir über Raum und Zeit hinweg, um den genomischen Versatz zu bewerten und so die Auswirkungen des kommenden Wandels vorherzusagen. Da die Populationen von *N. pumilio* an die gegenwärtigen geografischen Konfigurationen der Umweltbedingungen angepasst sind, könnten neue Kombinationen, die durch den Klimawandel entstehen, schwerwiegende Folgen sowohl für die natürliche Anpassung als auch für den Naturschutz und die Waldbewirtschaftung haben.

Klimasensitivität von Forstgenressourcen der Weißtanne (*Abies alba*) in Deutschland

DEVIRIM SEMIZER-CUMING¹, KARL-HEINZ MELLERT¹, BARBARA FUSSI¹, DARIUS KAVALIAUSKAS^{1,2,3}, MUHIDIN ŠEHO¹

¹ Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG), Forstamtplatz 1, 83317 Teisendorf, devrim.semizer-cuming@awg.bayern.de

² Vytautas Magnus University, Studentų str. 11, LT-53361 Akademija, Kauno distr. Lithuania

³ Lithuanian Research Centre for Agriculture and Forestry, Institute of Forestry, Liepų St. 1, Girionys, LT-53101 Kaunas distr., Lithuania

Die Sicherung der Saatgutversorgung mit hochwertigem und genetisch vielfältigem Vermehrungsgut stellt aufgrund des fortschreitenden Klimawandels die Forstwirtschaft vor große Herausforderungen. Insbesondere die Klimaextreme (vor allem Trockenheit, Dürre und Hitze) der jüngeren Vergangenheit erschweren die Vorhersage der Reaktion von Saatguterntebeständen und werden das Wachstum, die Fruktifikation und die Stabilität an bestimmten Standorten limitieren. Daher ist es von entscheidender Bedeutung, potenziell anpassungsfähige und klimaresiliente Herkünfte und Bestände mit Hilfe von Genmarkern (adaptiv und neutral) zu identifizieren. Im Rahmen des von der FNR (Waldklimafonds) geförderten Projektes „sensFORclim“ wurde die Klimasensitivität von drei heimischen Hauptbaumarten (Weißtanne, Buche und Fichte) des (herzynischen) Bergmischwaldes im Hinblick auf die zukünftige Anpassungsfähigkeit der Wälder an die Folgen des Klimawandels untersucht. Dabei wurden verschiedene Methoden angewandt, um mehr Erkenntnisse über die Eignung dieser Ressourcen zu gewinnen. Im Rahmen des Vortrags werden Ergebnisse der genetischen und genomischen Identifizierung von 12 Weißtannenbeständen in Baden-Württemberg, Bayern und Thüringen vorgestellt. Die genetische Vielfalt und die Struktur der Bestände wurden anhand von neun Kernmikrosatellitenmarkern untersucht. Die Ergebnisse weisen auf eine relativ hohe genetische Vielfalt sowie auf drei räumlich-genetische Hauptcluster in Süddeutschland hin. Anhand der SPET-Sequenzierung (Single Primer Enrichment Technology) von sechs aus den zwölf Beständen konnten wir die genetische Struktur und die lokale Anpassung anhand von Ausreißer- und Genotyp-Umwelt-Assoziationsanalysen weiter untersuchen. 22,920 biallelische SNPs wurden nach bestimmten Kriterien gefiltert und für nachgelagerte Analysen weiterverarbeitet. Die Ergebnisse bestätigten frühere Erkenntnisse zur genetischen Clusterbildung und identifizierten Loci, die möglicherweise einer Selektion unterliegen. Des Weiteren konnten deutliche und teils statistisch signifikante Beziehungen bestimmter Marker mit Klimaparametern entlang des untersuchten Umweltgradienten gefunden werden. Die Ergebnisse leisten einen wichtigen Beitrag zum Erkenntnisgewinn und können die Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstgenetischer Ressourcen der Weißtanne unterstützen.

Bewertung des Wachstums und der Umwelthanpassungsfähigkeit von Eichenarten: Eine Herkunftsstudie in Österreich

ROMAN UFIMOV¹, FLORIAN IRAUSCHEK¹, LAMBERT WEIßENBACHER¹, JONATHAN M. KORMANN², MIRKO LIESEBACH², DEBOJYOTI CHAKRABORTY¹, SILVIO SCHÜLER¹, MARCELA VAN LOO¹

¹ Bundesforschungszentrum für Wald (BFW), Institut für Waldbau, Waldwachstum und Genetik, Seckendorf-Gudent-Weg 8, 1131 Wien, Österreich, roman.ufimov@bfw.gv.at

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

Eichen (*Quercus* spp.), spielen eine entscheidende Rolle in naturnahen Waldgesellschaften Zentraleuropas, liefern hochwertiges Holz und unterstützen die Biodiversität. Aufgrund ihrer Widerstandsfähigkeit gegen Sommerdürre und ihrer hohen phänotypischen Plastizität nimmt die Bedeutung der Eiche zu, insbesondere im Hinblick auf die Klimawandelanpassung von nadelbaumdominierten Wäldern in den Mittelagen. Herkunftsversuche sind wesentlich, um unser Verständnis der Anpassungsfähigkeit und Wachstumsdynamik von Eichenarten unter verschiedenen Umweltbedingungen zu verbessern. Diese Studie vergleicht 14 nationale Herkünfte und 7 internationale Herkünfte von Stieleichen und Traubeneichen an fünf klimatisch unterschiedlichen Versuchsstandorten in Österreich. Die Baumhöhen nach 15 Jahren zeigen deutliche Wachstumsunterschiede zwischen Stiel- und Traubeneiche, wobei Stieleiche nur an besser wasserversorgten Standorten deutliche Wachstumsvorteile hat. Für Stieleiche sind lokale Herkünfte meist am stabilsten, während bei 2 Herkünften aus Österreich tendenziell hohe Wuchsleistung gefunden wurde, die jedoch eine geringere Umweltstabilität aufweisen. Bei Traubeneiche weisen Herkünfte aus Ungarn und Kroatien stabile Durchschnittsleistungen auf. Das historische Klima der Herkünfte und Versuchsstandorte wurde mit einer Hauptkomponentenanalyse (PCA) und k-means Clustering klassifiziert. Klimaszenarien (RCP 4.5 und RCP 8.5) zeigen, dass bis zum Ende dieses Jahrhunderts die klimatischen Bedingungen wie sie derzeit auf den Versuchsstandorten herrschen, in Österreich zurückgehen werden (insbesondere für Stieleiche unter RCP 8.5) und sich von den Voralpen in die Bergregionen der Steiermark und Niederösterreichs verschieben. International werden ähnliche Klimabedingungen zukünftig je nach Szenario in Süddeutschland und Polen (RCP 4.5) bzw. in der Ostseeregion und Skandinavien (RCP 8.5) erwartet, woraus sich ableiten lässt, dass die österreichischen Eichenherkünfte im Klimawandel international zunehmend interessanter werden könnten.

Die Klimasensitivität der Rot-Buche und ihre Bedeutung für die Herkunftswahl

KATHARINA LIEPE¹, LUCREZIA UNTERHOLZNER², DUŠAN GÖMÖRY³, HEINO WOLF⁴, ERNST VAN DER MAATEN², MIRKO LIESEBACH¹

¹Thünen Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22926 Ahrensburg, katharina.liepe@thuenen.de

²Professur für Waldwachstum und Produktion von Holzbiomasse, TU Dresden, Piennner Str. 8, 01737 Tharandt

³Faculty of Forestry, Technical University in Zvolen, TG Masaryka 24, 96001 Zvolen, Slowakei

⁴Staatsbetrieb Sachsenforst, Referat 42, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna (im Ruhestand)

Die zunehmende Geschwindigkeit des Klimawandels, erkennbar durch Hitzewellen, Dürren und anderen Kalamitäten, führt bereits jetzt zu einer verminderten Vitalität, Veränderungen der Waldgesundheit, der Artenzusammensetzung und letztlich der Produktivität. Waldbewirtschaftende sind gut beraten, geeignete Anpassungsstrategien zu entwickeln, um die Ökosystemleistungen der Wälder zu erhalten. Dabei stellt die Wahl der Saatgutherkunft bei Waldumbau und Wiederaufforstung eine Schlüsselfrage für deren Erfolg dar. Bisher spielte die Rot-Buche (*Fagus sylvatica* L.), als eine der wichtigsten Laubbaumarten in Mitteleuropa, dabei eine zentrale Rolle. Allerdings wird auch ihre Klimastabilität angesichts der zuletzt zunehmenden Vitalitätseinbußen in Frage gestellt.

Auf Basis des Netzes von Internationalen Buchen-Herkunftsversuchen untersucht diese Studie die innerartliche Differenzierung und phänotypische Plastizität, die gemeinsam den Schlüssel für die Reaktion auf veränderte Umweltbedingungen darstellen. Wachstum und Überleben, erfasst nach 30-jähriger Beobachtungszeit, werden für jeweils drei deutsche Versuchsflächen der 3. Serie 1985/88 bzw. 4. Serie 1993/95 analysiert. Da zwischen den drei planar bis kollin gelegenen Flächen der jüngeren Serie weder im Wachstum noch im Überleben eine signifikante Interaktion zwischen Herkunft und Umwelt besteht, können für diese Großregion praxiswirksame, standortübergreifende Herkunftsempfehlungen ausgesprochen werden. Erst die Integration einer weiteren slowakischen Fläche aus montaner Höhenlage führt zu Rangverschiebungen, wobei dies die enge Beziehung zwischen den drei deutschen Flächen erneut bestätigt. Bei der älteren Serie, die einen Höhengradienten von planar bis montan aufweist, ist eine Interaktion im Überleben nachweisbar, die bei Empfehlungen standortspezifischer Herkünfte zu berücksichtigen ist. Entgegen der weit verbreiteten Theorie der lokalen Anpassung, sind hier für die Buche keine klaren Gradienten entlang klimatischer Faktoren erkennbar. Beziehungen zwischen Wachstum bzw. Überleben und Herkunftsklima sind sehr schwach ausgeprägt. Es besteht eine hohe Streuung, die bei räumlich, geographischer Betrachtung ökotypische Strukturen aufweist.

Ergänzend wurden auf den Flächen der 3. Serie Bohrkernentnommen, um Jahrringanalysen und holzanatomische Untersuchungen durchzuführen, die Klimawachstumsbeziehungen sowie einen Einblick der Wuchsreaktion auf zellulärer Ebene ermöglichen. Diese zeigen, dass die Buche allgemein durch die Wasserverfügbarkeit in ihrem Wachstum eingeschränkt wird, diese Empfindlichkeit sowie die Widerstandsfähigkeit gegenüber Extremen aber zwischen den einzelnen Herkünften und Standorten variiert.

Phänologische Reaktion von Buche und Fichte auf Klimaveränderungen (PhänoKlim)

BARBARA FUSSI¹, JOHANNA JETSCHNI², UTE TRÖBER³, RALF KÄTZEL⁴, AKI HÖLTKEN⁵, JÖRG KLEINSCHMIT⁶, PATRICK LEMMEN⁷, INGOLF PROFFT⁸, SUSANNE POEPEL⁹, MUHIDIN ŠEHO¹, SUSANNE JOCHNER-OETTE²

¹ Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG), Forstamtplatz 1, 83317 Teisendorf, Deutschland, barbara.fussi@awg.bayern.de

² Physische Geographie/Landschaftsökologie und nachhaltige Ökosystementwicklung, Katholische Universität Eichstätt-Ingolstadt, 85072 Eichstätt, Deutschland

³ Staatsbetrieb Sachsenforst (SBS), Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna OT Graupa

⁴ Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Alfred-Möller-Straße 1, 16225 Eberswalde

⁵ Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), Abt. Waldgenressourcen, Prof.-Oelkers-Str. 6, 34346 Hann. Münden

⁶ Forstliche Versuchsanstalt Baden-Württemberg (FVA), Wonnhaldestr. 4, 79100 Freiburg

⁷ Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Hauptstr. 16, 67705 Trippstadt

⁸ Thüringen-Forst - Forstliches Forschungs- und Kompetenzzentrum, Jägerstr. 1, 99867 Gotha

⁹ Landesforst Mecklenburg-Vorpommern, Zeppelinstr. 3, 19061 Schwerin

Die Erhaltung des Waldes und die nachhaltige Sicherung der Waldfunktionen in Natur- und Wirtschaftswäldern sind Ziele einer Reihe von Monitoring-Programmen in Waldökosystemen auf nationaler und internationaler Ebene. Obwohl sich alle baumbezogenen Merkmale (Schadssymptome, Wachstum, Mortalität etc.) aus der gemeinsamen Wirkung von Umwelt und Genotyp ergeben, wird die genetische Ebene als essenzielle Grundlage der Anpassungsfähigkeit im Rahmen des forstlichen Umweltmonitorings bisher nur unzureichend berücksichtigt. Ziel des forstgenetischen Monitorings ist es, die genetische Variation und den Zustand des genetischen Systems sowie deren räumliche und zeitliche Veränderung auf Bestandesebene zu erfassen. Phänologische Merkmale wie z.B. der Blattaustrieb sind in einem hohen Ausmaß erblich und werden daher zusammen mit anderen Merkmalen von den Altbäumen an die nächste Generation weitergegeben. Das genetische Monitoring leistet dadurch einen essenziellen Beitrag, um die Wirkung von Einflussfaktoren auf die genetische Vielfalt und somit auf die Anpassungsfähigkeit von Baumpopulationen abschätzen und bewerten zu können. Im Klimawandel kann es als Frühwarnsystem für mögliche Veränderungen, wie z.B. das Blühverhalten und die Weitergabe der Erbanlagen an die nächste Generation genutzt werden.

Um solche Entwicklungen zu beobachten, wurde im Projekt GenMon für die beiden heimischen Hauptbaumarten Buche und Fichte ein deutschlandweites Netz an Monitoringbeständen eingerichtet. Bestandteil des genetischen Monitorings sind neben genetischen Analysen an Altbäumen, der Naturverjüngung und Saatgut auch phänologische Beobachtungen. An vorselektierten Individuen wurden Blattaustrieb, Blühintensität, Fruktifikation und Vitalität in bisher sechs Beobachtungsjahren bonitiert. Da der Ansatz des genetischen Monitorings eine langfristige Ausrichtung hat, sind regelmäßige Wiederholungsaufnahmen nach einem einheitlichen Schema essenziell. Um die Weiterführung dieser Aufnahmen zu gewährleisten, sind in periodischen Abständen Zwischenauswertungen notwendig. Die Auswertung und Interpretation der mittlerweile sechsjährigen Aufnahmeserie von phänologischen Daten ist nun Teil des neuen Projektes „PhänoKlim“. Erste Ergebnisse zeigen einen früheren Austrieb bei der Rotbuche sowohl bei Altbäumen als auch bei der Naturverjüngung.

Zusätzlich werden zur Einordnung der auf den GenMon-Flächen erhobenen Daten mit Beobachtungen des DWD und der Internationalen Phänologischen Gärten (IPG) herangezogen. Die genetische Identität der vegetativ vermehrten Buchen und Fichten in den IPG werden nun in PhänoKlim mittels Kernmikrosatelliten überprüft. Damit leistet das Projekt einen wichtigen Beitrag zur Weiterführung des forstlichen Monitorings auf Ebene der Genetik.

Maßnahmen zur Arterhaltung der Schwarz-Pappel in Sachsen

MAREK SCHILDBACH, UTE TRÖBER, MARIE BRÜCKNER, HEINO WOLF

Staatsbetrieb Sachsenforst, Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Straße 34, 01796 Pirna – OT Graupa, marek.schildbach@smekul.sachsen.de

Die Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.) ist in den Auen des submeridionalen, kontinentalen Eurasiens beheimatet (SCHMIDT & KLAUSNITZER 2002) und hat damit grundsätzlich ein sehr großes Verbreitungsgebiet. In Deutschland und speziell in Sachsen ist sie jedoch vor allem aufgrund von Lebensraumverlust gefährdet und wird in der Roten Liste Sachsens in der Kategorie 1 („vom Aussterben bedroht“) geführt (SCHULZ 2013). Seit 2005 gibt es kontinuierliche Maßnahmen zur Erhaltung der Art. Nach einer umfänglichen Erfassung und Analyse aller eher aufgenommenen Einzelbäume, Baumgruppen und Bestände der Schwarz-Pappel (KÄTZEL et al. 2007, LORENZ et al. 2016, TRÖBER & WOLF 2015) erfolgte die Ausweisung von Generhaltungs- und Erntebeständen sowie die Anlage eines Mutterquartiers für Stecklinge. Innerhalb des Projektes BesIN (LORENZ et al. 2016) wurden potentielle Standorte für die Wiedereinbringung ermittelt. Die Bereitstellung des benötigten Saatguts kann aufgrund des hohen Alters der derzeit in den wenigen Erntebeständen stehenden Bäume vermutlich nur noch einige Jahre gesichert werden. Im Jahr 2023 wurde deshalb der Versuch unternommen, den bedeutendsten sächsischen Erntebestand der Schwarz-Pappel zu verjüngen. Dies scheiterte trotz grundsätzlicher Zustimmung aller Seiten im Spannungsfeld der verschiedenen Interessen. Aus diesem Grund wurde mit dem dafür vorgesehenen Material *ex situ* eine Samenplantage angelegt, die optimalerweise in wenigen Jahren fruktifizieren wird.

Quellen:

- KÄTZEL R, KRAMER W, TRÖBER U (2007): „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Schwarz-Pappel und der Ulmenarten in Deutschland“, Teillos 1: „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Schwarz-Pappel (*Populus nigra*) in Deutschland“. Landesforstanstalt Eberswalde, 112 S. (https://www.genres.de/fileadmin/SITE_MASTER/content/SITE_GENRES/downloads/docs/BLAG/Seltene_Baumarten/SchwarzPappel.pdf).
- LORENZ J, MÜLLER K-H (2016): Studie zur beispielhaften Wiederansiedlung der Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.) in Sachsen. Abschlussbericht zum gleichnamigen BesIN-Vorhaben im Auftrag des Sächsischen Landesamtes für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie. NABU Landesverband Sachsen, Leipzig, 41 S. + Anhang
- SCHMIDT PA, KLAUSNITZER U (2002): Die Baum- und Straucharten Sachsens – Charakterisierung und Verbreitung als Grundlagen der Generhaltung. Schriftenreihe der Sächsischen Landesanstalt für Forsten, Heft 24, Pirna OT Graupa, 104 S.
- SCHULZ D (2013): Rote Liste und Arten-Liste Sachsens – Farn- und Samenpflanzen. Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie, Dresden, 304 Seiten.
- TRÖBER U, WOLF H (2015): Erhaltung der Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.) in Sachsen: Erfassung, Charakterisierung und Vermehrung auf genetischer Grundlage. *forstarchiv* 86 (6): 166-173

Innovative Ansätze

Freitag, 13. Sept. 2024

10:30-11:50 Uhr

(4 Vorträge)

Vorträge

BRÜGMANN T, ZAHN V, FENDEL A, FLADUNG M: Biotechnologische Innovationen an Rotbuchen und weiteren Baumarten

RUBIN S, KLIPPERT N, HOFMANN M: Epigenetische Untersuchungen an der Kiefer (*Pinus sylvestris*) - Klimaplan Hessen (KPH-Epigenetik)

BUBNER B, THIESEN F, MORGENROTH D: *In vitro*-Kultur der Rotbuche: Stabile Produktion vermehrter Klone als Schlüssel für Züchtungsprogramme und Resistenzforschung

AHMAD M, PRIEMER C, OLSSON S, CICEU A, KAROLAK M, MADER S, SCHINNERL J, WIENKOOP S, SCHÖNDORFER S, SEITNER S, JEZ J, STEWART E, GROßKINSKY DK, HAMMERBACHER A, TRUJILLO-MOYA C, VAN LOO M: Phänomik, Transkriptomik und Metabolomik lässt einen Gradienten der Trockenheitsempfindlichkeit bei der Schwarzkiefer (*Pinus nigra* J.F. Arnold) erkennen

Biotechnologische Innovationen an Rotbuchen und weiteren Baumarten

TOBIAS BRÜGMANN, VIRGINIA ZAHN, ALEXANDER FENDEL, MATTHIAS FLADUNG

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf, tobias.bruegmann@thuenen.de

Die Auswirkungen des Klimawandels stellen die Forstpflanzenzüchtung vor neue und dringende Herausforderungen. Biotechnologische Methoden, insbesondere in der genetischen Pflanzenforschung, können mit innovativen Ansätzen zur Züchtung von Waldbäumen beitragen. Dafür ist die *In-vitro*-Kultur eine grundlegende Technik. Allerdings wird durch die Rekalzitranz vieler Waldbaumarten ihre nachhaltige *In-vitro*-Etablierung und -Kultivierung erschwert.

Für die Rotbuche (*Fagus sylvatica*) wurden neue Protokolle zur *In-vitro*-Etablierung von jungen Bäumen aus einem Herkunftsversuch und von Keimlingen aus Bucheckern erfolgreich getestet. Die Kultivierbarkeit von Explantaten, gewonnen von Pflanzen aus verschiedenen europäischen Provenienzen, war abhängig von der Provenienz und dem Erntezeitpunkt mit einer Erfolgsrate von bis zu 57 %. Eine Sprossbildungsrate von bis zu 94 % wurde bei der Verwendung von Keimlingen erzielt. Bakterielle Kontaminationen konnten durch Antibiotikum-Behandlungen beseitigt werden.

Eine *In-vitro*-Kultur von Pflanzen ermöglicht die Anwendung weiterer biotechnologischer Techniken, wie genetischer Transformation und CRISPR/Cas-vermittelter Genomeditierung. Diese Methoden erlauben eine gezielte genetische Veränderung der Struktur und Expression von Genen. Die dadurch gewonnenen Erkenntnisse werden zur Erforschung der spezifischen Rolle einzelner Gene und dadurch zur Aufklärung der genetischen Grundlagen von z.B. Schädlings- und Trockenstresstoleranzen beitragen.

Die Techniken werden ausgehend von Pappeln, wo sie bereits etabliert sind, auf andere Baumarten übertragen. Zur Erweiterung des technologischen Werkzeugkastens werden derzeit Arbeiten insbesondere an Rotbuche, Asiatischem Götterbaum (*Ailanthus altissima*) und Gemeiner Esche (*Fraxinus excelsior*) durchgeführt.

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

SOFIA RUBIN, NATALIA KLIPPERT, MARTIN HOFMANN

Nordwestdeutsche forstliche Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen, Sachgebiet Prüfung und Züchtung forstlichen Vermehrungsgutes, Professor-Oelkers-Straße 6, 34346 Hann. Münden, sofia.rubin@nw-fva.de

Neben der „klassischen“ Umweltanpassung durch Vererbung und Selektion besteht auch die Möglichkeit einer umweltinduzierten Weitergabe von Erbinformationen (Epigenetik). Hierbei sind die Umweltbedingungen während der Reproduktionsphase entscheidend. Diese können die Expression anpassungsrelevanter Gene dauerhaft, beziehungsweise irreversibel beeinflussen. Im Ergebnis können epigenetische Effekte deshalb zu einer weiteren Steigerung des Anpassungspotenzials führen.

Innerhalb des Projektes KPH-Epigenetik soll der Frage nachgegangen werden, ob eine im Phänotyp erkennbare Plastizität der Merkmalsausprägung innerhalb der genetisch bedingten Reaktionsnorm liegt oder umweltinduziert, also epigenetisch, ist und damit auch an die Nachkommen weitergegeben werden könnte. Aufgrund der weiten Verbreitung, der häufigen Fruktifikation und der guten Lagerfähigkeit des Saatgutes wurde die Kiefer als Modellbaumart gewählt.

Das Projekt beinhaltet die Kartierung und wiederholte Beerntung von Einzelbäumen ausgesuchter Bestände unter der Berücksichtigung aller in Hessen vorkommenden zonalen Kiefern-Waldstandorte. Das gewonnene Saatgut wird in der NW-FVA internen Genbank eingelagert und später für die Anlage von Nachkommenschaftsprüfungen genutzt. Des Weiteren werden bereits eingelagerte Absaaten der Genbank ausgesät und Pflanzen angezogen. Dabei handelt es sich um Saatgut aus unterschiedlichen Reifejahren mit Weisercharakter. Mit diesem Material werden Nachkommenschaftsprüfungen angelegt und Trockenstressexperimente durchgeführt.

Der Nachweis epigenetischer Effekte hätte bedeutsame Auswirkungen auf die Auswahl von Saatguterntebeständen beziehungsweise auf die Wahl des Erntejahres.

***In vitro*-Kultur der Rotbuche: Stabile Produktion vermehrter Klone als Schlüssel für Züchtungsprogramme und Resistenzforschung**

BEN BUBNER, FRANKA THIESEN, DIANA MORGENROTH

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

Die *in vitro*-Kultur der Rotbuche ist angesichts sich ändernder klimatischer Bedingungen in europäischen Wäldern von entscheidender Bedeutung, da sie eine Schlüsselbaumart ist. Durch den Einsatz von *in vitro*-Techniken können wir den Züchtungsprozess beschleunigen und Merkmale auswählen, die die Trockenresistenz und Toleranz gegenüber Pathogenen des Baumes erhöhen. Durch die Auswahl verschiedener Herkünfte und Explantattypen konnten wir trotz der Einstufung als rekalcitrante Art über 500 *in vitro* Klone von Buchen etablieren. Derzeit sind 58 Klone in der stabilen Vermehrung. Die Optimierung der Vermehrungsbedingungen führte zu Vermehrungsraten zwischen 1,5 und 2,00. Ansätze zur Hochskalierung der Vermehrung mithilfe von temporären Immersions-Bioreaktoren werden umgesetzt. Nach dem Vermehrungsschritt wurde erstmals eine erfolgreiche *in vitro* Wurzelbildung mit 11 Klonen durchgeführt. Die anschließende *ex vitro* Überführung und Akklimatisierung bleibt aufgrund der geringen Wachstumsraten der Pflanzen im Gewächshaus schwierig. Unsere Forschung *in vitro*-Vermehrung von Buchen lässt einen ermutigenden Ausblick auf eine stabile *in vitro*-Produktion erwarten.

Phänomik, Transkriptomik und Metabolomik lässt einen Gradienten der Trockenheitsempfindlichkeit bei der Schwarzkiefer (*Pinus nigra* J.F. Arnold) erkennen

MUHAMMAD AHMAD¹, CLARA PRIEMER², SANNA OLSSON³, ALBERT CICEU¹, MARTA KAROLAK¹, SONJA MADER¹, JOHANN SCHINNERL⁴, STEFANIE WIENKOOP², SELINA SCHÖNDORFER⁵, SEBASTIAN SEITNER⁵, JAKUB JEZ⁵, ETHAN STEWART⁵, DOMINIK K. GROßKINSKY⁶, ALMUTH HAMMERBACHER⁷, CARLOS TRUJILLO-MOYA¹, MARCELA VAN LOO¹

¹ Bundesforschungszentrum für Wald (BFW), Institut für Waldbau, Waldwachstum und Genetik, Seckendorf-Gudent-Weg 8, 1131 Wien, Österreich, muhammad.ahmad@bfw.gv.at

² Abteilung Molekulare Systembiologie, Dep. Funktionelle und Evolutionäre Ökologie, Universität Wien, Djerassiplatz 1, 1030 Wien, Österreich

³ Forest Research Centre (INIA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Crta. Coruña km 7, 5, 28040 Madrid, Spanien

⁴ Department für Botanik und Biodiversitätsforschung, Universität Wien, Rennweg 14, 1030 Wien, Österreich

⁵ Plant Sciences Facility, Vienna BioCenter Core Facilities GmbH (VBCF), Wien, Österreich

⁶ AIT Austrian institute of Technology, Tulln an der Donau, Österreich

⁷ Department of Zoology and Entomology, Forestry and Agricultural Biotechnology Institute, University of Pretoria, Pretoria, 0002 Südafrika

Die Schwarzkiefer, mit ihrer Verbreitung hauptsächlich in Europa, der Türkei und Nordafrika, wird aufgrund ihrer hohen Trockentoleranz als wichtiger Kandidat für die assisted migration in der mitteleuropäischen Forstwirtschaft gehandelt. Es gibt jedoch nur wenige Informationen darüber, wie verschiedene Herkünfte im Sämlingsstadium auf schweren Trockenstress reagieren. In unserer Studie haben wir die automatisierte Hochdurchsatz-Phänotypisierung eingesetzt, um die Variation im Hinblick auf Trockenstressreaktion bei neun verschiedenen Herkünften zu bewerten. Die Sämlinge wurden 12 Tage lang bei konstantem niedrigem Bodenwasserpotential unter Trockenstress gesetzt und mit RGB-, 3D- und PAM-Chlorophyll-Fluoreszenzsensoren phänotypisiert. Auf der Grundlage des maximalen Quantenertrags (Fv/Fm) des Photosystems II (PSII) zeigten zwei Herkünfte aus Zypern und Kroatien eine höhere Empfindlichkeit gegenüber Trockenstress, während zwei Herkünfte aus Österreich und Spanien am wenigsten empfindlich waren. Die restlichen fünf Herkünfte zeigten eine mittlere Leistung. Eine vergleichende Transkriptom-Analyse von fünf der neun Herkünfte zeigte außerdem, dass in den empfindlicheren Herkünften ein höherer Anteil unterschiedlich exprimierter Gene, die mit PSII zusammenhängen, herunterreguliert wurde. Zusätzlich korrelierten die Prolinprofile in der Metabolom-Analyse stark, aber negativ mit Fv/Fm. Obwohl die Profile der Flavonoide und der löslichen Kohlenhydrate nicht gut mit der Trockenempfindlichkeit der Herkünfte korrelierten, zeigten sie eine signifikante Induzierbarkeit unter Trockenstress. Darüber hinaus gab es signifikante Unterschiede zwischen den Herkünften bei den Gehalten dieser Metaboliten, was auf eine höhere metabolische Plastizität hindeutet. In dieser Studie wurde erstmals eine physiologisch relevante Trockenstressmethode vorgeschlagen, die zur Untersuchung der Trockenempfindlichkeit von Schwarzkiefernherkünften im Hochdurchsatzverfahren verwendet werden kann.

Autorenindex

ABREU IN 51
ACAR P 35
AHMAD M 11, 20, 36, 69
ARANA V 59
ARAVANOPOULOS FA 35
ARDAO RIVERA E 53, 57
ARGE LÄNDERZÜCHTER 39
BANDTE M 22
BAÑOS J 20
BÄUCKER C 24, 27, 29
BECKER F 14, 53, 55, 57
BILELA-ECKERT S 52, 53, 57
BLYTH C 35
BRAUN A 53, 57
BRÜCKNER M 52, 53, 57, 64
BRÜGMANN T 10, 66
BUBNER B 19, 22, 40, 68
BUDDE KB 45
BÜTTNER C 22
CABALLERO T 20
CAO HX 46, 51
CARÉ O 13
CARRERA E 20
CHAKRABORTY D 11, 61
ÇİFTÇİ A 35
DALLA-SALDA G 59
DAUPHIN B 59
DAWYDOW J 47
DEĞİRMENCI FÖ 35
DEMBNY H 47
EISOLD A-ME 22, 27
ERBACHER J 53, 69
ERTL R 20
ESPINOSA-RUIZ A 20
EUSEMANN P 29
FEICHTER J 48
FENDEL A 10, 66
FEUßNER I 51
FEUßNER K 51
FLADUNG M 10, 66
FRANK E 53, 57
FUSSI B 26, 38, 41, 60, 63
GACKOWSKI D 40
GAILING O 13, 45, 46, 51
GALILÄER J 15
GEBUREK T 18
GÖMÖRY D 62
GÖTZ J 13
GRABNER M 36, 48
GROßKINSKY DK 69
HAFFNER C 40
HAMBERGER J 30
HAMMERBACHER A 69
HARDTKE A 13
HEER K 59
HEINZE B 48
HEITKAM T 47
HOENICKA H 40
HOFFMANN Y-D 41
HOFMANN M 46, 53, 57, 63
HÖLTKEN A 45, 63
HOSIUS B 13
HUMMEL K 20
İDMAN ÖM 35
IRAUSCHEK F 36, 61
JANSEN S 35, 52
JETSCHNI J 63
JEZ J 11, 69
JOCHNER-OETTE S 63
JOFFE R 47
KANSU Ç 35
KARAUS M 40
KARFIK V 27
KAROLAK M 69
KÄTZEL R 14, 53, 55, 57, 63
KAVALIAUSKAS D 26, 60
KAYA Z 35
KELLY AA 51
KERSTEN B 17
KIRISITS T 18
KLEINSCHMIT J 35, 53, 57, 63
KLENKE K 12
KLIPPERT N 67
KONRAD H 18, 36
KORMANN JM 50, 51, 61
KRAUTWURST M 19
KUCHMA O 13
LEDERMANN T 20
LEE F 52
LEIGH DM 35
LEINEMANN L 13
LEMMEN P 63
LIEBSCH S 47
LIEDEL K 21
LIEPE KJ 12, 29, 43, 50, 62
LIEPE KP 43
LIESEBACH H 12, 24, 27, 29, 43
LIESEBACH M 12, 24, 32, 43, 50, 51, 61, 62
LITTMANN L 35
LODE CM 21
LÖFFLER S 53, 55, 57
LSTIBÜREK M 38
MADER M 17
MADER S 69
MAIWALD S 47
MARCHELLI P 59
MARTÍNEZ-GODOY MÁ 20
MARTINEZ-MEIER A 59
MATTERA MG 59
MELLERT K-H 60

8. Sektionstagung „Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung“ 11.-13.09.2024

MEYER M 15, 31, 47, 53, 57
MEYER N 45
MITTELBERG H 12, 29
MORGENROTH D 68
MORGENSTERN K 21
MÜLLER N 19
NEOPHYTOU C 38, 48, 52, 53, 57
NETHERER S 20
NOSENKO T 17
OLSSON S 69
OPGENOORTH L 59
ORGEL F 17
PAKULL B 29
PAST F 19
PASTORINO M 59
PIŠOVÁ S 36
POEPEL S 63
POPP A 31
PRIEMER C 69
PROFFT I 63
QUEGWER J 31
RAMIRES M 20
RASCHKE J 47
RAZZAZI-FAZELI E 20
REICHE B 47
RELLSTAB C 35
RENTSCHLER F 38
RIECKMANN CA 43
RIEDEL D 53, 57
RUBIN S 67
RUPPS A 47
SCHEBECK M 20
SCHILDBACH M 64
SCHINNERL J 69
SCHIRMER R 39, 56
SCHLOSSER S 20
SCHMID R 33
SCHNECK V 27, 43
SCHNITZLER J-P 17
SCHÖNDORFER S 69
SCHRÖDER H 17
SCHULDT B 21, 47
SCHÜLER S 61
SCOTTI I 59
ŠEHO M 26, 30, 41, 60, 63
SEIDEL H 38
SEITNER S 11, 69
SEKELY J 59
SEMIZER-CUMING D 26, 35, 41, 60
SERGENT A-S 59
SHRESTHA K 45
SIEMOKAT P 15
SOLIANI C 59
STARCZAK M 40
STAUFFER C 48
STEINER W 13, 46, 53, 57
STEINIGEN T 15
STEWART E 11, 69
STÜWE R 37
SZUKALA A 18
THIESEN F 68
TÖPPE M 53, 57
TOURVAS N 35
TRÖBER U 31, 44, 47, 52, 53, 57, 63, 64
TRUJILLO-MOYA C 11, 18, 20, 36, 69
TUBES M 39, 56
ÜBL C 36
UFIMOV R 36, 61
ULRICH A 40
ULRICH K 40
UNGER G 18
UNTERHOLZNER L 50, 62
VAN DER MAATEN E 50, 62
VAN DER MAATEN-THEUNISSEN M 50
VAN LOO M 11, 20, 36, 61, 69
VON BARGEN S 22
VU GTH 46, 51
WAGNER N 45
WALTHER M 47
WATERMEIER M 53, 57
WATZINGER A 36
WEISSENBACHER L 25, 61
WENZEL J 53, 57
WIENKOOP S 69
WOLF H 15, 47, 62, 64
ZAHN V 66
ZÜF-TEAM 33

Exkursion

Freitag, 13. Sept. 2024

12:15-20:45 Uhr

Exkursion am 13.09.2024

- | | |
|---------------|---|
| 12:15-13:45 | Abfahrt mit dem Bus an der Talstation der Schlossbergbahn am Stadtgarten |
| 13:45 | Lunchpause und Führung im Versuchsgelände Liliental
(geplant sind: My Garden of Trees, asiatische Baumarten, FitForClim-Fläche, Mammutbäume, Tulpenbaum, Baumhasel usw.) |
| 15:45-16:15 | Fahrt |
| 16:15-17:30 | Flaum-Eichen im NSG Bitzenberg |
| 17:30-18:00 | Fahrt |
| 18:00-20:00 | Ausklang in einer Straußenwirtschaft, Ihringen |
| 20:45 (21:00) | Ankunft in Freiburg mit Halt am Freiburger Hbf. |

Versuchsgelände Liliental

MANUEL KAROPKA, MIRKO LIESEBACH, JÖRN ERBACHER, CHARALAMBOS NEOPHYTOU

Aus der Geschichte des Lilienhofs (FVA o.J., MLRELF o.J.)

Der Kaiserstuhl ist altes Siedlungsgebiet. Urkundliche Belege für Breisach reichen bis ins Jahr 369 zurück (für Ihringen bis ins Jahr 962). Im 11. Jahrhundert herrschten über den Lilienhof die ÜSENBERGER, denen auch das Jagdrecht im gesamten Kaiserstuhl unterlag. 1392 wurde der verschuldete Besitz an den MARKGRAFEN VON HACHENBERG verkauft.

Der ursprüngliche Wald wurde schon früh aufgelichtet, Terrassen angelegt und Reben gepflanzt. Durch die Entvölkerung im Zuge der 30-jährigen Kriege bewaldete sich der Kaiserstuhl wieder. In den Kriegen gegen die Franzosen litten Bevölkerung und Wald. Erst mit dem Frieden von 1805 begannen bessere Zeiten. Der zwischenzeitlich vermutlich dem Deutsch-Orden-Kommende zu Freiburg gehörende Wald kam in Staatsbesitz. Um 1835 erwirbt die Gemeinde Ihringen den Staatswald und verkauft in zwischen 1846 und 1855 an Bürger und eine sogenannte Waldgesellschaft.

Die Waldgesellschaft verkauft ihre Anteile bereits um 1857 wieder an die „Badische Gesellschaft für Tabakprodukte und -handel“, die den Wald rodet und das Gelände landwirtschaftlich nutzt. Von 1870 bis zum 1. Weltkrieg gehörte das Hofgut den GRAFEN VON BISMARCK, anschließend bis in die 1930er Jahre dem Herrn VON WOGAU.

Beginnend im Jahr 1957 erwirbt das Land Baden-Württemberg das Gelände. Das Zentrum, das Liliental mit ca. 70 ha, erhält die FVA für Samenplantagen und als Arboretum. Um Begehrlichkeiten der Bevölkerung entgegenzuwirken wird die Fläche mit einem Pappelvorwald überstellt. Die umliegenden Flächen verbleiben beim Forstamt Breisach und werden mit Laubwald aufgeforstet.

Von der ehemaligen Hofanlage stehen heute nur noch wenige Gebäude. Im früheren Herrenhaus (Schlößle) befindet sich eine Gaststätte. Dahinter schließt sich die parkartig angelegte Fläche.

Im Jahr 2019 wurde ein neues Konzept für die Öffentlichkeitsarbeit umgesetzt. So können sich Besucher jetzt an 10 dreisprachigen Info-Stelen über die Arbeit der FVA im Liliental informieren.

Standortverhältnisse (FRANKE et al. 1997, MLRELF o.J.)

Das Gelände des Lilientals erstreckt sich in einer Höhenlage von 270-430 m ü. NN. Die mittlere Jahresdurchschnittstemperatur betrug 9,7 °C und in der Vegetationsperiode 14,3 °C. An Niederschlag fielen im jährlichen Mittel 615 mm, davon 65 % in der Vegetationsperiode. Die Temperaturen sind in den letzten Jahren angestiegen. Bei den Böden handelt es sich um trockene bis mäßig frische, mittel- bis tiefgründige Lößböden mit freiem Kalk im Oberboden. Charakteristisch für das Liliental und den Kaiserstuhl sind die mächtigen Lößauflagen.

Durch die Kombination von landschaftlich interessanter, abwechslungsreicher Topografie, klimatisch begünstigter Lage und der offenen Bewirtschaftungsweise durch die FVA und die UFB Breisgau-Hochschwarzwald im Stil eines Landschaftsparks, wurde ein botanisches Kleinod geschaffen, welches bundesweit einmalig ist.

Das Liliental verfügt neben den gepflanzten ca. 240 Baum- und Straucharten auch über eine eindrucksvolle, natürliche Flora mit hoher Artenvielfalt. So sind z. B. 23 seltene Orchideenarten im Versuchsgelände nachgewiesen und kartiert. Bei der Pflege und Bewirtschaftung des Versuchsgeländes wird auf die seltenen Pflanzen besondere Rücksicht genommen.

Projekt: MyGardenOfTrees (<https://www.mygardenoftrees.eu/>)



MyGardenOfTrees ist ein partizipatives Wissenschaftsprojekt, das von der Europäischen Kommission unterstützt und von einem Team von Forschern der Eidgenössischen Forschungsanstalt WSL geleitet wird. Das Ziel von MyGardenOfTrees ist es, das Wachstum und die Regenerationsfähigkeit verschiedener Herkünfte von Tannen- (*Abies alba* Mill., *A. borisii-regis* Mattf. & *A. nordmanniana* Spach.) und Buchenarten (*Fagus sylvatica* L., *F. orientalis* Lipsky) in Versuchsgärten in ganz Europa zu bewerten. Die in diesen Gärten gewonnenen Beobachtungen werden zur Entwicklung eines Prognoseinstruments für Förster verwendet, das ihnen helfen soll, Wälder zu schaffen, die besser an den Klimawandel angepasst sind.

Im Rahmen des Versuchs (2023-2028) wurden in ganz Europa über 300 Mikrogärten angelegt (Abb. 2).

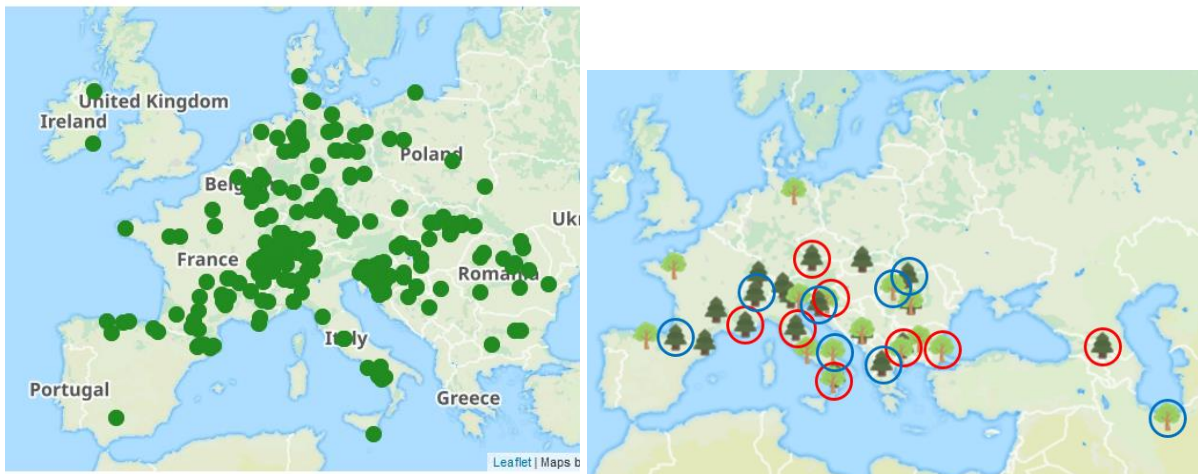


Abb. 2: Lage der angelegten Mikrogärten (links) und Einsammlungsorte der Buchen- sowie Tannenherkünfte (rechts). Farblich umrandet sind die Herkünfte, die in den beiden Mikrogärten der FVA-BW ausgesät wurden: rot: Garten-ID 369; blau: Garten-ID 364)

Die FVA-BW beteiligt hierbei unter anderem mit der Anlage von zwei Mikrogärten im Liliental, die über einen Zeitraum von 5 Jahren betreut werden. Ein Mikrogarten setzt sich dabei aus 25 Aussaatstellen zusammen, die in Blöcken 4-fach wiederholt sind. Nach der Aussaat im März 2024 wurde die Keimung und die Entwicklung der Sämlinge fortlaufend bonitiert. Zwischen den einzelnen Arten sowie den Herkünften einer Art zeigen sich dabei teils erhebliche Unterschiede bezüglich der Keimungs- und Überlebensrate (Abb. 3).

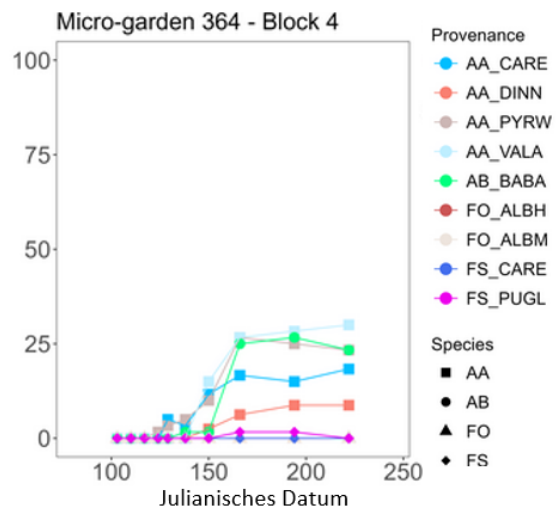


Abb. 3: Keimungs- und Überlebensrate des ausgesäten Saatgutes getrennt nach Baumart und Herkunft exemplarisch für den 4. Block des Mikrogartens 364.

Japansammlung (MLRELF o.J.)

In einer kleinen geschützten Mulde wurde ab dem Jahr 1971 mit der Abspflanzung japanischer Baumarten aus eigener Anzucht begonnen. Das Saatgut hatte der früherer Landesforstpräsident HUBERT RUPF von einer Japanreise mitgebracht und zur Verfügung gestellt.

- ***Cryptomeria japonica* (Sicheltanne)** mit ihrem schlanken, pyramidalen Kronenaufbau und geraden Stämmen kommt in Japan zwischen dem 30. und 42. Breitengrad vor. Ein natürliches Vorkommen liegt im Süden, insb. auf der Insel Yaku-shima. Dort kommt sie in Höhenlagen zwischen 600 und 1900 m an Nordwesthängen natürlich vor. Sie erreicht Höhen bis 40 m und Durchmesser von 2 m. Gipfelbrüche sind häufig und Kadaververjüngung typisch. Das zweite Vorkommen befindet sich im Norden auf der Insel Hondo. Hier sind die Bäume deutlich höher aber weniger dick (bis 1,1 m Durchmesser).

Die Sicheltanne ist eine der waldbaulich wichtigsten Baumarten und wurde überall in Japan gepflanzt. Ihre Standortansprüche sind hoch. Sie verlangt gute, frische Böden in luftfeuchter, milder Lage. Sie benötigt Schutz vor Wintersonne und austrocknenden Winden.

Eine winterliche Verfärbung der Nadeln (ganzer Astpartien) ist typisch. Ihr Holz wird in großen Mengen als Bauholz sowie zur Herstellung von großen Gefäßen verwendet. Es ist leicht bearbeitbar, harzfrei und von großer Haltbarkeit im Außenbereich und bei Kontakt mit Erdfeuchte.

Der Bestand im Liliental geht auf Saatgut, das im Winter 1980/81 nach Freiburg gelangte, zurück (Herkunft: Akita & Jamanshi-Ken, Hokkaido). Die Aussaat erfolgte im Frühjahr 1981. Mehrfach verschult wurden 950 Pflanzen im Frühjahr 1984 auf einer Terrasse ohne Pappelschirm ausgepflanzt. Mit der Pflanzung wurde gleichzeitig ein lockerer Schirm mit *Betula platyphylla* var. *japonica* gepflanzt. Stellenweise trat Schneedruck auf. Im Alter von 10 Jahren (1991) begann die Jungwuchspflege mit der Förderung der vitalsten Individuen (FRANKE et al. 1997).

- ***Betula maximowicziana* (Lindenblättrige, Maximowicz-Birke)** ist eine ostasiatische Birkenart, die auf den japanischen Inseln Hokkaido und Hondo beheimatet ist. Wegen ihrer großen, lindenblattähnlichen Blätter, der goldgelben Herbstfärbung und der grauweißen bis orangefarbenen Rinde ist sie eine der schönsten Birkenarten. Als Pionierbaumart gedeiht sie auf zahlreichen Standorten.

In ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet findet man sie in Mischung mit Laub- und Nadelbaumarten. Die bis zu 30 m hohe Art besticht durch ihre geraden, astreinen Schäfte. Sie zeichnet sich durch rasches Jugendwachstum und Frosthärte aus.

Nach Europa wurde *B. maximowicziana* erstmals 1888 durch VEITCH eingeführt. Hier findet man *B. maximowicziana* in zahlreichen dendrologischen Sammlungen, Gärten und Parks. Forstlich ist sie außerhalb ihres Verbreitungsgebietes eine wenig bekannte Baumart. *Betula maximowicziana* ist eine sommergrüne Baumart, die wegen ihrer geraden und zylindrischen Stämme zu den schönsten Bäumen Japans gezählt wird. Ihre großen Blätter zittern im Wind wie Espenlaub.

Zwei charakteristische Merkmale machen sie unverwechselbar:

- Zum einen sind die Blätter für eine Birkenart ungewöhnlich groß und an der Basis tief herzförmig gebuchtet. Die lindenblattähnlichen Blätter sind 8 bis 15 cm lang, 5 bis 11 cm breit, kurzspitzig und haben eine breit-herzförmige Basis. Die Blattspreite hat einen doppelt gesägten Rand.
- Zum anderen sind die weiblichen Blütenkätzchen zu 3 bis 4 in Büscheln angeordnet.

Die Baumkrone setzt sich aus starken und langen, im Winkel von 45° abstehenden Ästen zusammen und wirkt daher breit und offen, wobei die Astenden nicht überhängen. Allerdings wird die

Kronenform stark durch die Topographie des Standorts und im Bestand durch Nachbarbäume beeinflusst. Auffallend und kennzeichnend ist die sehr frühe und gute Astreinigung.

Obwohl die Baumart insgesamt als schattentolerant gilt, sterben die großen Blätter bei starker Beschattung ab und mit ihnen auch die unteren Äste. *B. maximowicziana* kann am Naturstandort über 260 Jahre alt werden und Höhen von 25 bis 30 m und Stammdurchmesser (BHD) von 1 m erreichen.

Betula maximowicziana wächst in Japan überwiegend auf Böden vulkanischen Ursprungs. Sie ist standorttolerant, bevorzugt aber frische, mäßig mit Nährstoffen versorgte Lehmböden mit mittlerer Basensättigung. Sie gedeiht am besten in Schluchtwäldern und ist für trockene Standorte weniger geeignet.

In Japan werden aus dem Holz von *B. maximowicziana* Möbel, Weberschiffchen, Spindeln, Streichholzschachteln und Kisten sowie Papier hergestellt. Aus der Rinde werden auch Fackeln gefertigt. Da größere Holz mengen selten anfallen, ist die wirtschaftliche Bedeutung insgesamt gering. Holz aus Naturbeständen ist von ausgezeichneter Qualität und wird daher gelegentlich exportiert.

Das hellfarbige Holz wird auch als Fußbodenbelag in japanischen Gasthäusern auf dem Lande genutzt. Aufgrund der guten Schaffform und der weitgehend astfreien Stämme hat die Maximowicz-Birke einen hohen Furnierholzanteil.

- ***Cercidiphyllum japonicum* (Katsurabaum, Japanischer Kuchenbaum)** ist eine Baumart aus der nur zwei Arten zählenden Gattung Kuchenbäume, die aus Ostasien, insbesondere aus Japan und China stammt. Der Name Kuchenbaum stammt vom Geruch des Laubs vor und nach dem Fallen im Herbst. Insbesondere bei feuchtem Wetter riechen die Blätter nach frischem Gebäck, Karamell oder Lebkuchen. Der Geruch verliert sich allerdings beim Trocknen der Blätter.

Der Japanische Kuchenbaum ist ein langlebiger, sommergrüner Laubbaum oder Großstrauch, der Wuchshöhen von 10 bis 20 Metern, selten bis zu 30 Metern erreicht. Der Stammdurchmesser erreicht über 1 Meter. Die Wurzeln verlaufen flach bis herzförmig und bilden keine Ausläufer.

Die Bäume sind meistens zweihäusig getrenntgeschlechtig diözisch. Die unauffälligen rötlichen „Blüten“ erscheinen im März oder April noch vor dem Laub und blühen bis in den Mai.

In den gemäßigten Breiten wird er als seltenes dekoratives Ziergehölz in Gärten und Parks angepflanzt, wird dabei aber kaum höher als zwölf Meter. Er bevorzugt lockeren, humus- und nährstoffreichen Boden sowie einen sonnigen oder halbschattigen Standort. Er ist gegen Trockenheit empfindlich.

- ***Thujaopsis dolabrata* (Hiba-Lebensbaum)** ist in Japan heimisch. In Europa wurde er ab etwa 1853 bekannt. Über achtzig Prozent der natürlichen Bestände in Japan finden sich in der Präfektur Aomori.

Der Hiba-Lebensbaum ist eine langsamwüchsige immergrüne Baumart, die Wuchshöhen von 15 Metern erreicht, auf den britischen Inseln bis zu 20 Metern. Er ist. Der Hiba-Lebensbaum ist einhäusig getrenntgeschlechtig (monözisch). Die männlichen Zapfen sind zylindrisch und dunkelgrün. Die weiblichen Zapfen sind mit einem Durchmesser von 1,0 bis 1,6 Zentimetern fast kugelförmig.

Das Holz ist wegen seiner Beständigkeit gegen Pilzbefall am Bau geschätzt. Die Widerstandsfähigkeit ist auf die im Holz enthaltenen Hinokitiole (Thujaplicin) zurückzuführen. Aus dem Holz und den Blättern wird in Japan das ätherische *Hibaöl* gewonnen.

FitForClim-Klonarchiv Berg-Ahorn



Bei FitForClim handelt es sich um ein 2014 begonnenes Verbundprojekt zur Bereitstellung von leistungsfähigem und hochwertigem Forstvermehrungsgut für den klima- und standortgerechten Wald der Zukunft. Im Fokus stehen dabei die Baumarten Fichte, Wald-Kiefer, Europäische Lärche, Japanische Lärche, Douglasie, Stiel- und Trauben-Eiche sowie Berg-Ahorn. Mittels einer mittelfristigen Züchtungsstrategie soll so beim Berg-Ahorn Vermehrungsgut bereitgestellt werden, welches zum einen in Bezug auf wirtschaftlich bedeutsame Merkmale verbessert ist. Zum anderen soll dieses eine hohe genetische Diversität aufweisen und somit eine hohe genetische Anpassungsfähigkeit an die sich im Zuge des Klimawandels veränderten Umweltbedingungen besitzen. Dazu wurden besonders vitale und phänotypisch herausragende Plusbäumen deutschlandweit kartiert, vegetativ mittels Pfropfung vermehrt und zusätzlich genetisch charakterisiert (JÁNOSI et al. 2017). Als Resultat diese Arbeit befinden sich im Liliental drei Klonarchive mit über 650 mittels Pfropfung vermehrten Plusbäumen, die in Abhängigkeit des Plusbaumstandorts getrennt nach planarer, kolliner und montaner Höhenstufe im Jahr 2017 angelegt worden sind.

Nachkommenschaftsprüfung ACORN-Projekt



Im Rahmen des BiodivERSA Verbundprojekts ACORN befasst sich die FVA-BW zusammen mit Partnern aus Österreich, der Schweiz, Griechenland und der Türkei mit der Identifizierung von Saatgutquellen für anpassungsfähige Eichenwälder im Klimawandel. Neben Stiel- und Trauben-Eiche liegt dabei der Fokus auch auf der Flaum-Eiche. Das Untersuchungsgebiet erstreckt sich dabei über Mittel- und Südosteuropa bis hin zu der Türkei. Ein wichtiges Ziel des Projekts ist die Überprüfung des Erbgutes hinsichtlich regionaler und überregionaler Signaturen der Anpassung an Trockenheit. Neben einer genetischen und genomischen Untersuchung werden phänotypische Eigenschaften, die an einer Trockenanpassung beteiligt sind, und ihr Zusammenhang mit genetischer Variation erforscht. Die Ergebnisse sollen zur Beantwortung der Frage dienen, inwieweit der Transfer von forstlichem Vermehrungsgut auf regionaler oder interregionaler Ebene die Anpassungsfähigkeit zukünftiger Wälder erhöhen kann und welche Transferstrategie optimal ist, um die Vorteile bestmöglich zu nutzen und die Risiken zu minimieren.

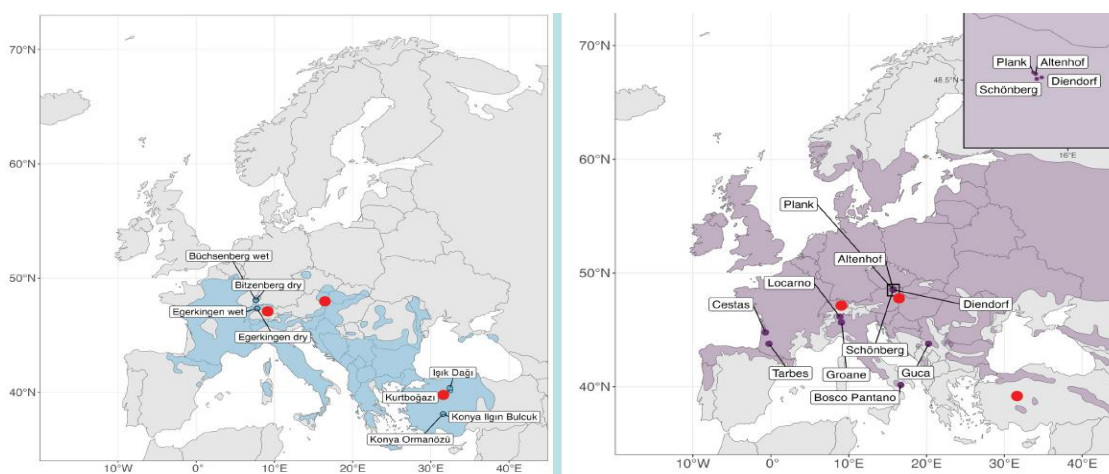


Abb. 4: Herkünfte der Flaum- (links) und Stiel-Eiche (rechts), die mit jeweils 5 Familien aus offener Abblüte in der Nachkommenschaftsprüfung vertreten sind.

Im Rahmen des Projekts wurden anhand eines Feldversuchs mit Familien aus offener Abblüte (Saat 2022) unterschiedlicher Herkünfte von Trauben, Stiel- und Flaumeichen auf drei klimatisch unterschiedlichen Standorten (Birmensdorf Schweiz, Wien Österreich und Ankara Türkei) physiologische Merkmale und Wuchseigenschaften der Nachkommen untersucht (Abb. 4, 5) und auf Assoziationen zwischen den phänotypischen Eigenschaften und der genomischen Variation geprüft (RELLSTAB et al. 2024). Anschließend wurden mit den Pflanzen aus der Schweiz im Frühjahr 2024 nach Liliental überführt und mit denen eine Versuchsfläche zur langfristigen Beobachtung der Wuchseigenschaften der verschiedenen Familien und Herkünfte angelegt. Einzelbaumabsaaten von 119 Mutterbäumen von 24 Herkünften aller drei Arten sind hier im Verband 1,5 x 2 m einzelweise randomisiert in 4-facher Wiederholung gepflanzt worden, sodass sich auf der Fläche 560 Pflanzen (zzgl. Randleihen) befinden.

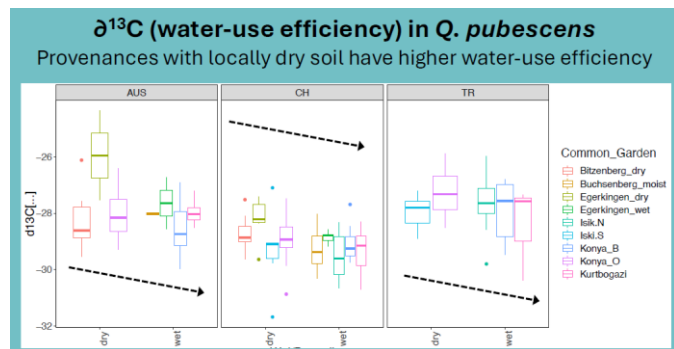


Abb. 5: Wassernutzungseffizienz anhand stabiler Kohlenstoffisotope bei verschiedenen Herkünften der Flaumeiche. Erste Ergebnisse weisen auf eine kleinräumige Trockenanpassung hin.

Mammutbaum-Wald (KAROPKA 2022)

Zu den größten Attraktionen im Versuchsgelände zählt das an einem günstigen Standort angepflanzte Mammutbaum-Wäldchen.

***Sequoiadendron giganteum* (Riesenmammutbaum)** stammt von den Westhängen der Sierra Nevada in Kalifornien/USA. Er wächst dort auf mehrere hundert kleine, isolierte natürliche Vorkommen verteilt in Höhenlagen zwischen 1500 und 2400 m ü. NN. Der mittlere Jahresniederschlag beläuft sich auf 1100-1300 mm, davon viel als Schnee.

Die größten Exemplare werden dort bis 100 m hoch. Der stärkste je gemessene Durchmesser betrug 14,45 m. Bei diesen Dimensionen entspricht die Holzmasse eines einzigen Baums 1000 m³ und mehr. Die ältesten Bäume sind über 3000 Jahre alt. Sie stehen streng geschützt z. B. im Sequoia- und im Yosemite-Nationalpark.

Das Saatgut für den Mammutbaum-Wald im Liliental wurde direkt aus dem Tulare County / Kalifornien bezogen. 1956 erfolgte in der FVA-Pflanzschule „Fasanengarten“ in Stuttgart die Aussaat. 1960 wurden die 4-jährigen Bäumchen auf einer Fläche von rund 1,2 ha ausgepflanzt, Pflanzverband 5 x 5 m. In den folgenden Jahren wurden bereits einzelne Bäume entnommen, um den Verbleibenden genügend Wuchsraum zu verschaffen. 1992 waren die Bäume im Durchschnitt 22 m hoch und 60 cm dick.

Der geschätzte jährliche Zuwachs des Gesamtbestandes beträgt ca. 30 Vfm, Tendenz z. Z. durch Trockenheit aber eher abnehmend.

Bestandesdaten:

von ursprünglich 480 Bäumen stehen aktuell noch ca. 150 Bäume

1992 mittlere Höhe 22 m

2002 mittlerer Höhe 27 m, mittlerer BHD 69 cm

8. Sektionstagung „Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung“ 11.-13.09.2024

2014 mittlere Höhe 34 m (Stichprobe 17 Bäume), mittlerer BHD 95 cm

höchster Baum: Höhe 41,3 m/BHD 106,3 cm

dickster Baum: BHD 118,2 cm/Höhe 32 m

Masseleistung der stärksten Bäume bei ca. 14 Festmetern

Masseleistung Gesamtbestand 2002 ca. 745 Vfm; 2014 ca. 1200 Vfm

Der Standort Kaiserstuhl bietet mit gut 600 mm Jahresdurchschnittsniederschlag nur ca. die Hälfte des natürlichen Niederschlagspotenziales der Heimatstandorte des Mammutbaums. Die Baumart wächst somit im Liliental zwar im Mangel auf, zeigt aber dennoch erstaunlich gute Zuwächse. Die Muldenlage des Bestandes ermöglicht die Aufnahme zusätzlichen Oberflächenwasser aus umliegenden Flächen.

Die Folgen des Wassermangels zeigten sich erstmal vor ca. 20 Jahren durch vertrocknete Triebspitzen, so „Zopftrocknis“. Diese ist durch den Mammutbaum aber kompensierbar, so dass in feuchteren Phasen/Jahreszeiten tiefer liegende Äste, die Leittriebfunktion übernehmen können und die Schäden überwachsen können.

Seit 2003 breitet sich jedoch in Folge des Trockenstresses die Pilzerkrankung *Botryosphaeria dothidea* aus. Sie äußert sich in Vergilbungen und Nekrosen in der Krone, die nach einigen Befallsjahren den ganzen Baum zum Absterben bringen können. Sie ist mit Pflanzenschutzmitteln nicht nachhaltig bekämpfbar. Dieses wäre auch ökologisch und ökonomisch nicht vertretbar.

Das Holz ist weich und grobporig. Es hat keine ausreichende Zug- und Druckfestigkeit um als Bauholz verwendet werden zu können. Nur der schöne rötliche Kern findet gelegentlich im Innenausbau Verwendung.

Aufgrund der standörtlichen Probleme, mangelnde standörtliche Eignung, ist ein „Alt werden“ des Bestandes eher fraglich. Er stellt dennoch eine große touristische Attraktion dar und hat für die FVA insbesondere großen Wert in der Monitoringfunktion auf den Klimawandel durch diese sehr klimasensitive Baumart.

***Sequoia sempervirens* (Küstenmammutbaum)** wächst in Nordamerika in einem schmalen Streifen an der Pazifikküste. Dort erreicht sie Höhen von über 100 m. In Deutschland erwies sich die Baumart an vielen Standorten als nicht ausreichend winterhart.

Die drei Exemplare im Liliental wurden 1961 gepflanzt. Es sind Stecklinge von Bäumen, die in mitteleuropäischen botanischen Gärten seit vielen Jahrzehnten überlebt hatten (MLRELF o.J.). Der stärkste Baum hatte im Mai 2015 einen Umfang von 318 cm.

***Liriodendron tulipifera* (Tulpenbaum)** kommt im östlichen Nordamerika vom südlichen Neuengland bis nach Zentral-Florida und im Westen bis Michigan natürlich vor. Dementsprechend variiert das Klima von mäßig strengen Wintern in Neuengland bis hin zu fast frostfreien Wintern in Florida.

Der Tulpenbaum wird als eine ausgesprochene Lichtbaumart beschrieben. Hinsichtlich des Standorts bevorzugt er mäßig trockene bis wasserzügige, gute nährstoffversorgte, lockere, tiefgründige Böden. Im natürlichen Verbreitungsgebiet ist der Tulpenbaum mit zahlreich Laubbaumarten und einigen Nadelbaumarten vergesellschaftet. Er ist somit eine ausgesprochene Mischwaldart mit Pioniercharakter. Anbauten in Deutschland haben gezeigt, dass ein leichter Schirm den Start auf der Kulturfläche erleichtert. Als Gefährdungen haben sich Wildverbiss und Mäusefraß herausgestellt.

Das Holz ähnelt dem der Linde und ist eines der bestbezahlten Handelshölzer der USA. Es wird als Sägeholz, für Möbel und zur Zellstoffproduktion sowie im Musikinstrumentenbau (für Pianos und Kirchenorgeln) verwendet.

Über die Herkunft des Pflanzenmaterials, das in den Jahren 1960 bis 1965 für die Begründung des 0,2 ha großen Bestandes verwendet wurde, liegen keine Nachweise vor. Bekannt ist, dass mit großen Stückzahlen nachgebessert wurde, da erhebliche Wühlmausschäden aufgetreten waren. Gepflanzt wurde im 5 x 2,5 m Verband unter einem Pappelvorwald. Sommergewitter und Schneebruch führten immer wieder zu Kronenbrüchen. (FRANKE et al. 1997)

***Metasequoia glyptostroboides* (Urweltmammutbaum)** wurde Ende 1941 von einem chinesischen Forscher bei einem Kleinen Dorf nordöstlich von Chungking am mittlern Jang-tse-kiang gefunden. In einem rund 800 km² großen Areal wurden über 100 Exemplare der bislang unbekanntes Baumart entdeckt. 1944 und in den Jahren danach konnte von diesen Bäumen in mehreren Expeditionen Material zur Artbestimmung sichergestellt werden. Erst 1948 erfolgte die Namensgebung. Charakteristisch für den Urweltmammutbaum sind die hellgrünen, nadelförmigen Laubblätter, die zweireihig an Kurztrieben sitzen und mit diesen zusammen jährlich im Herbst abgeworfen werden. Im natürlichen Verbreitungsgebiet fallen hohe Sommerniederschläge, während die Winter trockensind. Obwohl winterfrosthart ist sie durchaus spätfrostempfindlich.

Die Elternbäume dieses kleinen Bestandes wachen im Botanischen Garten der Universität Stuttgart-Hohenheim. Im Januar 1948 gelangten Samen von Prof. ELMER MERILL (Direktor im Arnold-Arboretum Boston) an die Uni Hohenheim., die im Gewächshaus ausgesät wurden., da über die Winterhärte nichts bekannt war. Die Forstliche Versuchsanstalt in Stuttgart-Weilimdorf erhielt 1955/56 eine größere Zahl Stecklingspflanzen. Der Großteil wurde für einen Anbauversuch verwendet. Vier Bäume verblieben im Kleinarboretum „Fasanengarten“ in Stuttgart. Sie wurden ihrerseits zur Werbung von Sekundärstecklingen genutzt. Die FVA hat vermutlich Bäume eines einzigen Klons erhalten. Der Nachweis stand 1997 noch aus.

Mit 4-jährigen Pflanzen wurde zwischen 1961 und 1963 der Kleinstbestand mit 82 Pflanzen im Liliental unter einem Pappelvorwald begründet. Der Pappelvorwald wurde 1965 geräumt. Die Metasequoien zeigten bis Ende des letzten Jahrhunderts keinerlei Schäden und erwiesen sich auch als erstaunlich Unempfindlich gegenüber Früh- und Spätfrösten.

Auffallend ist die für die Baumart typische Spannrückigkeit. Außerdem besitzen etwa ein Drittel der Bäume flaschenförmig aufgetriebene unter Schaftbereiche. Allen Individuen gemein ist eine starke Abholzigkeit. (FRANKE et al. 1997)

***Paulownia tomentosa* (Blauglockenbaum)** ist ins Ostasien beheimatet. Der Baum stellt keine besonderen Ansprüche an den Boden, bevorzugt nicht zu arme, mäßig trockene Böden. Ein warmer, windgeschützter Standort in sonniger Lage ist wichtig für den Blauglockenbaum. In der Jugend ist er frostempfindlich und benötigt Winterschutz. Der Blauglockenbaum ist ein sehr schnell wachsender, oft reich verzweigter, sommergrüner, laubabwerfender Baum. Auffällig sind die gegenständig oder wirtelig in kleinen Gruppen angeordneten, durchschnittlich 15–30 cm langen und 10–20 cm breiten, herz- bis breiteiförmigen Laubblätter. Die blauen Blüten sind in bis zu 40–50 cm hohen, gestielten traubigen und pyramidalen Blütenständen angeordnet. Der Blauglockenbaum wird jedoch aufgrund des ähnlichen Blattschmucks mit dem Trompetenbaum verwechselt.

8. Sektionstagung „Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung“ 11.-13.09.2024

Der Blauglockenbaum wird in klimatisch wärmebegünstigten Gebieten in Japan, Europa und Nordamerika als Zierpflanze und schnellwachsende Nutzpflanze verwendet. Sein schwer entflammables, helles und nicht beständiges Holz ist fast so leicht wie Balsaholz und relativ steif. Es wird als leichte Zwischenschicht beispielsweise im Möbelbau, für Musikinstrumente oder als Kernmaterial für Surfboards genutzt. In Japan werden aus dem Holz traditionell feuersichere Schränke für Kimonos geschreinert.

Seit 2012 werden Blauglockenbäume (*Paulownia elongata*, *P. fortunei*, *P. tomentosa*) auch in Deutschland in Plantagen zur Nutzholzgewinnung angebaut. Die deutschen Holzproduzenten bezeichnen diesen Baum auch als „Kiribaum“.

In der Schweiz wurde der Blauglockenbaum auf die „Liste der potenziell invasiven gebietsfremden Arten“ gesetzt. Im Frühjahr 2024 wurde die Art in den Anhang 2.2 der Freisetzungsverordnung aufgenommen, wodurch ihr Verkauf, ihr Verschenken oder ihre Einfuhr in der Schweiz ab 1.9.2024 als „invasive gebietsfremde Pflanze“ verboten ist (<https://de.wikipedia.org/wiki/Blauglockenbaum>). In Deutschland hat sie den Status einer potentiell invasiven Art und ist auf der grauen Liste des Bundesamts für Naturschutz aufgeführt (<https://de.wikipedia.org/wiki/Paulownien>).

Im Liliental stehen hinter dem Schlöble im Exotenpark einige ältere Bäume und es wurde in einer geschützten Lage ein Anbauversuch etabliert, der durch sein außergewöhnliches Jugendwachstum besticht.

Quellen:

KAROPKA M (2022): Arboretum Liliental. S. 19-26. In BOUILLON J (2022): 24. Winterseminar, 17. bis 20. Februar 2022, AG Junge Dendrologen in der DDG. Seminarband. DDG Eigenverlag.

FRANKE A, DAGENBACH H, HAUFF U (1997): Fremdländeranbauten im Versuchsgelände Liliental im Forstbezirk Breisach. Schriftenreihe der Landesforstverwaltung Baden-Württemberg 79: 211-240.

FVA [Hrsg.] (o.J.): Versuchsgelände Liliental am Kaiserstuhl. Eigenverlag 30 S.

JÁNOSI K, NEOPHYTOU C, BRAUN A, KONNERT M (2017): Grundlagen zur Züchtung beim Berg-Ahorn im Rahmen des Verbundprojekts „FitForClim“ gelegt. Beiträge aus der NW-FVA 16: 103-108.

MLRELF [Hrsg.] (o.J.): „Von Mammutbäumen und Orchideen“ Das Forstliche Versuchsgelände Liliental am Kaiserstuhl. Faltblatt.

RELLSTAB C, ACAR P, JANSEN SA, BLYTH C, MCNAMARA S, VITALI V, SAURER M, SEMIZER-CUMING D, ARAVANOPOULOS F, NEOPHYTOU C, KAYA Z, LEIGH DM (2024): Combining provenance trials with whole-genome analyses to identify climate resilient forest reproductive material for European white oaks. Posterbeitrag. XXVI IUFRO World Congress, 23.-29.06.2024, Stockholm, Schweden.

Autochthone Flaum-Eichen-Bestände am Kaiserstuhl

HANS-GERHARD MICHIELS, MANUEL KAROPKA

Naturschutzgebiet: „Bitzenberg“ (2 ha)

Waldtyp: Steinsamen-Eichen-Wald

Ökologische Artengruppen: *Tanacetum corymbosum*-, *Silene nutans*-, *Mercurialis perennis*-, *Deschampsia flexuosa*-, (*Carex flacca*-, *Milium effusum*) – Gruppe

Flaumeichenwald auf Süd-exponiertem, steilem und trockenem Hang.

Morphologische Struktur: Kleine Lößwand im Süden am Fuße des Hangweges.

Vegetationsstruktur: Trockensaum auf der teilweise offenen Steilböschung zur Straße.

Waldgesellschaft: Im Osten besonders mattwüchsiger Flaumeichenwald. Im Westen und auf der Kuppe etwas wüchsiger. Hoher Elsbeerenanteil. Bodenvegetation mit viel *Carex humilis*. Mittig am Oberhang kleiner Bereich eines Ahorn-Linden-Blockwaldes auf einem geröllüberlagerten Trockensaum.

Freier Kalk im Boden. Mull bis Moder; Pararendzina, Mull-Ranker bis gering entwickelte Braunerde. Flächengröße: 20000 m². Klassifizierung: 2.



Quelle: <https://content.digitizetheplanet.org/de/schutzgebiet/bitzenberg/>

Auszug aus der Verordnung des Regierungspräsidiums Freiburg als höhere Naturschutzbehörde über das Naturschutzgebiet »Bitzenberg« vom 18. April 1983 (GBl. v. 27.05.1983, S. 190):

§ 4 Verbote

(1) In dem Naturschutzgebiet sind alle Handlungen verboten, die zu einer Zerstörung, Beschädigung oder Veränderung des Schutzgebietes oder seiner Bestandteile, zu einer nachhaltigen Störung oder zu einer Beeinträchtigung der wissenschaftlichen Forschung führen können.

(2) Insbesondere ist verboten:

1. bauliche Anlagen im Sinne der Landesbauordnung in der jeweils geltenden Fassung zu errichten oder der Errichtung gleichgestellte Maßnahmen durchzuführen;
2. Straßen, Wege, Plätze oder sonstige Verkehrsanlagen anzulegen, Leitungen zu verlegen oder Anlagen dieser Art zu verändern;
3. die Bodengestalt zu verändern, insbesondere Mineralien und Gesteine abzubauen;
4. Entwässerungs- oder andere Maßnahmen vorzunehmen, die den Wasserhaushalt des Gebietes verändern;
5. Abfälle oder sonstige Gegenstände zu lagern;
6. Plakate, Bild - oder Schrifttafeln aufzustellen oder anzubringen;
7. Pflanzen oder Pflanzenteile einzubringen, zu entnehmen, zu beschädigen oder zu zerstören;
8. Tiere einzubringen, wildlebenden Tieren nachzustellen, sie mutwillig zu beunruhigen, sie zu fangen, zu verletzen oder zu töten oder Puppen, Larven, Eier oder Nester oder sonstige Brut-, Wohn- oder Zufluchtsstätten dieser Tiere zu entfernen, zu beschädigen oder zu zerstören;
9. die Art der bisherigen Grundstücksnutzung zu ändern;

8. Sektionstagung „Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung“ 11.-13.09.2024

10. zu zelten, zu lagern, Wohnwagen, sonstige Fahrzeuge oder Verkaufsstände aufzustellen;
11. Feuer anzumachen;
12. ohne zwingenden Grund Lärm, Luftverunreinigungen oder Erschütterungen zu verursachen;
13. das Schutzgebiet außerhalb der Wege zu betreten;
14. zu düngen;
15. chemische Mittel zur Bekämpfung von Schadorganismen oder Pflanzenkrankheiten auszubringen.

§ 5 Zulässige Handlungen

§ 4 gilt nicht:

1. für die ordnungsmäßige Ausübung der Jagd;
2. für die ordnungsmäßige landwirtschaftliche Nutzung auf dem in der Karte Maßstab 1 : 1 500 blau markierten Teil des Grundstückes Flst. Nr. 2083;
3. für die ordnungsmäßige forstwirtschaftliche Nutzung in der bisherigen Art, in der bisherigen Intensität und im bisherigen Umfang mit der Maßgabe, dass im Schutzgebiet
 - a) kein Dünger und keine chemischen Mittel zur Bekämpfung von Schadorganismen oder Pflanzenkrankheiten ausgebracht werden dürfen;
 - b) der vorhandene Flaumeichenwald in seinem Bestand nicht beeinträchtigt oder verändert werden darf;
4. für das Zurückschneiden von aufkommendem Bewuchs im bisherigen Umfang entlang der Grenzen des Naturschutzgebietes;
5. für Pflegemaßnahmen, die von der höheren Naturschutzbehörde oder der von ihr beauftragten Stelle angeordnet werden;
6. für behördlich angeordnete oder zugelassene Beschilderungen.

§ 6 Schutz - und Pflegemaßnahmen

Zum Schutz, zur Erhaltung und zur Pflege des Naturschutzgebietes ist es erforderlich, dass

1. aufkommender Gebüschjungwuchs auf den geschützten Teilen der Grundstücke Flst. Nr. 2089 und 483 von Zeit zu Zeit entfernt wird;
2. die Baum - und Strauchschicht des Flaumeichenwaldes zum Schutz und zur Förderung von in der Krautschicht vorhandenen seltenen Arten bei Bedarf ausgelichtet wird.

„Straußenwirtschaft“ Martinshof in Ihringen

Eine Straußen-, Straußwirtschaft oder nur Strauße ist ein von Winzern saisonal oder tageweise geöffneter Gastbetrieb, in dem die Erzeuger zu bestimmten Zeiten ihren selbsterzeugten Wein direkt vermarkten. In Straußenwirtschaften werden oft auch kleinere, zum Wein passende Tellergerichte gereicht.



Der **Martinshof** wird von zwei Generationen der Familie Storz betrieben. Zusammen bewirtschaften sie einige Reben, eine Geflügelzucht, eine Gaststätte und das Martinshof Lädele.

Neben zahlreichen Puten-Spezialitäten, saisonalen Speisen wie Bärlauchgerichte, Spargelgerichte, unsere Sommerkarte mit Grillspezialitäten und im Herbst Kürbis - und Pfifferlingsgerichte sowie **Zwiebelkuchen und Neuer Süßer** bieten sie aber auch eine große Auswahl an saisonalen vegetarischen und veganen Gerichten an. Für jeden Geschmack ist etwas dabei.

(<https://www.martinshof-ihringen.de/>)