

**Schriftenreihe des
Zentrums Wald Forst Holz Weihenstephan**

für

den Studienbereich Forstwissenschaft und Ressourcenmanagement
der Technischen Universität München,

die Fakultät Wald und Forstwirtschaft
der Hochschule Weihenstephan-Triesdorf

die Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft
als Sonderbehörde der Bayerischen Forstverwaltung

Forum Forstgenetik

**60 Jahre Herkunftssicherung und
Forschung für die Praxis am
Bayerischen Amt für Waldgenetik (AWG)**

Herausgegeben von Joachim Hamberger

Zentrum Wald Forst Holz Weihenstephan
Hans-Carl-von-Carlowitz-Platz 1
85354 Freising

Impressum

Der Druck dieses Berichts wurde ermöglicht mit finanzieller Unterstützung des Bayerischen Kuratoriums für Forstliche Forschung des StMELFT



ISSN 0174-1810

ISBN 3-933506-56-5

Alle Rechte, insbesondere das Recht der Vervielfältigung und Verbreitung sowie der Übersetzung vorbehalten.

Titel	Forum Forstgenetik: 60 Jahre Herkunftssicherung und Forschung für die Praxis am Bayerischen Amt für Waldgenetik (AWG)
Herausgeber	Joachim Hamberger für das Zentrum Wald Forst Holz Weihenstephan Hans-Carl-von-Carlowitz-Platz 1 D-85354 Freising www.forstzentrum.de
Schriftleitung	Joachim Hamberger
Dokumentation	Forstliche Forschungsberichte München Nr. 225, 2024, 325 Seiten
Erscheinungsdatum	September 2024
Layout	Karin Gruber, Margit Feil
Druck	Esser printSolutions GmbH, 84030 Ergolding
Auflage	400
Zu beziehen über	Förderverein Zentrum Wald Forst Holz Weihenstephan e.V. Hans-Carl-von-Carlowitz-Platz 1, 85354 Freising Tel.: 08161/4591-0; Fax: 08161/4591-900 E-Mail: info@foerderverein-forstzentrum.de

Vorwort

Sehr geehrte Leserinnen und Leser,

unser Wald ist unsere Lebensgrundlage und unser unverzichtbarer Beschützer im Klimawandel. Sei es als Kohlenstoff- und Wasserspeicher, als Lebensraum für zahlreiche Tier- und Pflanzenarten oder als Lieferant des klimafreundlichen Rohstoffs Holz. In Zeiten der Klimakrise steht unsere grüne Lunge allerdings massiv unter Druck. Es gilt jetzt, zukunftsfähige Wälder aufzubauen und ihre Resilienz zu stärken. Das Fundament für den Waldbau ist die Waldgenetik. Das Amt für Waldgenetik in Teisendorf widmet sich seit nunmehr 60 Jahren der Forschung und entlockt damit den Genen der Waldbäume ihre Geheimnisse. Über all die Jahre hat sich das AWG zu einer innovativen, renommierten Forschungseinrichtung entwickelt, deren Bekanntheitsgrad auch weit über die Grenzen Bayerns hinausreicht.



Am AWG werden Erkenntnisse aus Wissenschaft und Praxis - vom Labor bis zum Anbauversuch - vereint, um Empfehlungen für die Waldbewirtschaftung abzuleiten. Hier verfolgen wir zwei Wege. Erstens, das Potenzial unserer Baumarten und deren Herkunft ausloten und zweitens, Alternativen finden, wenn heimische Baumarten an ihre Grenzen kommen. Ziel dieser Forschung ist die Gesundhaltung unserer heimischen Wälder. Die Waldgenetik kommt damit nicht nur unseren Waldbesitzerinnen und Waldbesitzern, sondern vielmehr der gesamten Gesellschaft zugute.

Mein besonderer Dank gilt deshalb allen aktuellen sowie ehemaligen Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern am AWG in Teisendorf. Ihr Einsatz für die Waldgenetik bildet den großen Fels, auf dem wir heute stehen.

Ich wünsche dem Amt für Waldgenetik sowie allen, die sich dem Wald verschrieben haben, sei es in der Wissenschaft, Bewirtschaftung oder in der Pflanzenanzucht für Ihren weiteren Einsatz für die Zukunft unserer Wälder von ganzen Herzen alles Gute, viel Erfolg und Gottes reichen Segen

Michaela Kaniber
Bayerische Staatsministerin
für Ernährung, Landwirtschaft, Forsten und Tourismus

DANKE

Danken möchte ich zuallererst Frau Forstministerin Michaela Kaniber, MdL und ihrer Forstabteilung am Bayerischen Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft, Forsten und Tourismus, dass Sie das AWG mit Personal und Ressourcen unterstützen, und diese Unterstützung in den letzten beiden Jahren sogar noch ausgebaut haben, und großen Anteil an unserer Arbeit nehmen.

Die Vorbereitungen zur 60-Jahrfeier und dieser Festschrift waren umfangreich und herausfordernd. Deshalb sei dem Team des AWG besonders gedankt, das mit vielen Ideen, mit Herzblut und Engagement die vielen Arbeiten angegangen ist. Das Teil-Team der Verwaltung, das ein zentrales Zahnrad im AWG ist, weil es (meist im Stillen) alles am Laufen hält, hatte besonders viel zu tragen. Deshalb Danke an alle aus der Verwaltung; namentlich an Karin Gruber, die fast das gesamte Layout inklusive dieses Forschungsberichts übernommen hat.

Danke auch an alle internen und externen Autoren dieses Forschungsberichts und denen, die Korrektur gelesen haben. Sie alle haben sich viel Mühe gemacht und zeigen mit Ihren Texten die vielfältige Arbeit am AWG und die wichtige und fruchtbare Vernetzung mit Partnern und anderen Forschungseinrichtungen. Ich bin sicher, dieser über 300 Seiten starke Forstliche Forschungsbericht ist für die internationale forstgenetische Forschung ein „gewichtiger“ Meilenstein. Danke deshalb auch an die Entscheider im Kuratorium für Forstliche Forschung in Bayern, denn Sie haben mit Ihrer Förderung den Druck dieser Publikation ermöglicht.

Ein großer Dank geht auch an die Geldgeber der diversen Forschungsprojekte über die hier berichtet wird: das Bayerische Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft, Forsten und Tourismus, das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz und an die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR). Ohne Ihre Mittel wäre Forschung und Wissensfortschritt in diesem Umfang nicht möglich.

Zum Schluss möchte ich auch meinen drei noch lebenden Vorgängern danken, Albrecht Behm, Monika Konnert und Alwin Janßen. Danke für den kollegialen Austausch, Eure ausgezeichnete Arbeit in der Vergangenheit und Eure Gewogenheit dem AWG gegenüber heute und für die Zukunft.

Denn

W!R legen den Samen für die Zukunft!

Joachim Hamberger

Inhaltsverzeichnis

Impressum	2
Vorwort	3
Danksagung	4
Inhaltsverzeichnis	5
 60 Jahre AWG – Rückblick, Einblick und Vorausschau	 9
<i>60 years of the AWG, a review, insight and outlook</i>	
Joachim Hamberger	
 Unterstützte Wanderung – Ein Konzept mit großem Potenzial für die Klima- wandelanpassung im Wald	 25
<i>Assisted migration – A concept with great potential for climate change adaptation in the forest</i>	
Christian Kölling und Joachim Hamberger	
 Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen in Bayern	 44
<i>Provenance and utilisation recommendations in Bavaria</i>	
Joachim Hamberger, Muhidin Šeho, Randolph Schirmer und Alwin Janßen	
 15 Jahre genetische Forschung zur Esche am AWG: Genetische Vielfalt, Vernetzung und Sicherung der Esche	 53
<i>15 years of genetic research on the ash at the AWG: Genetic diversity, connectivity and preserving the ash</i>	
Barbara Fussi, Hannes Seidel und Muhidin Šeho	
 Eschen aus einer Langzeitbeobachtungsfläche zeigen Widerstandsfähigkeit gegenüber dem Eschentriebsterben	 69
<i>Ash trees from a long-term observation plot show resistance to ash dieback</i>	
Hannes Seidel, Muhidin Šeho und Barbara Fussi	
 Alternativbaumarten im Klimawandel – nur bei geeigneten und gesicherten Herkünften eine echte Alternative	 88
<i>Alternative tree species in climate change – only really an alternative if provenances are suitable and reliable</i>	
Randolf Schirmer und Eva Cremer	

Versuchsanbauten mit Roteiche – Grundlage künftiger Samenplantagen	102
<i>Cultivation trials with red oak – the basis for future seed orchards</i>	
Randolf Schirmer und Martin Tubes	
 Agroforstwirtschaft: die Erfolgsgeschichte eines uralten Land- nutzungssystems	 118
<i>Agroforestry: the success story of an ancient land-use system</i>	
Dietrich Schmidt-Vogt	
 Herkunftsversuche mit Douglasie (Pseudotsuga menziesii (Mirb.) Franco.) in Bayern - Ein geschichtlicher Rückblick	 124
<i>Provenance trials with Douglas fir (Pseudotsuga menziesii (Mirb.) Franco.) in Bavaria</i>	
Wolfhard F. Ruetz	
 Anbau von Alternativbaumarten im Klimawandel am Beispiel der Atlaszeder	 135
<i>Cultivation of alternative tree species in climate change, using the Atlas cedar as an example</i>	
Muhidin Šeho, Barbara Fussi und Darius Kavaliauskas	
 Chancen der Traubeneiche im Klimawandel	 150
<i>Opportunities for sessile oak in times of climate change</i>	
Muhidin Šeho, Johann Geiger, Barbara Fussi, Devrim Semizer-Cuming und Karl-Heinz Mellert	
 Erhaltung und Nutzung von seltenen heimischen Baumarten	 169
<i>Conservation and utilisation of rare native tree species</i>	
Muhidin Šeho, Darius Kavaliauskas, Barbara Fussi	
 Wachstum und Trockenreaktion der Baumhasel in Abhängigkeit der Nachbar- schaftskonstellation	 187
<i>Growth and drought response of the hazel tree depending on the neighborhood constellation</i>	
Sabine Sandholz, Muhidin Šeho, Peter Annighöfer	

Kleinräumige Standortunterschiede beeinflussen das Einzelbaumwachstum auf Grenzstandorten erheblich	203
<i>Small-scale site differences have a significant influence on individual tree growth on marginal sites</i>	
Karl-Heinz Mellert, Gerhard Schmied; Enno Uhl und Muhidin Šeho	
Saatgut alternativer Baumarten und Herkünfte für Bayern	213
<i>Seed of alternative tree species and provenances for Bavaria</i>	
Johann Geiger, Darius Kavaliauskas, Muhidin Šeho	
Probenentnahme aus der Luft: Wie Drohnengreifarme die Saaternte-einschätzung optimieren	229
<i>Aerial sampling: how the gripper arms of drones optimise seed harvest assessment/forecasting</i>	
Simon Ecke, Sebastian Kienlein, Hans-Joachim Klemmt, Joachim Hamberger	
Die Wildbirne [<i>Pyrus pyraaster</i> (L.) Burgsd.]: Eine forstbotanische Rarität unter der genetischen Lupe	237
<i>The wild pear [<i>Pyrus pyraaster</i> (L.) Burgsd.]: A forest botanical rarity under the genetic magnifying glass</i>	
Aki M. Höltnen, Katharina B. Budde, Muhidin Šeho und Wilfried Steiner	
ZüF- erstes Zertifizierungssystem für forstliches Vermehrungsgut - von der Idee zur Umsetzung	252
<i>“ZüF”- the first certification system for forest reproductive material – from idea to realisation</i>	
Monika Konnert und Eva Cremer	
Der BaySF-Pflanzgarten, Stützpunkt Laufen - Ein Traditionsbetrieb im Unternehmen Bayerische Staatsforsten AöR	262
<i>The BaySF plant nursery at the support centre in Laufen - A traditional company within the Bavarian State Forestry company Bayerische Staatsforsten AöR</i>	
Andreas Ludwig	
Themenpfad „Unser Wald im Wandel“	268
<i>Educational path “Our forest in transition”</i>	
Michael Luckas und Joachim Hamberger	

Der Weltwald Freising in Zeiten des Klimawandels	279
<i>Freising World Forest in times of climate change</i>	
Herbert Rudolf	
 Internationale forstgenetische Forschung im Gebirgswald	 287
<i>International forest genetic research in mountain forests</i>	
Gerhard Müller-Starck und Monika Konnert	
 Provenienzversuche im Wald: Kontinuität, Innovation und Perspektiven	 292
<i>Provenance trials in the forest: continuity, innovation and prospects</i>	
Astor Torano Caicoya, Gerhard Schmied, Frank Johannes, Leonhard Steinacker, Enno Uhl und Hans Pretzsch	
 Autorenverzeichnis	 322

60 Jahre AWG – Rückblick, Einblick und Vorausschau

Joachim Hamberger

Zusammenfassung Das Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG) wurde 1964 gegründet und versteht sich als Zukunftsagentur für den Wald von morgen. Praxisorientierte Feldforschung zu Herkünften und Laborforschung zu genetischer Anpassung, aber auch die Erhaltung forstlicher Genressourcen sind wesentliche Aufgaben. Die Versuchsflächen und Samenplantagen des AWG sind über ganz Bayern verteilt, Amtssitz ist Teisendorf. Als Landesbehörde nach dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) überwacht es die Einhaltung der rechtlichen Vorgaben und hält Kontakte zur Baumschul- und Forstsaatgutbranche und versteht sich als Verbraucherschutzbehörde, die eine hohe Qualität auf dem Forstvermehrungsgut-Markt sicherstellt. 2023 haben die Mitarbeitenden ein Leitbild erstellt. Um die Herausforderungen des Klimawandels zu bewältigen, wird geforscht und an vielen Stellen mit Konzepten, Beratungen und praktischen Maßnahmen angesetzt.

Schlüsselwörter Forstgeschichte, Leitbild, Zukunftskonzept, Samenplantage, Saatgutzukunftsbestand, Generhaltung

Abstract The Bavarian Office of Forest Genetics (AWG) was founded in 1964, and sees itself as a future agency for tomorrow's forests. Its main tasks are to carry out practice-orientated field research on provenances and laboratory research on genetic adaptation, but also to conserve forest genetic resources. The trial plots and seed orchards of the AWG are spread all over Bavaria, while the headquarters are in Teisendorf. As a state authority under the [German] Forest Reproductive Material Act (FoVG), it monitors compliance with legal requirements, maintains contact with the tree nursery and forest seed sector, and sees itself as a consumer protection authority, ensuring a high quality of forest reproductive material on the market. In 2023, its employees devised a mission statement. To meet the challenges of climate change, research is being carried out, and concepts, advisory services and practical measures are being implemented in many areas.

Keywords Forest history, mission statement, future concept, seed orchard, seed plantation, future seed stock, gene conservation

GESCHICHTE - wo kommen wir her?

Das AWG ist eine renommierte praxisorientierte Ressort-Forschungseinrichtung des Bayerischen Staatsministeriums für Ernährung, Landwirtschaft, Forsten und Tourismus. Das AWG ist national und international gut vernetzt und seine Arbeit in Forstverwaltungen und bei Waldbesitzern hoch anerkannt.

Gründung des AWG

Das Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG) wurde 1964 als Bayerische Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht im historischen Altbau gegründet, den es heute noch innehat. Anlass waren die schlechten Erfahrungen mit Pflanzenqualität und Herkunftssicherheit bei den großen, kriegsfolgebedingten Wiederaufforstungen in den 1950er Jahren. Denn allein im bayerischen Staatswald waren durch Krieg und Wiederaufbau rund 55.000 Hektar Kahlflächen entstanden, die wieder aufgeforstet werden mussten (DIMPFLMEIER und KONNERT, 2014). Zukünftig sollte qualitativ hochwertiges Saatgut und Pflanzgut zum Einsatz kommen, um stabile und standortgerechte Bestände zu begründen. Eine der ersten Aufgaben war die Versorgung des Staatswaldes mit hochwertigem Pflanzgut. Denn jährlich waren Saatgut- und Pflanzenmengen für rund 60 Millionen Fichten, 200 Millionen Kiefern und 30 Millionen Laubbäumen erforderlich. Die Versorgung durch die Pflanzgärten der Forstämter reichte nicht aus, es gab auch erhebliche Mängel (DIMPFLMEIER und KONNERT, 2014).

Zudem war 1957 das alte, von 1934 stammende Gesetz über forstliches Saat- und Pflanzgut grundlegend überarbeitet worden. Zur Umsetzung der Vorgaben mussten in der Forstverwaltung entsprechende Organisationsstrukturen geschaffen werden. Aber auch die neuen wissenschaftlichen Erkenntnisse aus den Bereichen Forstsamenkunde und Forstpflanzenzüchtung, die in Bayern am Institut von Professor Dr. Ernst ROHMEDE in München erarbeitet wurden, sollten mit Hilfe der neuen Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht in die Praxis gebracht werden. ROHMEDE hatte schon 1955 in einem Schreiben an die Ministerialforstabteilung die Gründung einer Landesanstalt für forstliches Saatgut und Pflanzenzucht angeregt (SCHMIDT-VOGT, 2002). Daraufhin wurde bereits 1961 von der Ministerialforstabteilung ein Samenplantagenprogramm entwickelt, das dem Forstamt Teisendorf übertragen wurde (SCHMIDT-VOGT, 2002).

Mit der Verordnung über die Organisation der Bayerischen Staatsforstverwaltung wurde dann am 3. März 1964 die Bayerische Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht in Teisendorf errichtet und ihre Aufgaben und Zuständigkeiten festgelegt. Der Leiter des Forstamtes Teisendorf, Dr. Schmidt-Vogt, wurde zum kommissarischen Gründungsleiter bestellt (SCHMIDT-VOGT, 2002). Die Samenklengen und Pflanzgärten in Laufen und Bindlach wurden der neuen Anstalt unterstellt und bis zum 1. Dezember 1968 war auch das Torfwerk Ainring Teil des neuen Instituts. Dr. Rudolf DIMPFLMEIER, Promovend bei Professor ROHMEDE, übernahm noch im Herbst 1964 die Leitung der Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht. Helmut SCHMIDT-VOGT hatte inzwischen einen Ruf auf den Waldbau-Lehrstuhl an der Universität Freiburg erhalten.

Die meisten der damals übertragenen Aufgaben sind heute noch aktuell wie z.B. die Zulassung von Erntebeständen und das Führen des zugehörigen amtlichen Erntezulassungsregisters (EZR), die Anlage von Herkunftsversuchen, die Erstellung von Herkunftsempfehlungen für die Waldbesitzer oder das Entwickeln und Umsetzen eines Samenplantagenprogramms. Im Laufe der sechs Jahrzehnte sind aber auch neue Tätigkeiten hinzugekommen und auch Name und die organisatorische Einordnung der forstlichen Sonderbehörde wechselten mehrmals. Im Jahr 2003 wurde die Landesanstalt in Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) umbenannt und der Forstdirektion Oberbayern-Schwaben unterstellt. Das dürfte für das kleine Amt ein Glück gewesen sein, denn so blieb es bei der großen Verwaltungsreform 2005 „unter dem Radar“ des Reform-Ministers Erwin HUBER, wie ein Insider salopp formulierte (vgl. auch Interview mit Erwin HUBER zur Forstreform 2005 in HAMBERGER, 2017). Mit der Forstreform 2005 wurden die Pflanzgartenbetriebe in Laufen und Bindlach vom ASP abgetrennt und den neu gegründeten Bayerischen Staatsforsten übergeben. Das ASP, jetzt nur noch mit dem Standort Teisendorf, wurde wieder direkt dem Forstministerium als Sonderbehörde unterstellt. Seit 2019 heißt die Behörde Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG). Das bringt die etwas veränderten Aufgaben, v.a. aber auch die rasanten Entwicklungen der forstgenetischen Laborforschung zum Ausdruck.

Tabelle 1: Die bisherigen Leiter des AWG und einige Schwerpunkte zu ihrer Amtszeit

Table 1: Previous directors of the AWG and some key areas of focus during their time in office

Prof. Dr. Schmidt-Vogt	1964	○ Samenplantagenprogramm seit 1961 am FoA Teisendorf, ○ Vorbereitung der Gründung der Landesanstalt für Saatgut und Pflanzenzucht
Dr. Rudolf Dimpfleier	1964-1991	○ Aufbau der Feldforschung mit einem Versuchsflächennetz in ganz Bayern, ○ Anlage von Samenplantagen, ○ Anstoß zur Laborforschung (Isoenzym-Labor)
Albrecht Behm	1991 - 2007	○ schlägt die Brücke von der Herkunftsforschung zur Generhaltung, ○ Mitbegründer der Bund-/Länder Arbeitsgruppe Forstliche Genressourcen, ○ Mitentwicklung von „ZüF“, einem System zur Herkunftskontrolle
Dr. Monika Konnert	2007 – 2017	○ Aufbau und Ausbau der Laborforschung, zunächst IsoenzymLabor, später DNA-Labor, ○ Sensibilisierung der Forstpraxis für forstgenetische Forschung
Dr. Alwin Janßen	2017 - 2022	○ Initiative zu Praxisanbauversuchen; ○ Vorbereitung der neuen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen, die auf den Klimawandel ausgerichtet sind

Allen Leitern des AWG und seiner Vorgängerinstitutionen war es wichtig die Kontinuität der bisherigen Forschung zu wahren, den Wissensstand mit neuen Methoden stetig zu erweitern und daraus praxisnahe Empfehlungen abzuleiten.

GEGENWART - wo stehen wir?

Das AWG beschäftigt derzeit 37 Personen auf 29,25 unbefristeten und auf 3,1 befristeten Stellen (Stand: 30.09.2024). Sechs dieser Stellen wurden 2023/2024 neu geschaffen, weil das Forstministerium so die für den klimabedingten Waldumbau dringend notwendige genetische Forschung unterstützen will. Eine Projektstelle kam aus Daueraufgabe (sensFORnative) hinzu, bei der es um die Untersuchung der genetischen Anpassungsfähigkeit auf Marginalstandorten geht.

Das AWG ist gegliedert in drei Sachgebiete, die Landestelle nach dem Forstvermehrungsgutgesetz und die Verwaltung.

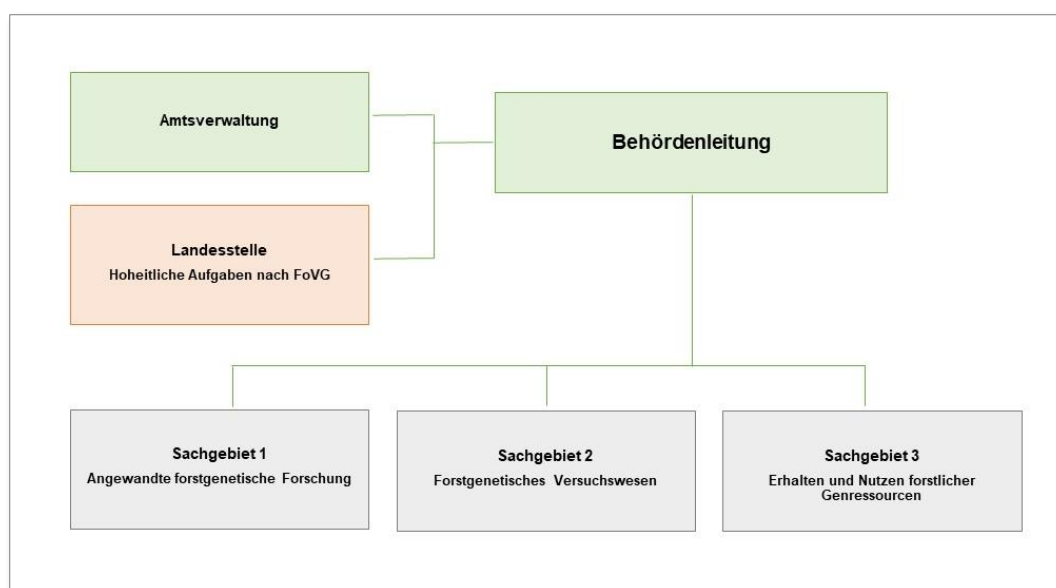


Abbildung 1: Organisationsstruktur des AWG (Stand 09/2024)

Figure 1: Organisational structure of the AWG (status as of 09/2024)

Landesstelle

Das AWG ist bayerische Landesstelle nach dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) und damit hoheitlich zuständig für die Zulassung und Überwachung der Qualität forstlichen Vermehrungsgutes. Hier sind der Geschäftsführer der Landesstelle und drei Beamte der Kontroll- und Servicestellen für die Umsetzung des Forstvermehrungsgutrechts sowie der Betriebskontrollen zuständig. Diese Stellen sind seit 2023 dem AWG zugeordnet, die Beamten sitzen verteilt in Bayern. In einem Fall ist ein Beamter aus verwaltungstechnischen Gründen dem AELF Tirschenreuth-Weiden unterstellt. Sie verstehen sich in erster Linie als beratende, Rechtsverstößen vorbeugende Hoheitsorgane. Treten Rechtsverstöße dennoch auf, werden diese konsequent verfolgt, um Schaden vom Wald abzuwenden und Wiederholungen zu verhindern. Ihre Arbeit trägt wesentlich zur Qualität des Forstpflanzen- und Forstsaatgutmarktes bei und damit auch zum Verbraucherschutz der Waldbesitzenden.

Die Landesstelle verwaltet auch das Erntezulassungsregister mit 3.014 Beständen auf einer Fläche von 100.990 ha (reduziert: 32.228 ha).

Als Dienstleister für einige andere Bundesländer verwaltet das AWG auch deren Erntezulassungsregister, wofür es 2007 mit dem BayernOnline-Preis ausgezeichnet wurde. Auch die Umweltverwaltung wird beim Register für Gebietseigene Gehölze (GEG) unterstützt.

Die Kontrolle der Forstsaamen- und Forstpflanzenbetriebe wird immer aufwendiger und komplexer: So hat die Zahl der zu überprüfenden Betriebe deutlich zugenommen. Waren es 2005 noch 133 zu kontrollierende Betriebe pro Jahr, sind es heute 359 Betriebe. Mit steigendem Bedarf an forstlichem Vermehrungsgut betreten immer neue Akteure den Markt. Hinzu kommt der zunehmende Handel mit Vermehrungsgut aus anderen EU-Mitgliedstaaten und Importen aus Nicht EU-Staaten. Damit hat sich nicht nur die Zahl der Kontrollen, sondern zum Teil auch der Aufwand je Kontrolle deutlich erhöht. Dabei gewinnen in der hoheitlichen Kontrolle auch genetische Vergleichsproben an Bedeutung, wie etwa die Erfolge in Hessen eindrucksvoll belegen (KNICKREHM, 2022).

Sachgebiet 1: Angewandte forstgenetische Forschung

Die forstgenetische Forschung wurde seit 1991 am AWG stetig ausgebaut. Die Laborarbeit begann mit der Isoenzym-Analyse, 1999 wurde sie durch ein DNA-Labor ergänzt. Heute können fast alle Baumarten mit unterschiedlichsten Markern untersucht werden. Die Methodik wird laufend optimiert, der Probenumsatz beläuft sich inzwischen auf mehr als 20.000 Proben pro Jahr. Zahlreiche Forschungsprojekte, die sich mit der Untersuchung von genetischer Vielfalt von Waldbäumen und räumlich-genetischen Unterschieden beschäftigen, auch im internationalen Rahmen werden hier bearbeitet. Diese Ergebnisse liefern eine wichtige Grundlage für die Ausweisung von Erntebeständen, Einteilung von Herkunftsgebieten und Empfehlungen zur nachhaltigen Saatguternte. Gleichzeitig ist ein steigendes Interesse seitens der Forst- und Baumschulpraxis an solchen Analysen zu beobachten. Auch für private Initiativen, die die Herkunftssicherung unterstützen, wie z.B. ZüF, werden in Dienstleistung Proben bearbeitet. Durch die Fachkompetenz und die optimale Infrastruktur ist das Labor des AWG eines der führenden Institutionen in der angewandten forstgenetischen Forschung in Deutschland. Ein Schwerpunkt der letzten Jahre war das genetische Monitoring (LIESEBACH et al. 2024) und die Resistenzforschung zur Esche (vgl. die Artikel von FUSSI, SEIDEL und ŠEHO in diesem FFB).

Sachgebiet 2: Forstgenetisches Versuchswesen

Die genetisch durch langfristige Anpassungsvorgänge innerhalb einer Baumart vorhandenen Herkunftsunterschiede bestimmen Wuchsleistung, Qualität und Widerstandsfähigkeit von Waldbeständen. In Herkunftsversuchen testet das AWG seit seiner Gründung verschiedene Herkünfte zahlreicher Baumarten auf unterschiedlichen Standorten, um die besten und im Klimawandel anpassungsfähigsten Herkünfte zu selektieren. Bei Douglasie konnten beispielsweise die für Bayern leistungsfähigsten Herkünfte in den USA gefunden und dadurch Schäden durch Frost und Pilzbefall in Kulturen durch Verwendung geeigneter Herkünfte verhindert werden. Herkunftsforschung in Feldversuchen gehört zu den langfristigen und arbeitsintensivsten Aufgaben. Aktuell wichtigste Aufgabe ist die Untersuchung unterschiedlicher Herkünfte heimischer sowie alternativer Baumarten in

Anbau- und Provenienzversuchen im Hinblick auf ihre Eignung im Klimawandel. Zentrale Fragestellung ist, ob bisher empfohlene Herkünfte auch unter geänderten Umweltbedingungen weiter angebaut werden können oder ob sie durch klimatolerantere Provenienzen oder durch nicht oder nur in geringem Umfang angebaute Baumarten ergänzt werden müssen. Bei neu zu verwendenden Herkünften und Baumarten spielt das Austriebsverhalten hinsichtlich ihrer Widerstandsfähigkeit gegenüber Spätfrost eine entscheidende Rolle.

Feldversuche sind die wissenschaftliche Grundlage für die durch das AWG herausgegebenen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen. Die Versuche mit einer Gesamtfläche von 84 ha sind in ganz Bayern verteilt. Zahlreiche Versuchsserien sind bundesweit angelegt und werden in Kooperation mit Kollegialstellen im Rahmen der Bund-Länder-Arbeitsgruppe der Länderzüchterinstitutionen ausgewertet. Derzeit werden 106 Versuchsflächen betreut. Herkunftsversuche für wirtschaftlich bedeutende Baumarten wie Weißtanne, Buche und Douglasie, Anbauversuche mit Baumhasel, Atlas- und Libanonzedern, Platane, Japanbirke und Tulpenbaum sowie Demonstrationsflächen für Exkursionen ergänzen das forstgenetische Feldversuchsprogramm. 2023/2024 wurden 5 ha Versuchsflächen mit drei trockentoleranten, mediterranen Eichenarten (*Q. pubescens*, *frainetto*, *cerris*) angelegt.

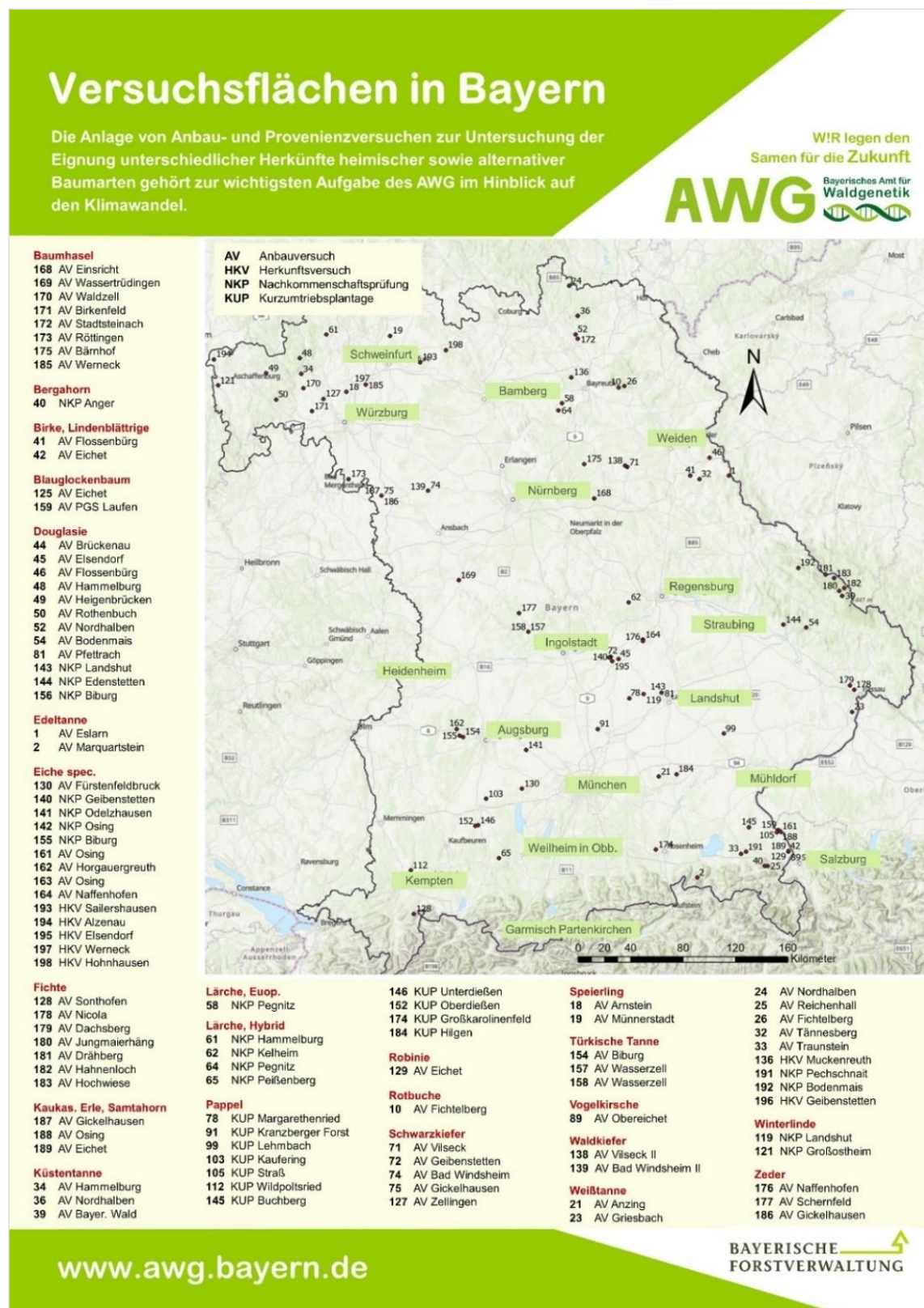


Abbildung 2: Versuchsflächenübersicht

Figure 2: Overview of trial plots

Sachgebiet 3: Erhaltung und nachhaltige Nutzung forstlicher Genressourcen in Bayern

Die jahrhundertelange Nutzung der Wälder hat zu einer Überprägung der Waldökosysteme geführt. Eingriffe in die räumliche Verteilung, die Zusammensetzung und (meist) Verringerung der Baumarten haben auch die genetischen Strukturen von Wäldern stark geprägt. Die genetische Vielfalt der Erbanlage ist die erste und wichtigste Ebene der Biodiversität und Grundlage für die Anpassungsfähigkeit von Waldpopulationen an sich ändernde Umweltbedingungen. Das geschieht laufend über genetische Prozesse wie natürliche Auslese (Selektion), Mutation, Genfluss oder Migration. Mit der forstgenetischen Forschung kann die genetische Ausstattung (Struktur, Vielfalt und Diversität) der Genotypen untersucht und die genannten Prozesse bewertet werden. Im genetischen Langzeitmonitoring werden diese Prozesse über viele Jahrzehnte hinweg beobachtet. Die Anpassungsfähigkeit und damit der Erhalt forstlicher Genressourcen sind im voranschreitenden Klimawandel von entscheidender Bedeutung für die ökologische Stabilität und den ökonomischen Erfolg unserer Wälder. Unter sich rasch ändernden Umweltbedingungen ist die erforderliche Klimasensitivität und die Anpassungsfähigkeit forstlicher Genressourcen zu identifizieren und für die Nutzung zu bewerten. Diese Arbeiten werden für die heimischen Eichenarten, die Rotbuche sowie die Weißtanne bereits vorgenommen und sollen auf weitere heimische Baumarten ausgeweitet werden.

Alle Aktivitäten Bayerns zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der Genressourcen in den Wäldern sind im Bayerischen Generhaltungskonzept zusammengefasst. Mit diesem überregionalen Ansatz wird sichergestellt, dass die bayerischen Wälder auch in 100 Jahren noch ihre Erbanlagen an die Folgegenerationen weitergeben können. Dazu sind in den fünf Generhaltungszonen Bayerns die Ausweisung von Generhaltungsbeständen von Haupt- und Nebenbaumarten sowie seltenen heimischen Baumarten geplant. Eine Arbeit, die das AWG in den nächsten Jahren operativ stark fordern wird. Als eine wichtige Erhaltungsmaßnahme wird Saatgut von 24 Baumarten in der forstlichen Genbank am AWG eingelagert.

In derzeit über 50 Samenplantagen wird hochwertiges Saatgut zum Erhalt und zur Begründung von stabilen und produktiven Beständen erzeugt, das dem Markt zur Verfügung gestellt wird. Die Erforschung von Alternativbaumarten und alternativen Herkunftsorten heimischer Baumarten sowie die Förderung der Bereitstellung von herkunftsgesichertem Saatgut, vor allem aus dem mediterranen Raum, bildet einen wichtigen Schwerpunkt im Sachgebiet (vgl. ŠEHO et al. oder GEIGER et. al auch in diesem FFB).

Das AWG ist eine registrierte Saatgutprüfstelle, die nach FoVG Saatgutpartien auf ihre äußere Beschaffenheit hin überprüfen darf.



Abbildung 3: Samenplantagen-Übersicht

Figure 3: Overview of seed orchards

Leitbild des AWG

Die Ausrichtung und die Aufgaben des AWG als Sonderbehörde des Bayerischen Staatsministeriums für Ernährung, Landwirtschaft, Forsten und Tourismus sind in der Forstorganisationsverordnung (ForstOrgV, 2005) und der Geschäftsordnung für das Bayerische Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (GOASP, 2011) festgelegt. Um sie verständlich zu vermitteln, haben die Beschäftigten des AWG in den Jahren 2022 und 2023 gemeinsam ein Leitbild erarbeitet. Dieses formuliert die grundsätzliche Ausrichtung, und den gemeinsamen Anspruch als kundenorientierte Behörde und Forschungsinstitution gemeinsam am Wald für Morgen zu arbeiten.

UNSERE WERTE: Wofür stehen wir?

- ➔ Wir erforschen heute, was für den Wald von morgen wichtig ist.
- ➔ Wir sichern und erhalten forstliche Genressourcen und fördern die genetische Vielfalt in den bayerischen Wäldern.
- ➔ Unser Wissen kommt durch aktualisierte Empfehlungen in der Praxis an und unterstützt die Waldbesitzenden beim Aufbau klimastabiler und wertvoller Wälder.
- ➔ Wir sorgen für die Einhaltung des Forstvermehrungsgutgesetzes (FoVG) und sind damit Verbraucherschutzbehörde.
- ➔ Unsere Partner in Praxis, Verwaltung und Forschung können sich auf uns verlassen: zeitlich und inhaltlich.
- ➔ Unsere Arbeit ist wissenschaftlich fundiert, praxisorientiert und nachhaltig.

UNSERE MISSION: WAS WOLLEN WIR ERREICHEN?

- ➔ Mit unseren spezialisierten Analysen erforschen und sichern wir die genetische Vielfalt und Diversität der bayerischen Wälder.
- ➔ Für die Zukunftsfähigkeit bayerischer Wälder erforschen wir praxisorientiert die Eignung heimischer Baumarten und Herkünfte sowie auch alternativer Baumarten.
- ➔ Mit dem forstgenetischen Monitoring beobachten wir die Ausstattung und Weitergabe von Erbanlagen der Bäume unter sich verändernden Umweltbedingungen.
- ➔ Wir sichern mit dem Aufbau von Samenplantagen und der Zulassung geeigneter Erntebestände einen breiten Genpool unserer Waldbäume und legen so mit hochwertigem forstlichen Vermehrungsgut die Grundlagen für den bayerischen Zukunftswald.
- ➔ Mit unserer Forschung erarbeiten wir Fachwissen zur Anpassungsfähigkeit von Baumarten und Herkünften im Klimawandel.
- ➔ Wir sind kompetente Ansprechpartner für die forstlichen Saat- und Pflanzgutbetriebe.
- ➔ Wir erweitern durch unsere Empfehlungen die Erntebasis auch bei seltenen heimischen Baumarten sowie Alternativbaumarten, die nicht gesetzlich geregelt ist.
- ➔ Durch Herkunftssicherung, Kontrolle und Beratung sorgen wir für Qualität auf dem Markt für Forstvermehrungsgut (Herkunftssicherheit „was draufsteht muss auch drin sein“).

UNSERE STRATEGIE / UNSERE GRUNDSÄTZE: Wie wollen wir's erreichen?

Intern

- ➔ Wir arbeiten professionell, sind zielorientiert und diszipliniert.
- ➔ Wir halten unser Personal und damit Wissen und bieten Perspektiven.
- ➔ Wir unterstützen uns gegenseitig und fachübergreifend.
- ➔ Wir pflegen einen wohlwollenden Umgang miteinander.
- ➔ Wir bieten Nährboden für kreative Ideen.

Extern

- ➔ Wir kooperieren mit Waldbesitzenden und der Baumschulpraxis für die Saatgutversorgung und Herkunftssicherung.
- ➔ Unsere Kontrollaufgaben nach dem FoVG üben wir konsequent aus, in einem kooperativen und beratenden Stil.
- ➔ Wir arbeiten bundesweit/europaweit mit Forschungseinrichtungen und Laboren zusammen.
- ➔ Wir engagieren uns in nationalen und internationalen Fachgremien und Forschungsnetzwerken.
- ➔ Wir geben unsere Forschungsergebnisse zeitnah und praxisrelevant in Vorträgen / Publikationen / Internet etc. fachgruppenspezifisch weiter.

Abbildung 4: Auszug aus dem Leitbild des AWG

Figure 4: Extract from the mission statement of the AWG

SLOGAN

Das Leitbild des AWG ist zusammengefasst im einprägsamen Slogan:

W!R erforschen baumHERKUNFT und empfehlen waldZUKUNFT!

Damit soll zum Ausdruck kommen, dass das AWG ein kompetentes Team ist (W!R), das im Kern stark (!) ist und wichtige Aussagen (!) zu machen hat. Es ist eine wissenschaftliche Einrichtung (erforschen), aber mit Praxisbezug: denn das Wort „empfehlen“ soll an die Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen (HuV) erinnern, die das AWG für die Waldbesitzenden erstellt. Die Begriffe „baum“ und „wald“ spielen mit klein und groß, mit dem Individuum und dem Kollektiv. Im Baum ist die Genetik festgeschrieben, in der Population ist diese an Umweltbedingungen anpassungsfähig. HERKUNFT erinnert an die Provenienzen der Baumarten, die an unterschiedliche Standortbedingungen angepasst und deshalb für die ZUKUNFT im Klimawandel so wichtig sind. Die Großschreibung der Begriffe HERKUNFT und ZUKUNFT unterstreicht den Zusammenhang: für die Zukunft des Waldes werden klimaresiliente Herkünfte gebraucht.

Der ausdrucksstarke und verdichtete Satz beschreibt die Identität des AWG und gibt Ziel und Anspruch dieses praxisorientierten Forschungsinstitutes wieder.

Kurz gesagt: W!R legen den Samen für die Zukunft!



Abbildung 5: Ahornkeimlinge mit Leitspruch (Künstlerin Sabine Weingarten, Dr. Joachim Hamberger (Foto: M. Konnert)

Figure 5: Maple seedlings with the slogan (artist Sabine Weingarten, Dr. Joachim Hamberger (Photo: M. Konnert)

ZUKUNFT - wo gehen wir hin?

Die Bewältigung des Klimawandels erfordert vielfältige Ansätze

Kernaufgabe der Bayerischen Forstverwaltung ist es, die Anpassung der Privat-, Staats- und Kommunalwälder an den Klimawandel zu unterstützen, damit diese die umfassenden Funktionen des Waldes für die gesamte Gesellschaft erfüllen können. Der Aufbau dieser Klimawälder setzt eine nachhaltige ausreichende Versorgung mit einem umfassenden Spektrum an herkunftsgesichertem Saat- und Pflanzgut klimatoleranter Mischbaumarten/Herkünfte voraus. Gelingen kann dies dem AWG mit den bewährten Stützpfeilern: der bayerischen Landesstelle nach dem Forstvermehrungsgutgesetz als schlagkräftige Verbraucherschutzbehörde und als praxisorientierte Forschungseinrichtung zu Fragen von Herkunft und Verwendung.

Die am 1. Januar 2023 in Kraft getretenen neuen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen (HuV) sind Kernprodukt unserer Arbeit und ersetzen die bisherigen Herkunftsempfehlungen (HKE). War in der Vergangenheit die örtliche Herkunft meist die beste Wahl, stellen die HuV eine Weiterentwicklung dar, indem sie einen deutlich stärkeren Fokus auf die Anpassung der Wälder an sich rasch ändernde Umweltbedingungen setzen. Gerade für die bisherigen „Hauptbaumarten“ ist die Zulassung besonders hitze- und trockenheitstoleranter Erntebestände immer wichtiger.

Die HuV bieten den forstlichen Beratern und den bayerischen Waldbesitzenden umfangreiche Hilfestellung, welches Saat- und Pflanzgut für die jeweiligen standörtlichen Verhältnisse geeignet ist nebst einer Staffelung des Anbaurisikos. Um dauerhaft belastbare Empfehlungen zu gewährleisten und fortzuentwickeln, muss bestehendes Wissen permanent durch zusätzliche Herkunfts- und Praxisanbauversuche erweitert werden (HAMBERGER et al., 2024).

„Trockenkünstler“ fördern: trockentolerante und seltene heimische Mischbaumarten wie Elsbeere, Feldahorn oder Flatterulme sind wichtige Mischbaumarten im klimaresilienten Wald der Zukunft. Deshalb wurden diese bereits genetisch am AWG klassifiziert. Allerdings unterliegen sie nicht dem FoVG werden also frei und ohne Herkunftssicherheit gehandelt. Deshalb empfiehlt das AWG diese Baumarten jetzt zusätzlich analog den HuV, damit möglichst nur herkunftsgesichertes Saat- und Pflanzgut verwendet wird. Im bayerischen Erntezulassungsregister sind Erntebestände von allen seltenen heimischen Baumarten aufgelistet, die vom AWG genetisch und phänotypisch bewertet wurden. Mehrere Forschungsprojekte zu diesen Baumarten liefen, bzw. laufen am AWG (s.u.).

Praxisanbauversuche (PAV) sind ein relativ neues Instrument der Forstverwaltung (JANZEN et al. 2019). Sie sollen Waldbesitzenden, die Interesse am Ausprobieren haben, die Gelegenheit geben, Erfahrungen mit neuen Herkünften und Baumarten zu sammeln. Neben den bisher bewährten Baumarten und Herkünften, deren Erntebestände in der Vergangenheit vor allem unter den Gesichtspunkten der Schaffform und Wuchsleistung ausgewählt wurden, werden von den PAV's erwartet, wie angesichts der bereits eingetretenen bzw. zu erwartenden Klimabedingungen das Waldbaurisiko durch die Baumarten- und Herkunftswahl gestreut werden kann. Dabei gibt das AWG mit den HuV eine Richtung und einen Rahmen für die Baumarten und Herkünfte der PAV's vor, der das Risiko überschaubar macht und begrenzt. PAV's werden von der Bayerischen Forstverwaltung besonders gefördert. Allerdings müssen die beteiligten Waldbesitzer einige Auflagen einhalten und Daten über Wachstum und Vitalität an die LWF/das AWG weitergeben, damit die Versuche wissenschaftlich auswertbar sind. PAV's sind auch als ein Mittel der Öffentlichkeitsarbeit zu sehen, als Bürgerwissenschaft oder citizen science. Das Interesse an der Herkunftsfrage und an alternativen Baumarten wird bei Waldbesitzenden geweckt, es kommt ein Austausch zwischen Forschung und Praxis zustande, und es entstehen regionale Beispiele (HAMBERGER et al., 2021).

Intensive Pflege von Erntebeständen: Fast das gesamte Saatgut in Bayern wird bislang aus Erntebeständen gewonnen, der weitaus kleinere Teil kommt aus Samenplantagen. Die Auswahl der Erntebestände erfolgte bislang v.a. nach phänotypischen Gesichtspunkten. In Zukunft wird bei der Auswahl von Saatguterntebeständen die genotypische Charakterisierung eine immer wichtigere Rolle spielen, um die Wälder Bayerns mit anpassungsfähigem Vermehrungsgut fit für die Zukunft zu machen. Da mit dem Klimawandel ein schneller Bestockungswandel und damit auch hoher Pflanzen- und Saatgutbedarf einhergeht, ist auch eine besondere waldbauliche Behandlung von Saatgutbeständen dringend notwendig. Für eine reiche Ernte von genetisch vielfältigem hochwertigem Saatgut ist es hier unerlässlich, die Baumkronen optimal zu pflegen und die Bestände so zu bewirtschaften, dass ein hoher Genaustausch durch Pollenflug stattfinden kann was bedeutet, dass die Verteilung der Samenbäume günstig sein soll und wenige Mischbaumarten den Genfluss

beeinträchtigen. Nicht zuletzt muss die Beerntbarkeit erhalten bleiben, auch wenn dies bei schwerfruchtigen Samen bedeutet, dass bereits etablierte Naturverjüngung stellenweise zu Gunsten der Ernte gemulcht werden muss. Langfristig wäre ein Förderkonzept und eine spezielle Beratung von Waldbesitzern, die Erntebestände besitzen, wünschenswert.

Die Produktion von Saatgut, das weitaus meiste stammt aus Erntebeständen, soll stärker als bisher aus Samenplantagen ergänzt werden, weil sie eine höhere genetische Diversität aufweisen und leichter zu beernten sind. Es ist geplant, die Zahl der Samenplantagen rasch auf 100 zu verdoppeln. Hiermit soll die Versorgung mit Vermehrungsgut sowohl von heimischen Haupt- und Nebenbaumarten als auch von seltenen heimischen Baumarten sowie alternativen Herkünften und Baumarten deutlich verbessert werden. Klon-Samenplantagen, die aus Plusbäumen („Elitebäumen“) zusammengestellt werden, haben den Vorteil, dass ihre genetische Vielfalt deutlich höher ist als in Erntebeständen, dass sie reichlich fruktifizieren und technisch einfacher beerntbar sind. Das AWG und die Bayerischen Staatsforsten arbeiten hierbei eng und vertrauensvoll zusammen. 2023/2024 wurden Klon-Samenplantagen von Elsbeere und Esche angelegt, Plantagen von Spitzahorn und kalabrischer Tanne sind in Vorbereitung. Zukünftig sollen Samenplantagen als „Zwillingsplantagen“ neu begründet werden; d.h. dass eine neue angelegte Samenplantage wie bisher vom AWG betreut wird und v.a. privaten Saatguterntefirmen zur Beerntung angeboten wird. Eine Kopie der neuen Samenplantage soll ganz von den BaySF betreut und beerntet werden. Dadurch wird mehr hochwertiges Saatgut für die Wälder aller Waldbesitzarten (von privat bis staatlich) in Bayern zur Verfügung stehen.

Für die zukünftige Erzeugung und Bereitstellung von Saatgut klimaresilienter Baumarten und um die forstlichen Genressourcen zu sichern, arbeitet das AWG an einem Konzept, wie gezielt Saatgutzukunftsbestände (SZB) aufgebaut werden können. SZB sind Bestände einer Baumart, die aus kontrollierten Saatguternten in Samenplantagen oder zugelassenen Erntebeständen einer definierten Herkunft künstlich begründet wurden. Dieses Vermehrungsgut zeichnet sich durch große genetische Vielfalt aus und/oder hat sich in Provenienz- und Anbauversuchen sowie in Nachkommenschaftsprüfungen überdurchschnittlich gut in Form- und Wuchseigenschaften als forstlich besonders geeignet erwiesen.

Aktuell befassen sich zwölf Forschungsprojekte vorrangig mit den Herausforderungen der Forstwirtschaft im Klimawandel:

FraxGen	Vermehrung von bayerischen Plusbäumen und Aufbau einer Samenplantage von Eschen, die weniger anfällig für das Eschentriebsterben sind und die Anwendung von genetischen Markern zur Beurteilung von widerstandsfähigen Eschen
FraxVir	Klärung der genetischen Basis von Virenerkrankungen an Eschen
BePiGen	Untersuchung genetischer Vielfalt der Moorbirke und Moorspirke und Ausweisung von Generhaltungsbeständen und Saatguterntebestände

WTaKa	Anlage einer Samenplantage mit Herkünften der kalabrischen Weißtanne und langfristige Sicherung der Saatgutversorgung
PhänoKlim	Erforschung phänologischer Reaktionen von Buche und Fichte auf Klimaveränderungen
Wildbirne	Erhalt und Vermehrung der Wildbirne, Schwerpunkt Niederbayern.
AForGen	(Forschungsnetzwerk) Analyse der Tanne und anderer montaner Baumarten im Klimawandel.
QPFC	Von trockentoleranten Eichenarten (Flaumeiche, ungarische Eiche, Zerreiche) werden Bestände auf dem Balkan, im Mittelmeerraum und Frankreich lokalisiert, Saatguternten werden durchgeführt und in Zusammenarbeit mit der TUM Versuchsflächen in Trockenregionen Unterfrankens (Alzenau, Werneck, Sailerhausen) angelegt.
sensFORoak	3-Jahresprojekt, um Klimaresilienz von Eichen auf trockenen Standorten (besonders trocken, nährstoffarm) im Vergleich zu gut versorgten Standorten anhand von Daten zum Standort, Nischenmodellen, Waldwachstum und Genetik zu erforschen.
sensFORnative	10-Jahresprojekt, um Klimaresilienz verschiedener heimischer Baumarten auf trockenen Standorten (besonders trocken, nährstoffarm) im Vergleich zu gut versorgten Standorten zu erforschen (z.B. Kiefer, Vogelkirsche, Weißtanne).
OriBu	<i>Fagus orientalis</i> als Alternativbaumart im Klimawandel - Identifizierung hochwertiger Saatgutquellen basierend auf genetischer und phänotypischer Charakterisierung.
GenSorb	Im Kooperationsprojekt mit der LFU sollen Schutzmaßnahmen für die vorhandenen Vorkommen erarbeitet sowie mögliche Erntebestände für die Mehl-beere auf genetischer Grundlage identifiziert werden.

AUSBLICK

Der Klimawandel erfordert Vermehrungsgut für den Wald der Zukunft, das optimal an die neuen Umweltbedingungen angepasst ist bzw. sich anpassen kann. Das ist das bestimmende Grund-Thema in Forschung, Beratung und operativer Arbeit am AWG für mindestens das nächste Jahrzehnt. In nationalen und internationalen Kooperationen und Forschungsprojekten erarbeiten wir neues Wissen, das in unsere Empfehlungen und die praktische Arbeit einfließt. Zusätzlich werden durch verstärkte Öffentlichkeitsarbeit die gewonnenen Erkenntnisse in Fortbildungsveranstaltungen für Waldbesitzende, Mitarbeitende der Forstverwaltung und der BaySF, sowie an Studenten, Anwärter und Referendare weitergegeben. Populäre Publikationen, moderne Film-Clips und die Homepage des AWG ergänzen diese Wissenskommunikation.

Literatur

- DIMPFLMEIER, R. KONNERT, M. (2014): Die Gründung der Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht im März 1964. In: Festschrift, 50 Jahre Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) 1964-20214, Hrsg. Bayer. StMELF, 38 S.
- FORSTORG V (2005): Verordnung über die Organisation der staatlichen Forstverwaltung, (Forstorganisationsverordnung – ForstOrgV), vom 16. Juni 2005, (GVBl. S. 217), BayRS 7900-1-L, <https://www.gesetze-bayern.de/Content/Document/BayForstOrgV>
- GOASP (2011): Amt für forstliche Saat- u. Pflanzenzucht-GO – Geschäftsordnung für das Bayerische Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (GOASP), AllMBI. 2011 S. 183, <https://www.gesetze-bayern.de/Content/Document/BayVwV250004?hl=true>
- HAMBERGER, J. (2017): Die Bayerische Forstreform von 2005: Interviews mit den Akteuren Erwin Huber, Reinhard Mosandl, Hubert Weiger und Hans Baur; in: Beiträge zur Forstgeschichte, in Forstl. Forschungsbericht München Nr. 216/2017, S. 49-60
- HAMBERGER, J., ŠEHO, M., WIMMER, N. (2021): Erste Blicke auf den Zukunftswald, Sogenannte Praxisanbauversuche können Waldbesitzern bei der Suche nach klimatoleranten Baumarten helfen. BLW 44, S. 58-59
- HAMBERGER, J., ŠEHO, M., SCHIRMER, R.; JANßEN, A. (2024): Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen in Bayern. Forstl. Forschungsbericht München, Nr. 225
- JANßEN, A.; ŠEHO, M.; SCHIRMER, R.; TRETTER, S.; PRATSCH, S. (2019): Praxisanbauversuche: Bewertung alternativer Baumarten in Bayern. AFZ/Der Wald 74, Heft 5: 24-27.
- KNICKREHM, U. (2022): Herkunftsgerechte Pflanzen sind nicht ausreichend verfügbar. AFZ/Der Wald, Nr. 14, S. 16-19.
- LIESEBACH, M.; WOLF, H.; BEEZ, J.; DEGEN, B.; ERLEY, M.; HAVERKAMP, M.; JANßEN, A.; KÄTZEL, R.; KAHLERT, K.; KLEINSCHMIT, J.; PAUL, M. VOTH, W. (2021): Identifizierung von für Deutschland relevanten Baumarten im Klimawandel und länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten - Empfehlungen der Bund-Länder-Arbeitsgruppe »Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht« zu den Arbeitsaufträgen der Waldbaureferenten. Thünen Working Paper 172, 51 S.
- LIESEBACH, H.; EUSEMANN, P.; HÖLTKE, A. M.; TRÖBER, U.; KUCHMA, O.; KAROPKA, M.; FUSSI, B. (2024): Effective population size of adult and offspring cohorts as a genetic monitoring tool in two stand-forming and wind-pollinated tree species: *Fagus sylvatica* L. and *Picea abies* (L.) Karst. Conservation Genetics, 1-15.
- SCHMIDT-VOGT, H. (2002): Von Welten und Wälder. Erinnerungen 1918-1999. Verlag Dr. Kovac; Schriftenreihe Lebenserinnerungen, Bd. 52, 383 S.
- ŠEHO, M.; JANßEN, A. (2019): Alternativbaumarten im Klimawandel. LWF aktuell 123, 19 – 22.
- ŠEHO, M.; JANßEN, A. (2019): Neue Schwerpunkte und Herausforderungen im Klimawandel. AFZ-DerWald 5/2019, 20-23.
- ŠEHO, M.; SOMMER, C.; KOHNLE, U. (2022): Der internationale Buchenherkunftsversuch von 1996/1998: Wachstums- und qualitätsrelevante Merkmale unter unterschiedlichen Standorts- und Klimabedingungen in Süddeutschland. Allg. Forst und J.-Ztg. 191 Jg. 11/12, 243-261.

Unterstützte Wanderung

Ein Konzept mit großem Potenzial für die Klimawandelanpassung im Wald

Christian Kölling und Joachim Hamberger

Zusammenfassung Unterstützte Wanderung (Assisted Migration) ist ein Konzept, das ursprünglich aus dem Naturschutz stammt, und bei dem vom Klimawandel bedrohte Arten in Regionen gebracht werden, an deren Klima sie besser angepasst sind. Von selbst würden diese Arten aber diese entfernten Regionen mit günstigerem Klima nicht erreichen können. Die nordamerikanische Forstwirtschaft hat sich die Unterstützte Wanderung zu eigen gemacht, um in Klimaregionen, die sich stark verändern, frühzeitig Baumarten einzubringen, die im neuen Klima heimisch sein werden. Die Methode ist die gleiche, der Blickwinkel aber ein anderer. Auch in Europa gibt es in südlichen Regionen Baumarten, die für das kommende Klima in Mitteleuropa geeignet sind und durch Unterstützte Wanderung eingebracht werden können (z.B. Esskastanie, Zerreiche, Flaumeiche, Hopfenbuche, Schwarzkiefer u.a.). Lokale, angepasste Herkünfte (Provenienzen) von europaweit vertretenen Arten weisen ebenfalls entsprechend unterschiedliche Anpassung an Hitze und Trockenheit auf, die im Genotyp festgeschrieben sind. Mit einer unterstützten Wanderung der Gene (Assisted Gene Flow) wird der Genpool der heimischen Populationen mit Genen aus besser klimaangepassten Populationen angereichert. Der Unterstützte Genfluss wird von einer Introgression in den Genbestand der Ausgangspopulation gefolgt, die die weitere genetische Anpassung in den folgenden Baumgenerationen forciert.

Die Argumente von Befürwortern und Gegnern des Konzepts Unterstützte Wanderung werden diskutiert.

Schlüsselwörter Unterstützte Wanderung, Unterstützter Genfluss, Klimawandel, Anpassungsschuld

Abstract Assisted migration is a concept that originated in nature conservation and that involves the movement of species that are threatened by climate change to regions where they are better adapted to the climate. These species would not however be able to reach these distant regions with more favourable climatic conditions on their own. The North American forestry adopted assisted migration at an early stage as a means of introducing tree species that are native to the new climate into climate regions that are changing dramatically. The method is the same – it is just a different perspective.

In Europe, too, there are tree species in southern regions that are suitable for the expected climate in central Europe, and that can be introduced through assisted migration (e.g. sweet chestnut (*Castanea sativa*), Turkey or Austrian oak (*Quercus cerris*), downy oak (*Quercus pubescens*), European hop-hornbeam (*Ostrya carpinifolia*), Black pine (*Pinus nigra*), among others). Local, adapted provenances of species found across Europe also show different levels of adaptation to heat and drought that are inscribed in their genotype. Through assisted gene flow, the gene pool of native populations can be enriched with genes from populations that are better adapted to the climate. Assisted gene flow is followed by introgression, which promotes the adaptation of native forests through generative propagation in the next generation of trees.

The arguments put forward by both supporters and opponents of the concept of assisted migration are discussed in this article.

Keywords assisted migration, assisted gene flow, climate change, adaptation debt

Das Klima wandert und die Arten wandern mit

Schon zu Beginn der wissenschaftlichen Beschäftigung mit den biologischen Auswirkungen des Klimawandels war einigen vorausschauenden Forschenden klar, dass die bei der Erderwärmung zu erwartende Verlagerung der Klimazonen von entsprechenden Wanderungen der vom Klima abhängigen Organismen begleitet sein würde (z. B. PARMESAN und YOHE 2003). Mittlerweile beobachten wir nicht nur Wanderungsbewegungen der mobilen Tierwelt (z.B. Streifenwanze, Blauschwarze Holzbiene, Efeuwickler, Südliche Eichenschrecke u.a.m.), auch die Pflanzenwelt ist schon in erste Bewegung geraten. In vielen Fällen gelingt das Ausweichen der Pflanzenwelt vor widrigen Klimabedingungen und das Aufsuchen neuer, besser geeigneter Umwelten nur mit Verzögerung und einem deutlichen Zurückbleiben hinter der raschen Verlagerung des Klimas selbst. Die Arten sind mit unterschiedlichen Fähigkeiten zur Ausbreitung begabt, was sich in verschiedenen Wandergeschwindigkeiten niederschlägt. Man darf sich, was die Mobilität von Pflanzenarten angeht, keinen Illusionen hingeben. Neben der art eigenen oft geringen Mobilität sind für die Ausbreitung an Land auch die vielen Hindernisse begrenzend. In von Menschen stark umgestalteten Landschaften mit Siedlungs-, Verkehrs- und landwirtschaftlich intensiv genutzten Flächen fehlen die breiten und ununterbrochenen Korridore, die die erwünschte, ungehinderte und mehr oder weniger rasche natürliche Wanderung ermöglichen würden.

Andere Verhältnisse herrschen in den Weltmeeren. Alle nicht festsitzenden und damit frei beweglichen Meeresorganismen besitzen eine hohe Mobilität und können den sich verändernden Wassertemperaturen unmittelbar hinterherschwimmen. Darüber hinaus besitzen viele Meeresgebiete große zusammenhängende Wasserkörper mit optimalen barrierefreien Ausbreitungsmöglichkeiten. In den Meeren finden wir daher allgemein den deutlichsten Zusammenhang zwischen der Verlagerung der Wassertemperaturen und den gleichgerichteten Wanderungen der Lebensschwerpunkte der Organismen (z. B. PINSKY et al. 2014). Die Arten sind hier weitgehend gleichgerichtet in rascher Bewegung.

Die Bewegung der Arten zu Lande zu Wasser und in der Luft weg von einem feindlichen und hin zu einem günstigeren Klima ist nicht nur ein hervorragender Indikator dafür, wie der Klimawandel auf unsere belebte Umwelt wirkt. Sie hilft auch mit ihrer Anschaulichkeit sehr bei der Kommunikation der Klimawandelfolgen gegenüber einer breiten Öffentlichkeit (PECL et al. 2023). Mittlerweile behandeln auch eher populärwissenschaftliche Bücher die an Bedeutung gewinnende Thematik (SHAH 2020), und es gibt unter der Überschrift „Species-on-the-move“ weltweit eine Reihe von Initiativen aus der Klima- und Umweltbewegung, die die Artenwanderung als Auswirkung des globalen Klimawandels thematisieren und in der Öffentlichkeitsarbeit einsetzen (PECL et al. 2023).

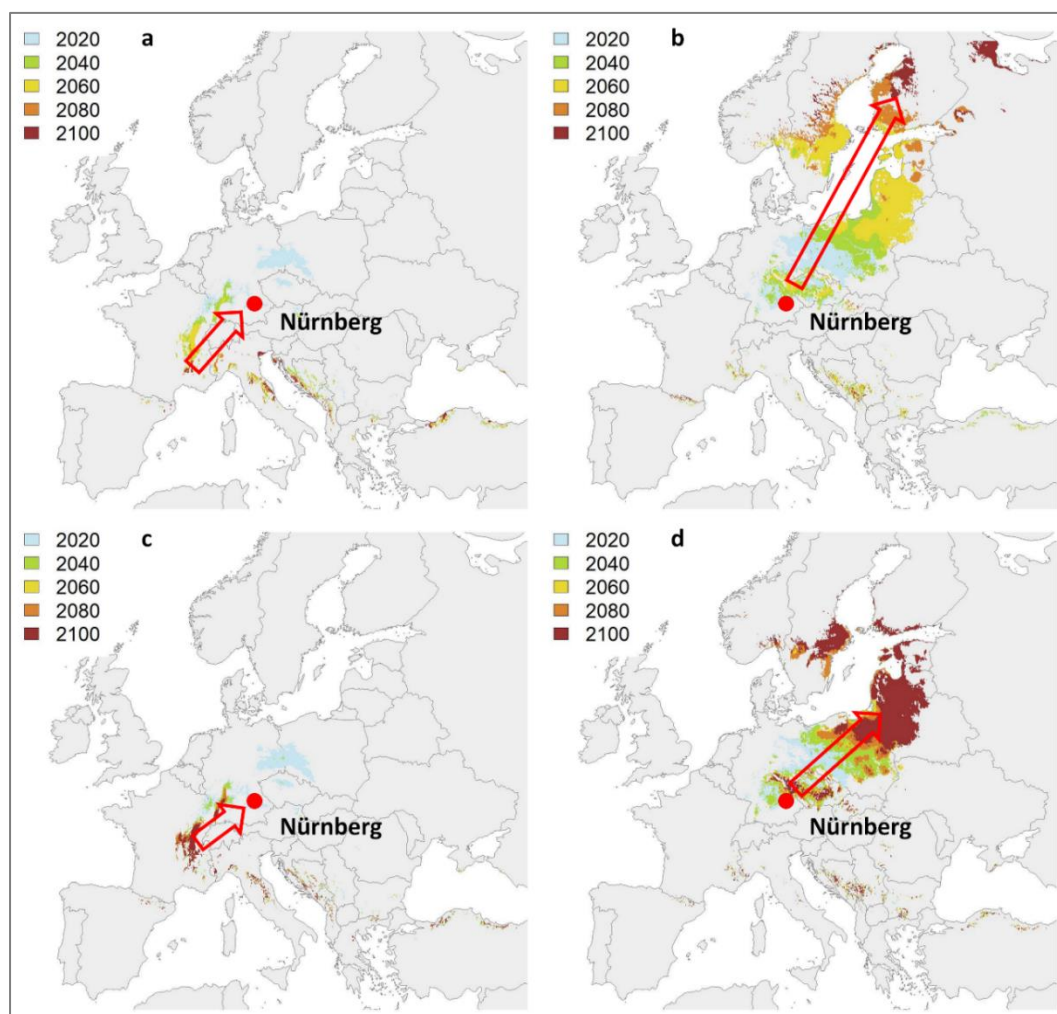


Abbildung 1: Unser gegenwärtiges Klima wandert vom Beispielsort Nürnberg in den Nordosten und die Berge hinauf (b, d: Die Pfeile führen von Nürnberg weg). Als Ersatz bekommen wir in Nürnberg ein neues Klima aus dem Südwesten (a, c: Die Pfeile führen nach Nürnberg hin). Beispiel für Nürnberg und das Klima eines starken RCP 8.5- (a, b) und eines schwächeren RCP 4,5-Modellensembles (c, d). Die Szenarienpfeile unterscheiden sich vor allem durch ihre Länge, weniger durch ihre Richtung. Grafik aus KÖLLING et al. 2023

Figure 1: Our current climate is migrating north-eastwards and uphill from Nuremberg, which serves as an example location (b, d: the arrows leading away from Nuremberg). To replace it, a new climate is approaching Nuremberg from the south-west (a, c: the arrows leading towards Nuremberg). Example for Nuremberg and for two model ensembles with values from the severe Representative Concentration Pathway (RCP) climate scenario of 8.5 (a, b) and a less severe RCP 4.5 scenario (c, d). The arrows in the scenarios differ especially in length, less in direction. Graph from KÖLLING et al. 2023

Auf Abbildung 1 ist eine beispielhaft skizzierte Klimawanderung für die Stadt Nürnberg als Ausgangs- und Zielort, und für zwei Modellensembles mit Werten aus den beiden Klimawandelszenarien RCP 8.5 und RCP 4.5 dargestellt (aus KÖLLING et al. 2023). Dabei wurden als Zeitreihen robuste Mittelwerte aus verschiedenen Modellrealisationen verwendet und nach der Methode der Analogklimate in den geografischen Raum übertragen (FITZPATRICK und DUNN 2019, METTE et al. 2021). Nach über 100 Jahren Klimawandel findet sich im Jahr 2100 das gegenwärtige Nürnberger Klima je nach Szenario im mittleren Finnland oder im Baltikum wieder (Abbildung 1 b und d). Dort werden dann im Jahr 2100 ähnliche Bedingungen wie jetzt in Nürnberg herrschen. In Nürnberg

selbst entsteht dadurch aber kein Klimavakuum, sondern in dem Maße, wie das Nürnberger Klima nach Nordosten abwandert, wandert aus dem Süden, beispielsweise aus der französischen Provence oder aus Burgund, ein neues Ersatzklima nach Nürnberg zu (Abbildung 1 a und c). Wie man sieht, erstrecken sich die Vorkommen des ab- und zuwandernden Klimas immer über eine größere Fläche. Zu jedem Punkt des Interesses, in unserem Beispiel ist es Nürnberg, gibt es ganze Regionen, die ein zum gegenwärtigen oder zukünftigen Klima sehr ähnliches, analoges Klima aufweisen. Man spricht von Zwillingsklimaten und von den ihnen zugehörigen Zwillingsregionen. Nürnberg gibt sein Klima an die nördlichen Regionen ab und erhält im Gegenzug das südliche Klima aus weiter südlich gelegenen Gebieten.

Aus den naturhistorisch belegten Vegetationswanderungen zwischen und nach den Eiszeiten ist uns diese Art der Weitergabe von Klima und der dazugehörigen Pflanzendecke bestens bekannt. Im gegenwärtigen menschengemachten Klimawandel behalten wir das aus den Zwischeneiszeiten und der Nacheiszeit bekannte Grundprinzip der Klimawanderung bei. Was den neuzeitlichen Klimawandel von den zwischen- und nacheiszeitlichen Vorbildern unterscheidet, ist das rasend schnelle Tempo der Wanderung und voraussichtlich auch die Länge der Wanderstrecke. Bei den zwischen- und nacheiszeitlichen Wanderungen wurden Tausende von Jahren benötigt, jetzt ist ein ähnlicher Prozess auf ein Jahrhundert gerafft (HAMANN et al. 2014). Auch die voraussichtlich erforderliche Wanderstrecke im Klimawandel könnte die historischen Marken weit übertreffen, wenn die Erderwärmung so ungebremsst wie bisher voranschreitet.

Mit Abbildung 1 kann man gut die wichtigsten Aspekte der Wanderung von Klima und Arten demonstrieren. Man kann die Wanderbewegung zum einen aus der Sicht der Wandernden, zum anderen aus der Perspektive der empfangenden Lebensgemeinschaften betrachten (KREYLING et al. 2011). Auf Abbildung 1 stellt sich die erste Frage aus der Perspektive der Pfeilursprünge, aus ihrem Ausgangspunkt. Die zweite Frage ergibt sich aus dem Blickwinkel der Pfeilspitzen, ihrem Zielpunkt. Es ist sehr empfehlenswert, die Frage der spontanen und auch der unterstützten Artwanderung auf diese Weise gedanklich in ein Ab- und ein Zuwanderungsproblem zu trennen.

Zum einen existiert demnach das Problem der Abwanderung. Dieses besteht aus der Frage, wohin und wie schnell die einzelnen Arten wandern müssten, um annähernd gleichwertige klimatische Lebensbedingungen wie an ihrem bisherigen Aufenthaltsort zu behalten. Aus der Perspektive der Abwandernden steht folgende Frage im Vordergrund: Wohin sollen sie sich wenden, um den Widernissen des heranrückenden wärmeren Klimas zu entgehen? Wie kann der Mensch den bedrängten Arten dabei helfen, die für sie günstigen Regionen zu erreichen?

Die zweite Frage betrifft das in die empfangenden Regionen zuwandernde Klima samt den dazu gehörigen einwanderungsfähigen Arten. Werden die Zuwandernden eine Bereicherung der Zielgebiete sein oder werden sie dort als Beeinträchtigung empfunden werden? Wie kann der Mensch den Zuzug in die empfangenden Gebiete beeinflussen, ermöglichen oder verhindern? Welche neuen Kombinationen von Arten und welche neuen Lebensgemeinschaften werden in den

Zielgebieten entstehen, wie werden sich die zuwandernden mit den verbliebenen einheimischen Arten vertragen?

Unterstützte Abwanderung: Wohin wandern Klima und Arten ab?

In den Anfangsjahren unseres Jahrhunderts formierte sich in den USA eine Gruppe von Umweltaktivisten, die sich Torrey Guardians nennt und das Ziel hat, die extrem seltene und vom Aussterben bedrohte Baumart Florida-Nusseibe (*Torreya taxifolia* Arn., Abbildung 2) zu erhalten.



Abbildung 2: Von einem dicken, fleischigen Mantel umgebene Samen der extrem seltenen Florida-Nusseibe (*Torreya taxifolia* Arn.). <https://www.torreyaguardians.org/>

Figure 2: Seeds of the extremely rare Florida torrey (*Torreya taxifolia* Arn.) with their thick, fleshy covering. <https://www.torreyaguardians.org/>

Diese Baumart wächst in einem sehr kleinen Verbreitungsgebiet an der Grenze der Bundesstaaten Florida und Georgia (Abbildung 3). Im Klimawandel geraten die ohnehin schon seltenen Vorkommen zunehmend unter Druck, die Populationen waren auf weniger als 1.000 Individuen geschrumpft. Als Ausweg aus der prekären Situation verbreiteten die Mitglieder der Organisation die Pflanze außerhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebiets weiter nordwärts, dorthin, wo sich auch das Klima hin verlagert, das die Florida-Nusseibe bisher in ihrer Heimat gewohnt war. Man ging demnach davon aus, dass die hochgradig gefährdete Art nur dann eine Überlebenschance hat, wenn sie ohne Verzug der Verlagerung der für sie günstigen Klimazone nach Norden folgt. Unter

normalen Verhältnissen würden die Bäume über ihre Samen dem Klima sehr langsam hinterherwandern und es würden sich ihnen dabei viele, für sie zum Teil unüberwindliche Hindernisse entgegenstellen. Mit menschlicher Unterstützung wird die ansonsten langsame und aussichtslose Wanderung der Art beschleunigt und überhaupt erst ermöglicht. Durch künstliche Methoden wird so ein natürliches Defizit ausgeglichen und der Art außerhalb ihres Areals in einer neuen Region, aber im alten Klima eine neue Überlebenschance gewährt. Allgemein wird die von den Torreya Guardians forcierte Verlagerung der Vorkommen der Florida-Nusseibe als erstes praktisches Beispiel einer Unterstützten Wanderung, *Assisted Migration*, gesehen. Im Jahr 2007, drei Jahre nach Gründung der Gruppe, wird das Verfahren in einem wissenschaftlichen Artikel kritisch gewürdigt und der Begriff in die Diskussion eingeführt (MCLACHNAN et. al. 2007). Die Aktivitäten der Torreya Guardians initiierten in Nordamerika eine verstärkte wissenschaftliche Beschäftigung mit dem Problem der menschlich unterstützten Ausweitung und Verlagerung der Areale von Arten und eine breite und zuweilen heftig geführte Debatte über die Risiken und Nebenwirkungen des originellen Konzepts der Unterstützten Wanderung.



Abbildung 3: Unterstützte Wanderung, wie sie von der Freiwilligenorganisation Torreya Guardians seit 2004 betrieben wird. <https://www.torreyaguardsians.org/>.

Figure 3: Assisted migration as it has been practised by the volunteers' association Torreya Guardians since 2004. <https://www.torreyaguardsians.org/>

Die neu entwickelten Praktiken der Unterstützten Wanderung stehen in einem unauflösbaren Widerspruch zu einem verbreiteten Grundsatz in der Naturschutzpraxis, der die Qualitäten der vor Ort heimischen und seit Jahrhunderten an die als einmalig betrachteten Verhältnisse der dort angepassten Arten in den Vordergrund stellt. Der Verlagerung und gezielten Kolonisation von Arten über ihr ursprüngliches Heimatareal hinaus steht man deshalb in vielen Naturschutzkreisen sehr kritisch gegenüber und lehnt diese Eingriffe ab. Die Erfahrungen und Beobachtungen biologischer Invasionen, bei denen fremde Arten die heimischen überrollen und aus ihrem Areal vertreiben können, haben stark zur Ablehnung von jeder Form biologischer Wanderung, sei sie natürlich, spontan oder menschlich unterstützt, beigetragen. In einer extremen Form des Naturschutzes will man alles vermeiden, was das heimische Artenspektrum durch Zuwanderung verändert. Dabei wird ausgeblendet, dass die so genannten gebietsheimischen Arten mit einem zunehmend fremden Klima zurechtkommen müssen. Im Klimawandel werden aus gebietsheimischen zunehmend klimafremde Arten. Umgekehrt entwickeln sich einige bislang gebietsfremde Arten dann zu klimaheimischen Arten, wenn zwischen deren Herkunftsklima dort und dem Zukunftsklima hier eine Ähnlichkeit besteht. Viele Staaten verhindern in diesem Sinne durch Gesetze und andere Regelungen die Anpflanzung gebietsfremder Arten und stellen sich der „Verfremdung“ des heimischen und als ursprünglich betrachteten Arteingefüges entgegen. Das Konzept der Unterstützten Wanderung wurde von Beginn an durch folgende Fragen herausgefordert (MCLACHNAN et. al. 2007):

- Gibt es Schwellenwerte für die Notwendigkeit einer Unterstützten Wanderung?
- Welche Arten sollen prioritär unterstützt werden?
- Wie sollen die Arten in ihre neue Umgebung eingebracht werden, um Risiken und Nebenwirkungen für die empfangenden Lebensgemeinschaften zu begrenzen?

Dieser Fragenkatalog offenbart die zwei Seiten möglicher Probleme im Zusammenhang mit der Unterstützten Wanderung. Zum einen geht es um den Wert der entsendeten Art, deren Wanderung unterstützt wird, zum anderen um den Wert der vorhandenen empfangenden Lebensgemeinschaften, die durch den Zuzug der neuen Art in irgendeiner Form verändert oder gar beeinträchtigt werden können. Hier wird in vielen Fällen eine Abwägung zwischen den Vorteilen für die gerettete, eingeführte Art und den Auswirkungen auf die gastgebenden Ökosysteme, und damit auch eine Wertediskussion notwendig (KREYLING et al. 2011).

Letztlich entstehen mit der Unterstützten Wanderung naturschutz- und auch forstpolitisch zu behandelnde Konflikte, deren jeweilige Lösung weit jenseits der Möglichkeiten einer beschreibenden Naturwissenschaft im normativen, wertsetzenden Bereich liegt.

Unterstützte Zuwanderung: Woher wandern Klima und Arten zu?

Zur gleichen Zeit, in der man sich intensiver mit den Möglichkeiten befasste, das Aussterben besonders gefährdeter Arten durch den Klimawandel mit der Technik der Assisted Migration zu verhindern, rückte ein damit verwandtes, jedoch anders gelagertes Problem in das Blickfeld der Wissenschaft. Die amerikanische Autorin MILLAR betrachtete zusammen mit ihren Koautoren im Jahr

2007 die Artenwanderung nicht aus der Perspektive der Abwanderer. Stattdessen stellten sie die Gebiete in den Vordergrund, die den gewollten oder ungewollten Zuzug empfangen. Die Forschenden behandelten das Problem im Zusammenhang mit der Anpassung der Wälder an den schnellen Prozess der Klimaveränderung. Als Methode der schnellen Anpassung erwähnt MILLAR die neue Methode der Unterstützung von Artenwanderungen entlang der zu erwartenden Klimagradienten. Solange die Klimawanderung anhält, werden die Wälder durch Abwanderung oder Aussterben laufend an geeigneten Arten verarmen. Es ist deshalb vorteilhaft, diesen Artenverlust durch entsprechende Zuwanderungen aus geeigneten Zwillingsregionen zu kompensieren. Ausdrücklich nennen MILLAR et al. schon 2007 die künstliche Maßnahme der Verlagerung von gewünschten Arten zu neuen Anbauflächen im Wald. Dabei beziehen sie sich ausdrücklich auf den von den *Torrey* Guardians aufgebrachten Begriff der „Unterstützten Wanderung“, interpretieren ihn nur nicht mehr aus der Perspektive des Natur- und Artenschutzes im Ausgangsgebiet, sondern aus Sicht der Forstwirtschaft in den Zielgebieten. Damit kehren sie die Betrachtungsrichtung einfach um.

Anders als im Natur- und Artenschutz hat in der Forstwirtschaft das Prinzip eines Anbaus der Baumarten an anderen als den ursprünglichen Orten eine lange Tradition. Diese reicht weit in die Zeit vor dem menschengemachten Klimawandel zurück. Doch bereits damals gab es die wissenschaftlich fundierte Empfehlung, beim Anbau fern der Ursprungsgebiete auf die Parallelität des Klimas zu achten (MAYR 1906, S. 185). Klimaparallelität meint in diesem Zusammenhang die Ähnlichkeit der wichtigsten für das optimale Gedeihen der Baumart maßgebenden Klimaparameter. MAYR 1906 nennt die Gebiete mit ähnlichen Klimaten noch „Klimaparallelzonen“. In der neueren internationalen Forschungsliteratur hat sich dafür der gleichbedeutende Begriff der Analogklimate bzw. Analogregionen etabliert (z.B. FITZPATRICK und DUNN 2019). Noch ohne den Klimawandel vor Augen heißt die entsprechende Auswahlregel MAYRS für den erfolgreichen Anbau anderer als am Ort selbst heimischen Baumarten: *„Verwende vor Ort stets Arten, die sich bereits andernorts in einem in den wesentlichen Punkten ähnlichen Klima bewährt haben!“* Dieses von MAYR bereits 1906 postulierte Prinzip der Klimaähnlichkeit gilt im Klimawandel fort. Der wesentliche Unterschied besteht nur darin, nun nicht mehr die bewährten traditionellen Bezugsquellen für die Baumarten zu bevorzugen, sondern sich diejenigen Gebiete neu zu erschließen, die eine Ähnlichkeit zum zukünftigen Klima aufweisen. Von dort bezieht man die in einem vorhergesehenen Zukunftsklima schon bewährten Baumarten und baut sie vorausschauend im Zielgebiet an. Weil in der Forstwirtschaft das Prinzip des Anbaus unter klimaähnlichen Bedingungen bereits seit über hundert Jahren etabliert ist, ist der gedankliche Schritt zur Unterstützten Zuwanderung als Anpassungsstrategie im Klimawandel nicht groß. Der Maßstab der Klimaähnlichkeit wird dabei ungeachtet des Klimawandels beibehalten. Die in den Zwillingsregionen gewonnene neue Auswahlentscheidung beruht allein auf den neuen für die Zukunft am Zielort vorhergesehenen klimatischen Eingangsdaten. Damit sind von Beginn an gute Anknüpfungspunkte für die Anwendung des Konzepts der Unterstützten Wanderung in der Forstwirtschaft gegeben.

Erst mit Verzögerung wurde das Konzept der Unterstützten Zuwanderung von der Forstwirtschaft in Mitteleuropa und auch in Deutschland als ein Hilfsmittel zur Klimawandelanpassung in der

Forstwirtschaft aufgegriffen (z.B. KREYLING et al. 2011, KÖLLING 2012, KÖLLING, ZIMMERMANN 2014, KÖLLING 2024, CHAKRABORTY et al. 2024), während in Kanada und in den USA das Verfahren weitverbreitet ist und schon jahrelang lebhaft diskutiert wird. Ohne systematische und gelenkte Zuwanderung von Baumarten droht auch der mitteleuropäischen Forstwirtschaft der Flaschenhals einer verarmten Garnitur von für die Forstwirtschaft geeigneten Baumarten (WESSELY et al. 2024). Vor allem bedarf es einer Gestaltung des dynamischen Übergangs von den zunehmend nicht mehr geeigneten Baumarten hin zu den sich erst nach und nach als geeigneter erweisenden Spezies (FALK et al. 2021).

Herkunftswahl als Unterstützte Wanderung von Populationen

Das Konzept der Unterstützten Wanderung kann nicht nur auf der Artebene erfolgreich angewendet werden, indem man erwünschten Arten dorthin den Zuzug erleichtert, wo sie bisher noch nicht verbreitet sind. Genauso interessant ist es, innerhalb der Artgrenzen zu bleiben und durch den Klimawandel gefährdete Populationen durch Nachkommen von besser an Wärme und Trockenheit angepassten Herkünften der gleichen Art anzureichern (KÖLLING et al. 2023, CHAKRABORTY et al. 2024, HAMBERGER et al. 2024). Die Angehörigen ein und derselben Art weisen in vielen Fällen besondere Anpassungen an das jeweilige regionale Klima auf. So liegt es nahe, auf eine andere Herkunft zurückzugreifen, wenn man der Art im sich verändernden Klima bei uns verbesserte Überlebens- und Wachstumschancen verschaffen will.

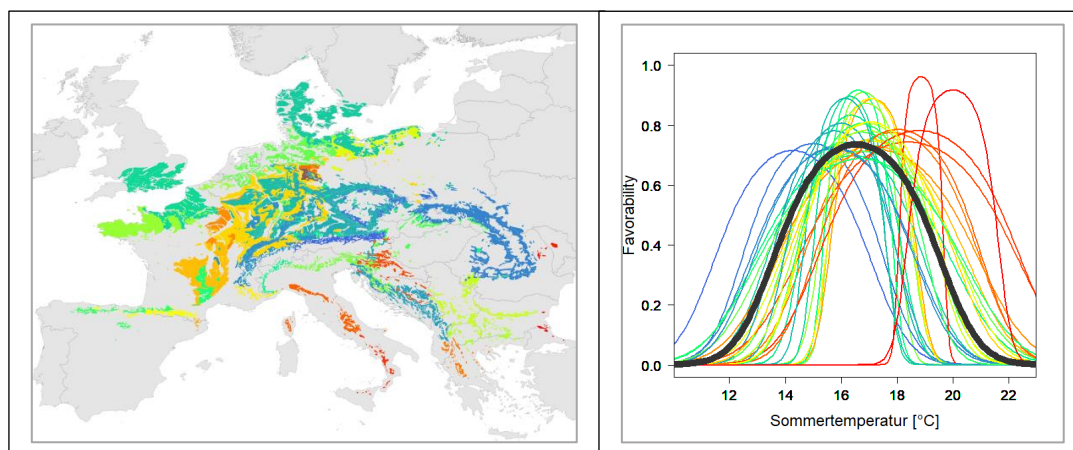


Abbildung 4: Die Herkunft macht die geeignete Buche. Links: Differenzierung des Buchenareals nach Herkunftsregionen; Farbgebung nach den mittleren Sommertemperaturen (s. Abbildung rechts). Rechts: Nischenmodell zur Buche: Gesamtresponse der Standortseignung (Favourability) der Buche (schwarz) entlang des Temperaturgradienten (Sommer) und Differenzierung von Ökotypen nach den Herkunftsregionen. Grafik aus MELLERT et al. 2021

Figure 4: Provenance is the key to a suitable beech. Left: differentiation of beech area according to provenance region; colours reflect average summer temperatures (see diagram on right). Right: niche model for beech. Overall site suitability for beech/favourability of beech (black) along the temperature gradient (summer) and differentiation of ecotypes according to the provenance regions. Graph from MELLERT et al. 2021

Diese lokalen Anpassungen, z.B. der Buche, an die spezifischen Umweltbedingungen vieler Landschaften in Europa (Abbildung 4), sind ein genetisches Potenzial, das helfen kann, die vielen Baum-Generationen zu überspringen, die eine nicht unterstützte genetische Anpassung brauchen würde,

um auf die anthropogen verursachten sprunghaften Umweltveränderungen zu reagieren. Durch künstliche Verjüngung mit trockenstresserprobten Herkünften werden neue Genotypen eingeführt, die die lokale Anpassung vorwegnehmen und mit ihren Genen den vorhandenen Genpool anreichern. Man spricht bei dieser Unterstützung der Wanderung von Populationen und der in ihnen enthaltenen Genen vom "Assisted Gene Flow" (AITKEN und BEMMELS 2015) oder Unterstütztem Genfluss. MELLERT et al. (2022) haben mit Nischenmodellen die große Bandbreite der Klimaanpassung von Buchenherkünften in Europa gezeigt. Die Fülle vorhandener Ökotypen (veranschaulicht durch farbige Kurven in Abbildung 4, links) können über spezielle Nischenmodelle abgeschätzt werden. Herkömmliche Nischenmodelle bilden dies nur summarisch und damit unzureichend ab (schwarze Kurve in Abbildung 4, links). Die Vielzahl der europäischen Ökotypen unserer Hauptbaumarten bieten die Chance, heimische Wälder fit für den Klimawandel zu machen und mit neuen klimaheimischen Genotypen anzureichern.

Auch bestimmte „heimische“ Herkünfte auf marginalen Standorten können in ihrem Genotyp bisher ungenutzte Anpassungspotenziale an den Klimawandel bergen. Im Projekt sensFORbeech hat dies das AWG mit neusten Methoden der Forstgenetik und waldwachstumskundlicher Resilienzforschung (TUM) untersucht (HOFFMANN et. al. 2021). So kann klimaangepasstes Saatgut durch Unterstützten Genfluss dazu beitragen, noch intakte Buchenbestände und deren Naturverjüngung zu stabilisieren.

In den bislang bundesweit einmaligen Praxisanbauversuchen (PAV) fördert die Bayerische Forstverwaltung die Anlage von unterschiedlichen Herkünften von Baumarten, aber auch von Alternativbaumarten, im Privatwald, um so relativ schnell, praxisnah und öffentlichkeitswirksam Aussagen zum Anbaufolg machen zu können (HAMBERGER et. al. 2022). Mit der Anlage solcher einfachen Versuche gibt man waldbesitzenden Bürgern die Gelegenheit, sich an Wissenschaft zu beteiligen (Citizen Science). Deshalb ist in den amtlichen bayerischen Herkunft- und Verwendungsempfehlungen (HuV) bei jeder Baumart eine eigene Kategorie „Praxisanbauversuche“ mit umfangreichen Empfehlungen eingefügt. In nur drei Jahren wurden 324 Flächen mit zusammen 47 ha angelegt (Stand Juli 2024).

Auch die Zusammenstellung von Plusbäumen in Samenplantagen trägt zur genetischen Vielfalt und zum gesteuerten Genfluss bei, wie HÖLTKE et al. (2023) bei Douglasie gezeigt haben (Abbildung 5). Vermehrungsgut aus Samenplantagen wird deshalb für die forstliche Praxis vorrangig zu empfohlen, weil neben guten Wuchseigenschaften auch eine hohe genetische Vielfalt und damit Anpassungsfähigkeit und Risikostreuung sichergestellt ist. Je kleiner Teilpopulationen von Baumarten sind, desto mehr sind in Samenplantagen auch gemischte Herkünfte zu beachten. AITKEN und BEMMELS (2015) sprechen von composite provenancing, gemischten Herkünften.

Das AWG wird in den nächsten Jahren verstärkt Samenplantagen von Alternativbaumarten aus Regionen des für Mitteleuropa kommenden Klimas anlegen, aber auch für seltene heimische Mischbaumarten, die klimaresilient sind. Auch dies sind Unterstützte Genflüsse trocken- und

hitzeempfindlicher Genotypen in die heimischen Wälder, die das gesamte Ökosystem Wald stabilisieren sollen.

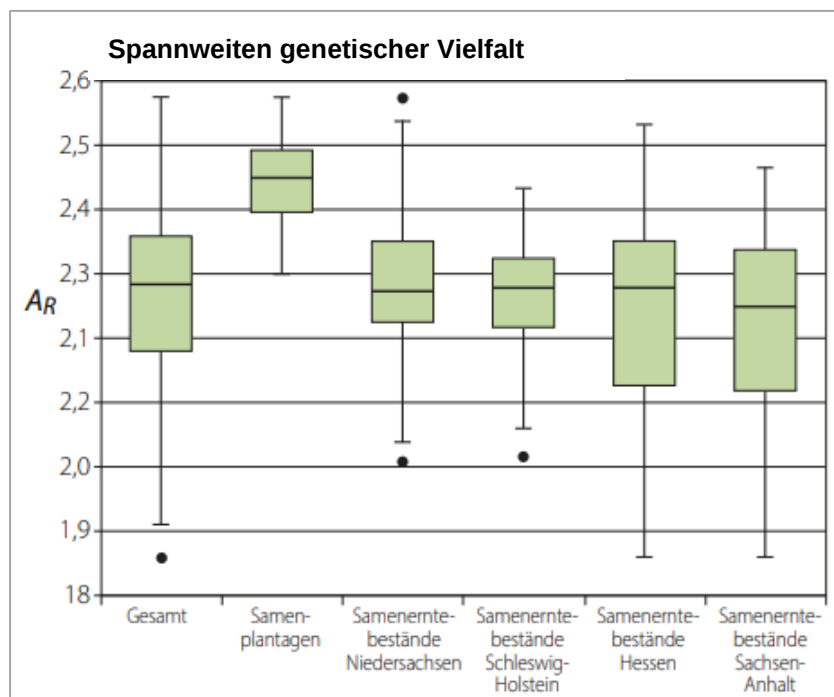


Abbildung 5: Spannweiten genetischer Vielfalt von Samenplantagen und Saatguterntebeständen. Die genetische Vielfalt der Samenplantagen der NW-FVA liegt auf einem konstant höheren Niveau als in zugelassenen Saatguterntebeständen. Die AR (Allelic Richness) ist ein Maß für genetische Vielfalt und reagiert sensibel auf die Auswirkungen geringer Bestandsgrößen und damit auch auf Gefahren der genetischen Einengung (Flaschenhalseffekt). Grafik aus HÖLTKE et al. 2023

Figure 5: Ranges of genetic diversity of seed orchards and seed crops. The genetic diversity of the seed orchards of the NW-FVA is at a constantly higher level than in authorized seed orchard stands. The organization AR (Allelic Richness) is a measure of genetic diversity and reacts sensitively to the effects of small stand sizes and thus also to the dangers of genetic restriction (bottleneck effect). Graph from: HÖLTKE et al. 2023

Auch natürliche Hybridpopulationen sind ein Beispiel für eine Vielfalt, die eine Anpassung an breite klimatische Bedingungen erleichtert kann (AITKEN und BEMMELS, 2015). Denn diese weisen im Durchschnitt eine höhere genetische Vielfalt auf, als die Elternarten, die es ermöglicht eine Vielzahl von klimatischen Nischen zu besetzen. AITKEN und BEMMELS nennen als Beispiel im westlichen Nordamerika *Picea glauca* x *engelmannii*-Populationen, die an lokale Bedingungen von boreal bis subalpin angepasst sind; oder Populationen von *Picea glauca* x *sitchensis*, die lokal an Klimazonen von maritim bis hin zu kontinental angepasst sind. Auch in Europa gibt es Beispiele: Orientbuche und Rotbuche weisen in den Überlappungsgebieten in Nordgriechenland und Bulgarien Hybridisierungen auf (GEIGER et al., 2022). Auch THURM et. al. (2023) sprechen als extreme Option der genetischen Anpassung Hybridisierungen der heimischen Rotbuche mit der trockentoleranteren Orientbuche an, die jedoch erst in der Folgegeneration auftreten würden.

Argumente für und gegen die Unterstützte Wanderung

Auch wenn das Konzept der Unterstützten Wanderung von einem übergeordneten Standpunkt aus in sich schlüssig erscheint und damit ein natürlicher Wandervorgang nachgeahmt und beschleunigt wird, existieren doch eine Vielzahl von Einwänden und Gegenargumenten. Um diese zu betrachten, empfiehlt sich der Blick nach Kanada, wo die Unterstützte Wanderung schon seit anderthalb Jahrzehnten in der Diskussion ist. Förster erweitern dort schon längst in der Praxis das Areal von Wirtschaftsbaumarten oder wechseln die Herkünfte des Vermehrungsguts. Die gesetzlichen Regelungen dazu werden angepasst, um die dem Klima folgende Bewegung von Baumarten und Herkünften zu ermöglichen (PEDLAR et al. 2012). Das kanadische Wissenschaftlerteam von Nicole KLENK und Brandon LARSON hat 2013 in einem Artikel die Kommunikation in der Debatte über die Unterstützte Wanderung zusammengestellt und untersucht. Sie haben zehn verschiedene Gruppen von Argumenten identifiziert, die in der Diskussion verwendet werden:

- (1) **Biologische Argumente:** Es werden aus biologischer Perspektive (Ökologie, Genetik, Ökosystemdienstleistungen) die Auswirkungen, Chancen und Risiken der Unterstützten Wanderung in Bezug auf die umgesiedelten Arten, auf die abgebenden und auf die empfangenden Lebensgemeinschaften betrachtet.
- (2) **Wissenschaftliche Sicherheit:** Es werden die vorhandenen Erkenntnisse als voll ausreichend betrachtet, um ein rasches und fundiertes Anpassungshandeln zu erlauben.
- (3) **Wissenschaftliches Nichtwissen:** Hier liegt die Betonung auf den zahlreichen Wissenslücken in Bezug auf die Artenwanderung. Wissenschaftliche Ungewissheit macht ein darauf basierendes Handeln riskant.
- (4) **Experimenteller Charakter:** Ein abwägendes Argument betrachtet die Unterstützte Wanderung lediglich als nützliches Experiment, das jederzeit abgebrochen werden kann, wenn die erzielten Ergebnisse ausreichen oder negative Wirkungen auftreten.
- (5) **Erfahrungen aus früheren Wanderungen:** Die Erfahrungen aus früheren gelenkten Ab- und Zuwanderungen gelten als Erfahrungsquellen und Standards für Wirkungen, Risiken und Nebenwirkungen.
- (6) **Einschränkende Argumente:** Bei diesem Einwand wird die Unterstützte Wanderung nur unter mehr oder weniger strengen Auflagen zur Risikobegrenzung zugelassen.
- (7) **Praktische Erwägungen:** Diese Klasse von Argumenten sieht die Schwierigkeiten bei der Realisation. Weder im Naturschutz noch in der Forstwirtschaft seien die erforderlichen Methoden für ein so neues Verfahren entwickelt.
- (8) **Sozio-ökonomische Argumente:** Hier werden Kosten-Nutzen-Analysen angestellt und Vergleiche mit alternativen Methoden der Klimawandelanpassung angestellt.
- (9) **Politische Argumente:** Konzepte der Unterstützten Wanderung können im Widerspruch zu geltenden Gesetzen (z. B. Vermehrungsgutgesetze, Naturschutzgesetze) oder den ihnen zugrunde liegenden Rechtsprinzipien, z. B. zum Vorsorgeprinzip, stehen.

- (10) **Ethische Argumente:** Bewusste oder in Kauf genommene Veränderungen in der natürlichen Umwelt wie die Unterstützte Wanderung können in Konflikt mit moralischen Vorstellungen und Wertsystemen geraten. Je nach moralischer Vorprägung können vom Menschen verursachte Veränderungen im Naturhaushalt als problematisch betrachtet werden.

Wie bei jeder neuen Methode gibt es auch bei der Einführung der Unterstützten Wanderung zunächst viele Debatten über das Für und Wider. In der Regel sind derartige Debatten zeitaufwendig. Sie beanspruchen einen Teil der knappen Zeit, die vordringlich für die eigentliche Anpassungsleistung benötigt würde. Der Klimawandel wartet nicht, dies ist ebenso wie die Zähigkeit, mit der die Diskussionen um Gegenmaßnahmen geführt werden, eine allgemeine Tatsache und in vielen Bereichen des Klimaschutzes und der Klimawandelanpassung zu beobachten. Umso wichtiger ist es, die Ergebnisse bereits anderweitig geführter Diskussionen zur Kenntnis zu nehmen und zeitsparend in den eigenen Diskussions- und Entscheidungsprozess einzubeziehen. Es ist überaus nützlich, wenn man auf diese Weise die Anpassungsprozesse beschleunigen und abkürzen kann. Die wissenschaftliche und außerwissenschaftliche Literatur ist voll von nutzbaren Informationen, die Möglichkeit des die Ressource Zeit schonenden Recyclings bereits vorliegender Erkenntnisse sollte konsequent genutzt werden.

Zählebige Dogmen

Die Haupthindernisse bei der Anwendung der Unterstützten Wanderung liegen im Beharren auf zählebigen Dogmen, die allesamt einmal, jedes für sich, ihre Bedeutung gehabt haben. In der Zeit des raschen Klimawandels haben sie jedoch viel von ihrem ursprünglichen Sinn verloren. Im Folgenden werden die bekanntesten dieser Vorstellungen vor dem Hintergrund der oben dargestellten zehn Argumente von KLENK und LARSON (2012) vorgestellt.

„Unterstützte Wanderung gefährdet die Ursprünglichkeit der Natur.“

Die Schönheit der Natur, das „Ursprüngliche“, ist ein wertvolles Gut und übt eine große emotionale Faszination aus. Man stellt sich vor, dass die Zusammensetzung der Pflanzendecke zusammen mit der Tierwelt weit aus früheren Jahrhunderten und Jahrtausenden in unsere Zeit ungebrochen und linear hineinragt. So wie man sich an einem pittoresken mittelalterlichen Ortsbild und der darin verkörperten Geschichte erfreut, so sehr kann man sich auch für als ursprünglich empfundene Landschaftsbilder mit allen typischen Pflanzen- und Tierarten als Ergebnis einer langen Naturgeschichte begeistern. Allerdings hat sich das Landschaftsbild - und insbesondere die Zusammensetzung der Wälder - in der mit 10.000 Jahren erdgeschichtlich sehr kurzen Epoche der Nacheiszeit immer wieder gewandelt und verändert. Es ist ein durch starke Emotionen zusammengehaltenes Amalgam aus biologischen, politischen und ethischen Motiven, das dieser Position Nahrung gibt. Das „Ursprüngliche“ zu erhalten, mag in Zeiten konstanter Umweltbedingungen eine Tugend sein. In Zeiten wilder und rasanter Umweltveränderungen verhindert diese Haltung die Anpassung. Wird der ursprüngliche Zustand festgehalten und fehlt damit die Anpassung an das Neue, treffen starre ursprüngliche Verhältnisse auf die Veränderungen der Umgebungsvariablen. Es baut sich ein An-

passungsdefizit oder besser eine Anpassungsschuld auf, die nach und nach anwächst und die von späteren Generationen bezahlt werden muss. Veränderungen geschehen und verursachen Kosten, egal, ob und wann man eingreift. Das ist die bittere Lektion, die uns der Klimawandel erteilt. Durch ein planvolles Gestalten der Veränderungen und rechtzeitiges Beginnen kann man den Veränderungsprozess unterstützen, moderieren und die Kosten überschaubar halten, was in vielen Fällen die bessere Alternative zur Passivität oder zur krampfhaften Rekonstruktion der Vergangenheit (THOMAS 2014) darstellen dürfte. Es scheint also sinnvoller, sich schon jetzt bewusst vom Bisherigen zu verabschieden, als es später durch jetzt schon vorhersehbare Ereignisse zwangsweise zu verlieren.

„Unterstützte Wanderung stellt die lokale Anpasstheit der Wälder in Frage.“

In der Forstwirtschaft und im Naturschutz arbeitet man sehr stark auf der örtlichen Ebene. Man identifiziert sich mit seiner Wald- und Naturheimat, meint sie so gut wie kein anderer zu kennen. Die anvertrauten Pflanzen- und Tierarten sollen ein Heimatrecht auf ewige Dauer erhalten. Dem vorhandenen Lokalen schreibt man zu Recht eine lange und intensive Anpassung an die Verhältnisse vor Ort zu, eine perfekte Anpasstheit. Der lokale Bezug nutzt die durch Erfolge belegten Erfahrungen und Traditionen und sichert zumeist die bereits oben erwähnte „Ursprünglichkeit“. Unter konstanten Umweltbedingungen ist es klug, vor Ort eingespielte Routinen, bewährtes Material und erprobte Methoden zu verwenden. Starke Umweltveränderungen, wie sie im Klimawandel zu erwarten und in Abbildung 1 dokumentiert sind, erzwingen jedoch eine Abkehr von der Bevorzugung des Lokalen. Wenn die globale Erwärmung Klimaverlagerungen von vielen Hundert Kilometern auslöst, ist es eher töricht als klug, weiter auf die Vorzüge jahrhundertelanger lokaler Anpasstheit zu reflektieren. Denn die Anpasstheit spiegelt den lokal ausgeprägten Genotyp des Gestern wider, entscheidend ist die Anpassungsfähigkeit an das Morgen. Wandert das gewohnte lokale Klima ab, dann werde die alten lokal erworbenen Tugenden wertlos und müssen von außerhalb durch neue ersetzt werden. Neues Klima erfordert den Blick in die Ferne, dies ist die Lektion aus Abbildung 1. An als fremd empfundenen Baumarten und Herkunftsn führt kein Weg vorbei.

„Unterstützte Wanderung ist nicht ausreichend wissenschaftlich fundiert.“

Der Klimawandel ist ein junges Phänomen. Die Forschung ist intensiv und wird mit Hochdruck betrieben. Natürlich ist noch nicht alles in der Tiefe erforscht. Das ist auch schwierig bei Vorgängen, die erst in der Zukunft ablaufen werden. Eine punktgenaue Evidenz wird gefordert und ihr Fehlen oft als Begründung für ein Abwarten und das Aufschieben der Anpassung auf den späteren Zeitpunkt verwendet. Es ist ein gesellschaftlicher Aushandlungsprozess, hängt aber auch vom Mut der Entscheidenden ab, welche Tiefe an wissenschaftlicher Evidenz vorausgesetzt wird, um zu ausreichend fundierten Handlungen zu kommen. Häufig reichen auch geringere Grade an wissenschaftlicher Sicherheit, um brauchbare Empfehlungen geben zu können.

„Wegen der schlechten Erfahrungen aus historischen Zuwanderungen sollten wir auf Unterstützte Wanderung verzichten.“

Ein sehr verbreitetes Ablehnungsmotiv für jede Art von unterstützter oder auch nur zugelassener Artenwanderung beruft sich auf die schlechten Erfahrungen vor allem mit transkontinentalen Überschreitungen der Arealgrenzen durch Arteneinfuhr. Diese wurde oft als regelrechte Invasionen empfunden. In den Bezeichnungen der betreffenden Arten, die als Neobiota, als eingeführte, eingewanderte, eingeschleppte oder invasive Arten bezeichnet werden, spiegelt sich eine Bewertung, die von neutral beschreibend bis ablehnend und diffamierend reicht. Obwohl es nur wenig Zahlenmaterial zur Bilanz von Erfolgen und Misserfolgen von Baumartenwanderungen gibt, herrscht eine negative Bewertung vor. Die Zu- und Abwanderungen früherer Zeit waren allerdings auch nicht durch die Anpassung an Umweltveränderungen wie dem Klimawandel motiviert, sondern basierten auf Experimentierlust, ökonomischen Motiven oder waren unbeabsichtigte Betriebsunfälle. Durch die unbeschränkte Anwendung des Prinzips von Versuch und Irrtum und den häufigen Verzicht auf Kontrollmaßnahmen haben sich im Lauf der Geschichte einige negative Beispiele angesammelt, die als oft nur anekdotische Evidenz die Diskussion bestimmen. Das Konzept der Unterstützten Wanderung geht von der Klimawanderung als auslösendem Prozess aus und erlaubt nach dem Evidenzkriterium nur Wanderungen entlang der durch den Klimawandel vorgegebenen Routen. Die schlechten Erfahrungen der Vergangenheit wurden fast immer mit ungerichteten Importen gemacht, die den strengen Kriterien der evidenten Klimafolge im Nachhinein nicht genügen. Daher können sie auch nicht als schlüssiges Gegenargument gelten.

„Unterstützte Wanderung funktioniert nicht in der Praxis.“

Weil das Konzept der Unterstützten Wanderung ebenso wie der Klimawandel noch ziemlich jung ist, sind die dafür erforderlichen Techniken noch wenig entwickelt. Forstwirtschaft spielt sich in den meisten Fällen in sehr begrenzten Räumen auf lokaler Ebene ab. Viele gesetzliche Regelungen und viele untergesetzliche Normen und Regelungen sowie die meisten Praktiken sind nicht daraufhin konzipiert, Baumarten die Wanderung über politische und natürliche Grenzen zu erleichtern. Auch in diesem Fall fehlender Erfahrung ist es enorm vorteilhaft, die bereits andernorts gemachten Erfahrungen, z. B. aus Nordamerika, zu nutzen, um so Entwicklungszeit zu sparen.

„Unterstützte Wanderung ist teuer.“

Das Kostenargument wird im Zusammenhang mit der Klimawandelanpassung oft gebraucht. Anpassung wird Geld kosten, genauso wie die Nicht-Anpassung, die mit der Fortführung der bisherigen Praxis zwangsläufig einhergeht. Die zusätzlichen Kosten eines fahrlässigen Business-as-usual werden oft nicht gesehen, weil sie erst in der Zukunft entstehen, während die Kosten der Anpassung real sind und sofort anfallen. Die Anpassungsleistungen durch Unterstützte Wanderung sind, wie Vergleichsrechnungen schnell aufdecken könnten, kein Luxus, sondern notwendige Investitionen, um die Vitalität der Wälder und ihre vielfältigen Waldfunktionen zu erhalten.

„Die Natur hilft sich selbst.“

Nicht selten kann man ein fast kindliches Vertrauen in die Selbstheilungskräfte der Natur beobachten: Je weniger die Naturprozesse durch den Menschen beeinflusst werden und je ungestörter die Naturkräfte frei walten können, desto besser reagiere die Natur mit ihren eigenen Reparaturmechanismen auf eine Irritation wie den Klimawandel. Solche Auffassungen entfalten eine hohe Suggestivkraft und werden intuitiv als plausibel empfunden, jedoch gibt es keine Evidenz dafür. Dies liegt auch daran, dass der menschengemachte Klimawandel unserer Tage eine neuartige, erdgeschichtlich nie dagewesene Erscheinung darstellt, die so rasant abläuft, dass eine spontane Anpassung der Wälder in für Menschen überschaubaren Zeiträumen historisch nicht belegt ist und reines Wunschdenken sein dürfte. Alle Angepasstheit der Natur hat sich in jahrtausendelangen Trainingsprozessen durch die Evolution in der Auseinandersetzung mit der Umwelt herausgebildet. Wie soll aber die Natur sich selbst helfen können, wenn es zuvor keine Gelegenheit gab, die Anpassungsleistungen an die neuen, anthropogen verursachten Herausforderungen zu lernen, weiterzuentwickeln und zu trainieren? Vertrauen in die Selbstheilungskräfte der Natur ist das Königsargument, das Inaktivität scheinbar rechtfertigt. Es wird aber mit ziemlicher Sicherheit nicht dazu führen, dass Waldökosysteme in Zukunft stabil sind und im Gleichgewicht zum umgebenden Klima stehen.

Mut zur Veränderung

Wir leben in einer Zeit vielfältigen Wandels und großer Veränderungen. Erst nach und nach wird klar, dass auch in den als besonders beständig geltenden Sektoren von Naturschutz und Forstwirtschaft Bewegung entstanden ist. Am Beispiel des Klimawandelanpassungskonzepts der Unterstützten Wanderung wird deutlich, dass die Aussicht auf herbeigeführte oder erlittene Veränderungen unterschiedliche Reaktionen auslöst. Diese reichen von der Furcht vor einer ungewissen Zukunft über die Ablehnung des Neuen und Ungewohnten bis hin zum Misstrauen gegenüber unbekannten Maßnahmen als Reaktion auf eingetretene oder erwartete Veränderungen. Daher ist es hilfreich, das Unbehagen gegenüber Veränderungen selbst zu thematisieren und transparent zu kommunizieren. In der technischen Ausgestaltung der Unterstützten Wanderung gibt es viele Spielräume, die die Ablehnung von als zu radikal empfundenen Neuerungen aufnehmen und deren Radikalität durch Begrenzungen abmildern. Ein wichtiges Kriterium ist dabei das Vermeiden von großflächigen und brachialen Umgestaltungen des Naturhaushalts und die Beschränkung auf minimal invasive Eingriffe. Mit dem Grundsatz der „Bedachten Anreicherung“ (KÖLLING 2024) ist ein Prinzip beschrieben, bei Anpassungsmaßnahmen im Wald immer das jeweilig mildeste angemessene Mittel zu verwenden, um die beabsichtigte Wirkung zu erzielen. Mit Bildern aus der Zukunft, wie man sie in Zwillingssregionen gewinnen kann (Abbildung 6) kann man auch auf kommunikativem Weg die Vorbehalte gegenüber dem Neuen und Fremden abbauen. Wenn wir neue Methoden verwenden und die Kräfte bündeln, kann es gelingen, den Übergang vom labilen Gegenwartswald zu einem stabileren Zukunftswald auf eine elegante, schonende und doch wirksame Weise zu gestalten.



Abbildung 6: Kandidatin für die Unterstützte Wanderung aus den Zwillingsregionen nach Nürnberg: Edelkastanie (*Castanea sativa* Mill.). (Foto: Tobias Mette)

Figure 6: Candidate for assisted migration from the twin regions to Nuremberg: assisted migration for the sweet chestnut (*Castanea sativa* Mill.). (Photo: Tobias Mette)

Literatur

- AITKEN S. N. und BEMMELS, J. B. (2015): Time to get moving: assisted gene flow of forest trees. *Evolutionary Applications* 9 (1), 271-290. <https://doi.org/10.1111/eva.12293>
- CHAKRABORTY, D., CICEU, A., BALLIAN, D., GARZÓN, M. B., BOLTE, A., BOZIC, G., BUCHACHER R., ČEPL, J., CREMER, E., DUCOUSSO, A., GAVIRIA, J. GEORGE, J.P., HARDTKE, A., IVANKOVIC, M. KLISZ, M., KOWALCZYK, J., KREMER, A., LSTIBŮREK, M., LONGAUER, R., MIHAI, G., NAGY, L., PETKOVA, K., POPOV, E., SCHIRMER, R., SKRØPPA, T., SOLVIN, T.M., STEFFENREM, A., STEJSKAL, J., STOJNIC, S., VOLMER, K. und SCHUELER, S. (2024): Assisted tree migration can preserve the European forest carbon sink under climate change. *Nature Climate Change*, <https://doi.org/10.1038/s41558-024-02080-5>
- FALK, W., ENGEL, M., TOBIAS METTE, T KLEMMT, H.-J. (2022): Die Zukunft der Buche – zwischen Rückeroberrung und Rücksterben. LWF-Wissen 86, 35-43, https://www.lwf.bayern.de/mam/cms04/waldbau-bergwald/dateien/lwf_wissen_86_falk.pdf
- FITZPATRICK, M. C. und DUNN, R. R. (2019): Contemporary climatic analogs for 540 North American urban areas in the late 21st century. *Nat. Commun.* 10, 1-7, <https://doi.org/10.1038/s41467-019-08540-3>
- GEIGER, J.; MELLERT, K.-H., ŠEHO, M. (2022): Kurzportrait Orientbuche (*Fagus orientalis* Lipsky). <https://www.waldwissen.net/de/waldwirtschaft/waldbau/kurzportrait-orientbuche-fagus-orientalis-lipsky>
- HAMANN, A., ROBERTS, D. R., QUINN E., BARBER, Q. E., CAROLL, C. und NIELSEN, S. E. (2015): Velocity of climate change algorithms for guiding conservation and management. *Global Change Biology* 21, 997–1004. <https://doi.org/10.1111/gcb.12736>
- HAMBERGER, J., ŠEHO, M. und WIMMER, N. (2021): Erste Blicke auf den Zukunftswald, Sogenannte Praxisanbauversuche können Waldbesitzern bei der Suche nach klimatoleranten Baumarten helfen. Bayerisches Landwirtschaftliches Wochenblatt 44, S. 58-59
- HAMBERGER, J., ŠEHO, M., SCHIRMER, R. und JANSEN A. (2024): Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen in Bayern. Forstl. Forschungsbericht München, Nr. 225
- HÖLTKE A M., HOFMANN M. und STEINER W. (2023): Douglasie ist nicht gleich Douglasie – zur Bedeutung von Herkunft und genetischen Ressourcen. In: Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Niedersächsisches Ministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (Hrsg.), Waldzustandsbericht 2023 für Niedersachsen. S. 40 – 43.
- HOFFMANN, Y-D., MELLERT, K-H. und SEHO, M. (2021): Klimasensitivität forstlicher Genressourcen der Buche in Bayern. <https://www.waldwissen.net/de/waldwirtschaft/waldbau/waldgenetik/sensforbeech>

- KÖLLING, C. (2012): Klimawandelanpassung durch Nichtstun? LWF-aktuell 86, 50-52, <https://www.lwf.bayern.de/mam/cms04/biodiversitaet/dateien/a86-klimawandelanpassung-durch-nichtstun.pdf>
- KÖLLING, C. (2024): Wälder in Bewegung. Eine Reise durch hundert Jahre Wald- und Klimazukunft. oekom-Verlag, München, 162 S., ISBN 978-3-98726-104-6
- KÖLLING, C. und ZIMMERMANN, L. (2014): Klimawandel gestern und morgen. Neue Argumente können die Motivation zum Waldumbau erhöhen. LWF aktuell 99, 27-31, https://www.lwf.bayern.de/mam/cms04/wissenstransfer/dateien/a99_klimawandel_gestern_und_morgen_bf_geschuetzt.pdf
- KÖLLING, C., METTE, T., BRANDL, S. und ŠEHO, M. (2023): Neues Klima erfordert neue Wälder. AFZ/DerWald Heft 17/23, 15-19, https://www.researchgate.net/publication/373652437_Neues_Klima_erfordert_neue_Walder
- KLENK, N. L. und LARSON, B. M. H. (2013): A rhetorical analysis of the scientific debate over assisted colonization. *Environmental Science and Policy* 33, 9-18, <https://doi.org/10.1016/j.envsci.2013.04.006>
- KREYLING, J., BITTNER, T., JAESCHKE, A., JENTSCH, A., STEINBAUER, M. J., THIEL, D. und BEIERKUHNLEIN, C. (2011): Assisted Colonization: A Question of Focal Units and Recipient Localities. *Restoration Ecology* 19 (4), 433-444, <https://doi.org/10.1111/j.1526-100X.2011.00777.x>
- MAYR, H. (1906): *Fremdländische Wald- und Parkbäume für Europa*, Berlin, <https://doi.org/10.5962/bhl.title.30017>
- MCLACHLAN, J.S., HELLMANN, J.J. und SCHWARTZ, M.W. (2007): A Framework for Debate of Assisted Migration in an Era of Climate Change. *Conservation Biology* 21 (2), 297-302, <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2007.00676.x>
- MELLERT, K.-H., JANSEN, A. und ŠEHO, M. (2021): Wo finden wir Alternativherkünfte der Buche für den Klimawandel? AFZ-Der Wald 24, 16 – 20.
- METTE, T., BRANDL, S., KÖLLING, C. (2021): Climate Analogues for Temperate European Forests to Raise Silvicultural Evidence Using Twin Regions. *Sustainability*, 13(12), 6522, <https://doi.org/10.3390/su13126522>
- MILLAR, C., NATHAN, L., STEPHENSON, N. L., SCOTT, L. und STEPHENS, S. L. (2007): Climate Change and Forests of the Future: Managing in the Face of Uncertainty. *Ecological Applications* 17(8), 2145-2151. <https://doi.org/10.1890/06-1715.1>
- PARMESAN, C. und YOHE, G. (2003): A globally coherent fingerprint of climate change impacts across natural systems. *Nature* 421, 37–42, <https://doi.org/10.1038/nature01286>
- PECL, G. T., KELLY, R., LUCAS, C., VAN PUTTEN, I., BADHE, R., CHAMPION, C., CHEN, I.-C., DEFEO, O., GAITAN-ESPITIA, J. D., EVENGÅRD, B., FORDHAM, D. A., GUO, F., HENRIQUES, R., HENRY, S., LENOIR, J., MCGHIE, H., MUSTONEN, T., OLIVER, S., PETTORELLI, N. und VERGES, A. (2023): Climate-driven 'species-on-the-move' provide tangible anchors to engage the public on climate change. *People and Nature*. 5:1384–1402, <https://doi.org/10.1002/pan3.10495>
- PEDLAR, J. H., MCKENNEY, D. W., AUBIN, I., BEARDMORE, T., BEAULIEU, J., IVERSON, L., O'NEILL, G. A., WINDER, R. S., und STE-MARIE, C. (2012): Placing Forestry in the Assisted Migration Debate. *Bioscience* 62, 9, 835–842, <https://doi.org/10.1525/bio.2012.62.9.10>
- PINSKY, M. L., WORM, B., FOGARTY, M. J., SARMIENTO, J. L., und LEVIN, S. A. (2013): Marine taxa track local climate velocities. *Science*, 341(6151), 1239–1242. <https://doi.org/10.1126/science.1239352>
- SHAH, S. (2020): *The next great migration: the story of movement on a changing planet*. Bloomsbury, London, 388 S., ISBN 978-1526626646
- THURM, E.A., LIESEBACH, M., SCHNECK, V., VOTH, W. (2023) : Pflanzen wir Buchen unter Buchen? : Anpassung von Baumarten im Klimawandel. *Immergrün: Forschung* 1, Frühling/Sommer 2023:5-13
- THOMAS, C. D. (2014): Translocation of species, climate change, and the end of trying to recreate past ecological communities. *Trends in Ecology and Evolution* 26 (5), 216-221, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2011.02.006>
- WESSELY, J., ESSL, F., FIEDLER, K., GATTRINGER, A., HÜLBER, B., IGNATEVA, O., MOSER, D., RAMMER, W., DULLINGER, S., SEIDL, R. et al. (2024): A climate-induced tree species bottleneck for forest management in Europe. *Nature Ecology and Evolution* 8, 1109–1117, <https://doi.org/10.1038/s41559-024-02406-8>

Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen in Bayern

Joachim Hamberger, Muhidin Šeho, Randolph Schirmer, Alwin Janßen

Zusammenfassung Der Klimawandel stellt die Forstwirtschaft vor große Herausforderungen. Neben der Baumartenwahl ist die Wahl einer passenden Herkunft entscheidend für den Anbauerfolg. Die Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen (HuV) setzen einen doppelten Fokus, nämlich auf die Angepasstheit und die Anpassungsfähigkeit. Im bisherigen Klima bewährtes Saat- und Pflanzgut muss sich im (ungewissen) zukünftigen Klima erst bewähren. Durch die Erweiterung der HuVs wurden für die Waldbesitzenden neue Möglichkeiten geschaffen, die bayerischen Wälder fit für den Klimawandel zu machen und die genetische Grundlage für artenreiche und stabile Mischwälder zu legen. Neu sind die Empfehlungsstufen »Bisher Bewährte Herkünfte«, »Klimaplastische Herkünfte« und »Herkünfte für Praxisanbauversuche«, die bisherige Einstufung »Ersatzherkünfte« entfällt. Die neuen Empfehlungen berücksichtigen das Risiko einer klimaunsicheren Zukunft.

Schlüsselwörter Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen, Klimawandel, Genetik, Angepasstheit, Anpassungsfähigkeit

Abstract Climate change poses major challenges for the forestry industry. The choice of tree species and suitable provenances are crucial for the success of cultivation. The Provenance and Utilisation Recommendations for Forest Reproductive Material in Bavaria (HuV) focus on two key characteristics: adaptedness and adaptability. Seed and plant material that has proven itself in the prevailing climate conditions up to now has yet to prove itself in the (uncertain) climate of the future. The expansion of the provenance and utilisation recommendations has created new opportunities for forest owners, enabling them to make Bavarian forests fit for climate change and to establish the genetic basis for species-rich and stable mixed forests. What is new are the levels of recommendation "proven provenances to date", "climate-adaptable provenances", and "provenances for cultivation trials", while the "replacement provenances" category has been dropped. The new recommendations aim to take account of the risks of a climate-uncertain future.

Keywords Provenance and utilisation recommendations, climate change, genetics, adaptedness, adaptability

Ausgangslage

In den letzten Jahren waren die Auswirkungen der Temperaturzunahme und des Niederschlagsmangels besonders im Frühjahr und Sommer deutlich sichtbar, was in weiten Teilen Deutschlands zu Dürre führte. Dies begünstigte Schadorganismen, wie z.B. den Borkenkäfer, was wiederum zum großflächigen Absterben vieler Waldbestände führte. In den letzten Jahren hat die Witterungsentwicklung insbesondere in Franken nicht nur zu einem Vitalitätsverlust bei Fichten, sondern auch bei Buchen und Kiefern geführt. Deshalb fragen sich viele Waldbesitzende, welche Baumarten und Herkünfte sie beim Waldumbau wählen sollen und wo sie geeignetes und herkunftssicheres Saat- und Pflanzgut erhalten können. Informationen zur Baumartenwahl finden sich in den Praxishilfen der Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft (LWF), während Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen die Grundlage für die Wahl der geeigneten Herkünfte bilden (JANßEN, 2023, LWF 2019; LWF 2020; BAYSTMELF 2016). Die HuVs berücksichtigen umfassende Anbauerfahrungen sowie neueste wissenschaftliche Erkenntnisse aus Herkunftsversuchen und Nachkommenschaftsprüfungen. Verbindlich sind die HuVs für die Bayerischen Staatsforsten, den Kommunalwald sowie für die Bewirtschaftung von PEFC- und FSC-zertifizierten Wäldern und auch Förderungen nach dem waldbaulichen Förderprogramm des Freistaates Bayern (WALDFÖPR) sind daran gebunden.

Klimawandel erfordert neue Empfehlungen

Bisher basierten die Herkunftsempfehlungen darauf, Vermehrungsgut der Kategorie "ausgewählt" aus dem gleichen Herkunftsgebiet zu verwenden, weil dieses Vermehrungsgut unter den bisherigen relativ konstanten Umweltbedingungen gesunde und vitale Erntebestände hervorbrachte. Getreu dem Prinzip "Aus der Region – für die Region" wurde lokalem Forstvermehrungsgut der Vorzug gegeben, da es genetisch an die gegebenen Standorts- und Umweltbedingungen bestmöglich angepasst war.

Die Standorts- und Umweltbedingungen verändern sich aber mit dem Klimawandel. Dies verlangt eine Weiterentwicklung dieser Strategie. Mit Erscheinen der neuen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen für Bayern (HuV) 2023 wird die genetische Anpassungsfähigkeit von Ausgangspopulationen verstärkt in den Empfehlungen berücksichtigt. Die neuen Empfehlungsstufen wollen genau dies: ein an den Klimawandel angepasstes Angebot, das über die derzeitige Angepasstheit der lokalen Erntebestände hinausgeht. Mit der erweiterten Bezeichnung Verwendungsempfehlung wird den spezifischen Standortsbedingungen am Pflanzort Rechnung getragen. Die bayerischen HuV zielen darauf ab, die Auswahl an Baumarten und Herkünften zu erweitern und das Risiko auf der Herkunftsebene zu streuen.

Vermehrungsgut der Kategorien "geprüft" und "qualifiziert" wird bevorzugt empfohlen. "Geprüftes" Vermehrungsgut hat seine Eignung in Nachkommenschaftsversuchen bewiesen. "Qualifiziertes" Vermehrungsgut stammt aus Samenplantagen, also von Bäumen mit hoher Vitalität sowie hervorragenden Wuchs- und Qualitätseigenschaften. Diese bieten im Vergleich zu "ausgewählten" Erntebeständen vor allem bei Nebenbaumarten eine höhere genetische Vielfalt und damit eine bessere

Anpassungsfähigkeit. Den Nachkommen von "geprüften" und "qualifizierten" Ernteeinheiten wird zugetraut, sowohl mit dem aktuellen Klima als auch mit den prognostizierten zukünftigen Klimabedingungen gut zurechtzukommen.

Da jedoch die Anzahl der "geprüften" bzw. "qualifizierten" Ernteeinheiten nur bei einigen Baumarten ausreichend hoch ist, muss die Versorgung auch langfristig weiterhin hauptsächlich aus Saatguterntebeständen der Kategorie "ausgewählt" erfolgen.

Für die aktuellen und zukünftigen Aktualisierungen der Empfehlungen gelten folgende Punkte:

- **Lokale Herkünfte** werden als „bisher bewährt“ eingestuft und bleiben weiterhin die Grundlage der Empfehlungen. Diese werden auf einigen Standorten weiterhin eine gute Wahl sein. Eine Bevorzugung ist jedoch nur dann gerechtfertigt, wenn eine hohe genetische Vielfalt und damit eine Anpassungsfähigkeit an sich ändernde Umweltbedingungen zu erwarten ist. Eine hohe genetische Vielfalt ist i.d.R. in großen Saatguterntebeständen zu finden.
- **Klimaplastische Herkünfte** heimischer Baumarten wurden erstmals in die Empfehlungen aufgenommen. Dabei gilt das Prinzip, Herkünfte aus wärmeren Regionen mit geringeren Sommerniederschlägen zu bevorzugen, da diese besser an die zukünftigen Umweltbedingungen angepasst sind. Zusätzlich wird Vermehrungsgut der Kategorien „geprüft“ und „qualifiziert“ empfohlen.
- **Ersatzherkünfte**, soweit sie weiterhin als geeignet eingeschätzt werden, wurden in die Kategorien „Bisher Bewährt“ oder „Klimaplastisch“ eingestuft. Herkünfte, deren Eignung sowie Anpassungsfähigkeit in dem jeweiligen Herkunftsgebiet als gering eingeschätzt wurde, werden nur noch mit zeitlicher Befristung empfohlen.
- **Seltene heimische Baumarten**, die zukünftig im Waldumbau stärker berücksichtigt werden sollten und noch nicht dem Forstvermehrungsgutgesetz unterliegen, wurden in die Verwendungsempfehlungen aufgenommen. Dies betrifft derzeit Elsbeere, Speierling, Flatterulme, Feldahorn und Eibe.
- **Herkünfte alternativer Baumarten** von Atlaszeder, Libanonzeder, Bornmüllertanne und Baumhasel wurden zusätzlich empfohlen, wenn sie wenig spätfrostgefährdet sind und zur Stabilisierung der Waldbestände beitragen können. Diese Baumarten werden hauptsächlich für Praxisanbauversuche (PAV) empfohlen.

Neue Stufen verwandeln Risiken in Chancen

In den neuen HuV werden die Herkünfte in drei Empfehlungsstufen »*Bisher Bewährte Herkünfte*«, »*Klimaplastische Herkünfte*« und »*Herkünfte für Praxisanbauversuche*« empfohlen. Diese Formulierung soll das Anbaurisiko berücksichtigen, das in diesen Stufen unterschiedlich ist, je nachdem, welchen Blickwinkel man einnimmt. Aus der Sicht bisheriger Erfahrungen bergen »*Bisher Bewährte Herkünfte*« zum jetzigen Zeitpunkt das geringste Risiko, weil die Baumarten und Herkünfte in der Vergangenheit gut funktioniert haben und gut an die jetzigen Bedingungen angepasst sind. Aber

bei vorhergesagten globalen Temperatursteigerungen von 2,6 ° bzw. 4,8 °C (Klimaszenario RCP 4.5 bzw. 8.5) bis zum Ende des Jahrhunderts bergen »*Bisher Bewährte Herkünfte*« ein stark steigendes Risiko.

Die HuV bieten die Chance, das Risiko auf der Herkunftsebene zu streuen und eine Anreicherung der bestehenden Population vorzunehmen. Der Waldbesitzende entscheidet selbst, welches Risiko er tragen will.

- **Bisher Bewährte Herkunft**

Für viele Herkunftsgebiete bleibt die lokale Herkunft bevorzugt, wenn sowohl das aktuelle als auch das zukünftige Klima für den Anbau unproblematisch ist und die Herkünfte ausreichende Anpassung und hohe Anpassungsfähigkeit erwarten lassen. Unter dieser Voraussetzung wurden Herkünfte desselben Herkunftsgebiets in die Kategorie „Bisher Bewährt“ eingestuft. In einigen Herkunftsgebieten, wie zum Beispiel bei der Tanne im Frankenwald, ist der Vorrang der lokalen Herkunft aufgrund geringerer genetischer Vielfalt jedoch nicht mehr sinnvoll.

- **Klimaplastische Herkunft**

Auf mindestens der Hälfte der Fläche Bayerns werden bei einem Temperaturanstieg von 2 °C künftig Standortsbedingungen vorherrschen, die derzeit noch nirgendwo in Bayern zu finden sind (FISCHER et al. 2018). Besonders in einigen Herkunftsgebieten Frankens ist es daher notwendig, die HuV-Empfehlungen bei den Hauptbaumarten Buche sowie Trauben- und Stieleiche um Vermehrungsgut aus Regionen zu erweitern, die bereits wärmer und trockener sind. Für Herkünfte aus tieferen Lagen gilt: Je Grad Erwärmung verschiebt sich der Anbau etwa 150 Höhenmeter nach oben. Dieses Vorgehen orientiert sich an der voraussichtlichen Klimaentwicklung. Die Herkünfte stammen aus Regionen, in denen heute das Klima herrscht, das wir in den nächsten Jahrzehnten für das entsprechende Herkunftsgebiet erwarten. Zusätzlich wird Vermehrungsgut der Kategorien »geprüft« und »qualifiziert« empfohlen. Zu beachten ist, dass Herkünfte aus einem wärmeren Klima in der Regel weniger an Frostereignisse angepasst sind. In Bayern werden trotz des Klimawandels weiterhin (Spät-)Fröste und Nassschneelagen vorkommen, deshalb sind Frost- oder Schneebruchschäden an diesen Herkünften nicht auszuschließen.

- **Herkünfte für Praxisanbauversuche**

Hier werden Herkünfte empfohlen, die nach aktueller Einschätzung unter den zu erwartenden Klimabedingungen geeignet sein könnten und deshalb in Praxisanbauversuchen (PAV) getestet werden sollten. Mit dem Instrument der PAV sollen möglichst schnell praxisrelevante Erkenntnisse zusammen mit den Waldbesitzern gewonnen werden, die zeitnah an alle Waldbesitzenden weitergegeben werden (ŠEHO et al. 2019, HAMBERGER et al. 2021). Dazu zählen alternative Herkünfte von heimischen oder bereits bewährten Baumarten sowie Herkünfte für weitere alternative Baumarten. Bis Ende 2023 gab es 324 PAV's in Bayern auf über 47 ha. Davon sind 15,43 ha mit Zedern bestockt und 18,43 ha mit Baumhasel. Das zeigt, dass

Waldbesitzer und die unterstützenden Ämter für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten (ÄELF) vor Ort großes Interesse an dieser „Bürgerforschung“ (citizen science) haben.

Beispiele

Im Herkunftsgebiet »06-Frankenwald« ist bei Weißtanne die genetische Anpassungsfähigkeit im Vergleich zu anderen bayerischen Herkunftsgebieten sehr gering (KONNERT und HUSSENDÖRFER 2004). Aus diesem Grund wird die Verwendung lokalen Saat- und Pflanzguts für Pflanzungen im selben Gebiet nicht mehr empfohlen. Stattdessen sollte vorrangig auf Saat- und Pflanzgut aus Samenplantagen zurückgegriffen werden zugreifen, da dieses im Vergleich zu den dortigen Erntebeständen eine deutlich höhere genetische Vielfalt und Diversität aufweist (siehe Abbildung 1).



Abbildung 1: Zugelassene Weißtannen-Samenplantage Lehm bach (BY), gegründet mit 149 Plusbäumen auf einer Fläche von 2,8 ha (Foto: M. Luckas, AWG)

Figure 1: Approved silver fir seed orchard in Lehm bach (Bavaria), established with 149 plus trees on an area of 2.8 ha (Photo: M. Luckas, AWG)

Abbildung 2 zeigt als Beispiel die neuen HuV-Empfehlungen für das Herkunftsgebiet »24-Alpenvorland« der Rotbuche. Hier gelten die Erntebestände desselben Herkunftsgebiets als bewährte Herkünfte, da sie neben ihrer Anpassung an die gegebenen Umweltbedingungen auch nach forstgenetischen Untersuchungen eine ausreichend hohe Anpassungsfähigkeit erwarten lassen (Abbildung 3). Zusätzlich werden als klimaplastische Herkünfte Erntebestände aus den deutlich trockeneren Gebieten »18-Fränkische Alb« und dem angrenzenden »19-Bayerischer und Oberpfälzer Wald, submontane Stufe bis 800 m« empfohlen, da sie ähnliche Anpassungen zeigen und ebenfalls eine ausreichend hohe Anpassungsfähigkeit erwarten lassen. Als Herkunft für Praxisan-

bauversuche sind die Gebiete »10, 17 und 26« angeführt. Zusätzlich werden Herkünfte aus Frankreich, Tschechien, Österreich und Slowenien empfohlen, die im internationalen Buchenherkunftsversuch überdurchschnittliche Wachstumsergebnisse zeigten (ŠEHO et al. 2020) und weiterhin in Praxisanbauversuchen getestet werden sollten.

810 24 Alpenvorland			
Bisher bewährte Herkünfte			
EB des HKG 810 24			ausgewählt
Klimaplastische Herkünfte			
EB des HKG 810 18			ausgewählt
EB des HKG 810 19			ausgewählt
EB des HKG 810 25		befristet bis 31.12.2025	ausgewählt
Herkünfte > 100 Jahre alt			
Herkünfte für Praxisanbauversuche			
Deutschland	EB des HKG 810 10		ausgewählt
	EB des HKG 810 17		ausgewählt
Frankreich	EB des HKG FSY502		ausgewählt
Tschechien	EB aus Buchovice	CZ-2-2B-BK-00008-36-4-Z-G152-1	ausgewählt
		CZ-2-2B-BK-00009-36-3-Z	ausgewählt
		CZ-2-2B-BK-00010-36-3-Z-G152-1	ausgewählt
	EB aus Jablonec nad Nisou	CZ-2-2B-BK-03212-21-7-L	ausgewählt
		CZ-2-2B-BK-03198-21-6-L	ausgewählt
		CZ-2-2B-BK-03197-21-6-L	ausgewählt
		CZ-2-2B-BK-00007-11-4-P	ausgewählt
	EB aus Horní Plana	CZ-2-2B-BK-00008-13-6-V	ausgewählt
Österreich	EB Eisenerz RBu 15/4.2mm		ausgewählt
	EB Eisenerz RBu 16/4.2mm		ausgewählt
	EB Hinterstoder RBu 38/4.1mm		ausgewählt
	EB Hinterstoder RBu 39/4.1mm		ausgewählt
Slowenien	EB aus Gomila-Cezsoca	SI FAGUS SYL_10123	ausgewählt
	EB aus Gospodova hosta-Krma	SI FAGUS SYL_10147	ausgewählt
	EB aus Pristudencu	SI FAGUS SYL_60128	ausgewählt
	EB aus Gomance	SI FAGUS SYL_60135	ausgewählt

Abbildung 2: Verwendungsempfehlungen für Rotbuche für das Herkunftsgebiet 810 24 – Alpenvorland (EB = Erntebestand; HKG = Herkunftsgebiet), Auszug aus den HuV

Figure 2: Utilisation recommendations for red oak for area of provenance no. 810 24 – Alpine foothills (EB = seed crop stand; HKG = area of provenance), excerpt from the Provenance and Utilisation Recommendations (HuV)



Abbildung 3: Zugelassener Buchen-Erntebestand des HKG 24 mit eingemischten Traubeneichen bei Freising (Foto: D. Kavaliauskas)

Figure 3: Approved beech harvest stand of area of provenance no. 24 with intermixed sessile oaks, near Freising (Photo: D. Kavaliauskas)

Ausblick

Die Auswirkungen des Klimawandels stellen die Forstwirtschaft vor große Aufgaben (ŠEHO et al. 2019). Forstfachlich ist es daher zwingend notwendig bereits heute das Risiko zu streuen und neue Schwerpunkte aus dem breiten Angebot von Herkünften und Baumarten der HuV zu setzen.

Denn diese Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen (HuV) sind ein bedeutendes Instrument für die Anpassung der Wälder an sich rasch ändernde Umweltbedingungen und für die nachhaltige forstliche Nutzung. Um belastbare Empfehlungen zu gewährleisten und fortzuentwickeln, muss bestehendes Wissen durch zusätzliche Herkunfts- und Praxisanbauversuche erweitert werden.

Bereits 2019 haben JANßEN et al. Praxisanbauversuche vorgeschlagen, die Eingang in die waldbauliche Förderung in Bayern (WALDFÖPR) gefunden haben. Für zukünftige Herkunftsversuche in Deutschland wurde von LIESEBACH et al. (2021) ein Versuchskonzept entwickelt, das neun Baumarten umfasst.

Die forstgenetische Laborforschung liefert wertvolle Erkenntnisse zu Anpassbarkeit und Anpassungsfähigkeit. Insbesondere die Forschung mit adaptiven Markern verspricht verbesserte Aussagen zur Anpassungsfähigkeit an spezifische klimatische und standörtliche Bedingungen. Auch epigenetische Studien über den Zusammenhang zwischen Umweltfaktoren und Genexpressionen können zu genaueren Vorhersagen beitragen.

Zusätzlich sollten Maßnahmen zur Erhaltung wertvoller forstgenetischer Ressourcen gemäß dem Konzept zum Erhalt und zur nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Bayern (ASP 2015)

durchgeführt werden. Dieses Konzept dient nicht nur der Zusammenstellung von Erhaltungsmaßnahmen, sondern auch ihrer Umsetzung zur Sicherung der vielfältigen Funktionen unserer Wälder für kommende Generationen. Die genetische Vielfalt der Erbanlagen bildet die grundlegende Ebene der Biodiversität und ist die Basis für die Anpassungsfähigkeit von Waldpopulationen, die entscheidend für deren Stabilität und Produktivität ist. Das oberste Ziel ist der langfristige Erhalt genetischer Informationen über viele Waldgenerationen hinweg. Die Bewertung der Erhaltungswürdigkeit und -dringlichkeit bildet den ersten Schritt zur Ausweisung von Erhaltungsbeständen.

Um die nachhaltige und sichere Produktion hochwertigen Vermehrungsguts zu fördern, müssen in Bayern vermehrt Erntebestände und Samenplantagen von heimischen Haupt- und Nebenbaumarten, seltenen heimischen Baumarten sowie alternativen Herkünften und Baumarten angelegt werden. Es ist geplant, die Zahl der Samenplantagen bis 2030 deutlich zu erhöhen. Zudem trägt die Verwendung von genetisch überprüfbarem Vermehrungsgut zur Sicherheit der Herkunft bei. Dabei sollen v.a. klimatolerante seltene heimische Mischbaumarten und alternative Baumarten angebaut werden. Saat- und Pflanzgut von Baumarten, die dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) unterliegen, muss entsprechend den gesetzlichen Vorschriften geerntet, vertrieben und vom AWG überwacht werden.

Für Baumarten wie Elsbeere, Feldahorn oder Flatterulme, die nicht dem FoVG unterliegen, empfiehlt das AWG ein Vorgehen analog zum FoVG, indem nur herkunftsgesichertes Saat- und Pflanzgut verwendet wird. Das bayerische Erntezulassungsregister listet bereits Erntebestände von allen seltenen heimischen Baumarten auf, die genetisch und phänotypisch vom AWG bewertet wurden und in den HuV empfohlen wurden.

Die neuen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen bieten erheblich erweiterte Möglichkeiten im Vergleich zu bisherigen Richtlinien. Sie berücksichtigen unterschiedliche Bedürfnisse und legen zugleich einen stärkeren Fokus auf die Eigenverantwortung der Waldbesitzer, ihr Sicherheitsbedürfnis bzw. ihre Risikobereitschaft. Durch die Erweiterung der HuV werden für jedes Herkunftsgebiet so viele Herkünfte empfohlen, dass bei Saatgutknappheit in einzelnen Herkunftsgebieten auf andere ausgewichen werden kann. Dadurch wird gleichzeitig die genetische Vielfalt in der Region gefördert. Die Beratung der ÄELF und der forstlichen Selbsthilfeeinrichtungen sollten dies bezüglich der drei Empfehlungsstufen „bewährte heimische Herkünfte“, „klimaplastische Herkünfte“ und „Herkünfte für Praxisanbauversuche“ entsprechend herausstellen. Wer ausprobieren will, dem bieten sich mit den neuen HuV attraktive Möglichkeiten.

Die Baumschulbranche wird nicht alle neu gelisteten Herkünfte sofort anbieten können, sondern benötigt Zeit, um diese herkunftsgesichert anzuziehen und ihr Sortiment entsprechend zu erweitern. Dies gilt v.a. für schwer verfügbare ausländische Herkünfte von „Praxisanbauversuchen“. Jedoch stammen die empfohlenen „klimaplastischen Herkünfte“ bei den meisten Baumarten überwiegend aus Deutschland. Aber durch gezielte Nachfrage der Waldbesitzer nach alternativen Herkünften und Baumarten, durch Lohnanzucht und größere Sammelbestellungen wird sich der Markt bewegen und schrittweise an die Notwendigkeiten des Klimawandels anpassen.

Literatur

- BAYERISCHE LANDESANSTALT FÜR WALD UND FORSTWIRTSCHAFT (LWF) (2019): Praxishilfe: Klima - Boden – Baumartenwahl. 109 S.
- BAYERISCHE LANDESANSTALT FÜR WALD UND FORSTWIRTSCHAFT (LWF) (2020): Praxishilfe, Band 2: Klima - Boden - Baumartenwahl. 124 S.
- BAYERISCHES AMT FÜR FORSTLICHE SAAT UND PFLANZENZUCHT (ASP) (2015): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Bayern. Kurzversion S. 23.
- BAYERISCHES AMT FÜR WALDGENETIK (AWG) (2023): Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen für forstliches Vermehrungsgut in Bayern (HuV). Hrsg. StMELF München; Stand: 1.7.2024; <https://www.awg.bayern.de/319397/index.php>
- BAYERISCHES STAATSMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN (StMELF) (2016): Herkunfts-empfehlungen für forstliches Vermehrungsgut in Bayern. 168 S.
- BAYERISCHES STAATSMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN (StMELF) (2022): Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen für forstliches Vermehrungsgut in Bayern. 235 S.
- FISCHER, H.S.; MICHLER, B.; FISCHER, A. (2018): Die zukünftige pnV Bayerns: Wie man sich Vorstellungen über die Standortsituation der Zukunft erarbeiten kann. LWF aktuell 119(4): 46-49.
- HAMBERGER, J.; ŠEHO, M., WIMMER, N. (2021): Erste Blicke auf den Zukunftswald, BLW 44, S. 58-59
- JANßEN, A.; ŠEHO, M., SCHIRMER, R., HAMBERGER, J. (2023): Neue Empfehlungen für die Verwendung von Herkünften in Bayern. LWFaktuell Nr. 1/2023; S. 12-15.
- JANßEN, A.; ŠEHO, M.; SCHIRMER, R.; TRETTER, S.; PRATSCH, S. (2019): Praxisanbauversuche: Bewertung alternativer Baumarten in Bayern. AFZ/Der Wald 74, Heft 5: 24-27.
- KONNERT, M.; HUSSENDÖRFER, E. (2004): Genetische Variation der Weißtanne in Bayern. LWF-Wissen 45: 30-32.
- LIESEBACH, M.; WOLF, H.; BEEZ, J.; DEGEN, B.; ERLEY, M.; HAVERKAMP, M.; JANßEN, A.; KÄTZEL, R.; KAHLERT, K.; KLEINSCHMIT, J.; PAUL, M. VOTH, W. (2021): Identifizierung von für Deutschland relevanten Baumarten im Klimawandel und länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten - Empfehlungen der Bund-Länder-Arbeitsgruppe »Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht« zu den Arbeitsaufträgen der Waldbaureferenten. Thünen Working Paper 172, 51 S.
- ŠEHO, M.; JANßEN, A. (2019): Alternativbaumarten im Klimawandel. LWF aktuell 123, 19 – 22.
- ŠEHO, M.; JANßEN, A. (2019): Neue Schwerpunkte und Herausforderungen im Klimawandel. AFZ-DerWald 5/2019, 20-23.
- ŠEHO, M.; SOMMER, C.; KOHNLE, U. (2022): Der internationale Buchenherkunftsversuch von 1996/1998: Wachstums- und qualitätsrelevante Merkmale unter unterschiedlichen Standorts- und Klimabedingungen in Süddeutschland. Allg. Forst und J.-Ztg. 191 Jg

15 Jahre genetische Forschung zur Esche am AWG: Genetische Vielfalt, Vernetzung und Sicherung der Esche

Barbara Fussi, Hannes Seidel, Muhidin Šeho

Zusammenfassung Die Gemeine Esche (*Fraxinus excelsior* L.) ist eine wichtige heimische Baumart und spielt beim Waldumbau zu klimastabilen Mischwäldern eine bedeutende Rolle. Gegenüber wechselnden Umweltbedingungen, wie Temperaturanstieg, Trockenheit und Hitze sowie unterschiedlichen Standortsbedingungen, ist sie sehr anpassungsfähig. Gemäß der Bundeswaldinventur im Jahr 2012 bestanden 2,4 % der gesamten Waldfläche aus Eschen. Die Esche hat ein sehr wertvolles Holz, das für eine vielseitige Verwendung geeignet ist. Zudem findet man an der Esche eine hohe Vielfalt an Organismen (z.B. Insekten, Flechten und Moose).

In den letzten Jahrzehnten sind die Eschenpopulationen in Europa durch das massive Absterben von Altbäumen aufgrund des Eschentriebsterbens stark gefährdet. Für die Erhaltung der Esche in natürlichen Beständen ist deren Vernetzung durch Genfluss entscheidend. Dafür müssen die vitalen Eschen unbedingt in den Beständen geschützt und erhalten werden. Ein Abstand von max. 200 Metern zwischen vitalen Eschen sollte nach Möglichkeit nicht überschritten werden. Eine zahlreich aufkommende Naturverjüngung in den Eschenbeständen ist eine wichtige Grundlage und bietet eine breite Basis für die Selektion von widerstandsfähigen Eschen.

Als Erhaltungsmaßnahme außerhalb der natürlichen Vorkommen (*Ex situ*) wurden bereits zahlreiche widerstandsfähige Eschen in Klonsammlungen gesichert. Gemessen an der Bedeutung der Esche kann dies nur ein erster Schritt sein und es müssen weitere Anstrengungen unternommen werden, um möglichst viele widerstandsfähige Eschen zu erhalten. Das übergeordnete Ziel ist es, Samenplantagen mit vielversprechenden Eschen aufzubauen und widerstandsfähiges Vermehrungsgut in natürliche Populationen wieder auszubringen. Zusätzlich sollten Mutterquartiere mit weniger anfälligen Eschen angelegt werden, um möglichst zeitnah weniger anfällige Stecklinge an die Praxis abgeben zu können.

Ein weiterer wichtiger Baustein ist in diesem Zusammenhang das regelmäßige Langzeitmonitoring des Gesundheitszustandes der bisher angelegten Flächen. Die erhobenen Daten liefern die Grundlage für die weitere Bewertung der Samenplantagen und deren Eignung für die Saatgutproduktion sowie die Verwendung des daraus produzierten Pflanzmaterials für künstliche Verjüngungsmaßnahmen. Ferner spielen die Monitoringdaten eine entscheidende Rolle bei der Entwicklung von Resistenzmarkern, die auf einen zweifelsfrei bestimmten Phänotyp zurückgreifen.

Schlüsselwörter Eschentriebsterben, Selektion von widerstandsfähigen Eschen, Sicherung forstlicher Genressourcen einer bedrohten Baumart, Wiedereinbringung weniger anfälliger Eschen in natürliche Populationen, Langzeitmonitoring

Abstract The common ash (*Fraxinus excelsior* L.) is an important native tree species in Europe and plays an important role in forest conversion to climate-resilient mixed forests. It is highly adaptable to changing environmental conditions such as rising temperatures, drought and heat, as well as different soil conditions. According to the Federal Forest Inventory of 2012, 2.4 % of the total forest area at that time consisted of ash trees. Ash offers very valuable timber that is suitable for a wide range of uses. Ash is also home to a great diversity of different organisms (e. g. insects, lichens and mosses).

In recent decades, ash populations in Europe have been severely threatened by ash dieback, which has led to the mass dying of old trees. To preserve ash in natural populations, connectivity through gene flow is crucial. It is therefore essential to protect and preserve the vigorous ash trees in the stands. If possible, the maximum distance between vital ash trees should not be more than 200 metres. Abundant natural regeneration in the ash stands provides an important basis, allowing for the selection of resistant ash trees.

As a conservation measure outside natural populations (*ex situ*), numerous resistant ash trees have already been secured in clone collections. Considering the importance of ash trees, this can only be a first step, and further efforts must be made to preserve as many resistant ash trees as possible. The overall aim is to establish seed orchards with promising ash trees and to reintroduce resistant propagation material into natural populations. In addition, clone reserves from less susceptible ash trees should be established, so that forest stakeholders can be supplied with less susceptible cuttings as soon as possible.

Another important element in this context is the regular long-term monitoring of the health status of the areas established to date. The data collected provides the basis for further evaluation of the seed orchards and thus their suitability for seed production and reintroduction. Monitoring also plays a decisive role in the development of resistance markers based on an unequivocally determined phenotype.

Keywords: ash dieback, selection of resistant ash trees, conservation of forest genetic resources of an endangered tree species, reintroduction of less susceptible ash trees into natural populations, long-term monitoring

Einleitung

Die Gemeine Esche (*Fraxinus excelsior* L.) ist ein wichtiger Bestandteil von Waldökosystemen in Europa und kommt in einem breiten Spektrum von Wachstumsbedingungen in Mischung mit anderen Baumarten vor. Sie kann eine breite Palette an Standorten besiedeln, von nährstoffreichen Auenwäldern bis hin zu kalkhaltigen, trockeneren Standorten (PAUTASSO et al. 2013, KÖLLING und WALENTOWSKI 2002). Daher wurde die Esche bisher als eine vielversprechende Ersatzbaumart im Klimawandel angesehen. In Europa besiedelt die Esche ein bis zwei Prozent der Waldfläche, mit regional höheren Dichten (ENDERLE et al. 2019). In Deutschland sind 439 Saatgutbestände auf einer Fläche von 1.234,70 ha ausgewählt, und sieben Samenplantagen zugelassen, was die hohe Relevanz der Baumart belegt (BLE 2023). In Bayern sind 155 Saatguterntebestände registriert. Saatgut wurde regelmäßig geerntet, bis zum schweren Krankheitsausbruch des Eschentriebsterbens, der nun den Fortbestand dieser wirtschaftlich und ökologisch wertvollen Baumart bedroht (ENDERLE et al. 2017). Als ökologische Schlüsselart in Auenwäldern würde der Verlust der Esche für assoziierte Arten den Verlust von Lebensraum und möglicherweise das Aussterben bedeuten (PAUTASSO et al. 2013). Die Esche beherbergt ein breites Spektrum an Taxa. Im Vereinigten Königreich sind schätzungsweise 953 Arten mit der Gemeinen Esche assoziiert. Vor allem die 69 stark assoziierten Arten könnten schnell aussterben, wenn die Eschenpopulationen zurückgehen (MITCHELL et al. 2014).

In den letzten Jahrzehnten sind die Eschenpopulationen in Europa vom Pilz *Hymenoscyphus fraxineus* (T. Kowalski) Baral, Queloz, Hosoya bedroht (BARAL et al. 2014). Die Krankheit hat bereits zu massiver Mortalität sowie zu Fällungen geführt und gefährdet die zukünftige Nutzung der Esche in der europäischen Forstwirtschaft (ENDERLE et al. 2017). Eine umfassende europaweite Untersuchung (Daten aus ICP Forests Level I) ergab eine erhebliche Zunahme von Kronenverlichtung und Mortalität im Laufe der Zeit. GEORGE et al. (2022) stellten nahezu eine Verdopplung der Kronenverlichtung in den letzten drei Jahrzehnten fest und prognostizieren eine durchschnittliche Kronenverlichtung von 50 % bis 2023. Allerdings wurde bei einem kleinen Teil der Eschen eine genetisch bedingte, geringere Anfälligkeit gegenüber dem Eschentriebsterben festgestellt (MCKINNEY et al. 2014). Ein vitaler Plusbaum ist in Abbildung 1 dargestellt. Dies ist möglicherweise die Lösung für den Erhalt der Esche in europäischen Wäldern (z. B. MCKINNEY et al. 2014, RIGLING et al. 2016; ENDERLE 2019). Die deutschlandweite Dringlichkeit zur Erhaltung der Baumart Esche und der Bedarf der Koordinierung der Forschungsaktivitäten wurde bereits 2017 in einem Workshop erarbeitet (FUSSI et al. 2017). Es wurde deutlich, dass verschiedene Faktoren (Populationsgenetik, Pollenfluss und Habitat-Vernetzung, Resistenzforschung, Erhaltung und Wiedereinbringung usw.) genauer betrachtet werden müssen, um den Erhalt und die nachhaltige Nutzung forstgenetischer Ressourcen der bedrohten Baumart Esche genau zu planen.



Abbildung 1: Weniger anfälliger Eschenplusbaum, abgepfropft für die neu angelegte Samenplantage
(Foto: H. Seidel)

*Figure 1: Less susceptible ash plus tree, grafted for the newly established seed orchard
(Photo: H. Seidel)*

Genetische Vielfalt der Esche und Einfluss des Eschentriebsterbens

Eine im Rahmen des bayerischen Projekts KLIP1 (2009-2013) durchgeführte Studie ergab eine hohe genetische Variation innerhalb der Bestände (FUSSI und KONNERT 2014) und bestätigte damit Ergebnisse von bisherigen Studien (z. B. Italien, FERRAZZINI et al. 2007; Deutschland HÖLTKE et al. 2003, HEUERTZ et al. 2004a, 2004b, HEBEL et al. 2006; Österreich, HEINZE und FUSSI 2017). Dabei wurde in Mittel- und Westeuropa bisher generell eine höhere genetische Variation festgestellt als in Südosteuropa (HEUERTZ et al. 2004a). Im Gegensatz dazu war die genetische Differenzierung bei Populationen in Südosteuropa höher als in Mitteleuropa (HEUERTZ et al. 2004a). In Österreich war der Grad der genetischen Differenzierung mit Ausnahme von zwei Beständen in den Alpen gering (Heinze und Fussi 2017), jedoch höher als in Deutschland (HEBEL et al. 2006b, FUSSI und KONNERT 2014). Unterschiede in der Intensität des Genflusses während der postglazialen Rekolonisation dürften diese Muster erklären (HEUERTZ et al. 2004a). Anhand von Chloroplasten-Haplotypen wurden in Europa großräumige Strukturen identifiziert (HEUERTZ et al. 2004b). Dabei wurde ein

dominanter Haplotyp für Mitteleuropa und höhere Chloroplasten-Variation mit vier Haplotypen in Süddeutschland festgestellt (HEUERTZ et al. 2004b). In Populationen aus Südostbayern (FUSSI und KONNERT 2014) wurde ebenfalls eine höhere Chloroplasten-Variation festgestellt, was auf einen historischen Kontakt von Rückwanderungslinien aus verschiedenen Refugien in Italien, den Ostalpen und der Balkanhalbinsel zurückzuführen ist (HEUERTZ et al. 2004b).

Von den von 2009 bis 2014 beobachteten bayerischen Beständen zeigten die meisten bereits Symptome des Eschensterbens, wenn auch in unterschiedlicher Intensität. Dennoch scheint eine Resistenz auf Populationsebene eher unwahrscheinlich. Wahrscheinlicher ist, dass *H. fraxineus* noch nicht in symptomlosen Populationen angekommen war. Um den Einfluss des ETS auf die genetische Vielfalt zu studieren, untersuchten FUSSI und KONNERT (2014) die genetische Variation zwischen geschädigten und ungeschädigten Kollektiven verschiedener Bestände und Herkünfte. Dabei wurde festgestellt, dass beim Großteil der Populationen die Anteile heterozygoter Individuen (beobachtete Heterozygotie) bei der Gruppe der weniger anfälligen Individuen höher waren im Vergleich zu den anfälligen (Abbildung 2). Dies deutet auf eine höhere Widerstandsfähigkeit der heterozygoten Individuen hin. Heterozygote Individuen zeigen eine höhere Variabilität auf individueller Ebene und könnten daher eine höhere Plastizität und Reaktionsfähigkeit gegenüber der Krankheit haben. Bereits NAMKOONG et al. (1998) und TESSIER DU CROS et al. (1999) vermuteten, dass heterozygote Individuen resistenter gegen Umweltstress sein könnten.

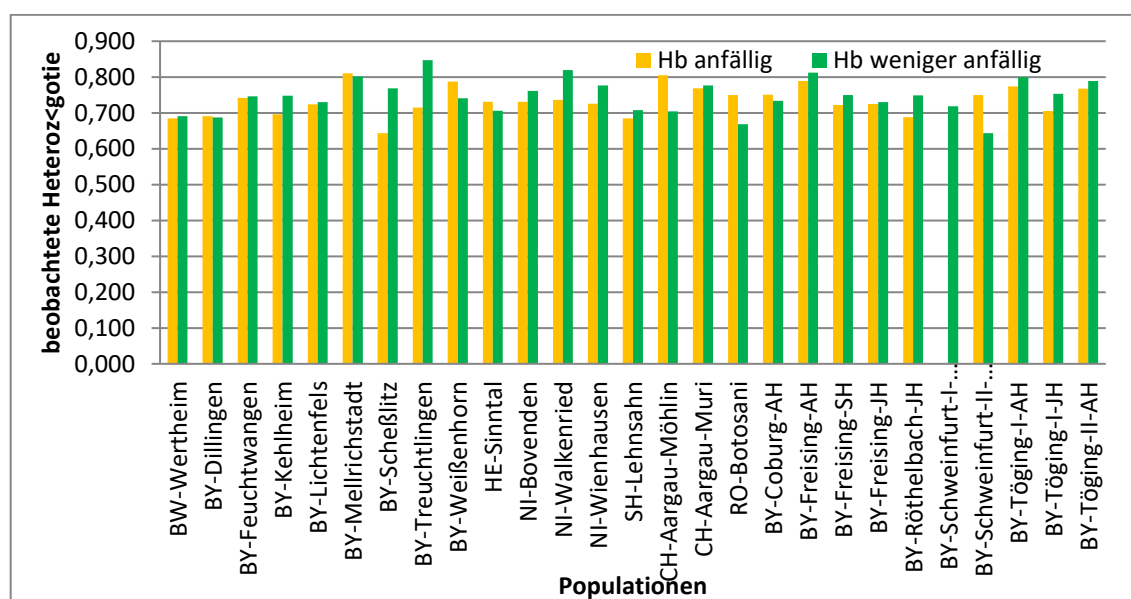


Abbildung 2: Beobachtete Heterozygotie (Hb) für die Kollektive „nicht vital“ und „vital“ je Population. Zu Beginn des Ausbruchs traten in der Population „Schweinfurt I“ keine kranken Bäume auf.

Figure 2: Observed heterozygosity (Hb) for the „non-vital“ and „vital“ collectives per population. At the beginning of the outbreak, there were no diseased trees in the „Schweinfurt I“ population.

Von einem 1988 angelegten Herkunftsversuch „Marxheim“ mit 642 Individuen wurden im Jahr 2011 alle Individuen beprobt und genetisch analysiert (FUSSI und KONNERT 2014). Der Herkunftsversuch besteht aus 17 Herkünften, davon stammen 14 aus Deutschland, zwei aus der Schweiz und eine aus Rumänien (KLEINSCHMIT et al. 2002). Die Vitalität wurde ab 2011 regelmäßig bonitiert (ca. alle

2 Jahre). So konnte der Verlauf der genetischen Variation je Herkunft und Vitalitätsklasse verfolgt werden. Zu Beginn der Beobachtungen konnten in allen Herkünften weniger anfällige Bäume beobachtet werden (Stufen 0+1, Abbildung 3). Im Jahr 2021 hatten noch 12 von den 17 Herkünften insgesamt 34 (ca. 5 %) weniger anfällige Bäume. Das verdeutlicht, dass nur wenige Bäume je Population weniger anfällig sind und die Basis für die Selektion widerstandsfähiger Individuen umso größer sein muss. Die genetische Vielfalt im Kollektiv der weniger anfälligen Bäume (Stufen 0+1) nahm zu Beginn noch weniger, aber im Jahr 2021 drastisch ab (Abbildung 4). Gesunde und weniger geschädigte Bäume wiesen im Jahr 2021 einen Rückgang der genetischen Vielfalt (Na, mittlere Anzahl der effektiven Allele) um knapp die Hälfte von 33 auf 16 auf. Dies verdeutlicht einen drastischen Rückgang der genetischen Vielfalt mit dem Rückgang der Baumzahl (weniger anfällige Bäume).

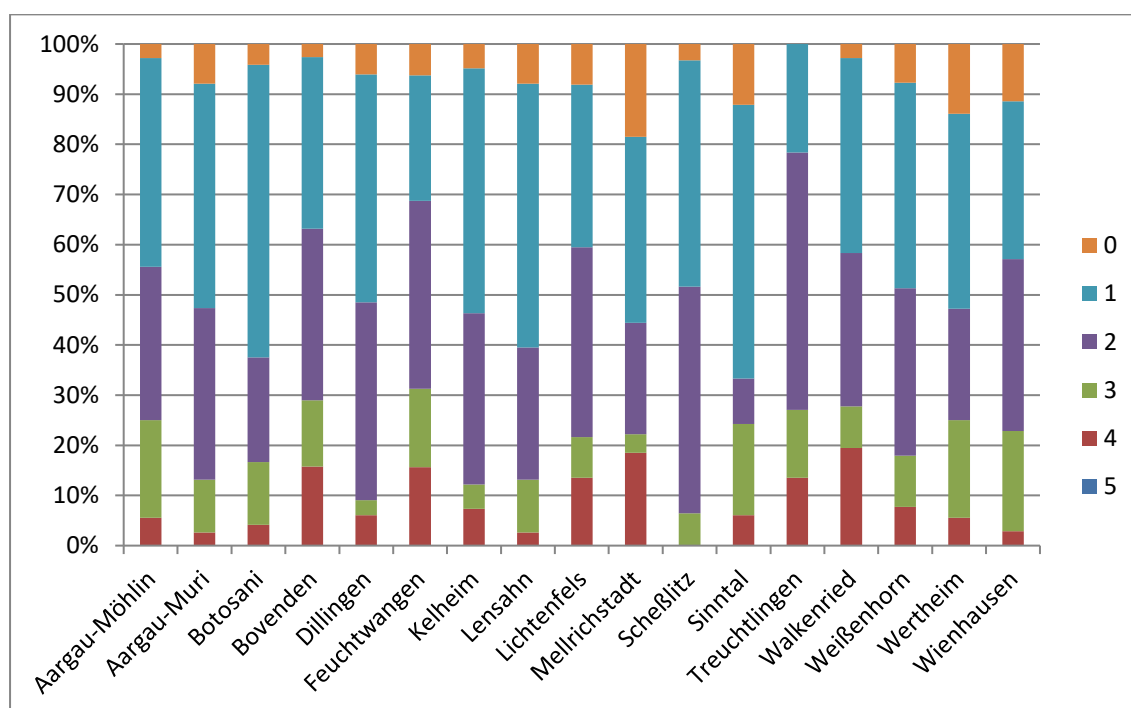


Abbildung 3: Vitalität je Herkunft im Herkunftsversuch „Marxheim“ im Jahr 2011. Stufen: 0-nicht geschädigt bis 5-tot

Figure 3: Vitality per provenance in the “Marxheim” provenance trial in 2011. Levels: 0-not damaged to 5-dead

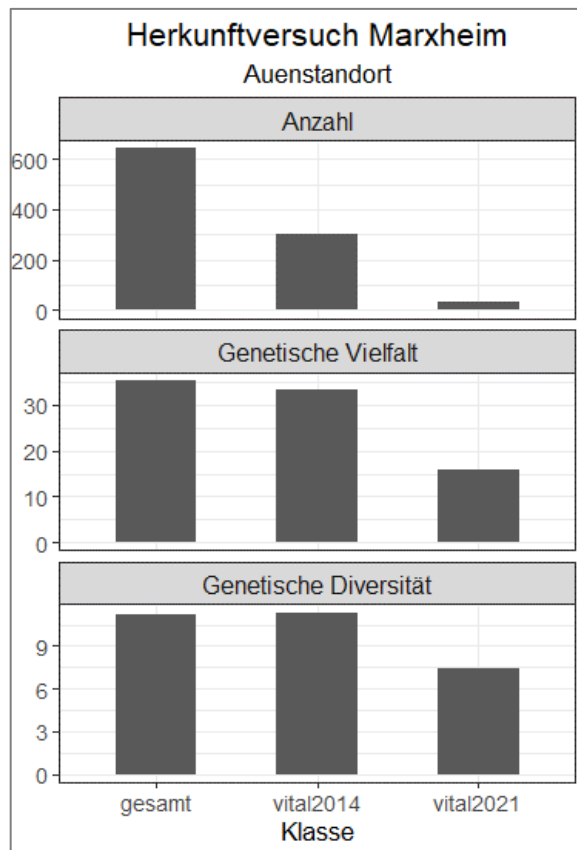


Abbildung 4: Bewertung der genetischen Variation im Eschen-Herkunftsversuch „Marxheim“

Figure 4: Evaluation of genetic variation in the “Marxheim” ash provenance trial

Pollenfluss und Habitat-Vernetzung

Die Fragmentierung von Lebensräumen kann die genetische Konnektivität von Pflanzenpopulationen verringern. Deshalb müssen die Ausbreitungsmuster von Pollen und Samen untersucht werden, um die Folgen der verringerten Lebensraumgröße und der räumlichen Isolation von Populationen zu verstehen und zu verhindern (SORK und SMOUSE 2006). Gerade bei der Esche besteht im Hinblick auf die massiven Absterbeerscheinungen durch das Eschentriebsterben die Gefahr einer unzureichenden genetischen Vernetzung.

Pollen und Samen von *F. excelsior* werden durch den Wind verbreitet. SEMIZER-CUMING et al. (2017) stellten maximale Distanzen des Samentransports von unter 100 m fest. Pollen hingegen ist mobiler. Pollenflugstudien mit Pollenfallen in zwei süddeutschen Samenplantagen ergaben, dass 50 % der Pollen innerhalb von 200 m gefunden, aber mehr als 10 % der Pollen noch in 500 m Entfernung erfasst werden (EISEN et al. 2022). In einer Studie, die ein größeres Untersuchungsgebiet umfasste, konnte 10 % des Pollens sogar weiter als 1.400 m und immerhin noch 1 % des Pollens mehr als 4.400 m verbreitet werden (SEMIZER-CUMING et al. 2017). HEUERTZ et al. (2004a) rekonstruieren aus ihren Daten eine wirksame Ausbreitung von Samen hauptsächlich über kurze Entfernungen, während die Ausbreitung von Pollen auch über längere Entfernungen erfolgt. Die effektiven Ausbreitungsdistanzen der Pollen (durchschnittlich 328 m) waren bei fragmentierten

Populationen größer als bei zusammenhängenden (BACLES et al. 2005). Aber auch im dichten Baumbestand eines Auwaldes in Bayern wurden größere Pollentransportdistanzen gefunden (mehr als 550 m). Dies deutet auf ein Bestäubungspotenzial durch nichtlokale Quellen hin und konnte in einer Samenplantage bestätigt werden, in der ein Großteil des Polleneintrags (66,5 %) von außerhalb kam (EISEN et al. 2023). Landschaftsstruktur und Windgeschwindigkeit haben dabei einen bedeutenden Einfluss, wobei die Samenausbreitung stärker von der Windgeschwindigkeit beeinflusst wird, als die Pollenausbreitung (SEMIZER-CUMING et al. 2017).

Praktische Empfehlungen zur Anlage und Beerntung einer Eschensamenplantage können aus unseren Studien abgeleitet werden. Bei gleichmäßig großen Abständen zwischen den Bäumen kommt es zu einer guten Durchmischung der Pollenwolke und führt dazu, dass weibliche Bäume im Inneren der Samenplantage weniger von Fremdpollen beeinflusst werden als Randbäume (EISEN et al. 2023). Daher sollten Samen vorzugsweise von Bäumen in der Mitte der Plantage geerntet werden, bei denen die Wahrscheinlichkeit höher ist, dass beide Eltern von Plusbäumen innerhalb der Samenplantage stammen. Wir empfehlen, die Samen vorzugsweise in Mastjahren zu ernten, da bei einer starken Blüte die Bestäubung zwischen den Plusbäumen in der Samenplantage intensiviert wird und der Ertrag höher ist (EISEN et al. 2023). Zusätzlich kann durch eine gute Isolierung der Plantage z.B. durch Nadelbaumbestände der Fremdeintrag von Pollen minimiert werden. Die Beteiligung der Elternbäume bei der Saatgutproduktion sollte in Samenplantagen detaillierter untersucht werden.

Vaterschaftsanalysen zeigen, dass eine effektive Bestäubung der Esche (*F. excelsior* L.) in einer Samenplantage und einem vom Eschentriebsterben betroffenen Auenwald eher durch gesündere männliche Bäume ermöglicht wird. Dadurch kann sich die natürliche Auslese positiv auf die Gesundheit der künftigen Generationen auswirken (EISEN et al. 2023).

Selbstbestäubung wurde nur in sehr geringem Umfang festgestellt, so dass sie keinen großen Einfluss auf die Reproduktion hatte (EISEN et al. 2023). Eschen mit geringer Anfälligkeit für das Eschentriebsterben haben im Vergleich zu stark anfälligen Bäumen eine höhere Reproduktionsfitness, die bei männlichen Bäumen (EISEN et al. 2023) und noch deutlicher bei weiblichen Bäumen festgestellt wurde (SEMIZER-CUMING et al. 2019). Von schwer erkrankten Eschen werden deutlich weniger Blüten und damit insgesamt weniger Pollenmenge produziert als von weniger anfälligen (EISEN et al. 2024) und damit sind gesunde Eschen als Samen- und Polleneltern für die nächste Generation von Sämlingen überrepräsentiert (SEMIZER-CUMING et al. 2021). Um die Fortpflanzung gesunder Eschen zu gewährleisten, sollte der Abstand zwischen einzelnen Eschen (max. 200 m) oder Beständen (2 bis 4 km) nicht zu groß sein, und Hindernisse wie große Nadelbaumbestände sollten abgebaut werden.

Der weiträumige Pollentransport trägt zur Vernetzung der Eschen in der Landschaft bei. Darüber hinaus ist der Genfluss zwischen Trittsteinpopulationen notwendig, um die genetische Vielfalt der Eschenpopulationen auch in Zukunft zu gewährleisten. Eine aktive Entnahme von gesunden Eschen führt zu einem Rückgang der Populationen und des effektiven Genflusses zwischen den

verbleibenden und möglicherweise resistenteren Bäumen. Die Entfernung widerstandsfähiger Bäume und die Beseitigung der natürlichen Verjüngung könnten jedoch die fortschreitende Fragmentierung der Eschenpopulationen verstärken und schließlich zum Aussterben der Art führen.

Resistenzforschung und Abwehrreaktion

Die Resistenz kann von nur wenigen Genen kontrolliert werden, häufiger ist sie jedoch quantitativ (verschiedene Gene, jedes mit einem kleinen Effekt) (WHITE et al. 2007). Niedrigfrequente Allele, die ungleichmäßig über das gesamte Verbreitungsgebiet der Art verteilt sind, stellen eine große Herausforderung für Erhaltungsüberlegungen dar (WHITE et al. 2007). Aus diesem Grund werden einerseits resistente Genotypen im Feld mit künstlichen Inokulationen oder starkem Krankheitsdruck getestet und gemeinsam in Samenplantagen oder künstlichen Populationen (Klonarchiven, *Ex-situ* Erhaltungsbeständen) angepflanzt. Andererseits sollten langfristig resistente Genotypen in natürlichen Populationen unter geeigneten Standorts- und Umweltbedingungen (*in-situ*) erhalten und ihre Vermehrung und natürliche Regeneration gefördert werden, um auch eine breite Selektionsbasis für Merkmale über das Eschentriebsterben hinaus zu bieten. Das übergeordnete Ziel ist es, mehrere Formen der Resistenz und eine hohe genetische Vielfalt zu erhalten, um der Krankheit langfristig zu widerstehen (JUMP et al. 2009).

Gleichzeitig wird europaweit intensiv an Resistenzmarkern geforscht. Wir nutzen einen SNP-Array (4Tree Array), der mehrere Tausend Einzelnukleotid-Marker (SNPs) trägt, die teilweise mit dem Eschentriebsterben assoziiert sind (GUILBAUD et al. 2020). Mit diesen genomischen Daten kann ein genomisches Vorhersagemodel berechnet werden. Es deckt genomische Muster auf und kann die Anfälligkeit gegenüber dem Eschentriebsterben vorhersagen (STOCKS et al. 2019). Somit werden nicht im eigentlichen Sinne bekannte Resistenzmarker validiert, sondern der SNP-Array auf seine Eignung als Selektionswerkzeug getestet. Für die Analyse wurden 97 Baumpaare, die jeweils aus einem gesunden Plusbaum und einem erkrankten Nachbarbaum bestehen, ausgewählt (Abbildung 5). Zusätzlich wurden Individuen aus einer Nachkommenschaftsprüfung verwendet, deren Phänotypen seit 2015 beobachtet werden. Genotypen von Intensivbeobachtungsflächen (IBF) können genutzt werden, um die genomische Modellierung zu erweitern und zu überprüfen. Die untersuchten Individuen decken deutschlandweit einen großen geografischen Gradienten (Nord-Süd) ab (ABBILDUNG 5), wodurch die Anwendbarkeit der Methode auf verschiedenste Populationen beurteilt werden kann. Diese Methode soll Selektionsprogramme hinsichtlich der Auswahl von resistantem und genetisch variablem Vermehrungsgut unterstützen. Hierzu dient der Zuchtwert der getesteten Individuen, der sich mit dem genomischen Modell vorhersagen lässt (genetisch abgeschätzter Zuchtwert) ohne die Phänotypen bestimmen zu müssen.

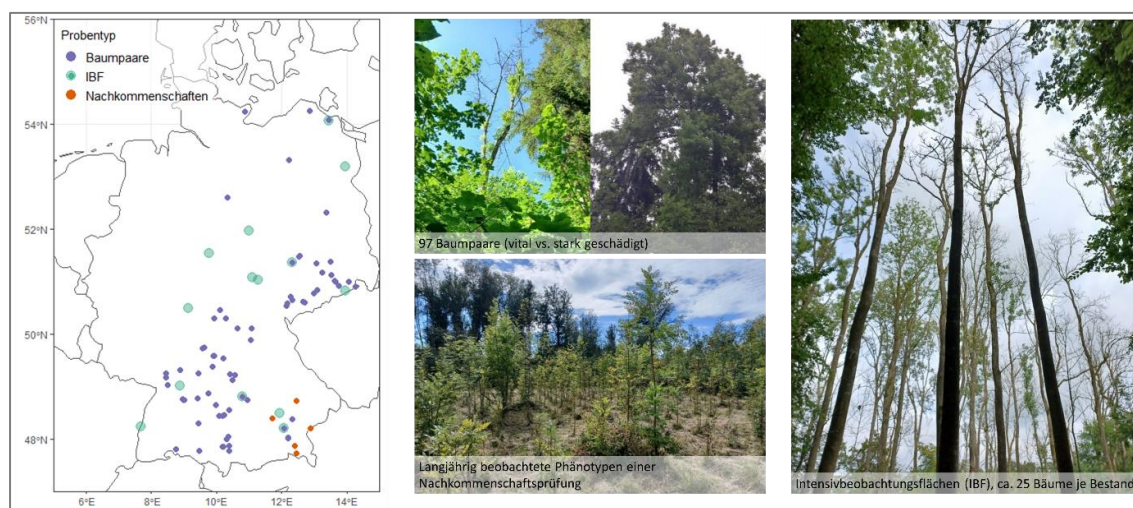


Abbildung 5: Herkunft der beprobten Individuen und Darstellung der verwendeten Probentypen.

Figure 5: *Origin of the sampled specimens and presentation of the sample types used.*

Die erste europaweite Studie lieferte Einblicke in eine vielschichtige Abwehrreaktion gegenüber dem Eschentriebsterben (DOONAN et al. 2023). Dabei konnten, unter Einbeziehung von bayerischen Eschenklonen, die bereits seit 2015 und 2016 beobachtet wurden (sh. SEIDEL et al. 2024 diese Ausgabe), Zusammenhänge zwischen genetischen Mustern und der Anfälligkeit der Esche gefunden werden. Die Reaktion der Esche auf den Pilz besteht demnach aus direkten Abwehrmechanismen und einer phänologischen Vermeidung der Ausbreitung des Krankheitserregers im Eschengewebe. Mehr als 9.000 Genmarker wurden dabei mit dem Merkmal „Kronenschäden“ assoziiert. Diese Resistenzmarker werden in weiterer Folge für die Identifizierung von weniger anfälligen Eschen verwendet.

Erhaltung und Wiedereinbringung

Die Gemeine Esche verjüngt sich in der Regel sehr erfolgreich und kann an geeigneten Standorten sehr wettbewerbsfähig sein. Dies sollte bei der *In-situ*-Erhaltung berücksichtigt werden, wenn waldbauliche Bewirtschaftungsoptionen entwickelt werden, die darauf abzielen, die Widerstandsfähigkeit gegen das Eschentriebsterben in künftigen Eschenpopulationen zu erhöhen. Die Naturverjüngung sollte aktiv eingeleitet werden, indem durch Auffichtung des Altbestandes 1-2 Verjüngungsinselfen je Hektar geschaffen werden (STEINHART et al. 2023). Sobald es genügend Eschen-Naturverjüngung gibt, sind in den nächsten 10-15 Jahren keine weiteren Bewirtschaftungsmaßnahmen erforderlich. Regelmäßige Durchforstungen in älteren Beständen werden nach wie vor dringend empfohlen, ebenso wie die Förderung von Mischbaumarten und gesund aussehenden Eschenindividuen (ENDERLE et al. 2019). Bei der Auswahl von Eschen für die Durchforstung sind die Vitalität des einzelnen Baumes, die Kronenverlichtung und die epikormischen Triebe als Maß für die individuelle Widerstandskraft die wichtigsten Kriterien. Waldbesitzer neigen dazu, stark befallene Bestände komplett zu roden, weil sie nach Eschen gänzlich ohne Krankheitssymptome suchen. Solche Bäume gibt es aber eher nur noch sehr selten. Daher sollten auch weniger befallene Exemplare ins Visier genommen und dringend erhalten werden, denn für die Erhaltung der Esche ist es

unerlässlich, dass sich diese Bäume fortpflanzen können (FUSSI et al. 2020, EISEN et al. 2022). Andernfalls kommt es zu einer starken Fragmentierung der Eschenpopulationen, was mit einem drastischen Verlust an genetischer Vielfalt verbunden ist.

Die Nichtbeteiligung der anfälligsten Genotypen beim Generationswechsel ist eine gute Nachricht für die potenzielle Erholung der Eschenwälder. Die Selektion und das Aufkommen krankheitsresistenter Eschen wird dadurch erleichtert, und gibt zusammen mit dem nötigen Genfluss über größere Entfernungen Hoffnung für die Zukunft der Art in den europäischen Wäldern (SEMIZER-CUMING et al. 2019, 2021, EISEN et al. 2022, 2023).

Als Ex-situ-Maßnahme wurden in Deutschland augenscheinlich widerstandsfähige Plusbäume ausgewählt, veredelt und bereits als Klonsammlungen an mehreren Standorten gepflanzt. Im FraxGen-Projekt wurden insgesamt rund 600 Plusbäume (94 in Bayern) vermehrt. Gemessen an der Gesamtfläche der Esche in Deutschland kann dies nur ein erster Schritt sein und es müssen weitere Anstrengungen von verschiedenen Akteuren (Forstwirtschaft, Naturschutz uvm.) unternommen werden, um möglichst viele widerstandsfähige Eschen zu sichern. Das übergeordnete Ziel ist es, Samenplantagen mit vielversprechenden Eschen aufzubauen, um Saatgut widerstandsfähiger Eschen in natürliche Populationen einzubringen. Zusätzlich sollten Mutterquartiere mit weniger anfälligen Eschen angelegt werden, um möglichst zeitnah weniger anfällige Stecklinge an die Praxis abgeben zu können.

Ein weiterer wichtiger Baustein ist in diesem Zusammenhang die weitere Langzeitbeobachtung der etablierten Flächen hinsichtlich des Eschentriebsterbens. Das regelmäßige Monitoring des Gesundheitszustandes der Langzeitbeobachtungsflächen, Samenplantagen und natürlichen Bestände leistet einen wichtigen Beitrag zur Sicherung der Baumart Esche. Die erhobenen Daten liefern die Grundlage für die weitere Bewertung der Samenplantagen und damit für die Saatgutproduktion und Wiedereinbringung. Zudem ist das Monitoring ein entscheidender Faktor für die Entwicklung von Resistenzmarkern, die auf einen zweifelsfrei bestimmten Phänotyp zurückgreifen.

Ausblick

Im Projekt FraxVir wird derzeit der Einfluss von Viren auf die Gesundheit von Eschen untersucht. Erste Ergebnisse zeigen neuartige Viren in Eschenblättern (REHANEK et al. 2024). Die Untersuchungen von Vitalitätsparametern anhand von Fernerkundungsmethoden und physiologischen Messungen sollen helfen, eine Infektion der Eschen in einem frühen Stadium zu erkennen und den Gesundheitszustand zu charakterisieren. Die Auswertung multisensorischer Bilder über fest installierte Kamerasysteme und Drohnenbefliegungen ermöglicht eine umfassende Beurteilung der Vitalität von einzelnen Blattabschnitten bis hin zu ganzen Beständen. Kamerabasierte Indizes werden mit Feldmessungen (u.a. Chlorophyll, Chlorophyll-Fluoreszenz und Blattmorphologie) korreliert und zur Entwicklung von Modellen zur Krankheitsdiagnose verwendet (BUCHNER et al. 2024). Studien zum ETS in der Laubstreu und in den oberen Bodenschichten ergaben, dass z.B. auf einer Versuchsfläche in Grabenstätt am Chiemsee der Pilz *H. fraxineus* im Boden zu allen Jahreszeiten

vorhanden ist, was auf einen konstanten Krankheitsdruck hinweist (BÖHM et al. 2024). Zur Suche nach potenziellen Virenabwehrgenen wurden in einem ersten Schritt in Modellarten annotierte Virusresistenzgene im Genom der Esche gesucht (KÖBÖLKUTI et al. 2024). Im zweiten Schritt wurden Primer entwickelt, die diese Gene und ihre regulatorischen Elemente vervielfältigen, und im Labor an acht virusinfizierten Proben - vier symptomatischen und vier asymptomatischen - getestet. Die weitere Entwicklung von Markern auf der Grundlage dieser Sequenzen könnte für die Auswahl von Eschenindividuen mit unterschiedlicher Resistenz gegen Virusinfektionen nützlich sein und einen Weg zu einem tieferen Verständnis der Interaktion zwischen Eschensterben und Virusresistenz bieten (KÖBÖLKUTI et al. 2024).

Die ersten Untersuchungen in Richtung epigenetischer Forschung an Eschen erfolgten im Rahmen des ST-Projekts EpiFrax in Kooperation mit der Universität Göttingen (Prof. Gailing). Epigenetische Mechanismen wirken wie Schalter und aktivieren/deaktivieren die Gentranskription, indem sie die Zugänglichkeit der DNA verändern (DNA-Methylierung oder Histonmodifikation) oder durch posttranskriptionelle Regulation, z.B. durch microRNAs. Obwohl bekannt ist, dass solche Mechanismen eine Rolle bei der Interaktion zwischen Pflanzen und Krankheitserregern spielen, sind Studien an Waldbaumarten in Bezug auf biotische Stressoren noch selten. Zwei Klone mit hoher und zwei mit geringer Anfälligkeit wurden auf einer bayerischen Langzeitbeobachtungsfläche ausgewählt und durch Pfropfung vegetativ vermehrt. Vier Replikate wurden mit dem Erreger beimpft und vier mit sterilen Agar-Pfropfen (Kontrolle) in einer Klimakammer behandelt. Die Mikro-RNA wurde aus allen Proben isoliert und mittels Next-Generation-Sequencing analysiert. Das Projekt trägt durch die Erforschung von epigenetischen Mustern zum Verständnis der direkten Anpassungsfähigkeit und der phänotypischen Plastizität von Bäumen gegenüber einem Stressfaktor bei. Es führt zu einem besseren Verständnis der Reaktion und Plastizität von Eschen auf den invasiven Erreger. Die Erkenntnisse können bei der Einschätzung der Widerstandsfähigkeit der Eschen gegenüber dem Eschentriebsterben eingesetzt werden. Das grundlegende Resistenzpotenzial der Esche gegenüber dem Eschentriebsterben kann somit genauer beurteilt werden und kann in Handlungsempfehlungen zum Umgang mit dem Eschentriebsterben einfließen.

Danksagung

Unser Dank gilt Monika Konnert und Eva Cremer für die Initiierung des ersten Eschenprojekts (Klip1) am AWG. Ganz besonders möchten wir uns bei Andreas Zaiser für die Anlage, Pflege und Instandhaltung der beiden Langzeitbeobachtungsflächen am Chiemsee bedanken. Besonderer Dank gilt den vielen Kolleginnen und Kollegen, die an den jährlichen Aufnahmen der Flächen beteiligt waren. Für die Laboranalysen, die jedes unserer Projekte begleitete, gilt unser ausdrücklicher Dank den zahlreichen Kolleginnen im Labor und den Projektangestellten. Abschließend möchten wir uns bei den beiden finanziellen Unterstützern (StMELF und FNR) bedanken.

Übersicht der Eschenprojekte am AWG

Laufzeit	Projekt		Förderung
2009 – 2012	Genetische Untersuchungen an Eschen zur Klärung der Resistenz gegenüber dem Eschentriebsterben und zur Früherkennung des Befalls	KLIP 1	StMELF
2012 - 2013	Untersuchung der Vererbbarkeit der Resistenz gegenüber dem Eschentriebsterben – Bereitstellung von Vermehrungsgut	ST272	StMELF
2013 - 2016	Entwicklung von Behandlungsstrategien zur Eindämmung des Eschentriebsterbens	Z70	StMELF
2018 – 2021	Quo Vadis Pollen? Untersuchungen zur (effektiven) Pollenausbreitung und Pollen- und Samenqualität als Beitrag zur Generhaltung bei der Esche	P35	StMELF
2021 – 2023	Auswahl, Charakterisierung, Erhalt vitaler Plusbäume und deren Nachkommenschaften sowie Anwendung von Resistenzmarkern	FraxGen	FNR
2021 – 2024	Detektion, Charakterisierung und Analysen zum Auftreten von Virose und dem Eschentriebsterben in Sonderbeständen von <i>Fraxinus excelsior</i> – eine Ergänzungsstudie zum Demonstrationsprojekt FraxForFuture	FraxVir	FNR
2022 - 2023	Erfassung epigenetischer Muster zur Bewertung des Resistenzpotentials der Esche gegenüber dem Eschentriebsterben	EpiFrax	StMELF

Literatur

- ADAMS, W. T. und BURCZYK, J. (2000): Magnitude and implications of gene flow in gene conservation reserves. *Forest conservation genetics: principles and practice*, 215-244.
- BACLES, C.F.E.; ENNOS, R.A. (2008): Paternity analysis of pollen-mediated gene flow for *Fraxinus excelsior* L. in a chronically fragmented landscape. *Heredity* 101:368–380. <https://doi.org/10.1038/hdy.2008.66>
- BARAL, H. O.; QUELOZ, V.; HOSOYA, T. (2014): *Hymenoscyphus fraxineus*, the correct scientific name for the fungus causing ash dieback in Europe. *IMA fungus*, 5(1), 79-80.
- BUNDESANSTALT FÜR LANDWIRTSCHAFT UND ERNÄHRUNG (BLE) (2023): Übersicht über zugelassenes Ausgangsmaterial für forstliches Vermehrungsgut in der Bundesrepublik Deutschland. Stand: 01.07.2023
- BÖHM, J. W.; ZÜBERT C.; KAHLENBERG, G.; JOCHNER-OETTE, S.; KUBE, M. (2024): Load of the Ash Dieback Pathogen *Hymenoscyphus fraxineus* differs in Soil. *Journal of Plant Diseases and Protection*. (under revision)
- BUCHNER, L.K.; EISEN, A.K.; JOCHNER-OETTE, S. (2024): Effects of ash dieback on leaf physiology and leaf morphology of *Fraxinus excelsior* L. *Trees: Structure and Function* (under review)
- CABALLERO, A.; RODRÍGUEZ-RAMILO, S.T.; AVILA, V.; FERNÁNDEZ, J. (2010): Management of genetic diversity of subdivided populations in conservation programmes. *Conserv. Genet.* 11(2), 409-419. DOI 10.1007/s10592-009-0020-0
- DE DATO, G.; TEANI, A.; MATTIONI, C.; MARCHI, M.; MONTEVERDI, M. C.; DUCCI, F. (2018): Delineation of seed collection zones based on environmental and genetic characteristics for *Quercus suber* L. in Sardinia, Italy. *iForest-Biogeosciences and Forestry*, 11(5), 651.
- DOONAN, J.M.; BUDDE, K.B.; KOSAWANG, C.; LOBO, A.; VERBYLAITE, R.; BREALEY, J.C.; MARTIN, M.D.; PLIŪRA, A.; THOMAS, K.; KONRAD, H.; SEEGLMÜLLER, S.; LIZINIEWICZ, M.; CLEARY, M.; NEMESIO-GORRIZ, M.; FUSSI, B.; KIRISITS, T.; GILBERT, M.T.P.; HEUERTZ, M.T.P.; KJÆR, E.D.; NIELSEN, L.R. (2023): Multiple, single trait GWAS and supervised machine learning reveal the genetic architecture of *Fraxinus excelsior* tolerance to ash dieback in Europe. *bioRxiv* 2023.12.11.570802; doi: <https://doi.org/10.1101/2023.12.11.570802>
- EISEN, A.-K.; FUSSI, B.; JOCHNER-OETTE, S. (2022): Die Zukunft der Esche im Auwald. *Auenmagazin*, Heft 21, 4 – 9.
- EISEN, A. K., FUSSI, B., ŠIKOPARIJA, B., JOCHNER-OETTE, S. (2022): Aerobiological Pollen Deposition and Transport of *Fraxinus excelsior* L. at a Small Spatial Scale. *Forests*, 13(3), 424.
- EISEN, A.-K., SEMIZER-CUMING, D., JOCHNER-OETTE, S., FUSSI, B. (2023): Pollination success of *Fraxinus excelsior* L. in the context of ash dieback. *Annals of Forest Science*, 80:22, <https://doi.org/10.1186/s13595-023-01189-5>
- ENDERLE, R.; FUSSI, B.; LENZ, H.D.; LANGER, G.; NAGEL, R.; METZLER, B. (2017): Ash dieback in Germany: research on disease development, resistance and management options. In: VASAITIS R., ENDERLE R. (eds) *Dieback of European Ash (Fraxinus spp.): Consequences and guidelines for sustainable management*, Uppsala, Sweden, pp 89–105.
- ENDERLE, R.; STENLID, J.; VASAITIS, R. (2019): An overview of ash (*Fraxinus* spp.) and the ash dieback disease in Europe. *CABI Reviews*, (2019), 1-12.
- EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. (2005): Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol. Ecol.* 14, S. 2611 - 2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
- FERRAZZINI, D.; MONTELEONE, I.; BELLETTI, P. (2007): Genetic variability and divergence among Italian populations of common ash (*Fraxinus excelsior* L.). *Annals of Forest Science*, 64(2), 159-168.
- FUSSI, B.; KONNERT, M. (2014): Genetic analysis of European common ash (*Fraxinus excelsior* L.) populations affected by ash dieback. *Silvae Genetica*, 63(1-6), 198-212.
- FUSSI, B.; BAIER, R.; DOBLER, G.; WOLF, H. (2017): Eschentriebsterben, quo vadis? *AFZ/Der Wald* 10, 44 – 46.
- FUSSI, B. (2020): So hat die Esche eine Chance! *LWF aktuell* 126, 60 – 61.

- GEORGE, J. P.; SANDERS, T. G.; TIMMERMAN, V.; POTOČIĆ, N.; LANG, M. (2022): European-wide forest monitoring substantiate the necessity for a joint conservation strategy to rescue European ash species (*Fraxinus* spp.). *Scientific Reports*, 12(1), 4764.
- GOUGHERTY, A. V.; KELLER, S. R.; FITZPATRICK, M. C. (2021): Maladaptation, migration and extirpation fuel climate change risk in a forest tree species. *Nature Climate Change*, 11(2), 166-171.
- GUILBAUD, R.; BISELLI, C.; BUIVEVELD, J.; CATTIVELLI, L.; COPINI, P.; DOWKIW, A.; ESSELINK, D.; FRICANO, A.; GUERIN, V.; JORGE, V.; KELLY, L. J.; KODDE, L.; METHERINGHAM, C. L.; PINOSIO, S.; ROGIER, O.; SEGURA, V.; SPANU, I.; BUGGS, R.; GONZALEZ-MARTINEZ, S. C.; NERVO, G.; SMULDERS, R.; SANCHEZ RODRIGUEZ, L.; VENDRAMIN, G.; FAIVRE-RAMPANT, P. (2020): Development of a new tool (4TREE) for adapted genome selection in European tree species. *GenTree*, Jan 2020, Avignon, France. (hal-02928391)
- HEBEL, I.; HAAS, R.; DOUNAVI, A. (2006): Genetic variation of common ash (*Fraxinus excelsior* L.) populations from provenance regions in southern Germany by using nuclear and chloroplast microsatellites. *Silvae Genetica*, 55(1), 38-43.
- HEINZE, B.; FUSSI, B. (2017): Pre-disease Levels of Genetic Diversity and Differentiation among Common Ash (*Fraxinus excelsior* L.) Seedlots in Austria. *Baltic Forestry*, 23(1), 198-208.
- HEUERTZ, M.; FINESCHI, S.; ANZIDEI, M.; PASTORELLI, R.; SALVINI, D.; PAULE, L. ... VENDRAMIN, G. G. (2004b): Chloroplast DNA variation and postglacial recolonization of common ash (*Fraxinus excelsior* L.) in Europe. *Molecular ecology*, 13(11), 3437-3452.
- HEUERTZ, M.; HAUSMAN, J. F.; HARDY, O. J.; VENDRAMIN, G. G.; FRASCARIA-LACOSTE, N.; VEKEMANS, X. (2004a): Nuclear microsatellites reveal contrasting patterns of genetic structure between western and south-eastern European populations of the common ash (*Fraxinus excelsior* L.). *Evolution*, 58(5), 976-988.
- HOBAN, S.; BRUFORD, M.; DA SILVA, J. M.; FUNK, W. C.; FRANKHAM, R.; GILL, M. J.; ..., LAIKRE, L. (2023): Genetic diversity goals and targets have improved but remain insufficient for clear implementation of the post-2020 global biodiversity framework. *Conservation Genetics*, 24, 181–191. 10.1007/s10592-022-01492-0
- HÖLTKEN, A. M.; TAHTINEN, J.; PAPPINEN, A. (2003): Effects of discontinuous marginal habitats on the genetic structure of common ash (*Fraxinus excelsior* L.). *Silvae Genetica*, 52(5-6), 206-211.
- KLEINSCHMIT, J.; LÜCK, F.; RAU, H.-M.; RUETZ, W. (2002): Ergebnisse eines Eschen-Herkunftsversuchs. *Forst und Holz* 6: 166–172.
- KÖBÖLKUTI, Z.A.; REHANEK, M.; VON BARGEN, S.; BÜTTNER, C.; FUSSI, B. (2024): Identification and amplification of candidate genes for virus defence in common ash (*Fraxinus excelsior* L.). *Journal of Plant Diseases and Protection*. (under revision)
- KÖLLING, C.; WALENTOWSKI, H. (2002): Die Rolle der Esche (*Fraxinus excelsior*) in einheimischen Waldgesellschaften. *Berichte aus der LWF*, 34, 6-20.
- McKINNEY, L.V.; NIELSEN, L.R.; COLLINGE, D.B.; THOMSEN, I.M.; HANSEN, J.K.; KJAER, E.D. (2014): The ash dieback crisis: genetic variation in resistance can prove a long-term solution. *Plant Pathol* 63:485–499. <https://doi.org/10.1111/ppa.12196>
- MIRJANI, L.; GHAMARIZARE, A.; SPAHBODI, K. (2022): Preservation of the genetic resources of *Fraxinus excelsior* L. in cryopreservation. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 30(1), 108-117. doi: 10.22092/ijrfpbgr.2022.357696.1409
- MITCHELL, R. J. et al. (2014): Ash dieback in the UK: a review of the ecological and conservation implications and potential management options. *Biol. Conserv.* 175, 95–109.
- NAMKOONG, G. (1998): Forest genetics and conservation in Europe. *Conservation of forest genetic resources in Europe*, International Plant for Genetic Resources Institute, Rome, 3-10.
- PAUTASSO, M.; AAS, G.; QUELOZ, V.; HOLDENRIEDER, O. (2013): European ash (*Fraxinus excelsior*) dieback—A conservation biology challenge. *Biological conservation*, 158, 37-49.
- PETIT, R.J.; ELMOUSADIK, A.; PONS, O. (1998): Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. *Conserv. Biol.* 12(4), S. 844 - 855. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.1998.96489.x>
- REHANEK, M.; AL KUBRUSLI, R.; KÖPKE, K.; VON BARGEN, S.; BÜTTNER, C. (2024): Detection of viruses in special stands of common ash reveals insights into the virome of *Fraxinus excelsior*. *J Plant Dis Prot.* Under review. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-3796771/v1>

- RIGLING, D.; HILFIKER, S.; SCHÖBEL, C.; MEIER, F.; ENGESSER, R.; SCHEIDEGGER, C., ... QUELOZ, V. (2016): Ash dieback: biology, disease symptoms and recommendations for control. Merkblatt für die Praxis, (57).
- SCHMIEDEL, D.; HUTH, F.; WAGNER, S. (2013): Using data from seed-dispersal modelling to manage invasive tree species: the example of *Fraxinus pennsylvanica* Marshall in Europe. Environmental Management, 52, 851-860.
- SEIDEL, H.; ŠEHO, M.; FUSSI, B. (2024): Few resilient individuals as the potential key for tree breeding towards tolerance against an invasive pathogen, Journal of Plant Diseases and Protection (in revision).
- SEMIZER-CUMING, D.; KJÆR, E.D.; FINKELDEY, R. (2017): Gene flow of common ash (*Fraxinus excelsior* L.) in a fragmented landscape. PLoS One 12:e0186757. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0186757>
- SEMIZER-CUMING, D.; CHYBICKI, I.J.; FINKELDEY, R. et al. (2021): Gene flow and reproductive success in ash (*Fraxinus excelsior* L.) in the face of ash dieback: restoration and conservation. Annals of Forest Science 78, 14. <https://doi.org/10.1007/s13595-020-01025-0>
- SEMIZER-CUMING, D.; FINKELDEY, R.; NIELSEN, L.R. et al. (2019): Negative correlation between ash dieback susceptibility and reproductive success: good news for European ash forests. Annals of Forest Science 76, 16. <https://doi.org/10.1007/s13595-019-0799-x>
- SORK, V.L.; SMOUSE, P.E. (2006): Genetic analysis of landscape connectivity in tree populations. Landscape Ecology. Aug 1; 21(6):821–36.
- STEINHART et al. (2024): Zukunft der Esche - Empfehlungen zum forstbetrieblichen Umgang mit dem Eschen-triebsterben. Fachagentur für 20 nachwachsende Rohstoffe e.V., Gülzow-Prüzen
- STOCKS, J. J.; METHERINGHAM, C. L.; PLUMB, W. J.; LEE, S. J.; KELLY, L. J.; NICHOLS, R. A.; BUGGS, R. J. A. (2019): Genomic basis of European ash tree resistance to ash dieback fungus [Article]. Nature Ecology and Evolution, 3(12), 1686-1696. <https://doi.org/10.1038/s41559-019-1036-6>
- TESSIER DU CROS, E.; MÁTYÁS, C.; KRIEBEL, H. (1999): Contribution of genetics to the sustained management of global forest resources—conclusions and recommendations. In: Mátyás C (ed) Forest genetics and sustainability, forestry sciences, vol. 63. Kluwer, Dordrecht, pp 281–287
- WHITE, T. L.; ADAMS, W. T.; NEALE, D. B. (Eds.). (2007): Forest genetics. Cabi.

Eschen aus einer Langzeitbeobachtungsfläche zeigen Widerstandsfähigkeit gegenüber dem Eschentriebsterben

Hannes Seidel, Muhidin Šeho, Barbara Fussi

Zusammenfassung Die Gemeine Esche (*Fraxinus excelsior* L.) mit ihrer großen Standortsamplitude gilt als wichtige heimische Laubbaumart für eine klimaresiliente Forstwirtschaft in Bayern. Das Auftreten des Eschentriebsterbens, das durch den invasiven Pilz *Hymenoscyphus fraxineus* verursacht wird, schränkt ihren Anbau und die Nutzung jedoch stark ein. Allerdings werden in stark betroffenen Beständen auch weniger geschädigte Eschen beobachtet. Dies lässt auf eine baumspezifische und genetisch bedingte Widerstandsfähigkeit gegenüber dem Eschentriebsterben schließen. Das Potenzial einzelner Bäume für Selektions- und Erhaltungsprogramme wird seit 2015 in einem Nachkommenschaftsversuch mit 30 Familien untersucht. Dort werden Mortalität, Kronenschäden und Höhenwachstum erfasst. Die Widerstandsfähigkeit gegenüber dem Eschentriebsterben wurde anhand von mehrjährigen Beobachtungen bewertet. Die Mortalität und die Kronenschäden der Nachkommenschaft nahmen im Untersuchungszeitraum stetig zu. Etwa 32 % aller Nachkommen (0-53 % pro Familie) zeigten eine hohe Resistenz gegenüber dem Eschentriebsterben und acht Prozent zeigten zugleich ein sehr gutes Höhenwachstum. Wir gehen davon aus, dass zumindest einige Individuen aus bestimmten Nachkommenschaften in Waldbeständen resistent gegen die Krankheit sind.

In-situ-Erhaltungsmaßnahmen sollten bei der Esche verstärkt gefördert werden, um die ökologisch wichtige Baumart langfristig zu sichern. Als *Ex-situ*-Maßnahme sollten verstärkt Samenplantagen mit widerstandsfähigeren Genotypen angelegt werden, die zukünftig hochwertiges Vermehrungsmaterial für die Anreicherung von Wäldern mit weniger anfälligen Eschen liefern.

Schlüsselwörter Gemeine Esche, *Fraxinus excelsior*, Pilz, Krankheit, invasiver Krankheitserreger, *Hymenoscyphus fraxineus*, Nachkommenschaft, Saatgutproduktion, Erhaltungsmaßnahmen

Abstract Common ash (*Fraxinus excelsior* L.), with its large ecological amplitude, is considered to be an important native deciduous tree species for climate-resilient forestry in Bavaria. However, the occurrence of ash dieback, caused by the invasive fungus *Hymenoscyphus fraxineus*, severely restricts its cultivation and use. In heavily infested stands, on the other hand, there are also some ash trees that show less damage. This suggests that a tree-specific and genetically determined resistance to ash dieback. The potential of individual trees for selection and conservation programmes has been investigated in a progeny trial with 30 families that has been running since 2015.

Mortality, crown damage and height growth are recorded in this trial. Resistance to ash dieback has been assessed based on observations made over several years. The mortality and crown damage of the progeny increased steadily over the course of the study period. About 32 % of all of the progeny (0-53 % per family) showed high resistance to ash dieback and eight percent also showed very good height growth. We assume that at least some individual specimens from certain progenies in forest populations are resistant to the disease.

In situ conservation measures for ash should be promoted more in order to preserve this ecologically important tree species in the long term. As an *ex situ* conservation measure, more seed orchards with more resistant genotypes should be established to supply high-quality reproductive material for the enrichment of forests with less susceptible ash trees in the future

Keywords Common ash, *Fraxinus excelsior*, fungus, disease, invasive pathogen, *Hymenoscyphus fraxineus*, progeny, seed production, conservation

Die Bedeutung der Baumart

Die Gemeine Esche ist eine ökologisch und ökonomisch wertvolle heimische Baumart und hat in Europa ein großes natürliches Verbreitungsgebiet (CAUDULLO et al. 2017). Geeignete Wachstumsbedingungen reichen von feuchten Grundwasserböden der Auen bis zu mäßig trockenen kalkhaltigen Verwitterungslehmen (MARIGO et al. 2000; DOBROWOLSKA et al. 2011; PAUTASSO et al. 2013). Sie ist eine Schlüsselart gefährdeter Waldlebensräume und bietet eine Reihe ökologischer Eigenschaften, die das Zusammenleben mit zahlreichen Arten aus verschiedenen Taxa fördern (THE COUNCIL OF THE EUROPEAN UNION 1992; MITCHELL et al. 2014). Die Esche stabilisiert Bäche und Flussufer, sie treibt erst spät im Frühjahr aus, ihre Kronen sind sehr lichtdurchlässig und der schnelle Umsatz der Streu begünstigt die Rückführung von Nährstoffen in den Boden (LANGENBRUCH et al. 2012; BECK et al. 2016; ROZSYPÁLEK et al. 2017). Die Esche kann sehr plastisch auf Temperaturschwankungen reagieren, verträgt Trockenheit und ist möglicherweise nicht von einem durch den Klimawandel verursachten Temperaturanstieg betroffen oder würde sogar davon vielerorts profitieren (MARIGO et al. 2000; SCHERRER et al. 2011; PAUTASSO et al. 2013; BURAS, MENZEL 2019). Daher war sie vor dem Auftreten des Eschentriebsterbens eine zentrale Hoffnungsträgerin für den Waldumbau hin zu widerstandsfähigen Mischwäldern. Ihr flexibles und widerstandsfähig Holz wird besonders für Werkzeuge, Möbel und den Innenausbau verwendet (FRAXIGEN 2005; PRATT 2017).

Das Eschentriebsterben

Mehrfach wurden in der Vergangenheit pilzliche Baumpathogene nach Deutschland eingeschleppt und führten zu weitläufigen Absterbeereignissen und Bestandsrückgängen (z. B. Eichenmehltau, Ulmentriebsterben, Kiefern-Blasenrost) bei verschiedenen Waldbaumarten (BRASIER 2008; GEILS et al. 2010; DESPREZ-LOUSTAU et al. 2011; GRÜNWALD et al. 2012). Einer der jüngsten gebietsfremden Erreger, der einen massiven Rückgang seiner Baumwirte verursacht, ist der Ascomycet *Hymenoscyphus fraxineus* Baral, Queloz, Hosoya (KOWALSKI 2006; GROSS et al. 2014; GOUGHERTY 2023). Insbesondere die Gemeine Esche (*Fraxinus excelsior* L.) ist von diesem Erreger bedroht, der in ganz Europa das Eschentriebsterben verursacht (GEORGE et al. 2022).

In Europa wurde der Erreger des Eschentriebsterbens, *Hymenoscyphus fraxineus*, erstmals in den 1990er Jahren in Polen nachgewiesen (KOWALSKI 2006). Er wurde wahrscheinlich mit Pflanzenmaterial aus Ostasien eingeschleppt. Für die dort einheimischen *Fraxinus*-Arten (z.B. *Fraxinus mandshurica*) ist er scheinbar weniger pathogen (KOWALSKI 2006; ZHAO et al. 2013; CLEARY et al. 2016; NIELSEN et al. 2017; HULTBERG et al. 2020). In der Folge breitete sich *H. fraxineus* über ganz Europa aus und ist heute fast im gesamten natürlichen Verbreitungsgebiet von *F. excelsior* zu finden (MCKINNEY et al. 2014; COKER et al. 2019). Zu Beginn seines Lebenszyklus im Frühsommer bildet *H. fraxineus* Fruchtkörper an Blattstielen der Streu. Sie setzen Ascosporen frei, die durch Wind über weite Strecken verbreitet werden. Der Erreger dringt über Appressorien in das Blatt ein und wächst über den Blattstiel in Zweige und Äste, wo er das Gefäßsystem und das Kambium schädigt

(LANDOLT et al. 2016). Die Symptome sind nekrotische Läsionen auf Blättern und Rinde, Blattwelke und frühes Abwerfen der Blätter. In dessen Folge kommt es zur Entlaubung und Absterben der Krone. Nach dem Abwurf der Blätter überwintert *H. fraxineus* in der Blattstreu (LYGIS et al. 2005; RIGLING et al. 2016; SCHWANDA, KIRISITS 2016). Zusätzlich verursacht *H. fraxineus* vermutlich Infektionen im Wurzelanlauf, was durch die sekundäre Besiedlung mit holzzersetzenden Pilzen zu Stammfußnekrosen führt (LYGIS et al. 2005; SKOVSGAARD et al. 2010; BAKYS et al. 2011; PETERS et al. 2023). Letztendlich führen die Schwächung des Baumes durch Kronenschäden oder die geringe Standfestigkeit aufgrund von Stammfußnekrosen zum Absterben der Bäume (KLESSE, ARX et al. 2021; PETERS et al. 2023). Die Mortalität kann bis zu 80 % betragen und steigt mit der Standort- und Bodenfeuchtigkeit sowie der Dichte des Bestandes (ENDERLE et al. 2019; PLUMB et al. 2020; KLESSE und ABEGG et al. 2021).

Die Widerstandsfähigkeit hat eine genetische Grundlage

In Beständen, die durch das Eschentriebsterben stark befallenen, sind werden weniger geschädigte Eschen beobachtet (LENZ et al. 2016; ENDERLE, FUSSI et al. 2017; TIMMERMANN et al. 2017). Die genetische Komponente der Widerstandsfähigkeit konnte in Klonversuchen (Versuche mit durch Pfropfung vermehrten und dadurch genetisch identischen Bäumen) nachgewiesen werden (SEIDEL et al. in Überarbeitung; ENDERLE et al. 2015; MUÑOZ et al. 2016; STENER 2018). In Versuchen mit Nachkommenschaften wurden Unterschiede in der Anfälligkeit zwischen einzelnen Familien beobachtet (SEIDEL et al. in Überarbeitung; MCKINNEY et al. 2011; PLIÜRA et al. 2011; KJÆR et al. 2012; MUÑOZ et al. 2016). Die Widerstandsfähigkeit gegenüber dem Eschentriebsterben scheint daher genetisch bedingt und auch vererbbar zu sein.

Bislang ist jedoch wenig über die Mechanismen bekannt, die zu einer geringen Anfälligkeit führen. Die Widerstandsfähigkeit gegenüber dem Eschentriebsterben scheint ein polygenes Merkmal zu sein, bei dem mehrere tausend Genorte beteiligt sind (STOCKS et al. 2019; DOONAN et al. 2023). Viele dieser Genorte befinden sich in der Nähe von oder innerhalb von abwehrbezogenen Genen, die das Wachstum und die Ausbreitung von Pathogenen begrenzen. Darüber hinaus könnte die Widerstandsfähigkeit mit bestimmten Sekundärmetaboliten und der Transkription abwehrbezogener Gene zusammenhängen (FERRARI et al. in Überarbeitung; SOLLARS et al. 2017; SAHRAEI et al. 2020). Diese Befunde und die Beobachtung eines Kontinuums bei Eschentriebsterben assoziierten Kronenschäden weisen auf eine quantitative Resistenz der Esche gegen *H. fraxineus* hin (ROBINSON 1969; CORWIN und KLIEBENSTEIN 2017).

Anpassung durch natürliche Selektion würde lange dauern

Die Regenerationsdichte der Esche vor dem Eschentriebsterben erreichte bis zu 150.000 Individuen pro Hektar (TABARI, LUST 1999). Grundsätzlich lässt dieses hohe Regenerationspotenzial auf eine starke natürliche Selektion hinsichtlich einer hohen Widerstandsfähigkeit hoffen (ENDERLE und BUßKAMP et al. 2017). Entsprechend sind in natürlichen Beständen Mortalitätsraten von bis zu 80

Prozent unter dem Einfluss des Eschentriebsterbens üblich (LENZ et al. 2016; ENDERLE, FUSSI et al. 2017; TIMMERMANN et al. 2017). Diese hohen Mortalitätsraten können unter natürlichen Bedingungen große Auswirkungen auf die Anpassungsfähigkeit haben. Ein polygenes Merkmal, das wie die Widerstandsfähigkeit gegenüber dem Eschentriebsterben auf vielen Genorten beruht, wird in kleinen und genetisch verarmten Populationen nur eingeschränkt in die nächste Generation übertragen (CHARLESWORTH 2009; ENNOS 2015; LANDOLT et al. 2016). Entsprechend haben METHERINGHAM et al. (2022) gezeigt, dass der genetische Gewinn über Generationen hinweg in Waldbeständen gering ist, obwohl fragmentierte Eschenpopulationen durch Pollenausbreitung über große Entfernungen in geringem Maße miteinander verbunden sein können (SEMIZER-CUMING et al. 2021). Selbst unter der Annahme einer hohen Vererbbarkeit der Widerstandsfähigkeit und vieler widerstandsfähiger Individuen in natürlichen Populationen würde die Zahl der Eschenindividuen zunächst dramatisch zurückgehen bis sich langsam eine widerstandsfähige Population aufbaut (EVANS 2019).

Ausgangslage und Bedarf: Langzeitbeobachtungen sind notwendig

Bisher basierten die Bewertung der Widerstandsfähigkeit auf jährlichen Beobachtungen und Analysen von Kronenschäden (MCKINNEY et al. 2011; PLIÜRA et al. 2011; KJÆR et al. 2012; ENDERLE et al. 2015; MUÑOZ et al. 2016; STENER 2018). Diese Beobachtungen erfolgten in einem bis fünf einzelnen Jahren, so dass die momentane Krankheitsausprägung und nicht die individuelle langfristige Widerstandsfähigkeit bewertet wurde. Je nach Krankheitsdruck oder der Bildung von Wasserreißern, die die tatsächliche Kronenschädigung verdecken, kann das Ausmaß der Kronenschädigung von Jahr zu Jahr schwanken (MCKINNEY et al. 2014; ENDERLE et al. 2015). Folglich betonen die Autoren die Notwendigkeit langfristiger Beobachtungen für die Beurteilung der Stabilität der Widerstandsfähigkeit (MCKINNEY et al. 2011; KJÆR et al. 2012). Neben der Widerstandsfähigkeit hängt der Erfolg der Etablierung von Eschenindividuen auch von ihrer Wettbewerbsfähigkeit ab. Das Eschentriebsterben verringert das Höhenwachstum, wodurch die Eschenverjüngung weniger konkurrenzfähig gegenüber der Unterholzvegetation sein kann (ENDERLE und FUSSI et al. 2017; JOCHNER-OETTE et al. 2021).

In der vorliegenden Studie wurden in einem 2015 etablierten Nachkommenschaftsversuch jährlich die Mortalität und die Symptome des Eschentriebsterbens über einen Zeitraum von neun Jahre erfasst, nachdem 2009 in der Region Süd-Bayern das Eschentriebsterben häufig beobachtet worden war (LENZ et al. 2016). Die jährlichen Schadenswerte wurden zusammengefasst, um junge Eschen einer langfristigen Widerstandsklasse zuzuordnen. Dies ist unseres Wissens nach die erste Analyse der Langzeitwiderstandsfähigkeit anstelle von jährlichen Bewertungen. Basierend auf den Ergebnissen anderer Studien erwarten wir, dass (1) die Anfälligkeit und Mortalität hoch sind, (2) Familien sich in ihrer Widerstandsfähigkeit und Wachstum unterscheiden und (3) wenige Individuen sowohl sehr widerstandsfähig als auch sehr gutes Höhenwachstum aufweisen.

Anlage der Untersuchungsfläche

Der Nachkommenschaftsversuch (0,3 ha) wurde 2015/2016 in einem Auwald in der Nähe des Chiemsees (47,84°N, 12,51°E) in Bayern, Deutschland, angelegt (Abbildung 1). Ein großer Teil des umgebenden Bestandes ist mit Eschen bestockt, die stark vom Eschentriebsterben betroffen sind. Das Vorhandensein des Pilzes im Boden wurde zu allen Jahreszeiten nachgewiesen, was auf einen konstanten Krankheitsdruck hinweist (BÖHM et al. 2024).

Im Herbst 2011 wurde von 23 Bäumen in fünf Beständen (ein bis acht Bäume pro Bestand) reifes Saatgut geerntet. Zusätzlich wurde im Sommer 2013 Grünsaat von sieben Bäumen in zwei Beständen (drei und vier Bäume pro Bestand) in Bayern sowie in Murau, Österreich, gewonnen (Tabelle 1). Aus diesen Samen wurden in der AWG-Baumschule in Laufen Sämlinge angezogen. Reifes Saatgut wurde acht Monate lang stratifiziert, bevor es im August 2012 gesät wurde. Die Aussaat der grünen Samen erfolgte unmittelbar nach der Ernte im Sommer 2013.

Die Setzlinge (1.489 Individuen) wurden auf einem Raster von einem Meter mal einem Meter gepflanzt und in Blöcken nach Familien gruppiert. Die Familien des im Jahr 2011 bzw. 2013 gesammelten Saatguts wurden in zwei bzw. drei Blöcken mit vier bis 103 Individuen pro Familie im Jahr 2015 bzw. 2016 gepflanzt (Tabelle 1).



Abbildung 1: Nachkommenschaftsversuch in der Nähe des Chiemsees

Figure 1: Progeny trial near the Chiemsee lake

Tabelle 1: Familienbezeichnung, Ursprungsbestand, Koordinaten der Ursprungsbestände, ursprüngliche Anzahl der Nachkommen (N), Pflanzjahr (PJ), Anteil der Nachkommen mit hoher Widerstandsfähigkeit (HW), Anteil der leistungsstärksten Nachkommen pro Familie und Mortalität (M). Top 10 % und Top 20 % ist der Anteil der sehr widerstandsfähigen Nachkommen pro Familie, die gleichzeitig zu den größten 10 % bzw. 20 % Prozent gehören. Die Familien sind nach dem Pflanzjahr und dem Anteil der Nachkommen mit hoher Widerstandsfähigkeit sortiert.

Table 1: Family name, provenance, coordinates of the provenance stands, original number of progeny (N), year of planting (PJ), proportion of progeny with high resistance (HW), proportion of the best performing progeny per family, and mortality (M). Top 10 % and Top 20 % is the proportion of highly resilient progeny per family that also belong to the largest 10 % and 20 % respectively. The families are sorted according to the year of planting and the proportion of progeny with a high degree of resistance.

Familie	Ursprungs- bestand	Breite (°N)	Länge (°E)	N	PJ	HW	Anteil		M
							TOP 10 %	TOP 20 %	
UW7	Unterwössen	47,72	12,46	31	2015	0,52	0,19	0,25	0,19
MK14	Mengkofen	48,73	12,44	20	2015	0,50	0,10	0,20	0,25
FAM7	Haiming	48,21	12,90	4	2015	0,50	0	0	0
UW3	Unterwössen	47,72	12,46	73	2015	0,47	0,05	0,08	0,10
UW5	Unterwössen	47,72	12,46	63	2015	0,46	0,11	0,19	0,24
UW1	Unterwössen	47,72	12,46	82	2015	0,44	0,04	0,05	0,18
MUR1	Murau	47,11	14,20	5	2015	0,40	0	0	0,20
UW8	Unterwössen	47,72	12,46	28	2015	0,39	0,10	0,17	0,32
EN1	Bad Endorf	47,91	12,31	88	2015	0,39	0,03	0,07	0,26
FAM6	Haiming	48,21	12,90	63	2015	0,38	0,06	0,12	0,19
FAM8	Haiming	48,21	12,90	32	2015	0,38	0,00	0	0,41
MK15	Mengkofen	48,73	12,44	11	2015	0,36	0,09	0,09	0,27
UW6	Unterwössen	47,72	12,46	56	2015	0,32	0,04	0,12	0,27
FAM3	Haiming	48,21	12,90	38	2015	0,29	0,05	0,15	0,47
MK41	Mengkofen	48,73	12,44	24	2015	0,29	0	0	0,38
UW2	Unterwössen	47,72	12,46	46	2015	0,28	0,06	0,10	0,37
FS50	Unterwössen	47,72	12,46	42	2015	0,26	0,11	0,16	0,43
FS9	Mengkofen	48,73	12,44	28	2015	0,25	0,04	0,04	0,39
UW4	Haiming	48,21	12,90	9	2015	0,22	0	0,11	0,67
CHI11	Haiming	48,21	12,90	16	2015	0,19	0	0,06	0,12
MK80	Haiming	48,21	12,90	12	2015	0,17	0	0	0,42
CHI10	Mengkofen	48,73	12,44	16	2015	0,12	0	0	0,44
FAM15	Mengkofen	47,72	12,46	4	2015	0	0	0	1,00
FS22	Freising	48,42	11,88	98	2016	0,27	0,04	0,05	0,43
FAM9	Freising	48,42	11,88	103	2016	0,27	0	0,05	0,48
FAM2	Herrenchiemsee	47,86	12,39	99	2016	0,25	0,07	0,09	0,33
CHI9	Herrenchiemsee	47,86	12,39	102	2016	0,24	0,05	0,08	0,28
CHI1	Freising	48,42	11,88	102	2016	0,20	0,01	0,03	0,65
MK1	Herrenchiemsee	47,86	12,39	96	2016	0,16	0,03	0,04	0,31
MK106	Herrenchiemsee	47,86	12,39	98	2016	0,14	0,05	0,10	0,46

Beobachtung von Vitalität und Wachstum

Das Überleben junger Eschen und der Gesundheitszustand wurden jährlich seit dem Zeitpunkt der Pflanzung im Jahr 2015 beobachtet. Hierbei wurden die Bäume auf das Vorhandensein von Rindennekrosen überprüft und die Anzahl infizierter sowie nicht infizierter Zweige erfasst. Ab 2019 waren die Kronen zu groß, um die symptomatischen Äste zu zählen. Seitdem wurde die Widerstandsfähigkeit anhand des prozentualen Anteils des Kronenschadens (PDS) auf einer fünfstufigen Skala bewertet (MCKINNEY et al., 2011, Box 1).

Box 1. Kronenschadensstufen (PDS)

- PDS 0 (0% Kronenschaden)
- PDS 1 (0% < Kronenschaden < 10%)
- PDS 2 (10 - 50% Kronenschaden)
- PDS 3 (> 50% Kronenschaden)
- PDS 4 (abgestorben).

Die Ergebnisse dieser beiden Methoden zur Bewertung der Vitalität konnten nicht kombiniert werden, daher wurden die Beobachtungen von Rindennekrosen und infizierter Äste als Indikator für eine Infektion herangezogen, während der PDS zur Bewertung der qualitativen Baumvitalität verwendet wurde.

Die Nachkommen wurden mit den Kronenschadensstufen der Jahre 2019 bis 2023 Widerstandsklassen zugeordnet:

- hohe Widerstandsfähigkeit (nie höher als PDS 1),
- mittlere Widerstandsfähigkeit (mindestens einmal PDS 2, aber nie höher),
- geringe Widerstandsfähigkeit (mindestens einmal PDS 3, aber noch nicht abgestorben)
- und die Klasse der Abgestorbenen im Jahr 2023.

Die Gesamthöhe der Nachkommen wurde mit einem Zollstock oder einer Teleskopmesslatte in Abständen von einem Zentimeter vom Boden bis zum obersten Punkt der lebenden Krone gemessen. Die Individuen wurden je Pflanzjahr in Wachstumsgruppen eingeteilt. Hierzu dienten die Zehn-Prozent-Quantile ihrer Höhenwerte. Die Wuchsgruppen wurden mit den Klassen der Widerstandsfähigkeit kombiniert, um die Eignung einzelner Individuen für spätere Zucht-, Vermehrungs- und Wiedereinbringungsmaßnahmen bewerten zu können. Hierbei wurden die Individuen identifiziert, die eine hohe Widerstandsfähigkeit aufwiesen und gleichzeitig zu den Höchsten 10 % bzw. 20 % gehörten. Tote Individuen wurden dabei nicht berücksichtigt.

Statistische Auswertung

Die Daten wurden mit dem Statistikprogramm R analysiert und graphisch dargestellt (WICKHAM 2016; BRUNSON 2020; R CORE TEAM 2021). Für die Auswertung wurden verallgemeinerte lineare gemischte Modelle *glmer* des *lme4* Pakets verwendet (BATES et al. 2015). Die Mortalität im Jahr

2023, die Zugehörigkeit zur Klasse mit hoher Widerstandsfähigkeit und die Zugehörigkeit zu den Höchsten 10 % bzw. 20 % und gleichzeitiger hoher Widerstandsfähigkeit wurden als binäre erklärende Variable ausgewertet. Die Familien dienten als faktorielle erklärende Variablen und die Pflanzblöcke als faktorielle Zufallsvariablen.

Ob die erklärende Variable „Familie“ einen signifikanten Einfluss hatte, wurde mit der *Anova*-Funktion des *car* Pakets (FOX und WEISBERG 2019) getestet. War dies der Fall, wurden Mehrfachvergleiche der Familien untereinander durchgeführt, um zwischenfamiliäre Unterschiede aufzuzeigen. Hierzu wurden das *emmeans* Paket (LENTH 2022) und die *cld*-Funktion des *multcomp* Pakets (HOTHORN et al. 2008) mit einer Anpassung der p-Werte nach BENJAMINI und HOCHBERG (1995) verwendet.

Ergebnisse die Hoffnung machen - Die meisten Familien besitzen Nachkommen mit hoher Widerstandsfähigkeit

Die Mortalitätsraten der Nachkommenschaften im Jahr 2023 variierten signifikant (Pflanzung im Jahr 2015: $X^2(22, 791) = 47, p < 0,01$; Pflanzung im Jahr 2016: $X^2(6, 698) = 37, p < 0,001$, Abbildung 2, Abbildung 3). Im Mittel betrug die Mortalität der Nachkommenschaften, die im Jahr 2015 gepflanzt wurden 33 % (0-100 %). Für Anpflanzung des Jahres 2016 schwankte sie zwischen 28 % und 65 % (Mittelwert 42 %). Im speziellen unterschieden sich bei den 2015 gepflanzten Familien FAM3 sowie UW3 von den Familien mit einer höheren Mortalitätsrate als 37 % (UW2 bis MK106; Abbildung 2). In der Pflanzung von 2016 hatte die Familie FS22 eine signifikant höhere Mortalität (65 %) als alle anderen Familien. Zusätzlich unterschieden sich die Familie CH10 mit der geringsten Mortalität (28 %) von der Familie FS9 und CH1 mit der zweit- (46 %) bzw. dritthöchsten Mortalität (48 %).

Die unmittelbare Vitalität der Familien, die anhand des PDS bewertet wurde, veränderte sich in den meisten Fällen auch im neunten Beobachtungsjahr noch (Abbildung 2). In manchen Fällen erhielten sich Individuen. Nur ein Individuum von 1.489 Individuen, d. h. 0,07 %, zeigte während des gesamten Beobachtungszeitraums keine Symptome des Eschentriebsterbens, weder Kronenschäden noch nekrotische Rindenläsionen. Hingegen hatten 15 Individuen keine Kronenschäden und weitere 427 Exemplare (32 %) hatten in den letzten vier Beobachtungsjahren einen maximalen Kronenschaden von nur zehn Prozent.

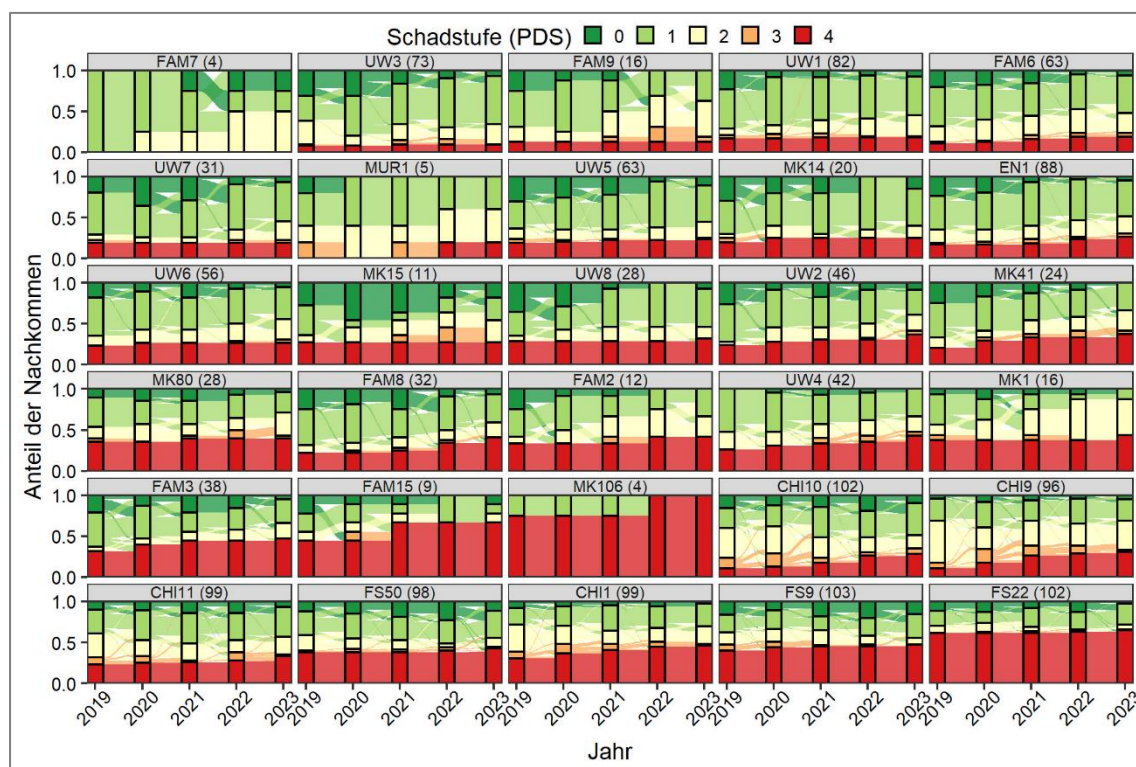


Abbildung 2: Kronenschadstufe (PDS) der Nachkommen je Familie. Die schattierten Bereiche zeigen die Entwicklung des PDS der einzelnen Nachkommen. Die Zahlen in Klammern nach den Namen der Familien entsprechen der Anzahl der ursprünglich gepflanzten Nachkommen. Die Familien der Bestände CHI10 bis FS22 wurden 2016 gepflanzt. Die restlichen Familien wurden 2015 gepflanzt. Die Familien sind nach Pflanzjahr und Mortalitätsrate im Jahr 2023 sortiert.

Figure 2: Level of crown damage (PDS) of progeny per family. The shaded areas show the development in the PDS of the individual progeny. The figures in brackets after the names of the families show the numbers of progeny originally planted. The families of stands CHI10 to FS22 were planted in 2016. The remaining families were planted in 2015. The families are sorted by planting year and rate of mortality in 2023.

In fast allen Familien befanden sich Individuen mit hoher Widerstandsfähigkeit (2019 bis 2023 maximal 10 % Kronenschaden) gegenüber dem Eschentriebsterben (Abbildung 3). Die 2015 gepflanzten Familien wiesen eine hohe Variation der Widerstandsfähigkeit auf (Abbildung 3). Der Anteil der Individuen mit hoher Widerstandsfähigkeit variierte zwischen 0 % und 53 %, unterschied sich aber nicht signifikant zwischen den Familien ($\chi^2(21, 791) = 17,4, p = 0,74$). Bei den 2016 gepflanzten Familien waren die Anteile der Individuen mit hoher Widerstandsfähigkeit auch nicht signifikant verschieden $\chi^2(6, 698) = 9,4, p = 0,15$ und betrug zwischen 14 % und 27 % (Abbildung 3).

Bei einer ähnlichen Dauer der Erregereinwirkung und einem ähnlichen Alter der Nachkommen fanden PLIÜRA et al. (2011) eine vergleichbare Sterblichkeit, aber mehr Nachkommen mit geringem Kronenschaden. Dies könnte laut den Autoren durch die Auswahl von Saatgut von weniger anfälligen Mutterbäumen verursacht worden sein. KJÆR et al. (2012) und MUÑOZ et al. (2016) berichten über niedrigere Sterblichkeitsraten, jedoch mit jeweils weniger bzw. mehr gering geschädigten Nachkommen. Jedoch war in deren Studie die Exposition gegenüber dem Erreger und die Beobachtungszeit kürzer. Unter natürlichen Bedingungen kann die Mortalitätsrate deutlich über 80 % liegen (LENZ et al. 2016; TIMMERMANN et al. 2017).

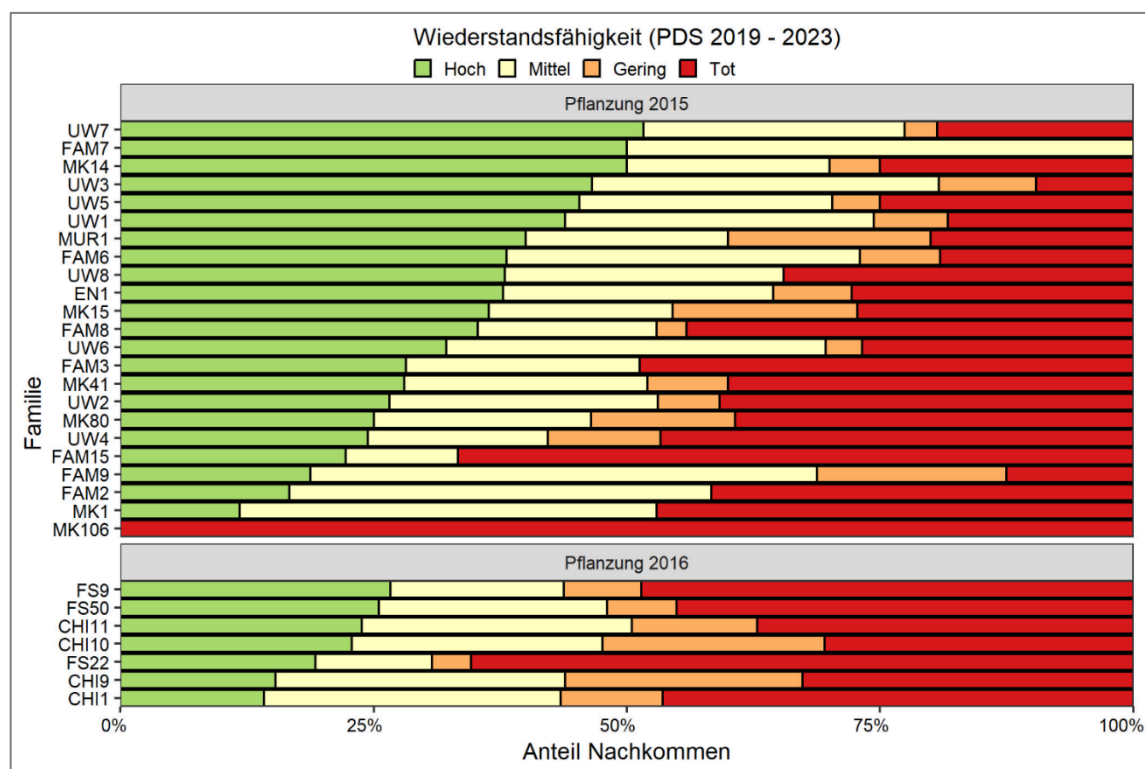


Abbildung 3: Beobachtete Verteilung der Nachkommen auf die Widerstandsklassen, getrennt nach dem Jahr der Anpflanzung. Die Familien sind in absteigender Reihenfolge nach ihrer Zugehörigkeit zur hohen Widerstandsklasse geordnet.

Figure 3: Observed distribution of the progeny across resistance classes, divided according to the year of planting. The families are listed in descending order according to their number of progeny belonging to the high resistance class.

In unserer Untersuchung konnten wir auch nach neun Jahren noch keinen stabilen Status der Symptome des Eschentriebsterbens beobachten (Abbildung 2). Die Vitalität könnte sich somit in Zukunft noch ändern. Der potenziell lange Krankheitsverlauf macht deutlich, dass Untersuchungsflächen mit einer offeneren Struktur als natürliche Bestände, wie z. B. Nachkommenschaftsversuche und Samenplantagen, langfristig überwacht werden müssen, bis die Widerstandsfähigkeit einzelner Individuen abschließend beurteilt werden kann. Zusätzlich sollte, wie in unserer Untersuchung, die Vitalitätsbeurteilung über mehrere Jahre hinweg als Maß für die Widerstandsfähigkeit dienen. Darüber hinaus sollten auch in natürlichen Beständen langfristige Überwachungsprogramme eingerichtet werden, da das Fortschreiten des Eschentriebsterbens zu einer offenen Waldstruktur führen kann (ENDERLE et al. 2018; GEORGE et al. 2022).

Die Widerstandsfähigkeit unterschied sich entgegen unseren Erwartungen nicht signifikant zwischen den meisten Familien. Obwohl andere Studien eine Variation der Widerstandsfähigkeit und der Mortalität zwischen Familien gezeigt haben, ist dieser Effekt eher gering (PLIURA et al. 2011; KJÆR et al. 2012; MUÑOZ et al. 2016). Da sich jedoch die Kronenschäden bei den Nachkommen noch ändern, könnten sich die Familien nach einem längeren Beobachtungszeitraum weiter differenzieren.

Ein Teil der Nachkommen (8%) ist sehr widerstandsfähig mit gleichzeitig hoher Höhenwuchsleistung.

Im Allgemeinen wuchsen die Individuen sehr unterschiedlich (Abbildung 4). Die 2015 und 2016 gepflanzten Individuen waren im Mittel 310 cm (34 cm – 653 cm) und 160 cm (28 cm – 460 cm) hoch. Nachkommen mit einer geringeren Widerstandsfähigkeit blieben meist kleiner. Die Grenzwerte, ab denen die Nachkommen zu den Höchsten 10 % und 20 % zugeordnet wurden, betrugen 470 cm bzw. 420 cm für die 2015 gepflanzten Familien und 260 cm bzw. 219 cm für die 2016 gepflanzten Familien. Im Durchschnitt waren 8 % aller Individuen sehr widerstandsfähig und gleichzeitig sehr wüchsig (20 %-Schwelle). Von den 2015 gepflanzten Familien gehörten fünf Prozent (0 – 19 % pro Familie) und neun Prozent (0 – 25 % pro Familie) der Individuen zu den 10 % bzw. 20 % leistungsstärksten Nachkommen (Abbildung 4). Der Anteil der sehr widerstandsfähigen und gleichzeitig Höchsten 10 % bzw. 20 % der 2016 gepflanzten Familien betrug im Mittel 3 % (0 % – 7 %) bzw. 6 % (3 % – 10 %). Es konnten keine signifikanten Unterschiede in den Anteilen der sehr widerstandsfähigen und gleichzeitig wüchsigsten Nachkommen zwischen den Familien festgestellt werden. Die Familien der Bestände aus Unterwössen (UW) schnitten jedoch besser ab als die meisten anderen Familien.

Insbesondere gut wachsende und sehr widerstandsfähige Individuen sind für Erhaltungs- und Vermehrungsprogramme, wie etwa die Anlage von Samenplantagen, gewünscht. Die Beschränkung auf diese Eschen würde allerdings die Anzahl der Selektionskandidaten erheblich verringern (PLIÜRA et al. 2011). So haben Familien z.B. einen Anteil von ca. 50 % an sehr widerstandsfähigen Individuen, aber nur die Hälfte (FAM7) oder ein Sechstel (FAM3) davon wachsen auch gut (Tabelle 1). Eine strenge Selektion erhöht zwar den genetischen Gewinn bezogen auf gewünschte Merkmale (FALCONER 1960; PLIÜRA et al. 2011), würde aber wahrscheinlich die genetische Vielfalt verringern und den Verlust seltener Allele im Reproduktionsmaterial verursachen (FUNDA und EL-KASSABY 2012; MCKINNEY et al. 2014). Deshalb muss die Grundgesamtheit, aus der Individuen ausgewählt werden, auch sehr groß sein, um Flaschenhalseffekte abzuschwächen. In allgemeinen Erhaltungsprogrammen sollten daher Individuen berücksichtigt werden, die vor allem widerstandsfähig sind. Grundsätzlich sollten alle Individuen, die das Eschentriebsterben überleben, erhalten werden, um eine möglichst breite genetische Vielfalt zu sichern. Geringeres Wachstum zusammen mit geringerer Widerstandsfähigkeit vermindert langfristig die Konkurrenzfähigkeit von Sämlingen und jungen Bäumen gegenüber der umgebenden Vegetation. ENDERLE et al. (2017) stellten bei Bäumen mit mehr als 50 Prozent Kronenschäden eine Abnahme des Höhenwachstums fest und vermuteten, dass sie in der Naturverjüngung weniger konkurrenzfähig sein würden. Dies erfordert dann wiederum besondere Maßnahmen für der Erhalt der Esche in der forstlichen Praxis (STEINHART et al. 2024).

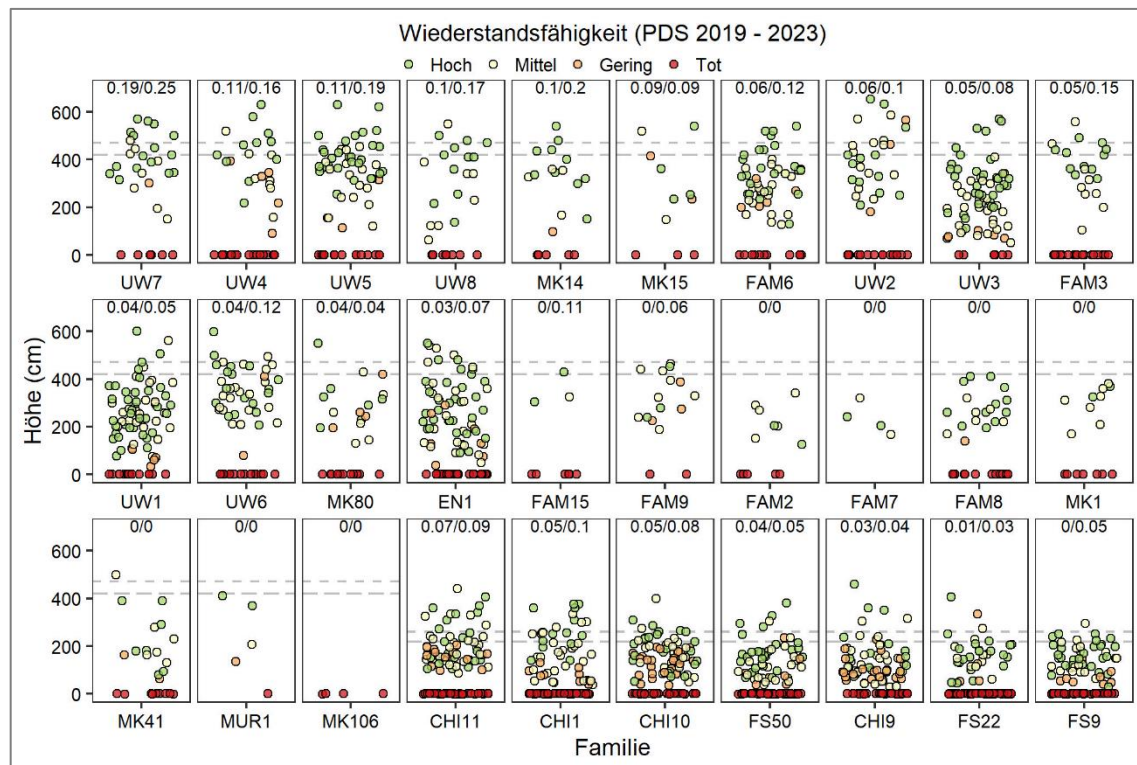


Abbildung 4: Pflanzhöhe der Nachkommen im Jahr 2023 (Alter 10 bzw. 11 Jahre) je Familie. Die Werte im oberen Teil der Teilflächen geben den Anteil der sehr widerstandsfähigen und gleichzeitig höchsten 10 % bzw. 20 % der Nachkommen wieder. Die kurz gestrichelte und die lang gestrichelte graue Linie stellen die Schwellenwerte für die Höchsten 10 % bzw. 20 % je Pflanzjahr dar. Tote Individuen wurden dabei nicht berücksichtigt und sind daher mit einer Höhe von Null dargestellt. Die Farbe der Punkte entsprechen den Widerstandsklassen. Die Familien der Bestände CHI11 bis FS9 wurden 2016 gepflanzt. Die restlichen Familien wurden 2015 gepflanzt. Die Familien sind nach Pflanzjahr und dem Anteil der sehr widerstandsfähigen Höchsten 10 % angeordnet. Zur Verringerung der Überlappung der Punkte sind die Werte mit einer Abweichung in x-Richtung dargestellt.

Figure 4: Plant height of progeny in 2023 (at 10 or 11 years old) per family. The values in the upper part of the rectangles show the proportion of very resistant and at the same time the tallest 10 % and 20 % of the progeny. The short dashed and long dashed grey lines represent the threshold values for the tallest 10 % and tallest 20 % per planting year. Dead individual trees were not taken into account and are thus shown with a height of zero. The colours of the dots correspond to the resistance classes. The families of the CHI11 stands to FS9 were planted in 2016. The remaining families were planted in 2015. The families are arranged according to planting year and the proportion of the very resistant tallest 10 %. To reduce the overlapping of the points, values deviate in the x-direction.

Schlussfolgerungen für den In-situ-Erhalt der Esche

Angeichts des enormen natürlichen Verjüngungspotenzials der Esche besteht die Chance, dass zumindest einige Individuen in den Beständen widerstandsfähiger gegen die Krankheit sind. Eine geeignete Waldbewirtschaftung zur *In-situ*-Erhaltung sollte daher die Naturverjüngung fördern, dauerhaft Wildverbiss verringern, vitale Reproduktionsbäume erhalten, zwischenartliche Konkurrenz minimieren sowie das Eschentriebsterben durch Verringerung des Krankheitsdrucks eindämmen (PUŠPURE et al. 2016; ENDERLE und FUSSI et al. 2017; HEINZE et al. 2017; PLUMB et al. 2020; JOCHNER-OETTE et al. 2021; STEINHART et al. 2024). Neben dem Erhalt angepasster Genotypen wirken sich diese Maßnahmen dann wiederum positiv auf die genetische Vielfalt und das natürliche

Anpassungspotenzial der Esche aus. (LÉVESQUE et al. 2023). Aufgrund der polygenen Eigenschaft der Widerstandsfähigkeit benötigt es lange Zeiträume, bis sich wenig anfällige Eschenpopulationen durch die Naturverjüngung etablieren (EVANS 2019; TURCZAŃSKI et al. 2021). In der waldbaulichen Praxis könnten daher Anpflanzungen von hoch und mäßig widerstandsfähigen Individuen in Betracht gezogen werden, entweder um bestehende Bestände mit angepassten Eschen, z.B. in der Verjüngung, anzureichern oder um stark geschädigte Eschenbestände wiederherzustellen (LÉVESQUE et al. 2023). Die Erblichkeit (Heritabilität) der Widerstandsfähigkeit beträgt 37 % – 53 % (PLIURA et al. 2011; KJÆR et al. 2012; LOBO et al. 2014; MUÑOZ et al. 2016). Daher könnten Samenplantagen, entweder von Klonen oder Sämlingen, mit widerstandsfähigeren Genotypen weniger anfälliges Vermehrungsmaterial liefern. Von dem ausgebrachten Vermehrungsgut würden im weiteren Verlauf die am besten geeigneten Eschen durch natürliche Prozesse selektiert werden.

Danksagung

Besonderer Dank gilt Andreas Zaiser für die Anlage, Pflege und Instandhaltung des Nachkommenschaftsversuchs und den vielen Kolleginnen und Kollegen, die an den jährlichen Aufnahmen beteiligt waren.

Für die finanzielle Unterstützung bedanken wir uns beim Bayerischen Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft, Forsten und Tourismus, dem Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft sowie dem Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz (finanziert aus Fördermitteln des Waldklimafonds unter der Projekträgerchaft der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. mit dem Förderkennzeichen 2219WK21B4).

Literatur

- BAKYS, R.; VASILIAUSKAS, A.; IHRMARK, K.; STENLID, J.; MENKIS, A. und VASAITIS, R. (2011): Root rot, associated fungi and their impact on health condition of declining *Fraxinus excelsior* stands in Lithuania. In: Scandinavian Journal of Forest Research, 26 (2), 128–135, doi: 10.1080/02827581.2010.536569.
- BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B. und WALKER, S. (2015): Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. In: Journal of Statistical Software, 67 (1), doi: 10.18637/jss.v067.i01.
- BECK, P.; CAUDULLO, G.; TINNER, W. und RIGO, D. de (2016): *Fraxinus excelsior* in Europe: distribution, habitat, usage and threats. Publication Office of the European Union, Luxembourg.
- BENJAMINI, Y. und HOCHBERG, Y. (1995): Controlling the False Discovery Rate: A Practical and Powerful Approach to Multiple Testing. In: Journal of the Royal Statistical Society Series B, 57 (1), 289–300, doi: 10.1111/j.2517-6161.1995.tb02031.x.
- BÖHM, J. W.; ZÜBERT C.; KAHLENBERG, G.; JOCHNER-OETTE, S. und KUBE, M. (2024): Load of the Ash Dieback Pathogen *Hymenoscyphus fraxineus* differs in Soil. In: Journal of Plant Diseases and Protection.
- BRASIER, C. B. (2008): The biosecurity threat to the UK and global environment from international trade in plants. In: Plant Pathology, 57 (5), 792–808, doi: 10.1111/j.1365-3059.2008.01886.x.
- BRUNSON, J. C. (2020): ggalluvial: Layered Grammar for Alluvial Plots. In: Journal of open source software, 5 (49), doi: 10.21105/joss.02017.
- BURAS, A. und MENZEL, A. (2019): Projecting Tree Species Composition Changes of European Forests for 2061–2090 Under RCP 4.5 and RCP 8.5 Scenarios. In: Frontiers in Plant Science, 9, 435160, doi: 10.3389/fpls.2018.01986.

- CAUDULLO, G.; WELK, E. und SAN-MIGUEL-AYANZ, J. (2017): Chorological maps for the main European woody species. In: Data in Brief, 12, 662–666, doi: 10.1016/j.dib.2017.05.007.
- CHARLESWORTH, B. (2009): Effective population size and patterns of molecular evolution and variation. In: Nature Reviews Genetics, 10 (3), 195–205, doi: 10.1038/nrg2526.
- CLEARY, M.; NGUYEN, D.; MARČIULYNIENĖ, D.; BERLIN, A.; VASAITIS, R. und STENLID, J. (2016): Friend or foe? Biological and ecological traits of the European ash dieback pathogen *Hymenoscyphus fraxineus* in its native environment. In: Scientific Reports, 6 (1), 1–11, doi: 10.1038/srep21895.
- COKER, T. L. R.; ROZSYPÁLEK, J.; EDWARDS, A.; HARWOOD, T. P.; BUTFOY, L. und BUGGS, R. J. A. (2019): Estimating mortality rates of European ash (*Fraxinus excelsior*) under the ash dieback (*Hymenoscyphus fraxineus*) epidemic. In: Plants, People, Planet, 1 (1), 48–58, doi: 10.1002/ppp3.11.
- CORWIN, J. A. und KLIEBENSTEIN, D. J. (2017): Quantitative Resistance: More Than Just Perception of a Pathogen. In: The Plant Cell, 29 (4), 655–665, doi: 10.1105/tpc.16.00915.
- DESPREZ-LOUSTAU, M.-L.; FEAU, N.; MOUGOU-HAMDANE, A. und DUTECH, C. (2011): Interspecific and intraspecific diversity in oak powdery mildews in Europe: coevolution history and adaptation to their hosts. In: Mycoscience, 52 (3), 165–173, doi: 10.1007/S10267-010-0100-5.
- DOBROWOLSKA, D.; HEIN, S.; OOSTERBAAN, A.; WAGNER, S.; CLARK, J.; SKOVSGAARD, J. P. (2011): A review of European ash (*Fraxinus excelsior* L.): implications for silviculture. In: Forestry, 84 (2), 133–148, doi: 10.1093/forestry/cpr001.
- DOONAN, J. M.; BUDDE, K. B.; KOSAWANG, C.; LOBO, A.; VERBYLAITE, R.; BREALEY, J. C.; MARTIN, M. D.; PLIŪRA, A.; THOMAS, K.; KONRAD, H.; SEEGMÜLLER, S.; LIZINIEWICZ, M.; CLEARY, M.; NEMESIO-GORRIZ, M.; FUSSI, B.; KIRISITS, T.; GILBERT, M. T. P.; HEUERTZ, M.; KJÆR, E. D. und NIELSEN, L. R. (2023): Multiple, single trait GWAS and supervised machine learning reveal the genetic architecture of *Fraxinus excelsior* tolerance to ash dieback in Europe. In: bioRxiv, doi: 10.1101/2023.12.11.570802.
- ENDERLE, R.; BUßKAMP, J. und METZLER, B. (2017): Growth Performance of Dense Natural Regeneration of *Fraxinus excelsior* under Attack of the Ash Dieback Agent *Hymenoscyphus fraxineus*. In: Baltic Forestry, 23 (1).
- ENDERLE, R.; FUSSI, B.; LENZ HEIKE D.; LANGER, G.; NAGEL, R. und METZLER B. (2017): Ash dieback in Germany: research on disease development, resistance and management options. In: VASAITIS, R. und ENDERLE, R. (Hrsg.), Dieback of European ash (*Fraxinus* spp.) - consequences and guidelines for sustainable management. Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden.
- ENDERLE, R.; METZLER, B.; RIEMER, U. und KÄNDLER, G. (2018): Ash Dieback on Sample Points of the National Forest Inventory in South-Western Germany. In: Forests, 9 (1), 25, doi: 10.3390/f9010025.
- ENDERLE, R.; NAKOU, A.; THOMAS, K. und METZLER, B. (2015): Susceptibility of autochthonous German *Fraxinus excelsior* clones to *Hymenoscyphus pseudoalbidus* is genetically determined. In: Annals of Forest Science, 72 (2), 183–193, doi: 10.1007/s13595-014-0413-1.
- ENDERLE, R.; STENLID, J. und VASAITIS, R. (2019): An overview of ash (*Fraxinus* spp.) and the ash dieback disease in Europe. In: CABI Reviews, 1–12, doi: 10.1079/PAVSNNR201914025.
- ENNOS, R. A. (2015): Resilience of forests to pathogens: an evolutionary ecology perspective. In: Forestry, 88 (1), 41–52, doi: 10.1093/forestry/cpu048.
- EVANS, M. R. (2019): Will natural resistance result in populations of ash trees remaining in British woodlands after a century of ash dieback disease? In: Royal Society open science, 6 (8), 190908, doi: 10.1098/rsos.190908.
- FALCONER, D. S. (1960): Introduction to quantitative genetics. Oliver and Boyd, Edinburgh and London, UK.
- FERRARI, R. C.; CHANO, V.; SHRESTHA, K.; DOMINGUEZ-FLORES, T.; RIDLEY, M.; FUSSI, B.; SEIDEL, H.; GAILING, O. und BUDDE, K. B. (in Überarbeitung): Transcriptional profiling of *Fraxinus excelsior* leaves during the early infection phase of ash dieback. In: Journal of Plant Diseases and Protection.
- FOX, J. und WEISBERG, S. (2019): An R Companion to Applied Regression. Sage, Thousand Oaks CA.
- FRAXIGEN (2005): Ash species in Europe: Biological characteristics and practical guidelines for sustainable. Oxford Forestry Institutes, Oxford.
- FUNDA, T. und EL-KASSABY, Y. A. (2012): Seed orchard genetics. In: CABI Reviews, 1–23, doi: 10.1079/PAVSNNR20127013.

- GEILS, B. W.; HUMMER, K. E. und HUNT, R. S. (2010): White pines, Ribes, and blister rust: a review and synthesis. In: *Forest Pathology*, 40 (3-4), 147–185, doi: 10.1111/j.1439-0329.2010.00654.x.
- GEORGE, J.-P.; SANDERS, T. G. M.; TIMMERMAN, V.; POTOČIĆ, N. und LANG, M. (2022): European-wide forest monitoring substantiate the necessity for a joint conservation strategy to rescue European ash species (*Fraxinus* spp.). In: *Scientific Reports*, 12 (1), 1–12, doi: 10.1038/s41598-022-08825-6.
- GOUGHERTY, A. V. (2023): Emerging tree diseases are accumulating rapidly in the native and non-native ranges of Holarctic trees. In: *NeoBiota*, 87, 143–160, doi: 10.3897/neobiota.87.103525.
- GROSS, A.; HOLDENRIEDER, O.; PAUTASSO, M.; QUELOZ, V. und SIEBER, T. N. (2014): *Hymenoscyphus pseudoalbidus*, the causal agent of European ash dieback. In: *Molecular plant pathology*, 15 (1), doi: 10.1111/mpp.12073.
- GRÜNWARD, N. J.; GARBELOTTO, M.; GOSS, E. M.; HEUNGENS, K. und PROSPERO, S. (2012): Emergence of the sudden oak death pathogen *Phytophthora ramorum*. In: *Trends in Microbiology*, 20 (3), 131–138, doi: 10.1016/j.tim.2011.12.006.
- HEINZE, B.; TIEFENBACHER, H.; LITSCHAUER, R. und KIRISITS, T. (2017): Ash dieback in Austria – history, current situation and outlook. In: VASAITIS, R. und ENDERLE, R. (Hrsg.), *Dieback of European ash (Fraxinus spp.) - consequences and guidelines for sustainable management*. Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden.
- HOTHORN, T.; BRETZ, F. und WESTFALL, P. (2008): Simultaneous inference in general parametric models. In: *Biometrical journal. Biometrische Zeitschrift*, 50 (3), 346–363, doi: 10.1002/bimj.200810425.
- HULTBERG, T.; SANDSTRÖM, J.; FELTON, A.; ÖHMAN, K.; RÖNNBERG, J.; WITZELL, J. und CLEARY, M. (2020): Ash dieback risks an extinction cascade. In: *Biological Conservation*, 244, 108516, doi: 10.1016/j.biocon.2020.108516.
- JOCHNER-OETTE, S.; ROHRER, T.; EISEN, A.-K.; TÖNNES, S. und STAMMEL, B. (2021): Influence of Forest Stand Structure and Competing Understory Vegetation on Ash Regeneration—Potential Effects of Ash Dieback. In: *Forests*, 12 (2), 128, doi: 10.3390/f12020128.
- KJÆR, E. D.; MCKINNEY, L. V.; NIELSEN, L. R.; HANSEN, L. N. und HANSEN, J. K. (2012): Adaptive potential of ash (*Fraxinus excelsior*) populations against the novel emerging pathogen *Hymenoscyphus pseudoalbidus*. In: *Evolutionary Applications*, 5 (3), 219–228, doi: 10.1111/j.1752-4571.2011.00222.x.
- KLESSE, S.; ABEGG, M.; HOPF, S. E.; GOSSNER, M. M.; RIGLING, A. und QUELOZ, V. (2021): Spread and Severity of Ash Dieback in Switzerland – Tree Characteristics and Landscape Features Explain Varying Mortality Probability. In: *Frontiers in Forests and Global Change*, 4, doi: 10.3389/ffgc.2021.645920.
- KLESSE, S.; ARX, G. von; GOSSNER, M. M.; HUG, C.; RIGLING, A. und QUELOZ, V. (2021): Amplifying feedback loop between growth and wood anatomical characteristics of *Fraxinus excelsior* explains size-related susceptibility to ash dieback. In: *Tree physiology*, 41 (5), 683–696, doi: 10.1093/treephys/tpaa091.
- KOWALSKI, T. (2006): *Chalara fraxinea* sp. nov. associated with dieback of ash (*Fraxinus excelsior*) in Poland. In: *Forest Pathology*, 36 (4), 264–270, doi: 10.1111/j.1439-0329.2006.00453.x.
- LANDOLT, J.; GROSS, A.; HOLDENRIEDER, O. und PAUTASSO, M. (2016): Ash dieback due to *Hymenoscyphus fraxineus*: what can be learnt from evolutionary ecology? In: *Plant Pathology*, 65 (7), 1056–1070, doi: 10.1111/ppa.12539.
- LANGENBRUCH, C.; HELFRICH, M. und FLESSA, H. (2012): Effects of beech (*Fagus sylvatica*), ash (*Fraxinus excelsior*) and lime (*Tilia spec.*) on soil chemical properties in a mixed deciduous forest. In: *Plant and Soil*, 352 (1), 389–403, doi: 10.1007/s11104-011-1004-7.
- LENTH, R. V. (2022): emmeans: Estimated Marginal Means, aka Least-Squares Means. R package version 1.7.3.
- LENZ, H.; BARTHA, B.; STRABER, L. und LEMME, H. (2016): Development of Ash Dieback in South-Eastern Germany and the Increasing Occurrence of Secondary Pathogens. In: *Forests*, 7 (2), 41, doi: 10.3390/f7020041.
- LÉVESQUE, M.; BUSTAMANTE EDUARDO, J. I. und QUELOZ, V. (2023): Potential alternative tree species to *Fraxinus excelsior* in European forests. In: *Frontiers in Forests and Global Change*, 6, 1048971, doi: 10.3389/ffgc.2023.1048971.

- LOBO, A.; HANSEN, J. K.; MCKINNEY, L. V.; NIELSEN, L. R. und KJÆR, E. D. (2014): Genetic variation in dieback resistance: growth and survival of *Fraxinus excelsior* under the influence of *Hymenoscyphus pseudoalbidus*. In: Scandinavian Journal of Forest Research, 29 (6), 519–526, doi: 10.1080/02827581.2014.950603.
- LYGIS, V.; VASILIAUSKAS, R.; LARSSON, K.-H. und STENLID, J. (2005): Wood-inhabiting fungi in stems of *Fraxinus excelsior* in declining ash stands of northern Lithuania, with particular reference to *Armillaria cepistipes*. In: Scandinavian Journal of Forest Research, 20 (4), 337–346, doi: 10.1080/02827580510036238.
- MARIGO, G.; PELTIER, J.-P.; GIREL, J. und PAUTOU, G. (2000): Success in the demographic expansion of *Fraxinus excelsior* L. In: Trees, 15 (1), 1–13, doi: 10.1007/s004680000061.
- MCKINNEY, L. V.; NIELSEN, L. R.; COLLINGE DAVID B.; THOMSEN, I. M.; HANSEN, J. K. und KJÆR, E. D. (2014): The ash dieback crisis: genetic variation in resistance can prove a long-term solution. In: Plant Pathology, 63 (3), 485–499, doi: 10.1111/ppa.12196.
- MCKINNEY, L. V.; NIELSEN, L. R.; HANSEN, J. K. und KJÆR, E. D. (2011): Presence of natural genetic resistance in *Fraxinus excelsior* (Oleraceae) to *Chalara fraxinea* (Ascomycota): an emerging infectious disease. In: Heredity, 106 (5), 788–797, doi: 10.1038/hdy.2010.119.
- METHERINGHAM, C. L.; PLUMB, W. J.; STOCKS, J. J.; KELLY, L. J.; GORRIZ, M. N.; MOAT, J.; BUGGS, R. J. A. und NICHOLS, R. A. (2022): Rapid polygenic adaptation in a wild population of ash trees under a novel fungal epidemic. In: bioRxiv, doi: 10.1101/2022.08.01.502033.
- MITCHELL, R. J.; BEATON, J. K.; BELLAMY, P. E.; BROOME, A. C.; CHETCUTI, J.; EATON, S.; ELLIS, C. J.; GIMONA, A.; HARMER, R.; HESTER, A. J.; HEWISON, R. L.; HODGETTS, N. G.; IASON, G. R.; KERR, G.; LITTLEWOOD, N. A.; NEWAY, S.; POTTS, J. M.; POZSGAI, G.; RAY, D.; SIM, D. A.; STOCKAN, J. A.; TAYLOR, A. F. S. und WOODWARD, S. (2014): Ash dieback in the UK: A review of the ecological and conservation implications and potential management options. In: Biological Conservation, 175, 95–109, doi: 10.1016/j.biocon.2014.04.019.
- MUÑOZ, F.; MARÇAIS, B.; DUFOUR, J. und DOWKIW, A. (2016): Rising Out of the Ashes: Additive Genetic Variation for Crown and Collar Resistance to *Hymenoscyphus fraxineus* in *Fraxinus excelsior*. In: Phytopathology, 106 (12), 1535–1543, doi: 10.1094/PHYTO-11-15-0284-R.
- NIELSEN, L. R.; MCKINNEY, L. V.; HIETALA, A. M. und KJÆR, E. D. (2017): The susceptibility of Asian, European and North American *Fraxinus* species to the ash dieback pathogen *Hymenoscyphus fraxineus* reflects their phylogenetic history. In: European Journal of Forest Research, 136 (1), 59–73, doi: 10.1007/s10342-016-1009-0.
- PAUTASSO, M.; AAS, G.; QUELOZ, V. und HOLDENRIEDER, O. (2013): European ash (*Fraxinus excelsior*) dieback – A conservation biology challenge. In: Biological Conservation, 158, 37–49, doi: 10.1016/j.biocon.2012.08.026.
- PETERS, S.; FUCHS, S.; BIEN, S.; BUßKAMP, J.; LANGER, G. J. und LANGER, E. J. (2023): Fungi associated with stem collar necroses of *Fraxinus excelsior* affected by ash dieback. In: Mycological Progress, 22 (7), 1–29, doi: 10.1007/s11557-023-01897-2.
- PLIŪRA, A.; LYGIS, V.; SUCHOCKAS, V. und BARTKEVIČIUS, E. (2011): Performance of twenty four European *Fraxinus excelsior* populations in three Lithuanian progeny trials with a special emphasis on resistance to *Chalara fraxinea*. In: Baltic Forestry, 17 (17), 17–34.
- PLUMB, W. J.; COKER, T. L. R.; STOCKS, J. J.; WOODCOCK, P.; QUINE, C. P.; NEMESIO-GORRIZ, M.; DOUGLAS, G. C.; KELLY, L. J. und BUGGS, R. J. A. (2020): The viability of a breeding programme for ash in the British Isles in the face of ash dieback. In: Plants, People, Planet, 2 (1), 29–40, doi: 10.1002/ppp3.10060.
- PRATT, J. (2017): Management and use of Ash in Britain from the prehistoric to the present: some implications for its preservation. In: VASAITIS, R. und ENDERLE, R. (Hrsg.), Dieback of European ash (*Fraxinus* spp.) - consequences and guidelines for sustainable management. Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden.
- PUŠPŪRE, I.; LAIVIŅŠ, M.; MATISONS, R. und GAITNIEKS, T. (2016): Understory Changes in *Fraxinus excelsior* Stands in Response to Dieback in Latvia. In: Proceedings of the Latvian Academy of Sciences. Section B. Natural, Exact, and Applied Sciences., 70 (3), 131–137, doi: 10.1515/prolas-2016-0021.

- R CORE TEAM (2021): R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- RIGLING, D.; HILFIKER, S.; SCHÖBEL, C.; MEIER, F.; ENGESSER, R.; SCHEIDEGGER, C.; STOFER, S.; SENN-IRLET, B. und QUELOZ, V. (2016): Das Eschentriebsterben. Biologie, Krankheitssymptome und Handlungsempfehlungen. In: Merkblatt für die Praxis.
- ROBINSON, R. A. (1969): Disease resistance terminology. In: Review of Applied Mycology, 48, 593–606.
- ROZSYPÁLEK, J.; DVOŘÁK, M.; LONGAUER, R.; BOTELLA, L.; PROUZA M.; PALOVČÍKOVÁ, D. L. und JANKOVSKÝ, L. (2017): Ash dieback in Lithuania: disease history, research on impact and genetic variation in disease resistance, tree breeding and options for forest management. In: VASAITIS, R. und ENDERLE, R. (Hrsg.), Dieback of European ash (*Fraxinus* spp.) - consequences and guidelines for sustainable management. Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden.
- SAHRAEI, S. E.; CLEARY, M.; STENLID, J.; BRANDSTRÖM DURLING, M. und ELFSTRAND, M. (2020): Transcriptional responses in developing lesions of European common ash (*Fraxinus excelsior*) reveal genes responding to infection by *Hymenoscyphus fraxineus*. In: BMC Plant Biology, 20 (1), 1–11, doi: 10.1186/s12870-020-02656-1.
- SCHERRER, D.; BADER, M. K.-F. und KÖRNER, C. (2011): Drought-sensitivity ranking of deciduous tree species based on thermal imaging of forest canopies. In: Agricultural and Forest Meteorology, 151 (12), 1632–1640, doi: 10.1016/j.agrformet.2011.06.019.
- SCHWANDA, K. und KIRISITS, T. (2016): Pathogenicity of *Hymenoscyphus fraxineus* towards leaves of three European ash species: *Fraxinus excelsior*, *F. angustifolia* and *F. ornus*. In: Plant Pathology, 65 (7), 1071–1083, doi: 10.1111/ppa.12499.
- SEIDEL, H.; ŠEHO, M. und FUSSI, B. (in Überarbeitung): Hope for ash conservation and propagation - single individuals can be highly resistant to an invasive pathogen.
- SEMIZER-CUMING, D.; CHYBICKI, I. J.; FINKELDEY, R. und KJÆR, E. D. (2021): Gene flow and reproductive success in ash (*Fraxinus excelsior* L.) in the face of ash dieback: restoration and conservation. In: Annals of Forest Science, 78 (1), 1–15, doi: 10.1007/s13595-020-01025-0.
- SKOVGAARD, J. P.; THOMSEN, I. M.; SKOVGAARD, I. M. und MARTINUSSEN, T. (2010): Associations among symptoms of dieback in even-aged stands of ash (*Fraxinus excelsior* L.). In: Forest Pathology, 40 (1), 7–18, doi: 10.1111/j.1439-0329.2009.00599.x.
- SOLLARS, E. S. A.; HARPER, A. L.; KELLY, L. J.; SAMBLES, C. M.; RAMIREZ-GONZALEZ, R. H.; SWARBRECK, D.; KAITAKOTIL, G.; COOPER, E. D.; UAUY, C.; HAVLICKOVA, L.; WORSWICK, G.; STUDHOLME, D. J.; ZOHREN, J.; SALMON, D. L.; CLAVIJO, B. J.; LI, Y.; HE, Z.; FELLGETT, A.; MCKINNEY, L. V.; NIELSEN, L. R.; DOUGLAS, G. C.; KJÆR, E. D.; DOWNIE, J. A.; BOSHIER, D.; LEE, S.; CLARK, J.; GRANT, M.; BANCROFT, I.; CACCAMO, M. und BUGGS, R. J. A. (2017): Genome sequence and genetic diversity of European ash trees. In: Nature, 541 (7636), 212–216, doi: 10.1038/nature20786.
- STEINHART, F.; WESTHAUSER, A.; MAUSOLF, K.; OSEWOLD, J.; SCHREWE, F. R.; FISCHER, H.; BURZLAFF, T. und NAGEL, R.-V. (2024): Zukunft der Esche - Empfehlungen zum forstbetrieblichen Umgang mit dem Eschentriebsterben. Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V., Gülzow-Prüzen.
- STENER, L.-G. (2018): Genetic evaluation of damage caused by ash dieback with emphasis on selection stability over time. In: Forest Ecology and Management, 409, 584–592, doi: 10.1016/j.foreco.2017.11.049.
- STOCKS, J. J.; METHERINGHAM, C. L.; PLUMB, W. J.; LEE, S. J.; KELLY, L. J.; NICHOLS, R. A. und BUGGS, R. J. A. (2019): Genomic basis of European ash tree resistance to ash dieback fungus. In: Nature Ecology and Evolution, 3 (12), 1686–1696, doi: 10.1038/s41559-019-1036-6.
- TABARI, K. M. und LUST, N. (1999): Monitoring of natural regeneration in a mixed deciduous forest. In: Silva Gandavensis, 64, doi: 10.21825/sg.v64i0.829.
- THE COUNCIL OF THE EUROPEAN UNION (1992): Council Directive 92/43/EEC of 21 May 1992 on the conservation of natural habitats and of wild fauna and flora.
- TIMMERMANN, V.; NAGY, N. E.; HIETALA, A. M.; BØRJA, I. und SOLHEIM, H. (2017): Progression of Ash Dieback in Norway Related to Tree Age, Disease History and Regional Aspects. In: Baltic Forestry.

- TURCZAŃSKI, K.; DYDESKI, M. K. und RUTKOWSKI, P. (2021): Ash dieback, soil and deer browsing influence natural regeneration of European ash (*Fraxinus excelsior* L.). In: Science of The Total Environment, 752, 141787, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.141787.
- WICKHAM, H. (2016): ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. Springer-Verlag, New York.
- ZHAO, Y.-J.; HOSOYA, T.; BARAL, H.-O.; HOSAKA, K. und KAKISHIMA, M. (2013): *Hymenoscyphus pseudoalbidus*, the correct name for *Lambertella albida* reported from Japan. In: Mycotaxon, 122 (1), 25–41, doi: 10.5248/122.25.

Alternativbaumarten im Klimawandel – nur bei geeigneten und gesicherten Herkünften eine echte Alternative

Randolf Schirmer und Eva Cremer

Zusammenfassung Die Erfahrungen beim Anbau bereits seit langem eingeführter Alternativbaumarten zeigen: Nur bei Verwendung geeigneter, klimatoleranter Herkünfte sind diese eine auch bei fortschreitender Trockenheit und Temperaturerhöhung zukunftstaugliche Alternative. Am Beispiel von Douglasie und Schwarzkiefer wird deutlich, dass nur bestimmte, in Versuchen geprüfte Herkünfte einer Art tatsächlich geeignet sind. Der Gewährleistung der Herkunftssicherheit kommt daher eine Schlüsselrolle zu. Unkontrollierte Ernten - wie bei den ersten Einfuhren von Douglasiensaatgut praktiziert - bedeuten ein nicht vertretbares Risiko.

Schüsselwörter Herkunftseignung, Herkunftssicherheit, Feldversuche, Schwarzkiefer, Douglasie

Abstract Experience with the cultivation of alternative tree species introduced a long time ago shows that these are only a viable alternative for the future even with increasing drought and rising temperatures if suitable, climate-tolerant provenances are used. The example of Douglas fir and black pine clearly shows that only certain, trialled provenances of a species are in fact suitable. Ensuring the certainty of provenance is thus essential. Uncontrolled harvests, as with the first imports of Douglas fir seed, represent an unacceptable risk.

Keywords suitability of provenance, provenance security, field trials, black pine, Douglas fir

1. Einleitung

Die Einführung neuer Baumarten hat in Deutschland eine lange Tradition. Viele dieser Baumarten wurden jedoch bisher schwerpunktmäßig in Parks und im Landschaftsbau verwendet. Zedern, Baumhaseln, Tulpenbäume und Platanen sind Beispiele für Arten, die bis jetzt vorrangig außerhalb des Waldes gepflanzt wurden.

Ein wichtiger Grund für den forstlichen Anbau alternativer, nichtheimischer Arten war bislang die Erweiterung der Palette vermarktungsfähiger Hölzer sowie die Ertragssteigerung. Für diese forstlichen Zwecke wurden nur wenige Arten wie Roteiche, Douglasie und Schwarzkiefer mit Erfolg etabliert.

Grund für den begrenzten Anbauerfolg vieler Arten war vorrangig die mangelnde klimatische Eignung. Unzureichende Winterforsthärte sowie eine ausgeprägte Früh- und Spätfrostgefährdung von Arten aus wärmeren Klimazonen setzten dem Anbau deutliche Grenzen. Zusätzlich schränkte die Anfälligkeit gegen Pilze und ungeeignete Holzeigenschaften den forstlichen Anbau fremder Baumarten ein.

Mit dem ungebremsen Fortschreiten der Klimaerwärmung gilt es, vor allem wärme- und trockenheitstolerantere Arten in zunehmendem Umfang zumindest versuchsweise in Neukulturen zu beteiligen. Trotz der Abnahme strenger Winterfröste ist bis jetzt kein Rückgang der Häufigkeit und Intensität von Spätfrosten nachgewiesen. Untersuchungen zeigen im Gegenteil, dass in den letzten Jahren die Frequenz und Stärke von Spätfrosten in Europa zugenommen hat (ZÖHNER, 2020).

Aktuell zählen die Alternativbaumarten Douglasie, Roteiche und Schwarzkiefer zu den Arten, die nach den Leitlinien „Baumarten für den Klimawald“ der Bayerischen Forstverwaltung allgemein zum Anbau empfohlen sind. Diese Arten sind in Bayern bereits regional in unterschiedlichem Umfang am Waldaufbau beteiligt. Im Staatsforstbetrieb Heigenbrücken im Spessart beträgt der Douglasienanteil beispielsweise 5 % (MÖGES et al., 2008). Sie ist dort auch aus betriebswirtschaftlicher Sicht eine ökonomisch wertvolle Beimischung. In den letzten Jahren wurde die Douglasie als Ersatz für Fichte auf trockenen Standorten zunehmend in waldbaulichen Kreisen diskutiert.

2. Rückblick und künftige Herausforderungen

Das heute entscheidende Argument für die notwendige Einführung zusätzlicher Arten aus anderen Regionen ist die im Klimawandel erforderliche Toleranz gegenüber Trockenheit und Hitze. In den besonders niederschlagsarmen Regionen Frankens geht es vorrangig darum, langfristig Wald zu erhalten.

Wegen der sich grundlegend verändernden klimatischen Rahmenbedingungen müssen die Kriterien für die Verwendung nichtheimischer Arten neu bewertet werden. Naturschutzfachliche Bedenken gegenüber „Fremdländern“ sind unter diesen Voraussetzungen weniger stark zu gewichten wie forstliche Bedenken im Hinblick auf eine geringere Produktivität dieser Arten. Bei der notwendigen Anlage von Testpflanzungen dürfen die Erfahrungen der Vergangenheit nicht vergessen werden.

Als warnendes Beispiel ist das Vorgehen beim beginnenden Import von Douglassiensaatgut zu nennen. Erste forstliche Anbauten erfolgten im Schwarzwald bereits 1868 (WEZEL, 2008). Ab den 1920er Jahren wurde dann in steigendem Umfang Saatgut dieser Alternativbaumart nach Deutschland eingeführt. Die Saatguternte erfolgte durch private Firmen in unterschiedlichen Regionen der USA und Kanadas. Da zu jener Zeit kein gesichertes Wissen über Herkunftsunterschiede dieser in Amerika weit verbreiteten Baumart vorhanden war, entwickelten sich die ersten deutschen Anbauten in der forstlichen Praxis sehr heterogen: In Baden-Württemberg musste 1940 ein amtliches Anbauverbot erlassen werden (KENK und THREN, 1984). Die dort zufällig flächig angebaute graue Varietät aus dem kontinental-amerikanischen Inlandsbereich war schwachwüchsig, spätfrostgefährdet und zugleich massiv von rostiger Douglassenschütte (*Rhabdocline pseudotsugae*) betroffen. In Bayern kamen in dieser Zeit durch Zufall verstärkt Herkünfte der grünen Küstenform zur Aussaat. Sie entwickelten sich deutlich besser.

Wegen der sehr uneinheitlichen Entwicklung dieser ersten Praxisanbauten erfolgten in den 1970er Jahren amtlich kontrollierte Saatguternten in Nordkalifornien, Oregon und Washington. Das AWG sowie Kollegialstellen anderer deutscher Bundesländer waren bei diesen Ernten vor Ort und konnten damit eine umfassende Herkunftssicherheit gewährleisten. Alle importierten Saatgutpartien konnten Beständen mit bestimmter Höhenlage, Temperatur- und Niederschlagsverhältnissen zugeordnet werden. Mit Hilfe der daraus nach wissenschaftlichen Kriterien angelegten Provenienzversuche wurden Herkunftsunterschiede nachgewiesen und daraus Herkunftsempfehlungen für den praktischen Anbau in Deutschland abgeleitet (Konnert et al., 2008). Die damals auch in südlicheren, warm-trockenen Regionen geernteten Herkünfte fielen in den Versuchspflanzungen durch Winter- und Spätfröste frühzeitig aus.

In Anbetracht dieser Erfahrungen sind für die Einführung neuer Alternativbaumarten folgende Schritte notwendig:

- Eingrenzung des Baumartenspektrums auf Arten, die nach aktueller fachlicher Einschätzung zur Ergänzung der Baumartenpalette in Frage kommen. Die bayerische Leitlinie „Baumarten für den Klimawald“ (2020) bietet hierfür eine geeignete Arbeitsgrundlage.
- Testung dieser Klimabaumarten: Der private Waldbesitzer ist grundsätzlich frei, um Baumarten und Herkünfte seiner Wahl auszuprobieren. Es werden jedoch die in Bayern staatlich geförderten Praxisanbauversuche (PAV) empfohlen, damit die auf diesen Flächen dokumentierten Anbauerfahrungen auch anderen Waldeigentümern verfügbar gemacht werden können. Voraussetzung für eine belastbare Einwertung der Herkunftsunterschiede in diesen Anbauversuchen ist die zutreffende Dokumentation des Herkunftsorts.
- Anlage von wissenschaftlich aufgebauten und somit statistisch auswertbaren Herkunftsversuchen. Nur diese Versuchsanlagen ermöglichen nachvollziehbare Versuchsergebnisse und eine überprüfbare Dokumentation von Herkunftsunterschieden, die über das empirische Niveau von Praxisanbauversuchen hinausgehen.

Viele der im Klimawandel interessanten Baumarten unterliegen nicht den gesetzlichen Regelungen der EU-Richtlinie 1999/105 bzw. des Forstvermehrungsgutgesetzes (FoVG). Saatgut der trocken-toleranten heimischen Arten von Feldahorn, Walnuss, Wildobst, Traubenkirsche, Eibe und den Sorbus- und Ulmenarten kann ohne jede gesetzliche Vorgabe beerntet und das daraus gezogene Pflanzgut in Verkehr gebracht werden. Bei den nichtheimischen Arten fehlen ebenfalls für sehr viele Arten rechtliche Regelungen zur Gewährleistung der Herkunftssicherheit. So ist die lückenlose Nachverfolgbarkeit des Vermehrungsguts vom Ernteort bis zur Auspflanzung für folgende Baumarten rechtlich nicht vorgegeben: Baumhasel, Ungarische Eiche, Orientbuche, Silberlinde, Bornmüllertanne, Nordmanntanne, Balkankiefer, Schwarznuss, Tulpenbaum, Platane und Kastanienblättrige Eiche. Die Herkunftssicherheit bei allen genannten Arten ist somit abhängig von der Arbeitsqualität und Kooperationsbereitschaft beteiligter Saatguterntefirmen, Baumschulen und Pflanzenhändler. Besonders bei ausschließlich im Ausland zu beschaffenden Baumarten ist das Risiko - auch wegen der besonders langen Lieferkette von der Saatguternte bis zur ausgelieferten Pflanze - einer auf Grund von wirtschaftlichen Überlegungen oder zufällig vertauschten Herkunftsbezeichnung nicht zu unterschätzen.

Fälle, in denen ein Waldbesitzer Baumhasel bestellt, aber Strauchhasel geliefert bekommen hat, sind bekannt. Sie sind die Ausnahme, da die Artunterscheidung nach Auspflanzung eine Überprüfung durch den Waldbesitzer zulässt und zivilrechtlich eine Ersatzlieferung einforderbar ist. Die phänotypische Überprüfung der Lieferung einer falschen Herkunft ist dagegen für den Waldbesitzer unmöglich. Herkunftssicherheit bei allen zuvor genannten Arten kann nur durch kontrollierte Ernten bzw. durch die Verwendung herkunftszertifizierter Pflanzen erreicht werden.

Gewährleistete Herkunftssicherheit ist jedoch zwingende Voraussetzung für die Bewertung der Herkunftseignung der in Testanbauten verwendeten Baumarten. Nur wenn zweifelsfrei feststeht, aus welchem Bestand einer Region das Saatgut kommt, können Standorts- und Klimadaten der Herkunftsregion in Bezug zur Standortssituation des Testanbaus gesetzt, Herkunftsunterschiede benannt und zutreffend zugeordnet werden. Diese Bewertung der Herkunftseignung ist Voraussetzung für die Ableitung praxistauglicher Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen (Abbildung 1).

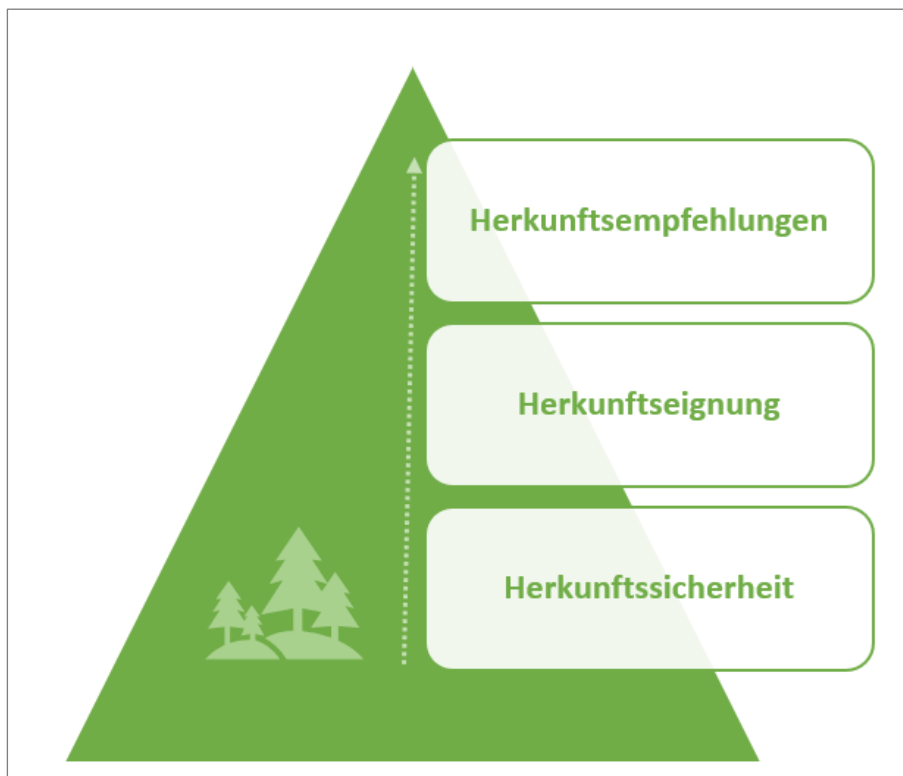


Abbildung 1: Voraussetzungen für erfolgreiche Forstkulturen

Figure 1: Basic requirements for successful forestry cultivations

Maximal mögliche Herkunftssicherheit bei der Gewinnung von Saatgut ist nur durch amtlich begleitete, kontrollierte Ernten und durch sichergestellte Rückstellproben von Vermehrungsgut möglich. Bei Saatguternten von Douglasie in Nordamerika wurden kontrollierte Ernten allerdings erst durchgeführt, nachdem massive Rückschläge beim Anbau dieser Art aufgetreten waren. Dieser Fehler darf sich bei den Saatguternten der neuen Alternativbaumarten nicht wiederholen.

In den letzten Jahrzehnten sind große Fortschritte bei der genetischen Charakterisierung von Waldbäumen erzielt worden. Genetisch basierte Zertifizierungsverfahren bieten Herkunftssicherheit mittels Rückstellproben zur Überprüfbarkeit der Herkunft von Forstpflanzen.

Die beiden in Deutschland angewendeten Zertifizierungssysteme basieren auf Datenbankdokumentation in Verbindung mit stichprobenbasierten genetischen Identitätsprüfungen an eingelagerten Rückstellproben von Saatgut, Erntebäumen und Forstpflanzen. Durch solche Vergleichsanalysen ist es möglich, eine angezogene Pflanzenpartie der entsprechenden Saatgutpartie und damit dem entsprechenden Erntebestand zuzuordnen.

Darüber hinaus ermöglichen genetische Charakterisierungen von Saatgutpartien bei einigen Baumarten eine grobe Zuordnung zu Herkunftsregionen anhand von spezifischen Allelen und Allelhäufigkeiten (z.B. HINTERSTEINER et al., 2018). Bei Douglasie lassen die genetischen Muster beispielsweise erkennen, ob das Saatgut aus dem Küstenbereich der grünen Varietäten oder dem Inlandsbereich der grauen Varietäten stammt (Abbildung2).

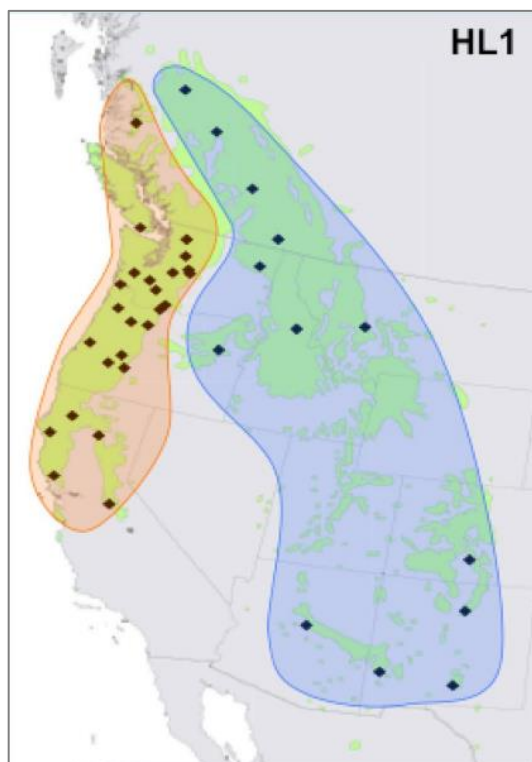


Abbildung 2: Geografische Verteilung der beiden genetischen Cluster für Douglasie in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet aus HINTERSTEINER et al. (2018): Küstenbereich (rot) und Rocky Mountains (blau)

Figure 2: Geographical distribution of the two genetic clusters for Douglas fir in its natural range according to HINTERSTEINER et al. (2018): coastal area (red) and Rocky Mountains (blue)

2.1 Gewährleistung der Herkunftssicherheit

In Feldversuchen ermöglichen gesicherte Herkünfte die Beurteilung von Anpassbarkeit an aktuelle Umweltbedingungen und Anpassungsfähigkeit an sich im Klimawandel ändernde klimatische Anforderungen. Herkunftssicherheit ist daher Grundvoraussetzung für langfristig erfolgreiche forstliche Neukulturen. Bei nicht der EU-Richtlinie und dem FoVG unterliegenden Baumarten, die in geförderten Praxisanbauversuchen oder in regulären Anbauten getestet werden, gilt diese Aussage ebenfalls uneingeschränkt. Bei den Alternativbaumarten kann nur durch amtlich kontrollierte Ernten - analog zur Erntekontrolle und Überwachung der Pflanzenvertriebsstrukturen bei den nach FoVG geregelten forstlichen Hauptbaumarten - eine Grundlage für Herkunftssicherheit hergestellt werden. Allerdings ist bei diesen Arten zeitnah keine Änderung der Rechtslage zu erwarten. Zusätzlich ist bei im Ausland geerntetem Saatgut eine staatliche Kontrolle der Ernte und Vertriebswege nur schwer umsetzbar.

Bei den zuvor genannten, gesetzlich nicht kontrollierbaren Alternativbaumarten kann nur durch herkunftszertifiziertes Vermehrungsgut mittels genetisch abgleichbarer Rückstellproben bei der Ernte vor Ort dem Waldbesitzer maximal mögliche Herkunftssicherheit gewährleistet werden. Der Zertifizierung von Saatgutpartien besonders im Ausland geernteter Alternativbaumarten kommt daher im Klimawandel eine sehr hohe Bedeutung zu.

Da die beiden in Deutschland vorhandenen Herkunftszertifizierungssysteme ZüF und FFV privat-rechtlich organisiert und von der Baumschulbranche finanziert sind, wird diese Zertifizierung primär bei den Baumarten Eingang in die Praxis finden, bei denen ein ausreichender Markt vorhanden bzw. künftig zu erwarten ist.

Praxisanbauversuche für viele, saatgutrechtlich nicht kontrollierbare Baumarten werden aktuell mit nicht zertifiziertem Vermehrungsgut angelegt.

Diese Versuche unterliegen dem hohen Risiko, dass sie mit für forstliche Verwendung ungeeignetem Saatgut aus Parks, Alleen und sonstigen leicht beerntbaren Einzelbaumvorkommen begründet werden. Dieses Saatgut ist legal auf dem Markt verfügbar. Die für eine Förderung als Praxisanbauversuch notwendigen Herkunftsangaben sind nicht überprüfbar. Seit 2021 wurden in Bayern bis heute auf einer Fläche von 38,5 ha Praxisanbauversuche für alternative Baumarten nach den Leitlinien „*Baumarten für den Klimawald*“ angelegt (WIMMER und SEHO, 2024). Davon wurden im Privat- und Körperschaftswald auf 21 ha Kulturen mit Baumhasel und Bornmüllertanne gepflanzt. Das Vermehrungsgut dieser beiden Arten unterliegt keiner gesetzlichen Kontrolle und war somit nicht herkunftsgesichert, wenn keine zusätzliche Herkunftszertifizierung vorlag. Pflanzen beider Baumarten wurden im ZüF-Verfahren im genannten Zeitraum nicht zertifiziert angeboten.

Neue Praxisanbauversuche sollten ausschließlich mit zertifiziertem Saat- und Pflanzgut etabliert werden. Nur so ist die in den Leitlinien der Bayerischen Forstverwaltung „*Baumarten für den Klimawald*“ (BAYERISCHES STAATSMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN, 2020) geforderte Verwendung von herkunftsgesichertem forstlichen Saat- und Pflanzgut vor allem bei den gesetzlich nicht kontrollierbaren Alternativbaumarten gewährleistet. Bei der Höhe der Förderung dieser Versuchsanlagen sollte zwischen frei verfügbarem, nicht kontrolliertem Vermehrungsgut und zertifiziertem Material unterschieden werden.

- **Herkunftssicherheit von Alternativbaumarten im Zertifizierungsverfahren ZüF**

Bei Pflanzen, die mit ZüF-Zertifikat ausgeliefert werden, ist deren Abstammung von einem bestimmten Erntebestand, d.h. ihre Herkunft während des gesamten Produktionsprozesses bis zur Auslieferung an den Waldbesitzer, überprüfbar. Dazu werden bei der Ernte gekennzeichnete Referenzproben zurückgelegt, die nach festgelegten Regeln gezogen wurden. Der genetische Vergleich zwischen der Pflanzenprobe, die bei Auslieferung gezogen wurde und der zurückgelegten Saatgutprobe, aus der sie laut Begleitpapieren stammen sollte, lässt eine Überprüfung zu. Die lückenlose Dokumentation aller realen Bewegungen von Saat- und Pflanzgut in der Datenbank ist das zweite entscheidende Instrument bei der ZüF-Zertifizierung (CREMER et al. 2023) (Abbildung 3).

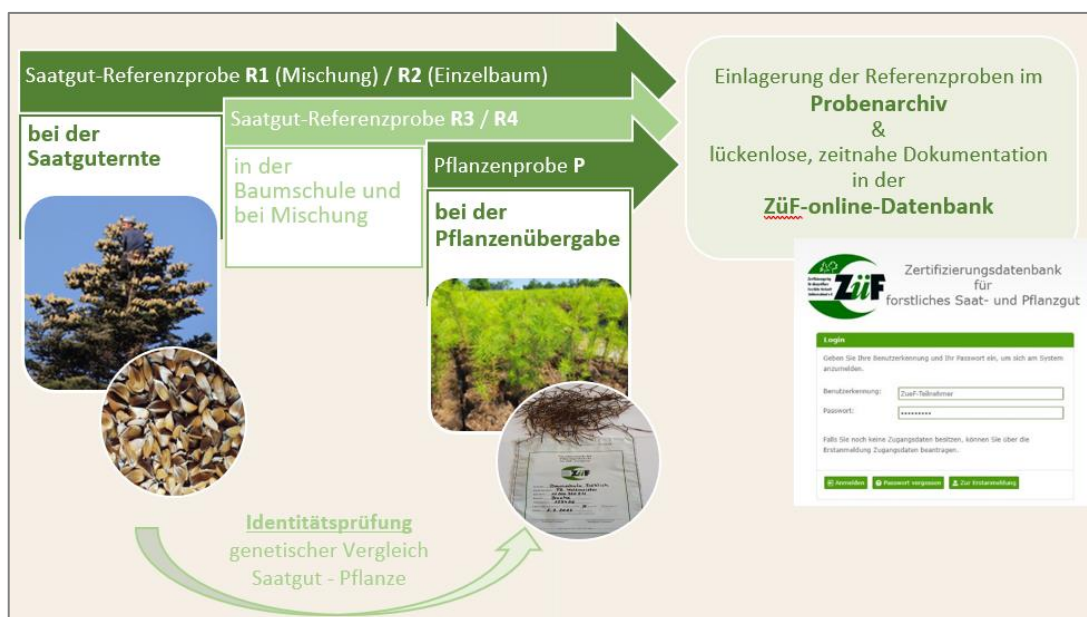


Abbildung 3: Ablaufschema der Referenzprobenziehung im Zertifizierungssystem des ZüF e.V.

Figure 3: Flow chart showing course of reference sampling in the certification system ZüF

Das ZüF-Verfahren wurde zunächst für die forstlichen Hauptbaumarten etabliert. In den letzten Jahren wurde die Palette zertifizierter Arten nach dem Bedarf der Forstpraxis erweitert (z.B. Elsbeere). Erste ZüF-Ernten erfolgten bereits im Ausland (Atlaszeder). Im ZüF-Probelauf befinden sich derzeit die Baumarten Flaumeiche, Baumhasel und Schwarznuss. ZüF-zertifizierte Pflanzen dieser Arten sind erst auf dem Markt verfügbar, wenn eine Machbarkeitsstudie, d.h. der 2-stufige Probelauf abgeschlossen ist (Abbildung 4).

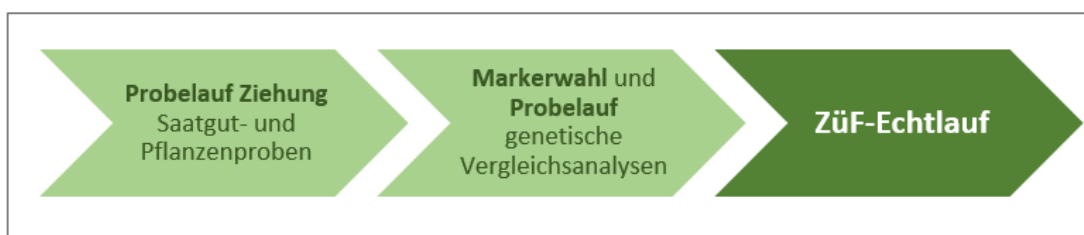


Abbildung 4: Schema des zweistufigen Probelaufs zur Aufnahme von weiteren Baumarten in den Echtlauf des ZüF-Zertifizierungsverfahrens

Figure 4: Scheme of the two-step test-run process for the inclusion of additional tree species in the actual ZüF certification procedure

Im Zusammenhang mit ZüF-Auslandsernten gibt es, neben höheren Kosten der Zertifizierung, Herausforderungen hinsichtlich logistischer und organisatorischer Aspekte zu berücksichtigen. Es muss zwischen EU-Ländern, die wie Deutschland den gesetzlichen Regelungen der EU-Richtlinie 1999/105 unterliegen und Drittländern unterschieden werden. In diesen Ländern außerhalb der EU ist die Übertragung des deutschen Zertifizierungssystems, das z.B. über das Stammzertifikat stark mit den rechtlichen FoVG-Strukturen vernetzt ist, nicht ohne weiteres möglich. Die Herausforderungen für die Bereitstellung von herkunftsgesichertem Vermehrungsgut sind hoch, wenn andere forstsaatrechtliche Vorschriften vorhanden sind und

zusätzlich sprachliche Barrieren überwunden werden müssen. In Nicht-EU-Ländern werden bislang Saatguternten im ZüF-Verfahren nur fallweise und ZüF-begleitet durchgeführt, um die ZüF-Standards zu gewährleisten.

Positive Erfahrungen konnten bei ZüF-Saatguternten in Frankreich und Ungarn gemacht werden. Dort sind gut organisierte Forstverwaltungen vorhanden, mit denen die ZüF-Standards beispielsweise durch Kontrolle der Probenziehung am Ernteort durch einen Forstbeamten umgesetzt wurden.



Abbildung 5: Foto einer ZüF-Saatguternte in einem Flaumeichen-Bestand in Südfrankreich 2022 (oben); daraus angezogene Sämlinge für Praxisanbauversuche 2023 im Pflanzgarten Laufen der BaySF (unten).

Figure 5: Photo of a ZüF-seed harvest in a downy oak stand (Quercus pubescens) in southern France in 2022 (top); seedlings grown from this (in 2023) for practical cultivation trials in the BaySF's Laufen plant nursery (bottom).

2.2 Gewährleistung der Herkunftseignung

Herkunftssicherheit von auf dem Markt angebotenen Vermehrungsgut und Herkunftseignung hinsichtlich Wuchsleistung und genetischer Anpassungsfähigkeit sind Voraussetzung für einen erfolgreichen Anbau im Klimawandel.

Deshalb wurden die Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen (HuV) den Erfordernissen der Klimaentwicklung zum 01.01.2023 angepasst (BAYERISCHES STAATSMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN, 2023). Diese Richtlinie bietet den Waldbesitzern eine erweiterte Palette an Alternativbaumarten und klimaplastisch eingeschätzten Herkünften heimischer Baumarten an. Grundlage dieser Empfehlungen sind u.a. Herkunftsversuche.

Am Beispiel von Douglasie und Schwarzkiefer wird nachstehend aufgezeigt, dass es neben einer geeigneten Baumart zwingend der passenden Herkunft bedarf, um zukunftstaugliche Waldbestände aufzubauen.

3. Feldversuche von Alternativbaumarten

Aus forstgenetischen Herkunftsversuchen mit Douglasie und Schwarzkiefer liegen langjährige Anbauerfahrungen vor. Beide Baumarten kennzeichnet ein sehr großes Verbreitungsgebiet. Die Folge ist eine forstlich bedeutsame innerartliche Differenzierung in Unterarten, Varietäten und Herkünfte.

Abbildung 6 zeigt die Herkunftsunterschiede innerhalb dieser Arten im angehenden Stadium der Jungdurchforstung auf Grundlage der Merkmale Höhe und Brusthöhendurchmesser (BHD). Douglasie weist in diesem Alter deutlich höhere Wuchsleistungen auf als Schwarzkiefer. Innerhalb der Art ist für den Anbau in der Praxis entscheidend, welche Unterart bzw. Varietät zur Auspflanzung kommt. Grüne Küstenherkünfte der Douglasie sowie die korsisch-kalabrische Schwarzkiefern-Unterart *Laricio* haben deutlich bessere Zuwachsleistungen als andere Herkünfte der gleichen Art. Dieses Ergebnis wissenschaftlich betreuter Herkunftsversuchsserien zeigt die entscheidende Notwendigkeit, auch bei neu eingeführten Alternativbaumarten zweifelsfrei herkunftsdefiniertes Saatgut zu verwenden. Sowohl Praxisanbauversuche als auch durch das AWG angelegte Herkunftsversuche benötigen volle Herkunftssicherheit, um hinsichtlich Herkunftseignung belastbare Aussagen treffen zu können. Diese Herkunftssicherheit kann nur mit zertifiziertem Vermehrungsgut sichergestellt werden.

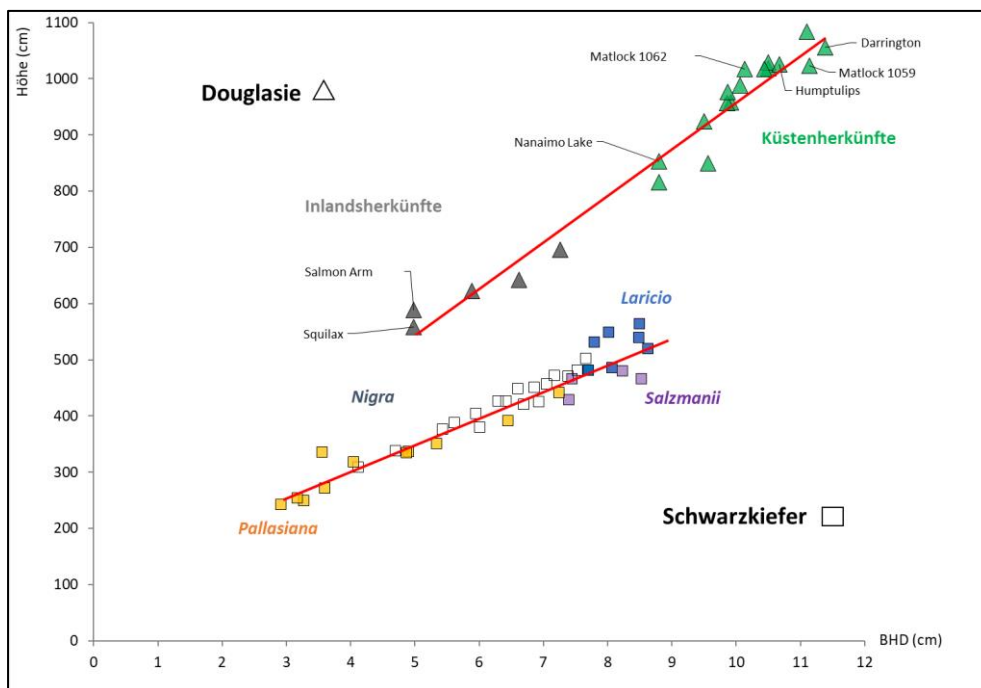


Abbildung 6: Vergleich der Wuchsleistung von autochthonen Douglasienvarietäten und Schwarzkiefern-Unterarten auf bayerischen Versuchsflächen im Alter 14 (aus Daten des AWG- SG 2, 2024, unveröffentlicht). Die Symbole stehen jeweils für den Mittelwert unterschiedlicher Herkünfte.

Figure 6: Comparison of the growth performance of autochthonous Douglas fir varieties and black pine subspecies on Bavarian experimental plots at age 14 (from data of the AWG-SG2, 2024, unpublished). The symbols represent the mean value of different provenances in each case.

Im Umkehrschluss bedeutet dies, dass Praxisanbauversuche ohne Gewährleistung von Herkunftssicherheit lediglich Testpflanzungen von neuen Arten sind, die jeder private Waldbesitzer im Rahmen seiner Bewirtschaftungsfreiheit umsetzen kann. Bei Praxisanbauversuchen ohne zertifiziertes und somit herkunftsgesichertes Pflanzgut ist eine staatliche Förderung zu hinterfragen.

Praxisanbauversuche sollen in kurzen Zeiträumen praxisbezogene Erfahrungen mit neuen Baumarten sammeln (Tab. 1).

Tabelle 1: Gegenüberstellung der Arten von Feldversuchen: Herkunftsversuch (Provenienzversuch) und Praxisanbauversuch

Table 1: Comparison of the types of field trial: provenance trial and cultivation trial in the field

	Herkunftsversuch (HKV)	Praxisanbauversuch (PAV)
Definition	Wissenschaftlich auswertbarer Vergleich von Leistungsfähigkeit, Qualität und Widerstandsfähigkeit verschiedener Herkünfte einer Baumart auf unterschiedlichen Standorten	Testanbau von alternativen Baumarten oder bisher nicht verwendeten einzelnen Herkünften heimischer Baumarten unter praxisüblicher Bewirtschaftung. Ergänzung zu wissenschaftlichen Herkunftsversuchen
Zielsetzung	Bestimmung der besten und anpassungsfähigsten Herkünfte als Grundlage für bayernweite Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen	Regionaler Demonstrationsanbau zur schnellen Gewinnung praxisbezogener Erfahrungen hinsichtlich der Anbaueignung, ggf. Grundlage zur Beratung örtlicher Waldbesitzer
Saatgutbeschaffung Herkunftssicherheit	Kontrollierte Ernten – dadurch hohe Herkunftssicherheit	Herkunftsangaben auf Grundlage des Lieferscheins der Baumschule Herkunftssicherheit eingeschränkt
Erfasste Kennwerte	Einzelbaumweise Erfassung von Überlebensrate, BHD, Höhe, Frostschäden, Zuwachs, Vitalität, Qualität, Schäden etc.	Keine einzelbaumweise Erfassung von Daten, sondern pauschale Beurteilung der Gesamtfläche hinsichtlich Qualität und Vitalität (in drei Boniturstufen); zudem wird eine stichprobenhafte Einschätzung der Überlebensrate und beobachteter Schäden erfasst sowie durchgeführte Maßnahmen und besondere Ereignisse dokumentiert
Aufnahme	Periodisch mittels baumweiser Messung bzw. Bonitur bzw. anlassbezogen nach besonderen Ereignissen (z.B. Spätfrost)	Jährliche Bewertung des Zustands der Fläche
Pflege	Nach einheitlichen Kriterien durch das AWG	Individuell durch den jeweiligen Waldbesitzer
Anzahl Herkünfte	Möglichst viele Herkünfte zusätzlich ein Vergleichsstandard	eine Herkunft keine Vergleichsherkünfte
Versuchsdesign	Mindestens drei Wiederholungen von definierten Versuchsparzellen einer Herkunft/Versuchsstandort; Mindestens 2- 3 Parallelfächen	Keine Wiederholungen und zeitgleich gepflanzten Parallelfächen
Auswertung	Wissenschaftlich abgesicherte Bewertung vieler Herkünfte mit statistischen Methoden	Empirische Einschätzung einer Herkunft
Laufzeit	25 - 30 Jahre	12 Jahre

Sie können nicht nach wissenschaftlichen Kriterien ausgewertet werden, da sie nur empirische Aussagen zulassen. Ein Herkunftsvergleich hinsichtlich Wuchseistung ist nicht möglich, da nur eine Herkunft ohne statistisch notwendige Wiederholungen angepflanzt wird. Mess- und

Boniturdaten werden nicht erhoben. Ausfallraten und Frostschäden werden lediglich pauschal angeschätzt. Die Anbauten liefern aber dennoch erste Hinweise auf die mögliche Eignung einer neuen Baumart.

Abbildung 7 zeigt das Beispiel eines nach wissenschaftlichen Kriterien angelegten Herkunftsversuchs bei Schwarzkiefer als Grundlage für Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen. Im Gegensatz zu Praxisanbauversuchen ist die Vielzahl von Herkünften und die dreifache Wiederholung zum Ausgleich standörtlicher Unterschiede erkennbar. Sichtbar sind auch die Unterschiede bei den Ausfallraten, die nur beim Vergleich mehrerer Herkünfte eine belastbare Aussage zulassen.



Abbildung 7: Luftbildaufnahme (2008) und Versuchsplan des Schwarzkiefern-Herkunftsversuchs bei Geibenstetten

Figure 7: Aerial photograph (2008) and trial plan of the black pine provenance trial near Geibenstetten

4. Schlussfolgerungen

Kurzfristige Praxisanbau- und langfristige Herkunftsversuche sind unverzichtbar, um im Klimawandel Erfahrungen mit neuen Alternativbaumarten zu gewinnen. Für beide Versuchsansätze sind zuverlässige, möglichst genaue Herkunftsinformationen unerlässlich. Nur auf Grundlage dieser Angaben können herkunftsspezifische Wuchseigenschaften bewertet und gesicherte Empfehlungen ausgesprochen werden. Detaillierte Herkunftsangaben erleichtern zudem die künftige Beschaffung vergleichbarer Saatgutpartien.

Kulturen von Alternativbaumarten ohne gesichert räumlich zuordenbare Herkunftsangaben rechtfertigen keine erhöhte Förderung. Besonders bei den zahlreichen, forstvermehrungsgutrechtlich nicht geregelten Alternativbaumarten ist daher eine Herkunftszertifizierung unerlässlich. Dafür ist eine Anpassung der Zertifizierungsverfahren erforderlich, um eine sichere Rückverfolgung zum Erntebestand im Ausland auch ohne Begleitkontrolle garantieren zu können. Nur dann können zertifizierte Pflanzen von Alternativbaumarten standardmäßig zur Verfügung stehen.

Die Beschaffung von herkunftsgesichertem Saatgut sowie die Bereitstellung von daraus angezogenem Pflanzgut von Alternativbaumarten kann nur durch vertrauensvolle und intensive Zusammenarbeit von AWG, Zertifizierungsstellen, Saatguterntefirmen und Baumschulen geleistet werden.

Es ist die langfristige, gemeinsame Zukunftsaufgabe aller Beteiligten, die Abhängigkeit von Saatgutimporten von Alternativbaumarten zu verringern, die Wege der Saatgutbeschaffung transparent zu gestalten und volle Herkunftssicherheit zu gewährleisten. Der dringend notwendige Aufbau von Samenplantagen und Saatgut-Zukunftsbeständen darf nur mit hoheitlich kontrolliertem und zertifiziertem Vermehrungsgut erfolgen.

Literatur

- BAYERISCHES STAATSMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN (2023): Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen für forstliches Vermehrungsgut in Bayern (HuV). Bayerisches Amt für Waldgenetik. Stand: Januar 2023, 234 S.
- BAYERISCHES STAATSMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN (2020): Baumarten für den Klimawald – Leitlinien der Bayerischen Forstverwaltung. Referat Waldbau, Waldschutz, Bergwald. Stand: Oktober 2020, 16 S.
- CREMER, E.; KONNERT, M.; LUDWIG, A. und WEZEL, G. (2023): Forstgenetik trifft Forstpraxis: Erfahrungen und Ausblick aus „20 Jahre ZüF“. In Liesebach, M. (ed.): Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen, 7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung in Ahrensburg, Thünen Rep 105, DOI:10.3220/REP1681451577000, S. 298-301
- HINTERSTEINER, W.J.; VAN LOO, M.; NEOPHYTOU, C.; SCHUELER, S.; HASENAUER, H. (2018): The geographic origin of old Douglas-fir stands growing in Central Europe. Eur. J. For. Res. 137, 447–461
- KENK, G.; THREN, M. (1984): Ergebnisse verschiedener Douglasienprovenienzversuche in Baden-Württemberg. Teil I: Der Internationale Douglasien-Provenienzversuch 1958. AllgemeineForst- und Jagdzeitung 155, S.165-184.
- KONNERT, M.; RUETZ W, SCHIRMER R. (2008): Fragen zum forstlichen Vermehrungsgut bei Douglasie; LWF-Wissen 59/2008
- MÖGES, M.; RUPPERT, O.; MERGNER, W. (2008): Die Douglasie in den bayerischen Staatsforsten; LWF-Wissen 59, S. 44 – 48
- RUETZ, W.F. und FOERST, K. (1984): Grundsätze für den Anbau der Douglasie. Bayer. Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft u. Forsten (Hrsg.)
- WEZEL G, (2008): Die Douglasie – Anbau und Kulturbegründung; EZG Info Nr. 1/2008
- WIMMER, N.; ŠEHO, M. (2024): Praxisanbauversuche – neue Wege auf der Suche nach klimaresilienten Baumarten. LWFaktuell 144, S. 7.
- ZOHNER, C. M.; MO, L.; RENNER, S. S.; SVENNING, J. C.; VITASSE, Y.; BENITO, B. M.; CROWTHER, T. W. (2020): Late-spring frost risk between 1959 and 2017 decreased in North America but increased in Europe and Asia. Proceedings of the National Academy of Sciences, 117(22), 12192–12200.

Versuchsanbauten mit Roteiche – Grundlage künftiger Samenplantagen

Randolf Schirmer und Martin Tubes

Zusammenfassung Die Roteiche ist eine Baumart, deren Bedeutung im Klimawandel zunimmt. Die in Bayern angebauten Bestände sind vorwiegend von geringer bis mittlerer Qualität und von unbekannter Herkunft. Der heimische Saatgutbedarf kann aus den wenigen nach FoVG zugelassenen Beständen nicht gedeckt werden. Das AWG hat daher in Süddeutschland hochwertige Einzelbäume beerntet und deren Nachkommenschaften auf Versuchsflächen angebaut. Diese Anbauten entwickeln sich gut und werden über mehrere Durchforstungsschritte hin zu hochwertigen Saatguterntebeständen mit plantagenartigem Charakter fortentwickelt. Am Beispiel der Versuchsfläche Osing werden Qualität und Wuchsleistung der Nachkommenschaften, Durchforstungsverfahren und weitere Selektionsschritte erläutert.

Schlüsselwörter Roteiche, Züchtung, Samenplantagen, Saatgutproduktion, Selektion, Nachkommenschaftsprüfung

Abstract The red oak is growing in importance as a tree species in the context of climate change. The stands cultivated in Bavaria are predominantly of low to medium quality and unknown provenance. The domestic demand for seed cannot be met from the few stands certified in accordance with the [German] Forest Reproductive Material Act (FoVG). The Office for Forest Genetics AWG has thus harvested seed from high quality individual trees in southern Germany and cultivated their progeny on trial plots. These cultivation plots are developing well and they will continue to be developed through several thinning steps into plantation-like, high-quality seed harvesting stands. The quality and growth performance of the progeny, thinning procedures and other selection steps are explained here using the trial plot in Osing as an example.

Keywords Red oak, plant breeding, seed orchards, seed production, selection, progeny testing, progeny evaluation

1. Hintergrund und Zielsetzung

Nordamerikanische Roteichen kommen gut mit hohen Sommertemperaturen zurecht. Daher wird die Bedeutung dieser Alternativbaumart im Klimawandel zunehmen. Die Leitlinien „Baumarten für den Klimawald“ der Bayerischen Forstverwaltung (BAYER. STAATSMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN, 2020) ordnen sie wie Edelkastanie oder Baumhasel der Gruppe von Baumarten mit einer hohen Temperaturtoleranz zu. Aufgrund der langjährigen Anbauerfahrungen besteht für Roteichen eine „Allgemeine Anbauempfehlung“.

Voraussetzung für den verstärkten Anbau dieser Art ist die Verfügbarkeit von Saatgut in ausreichender Menge und Qualität. Im langjährigen Mittel werden in Deutschland jährlich etwa 70 Tonnen Saatgut geerntet (Abbildung 1). Vor dem Hintergrund des Klimawandels ist mit einem steigenden Saatgutbedarf zu rechnen.

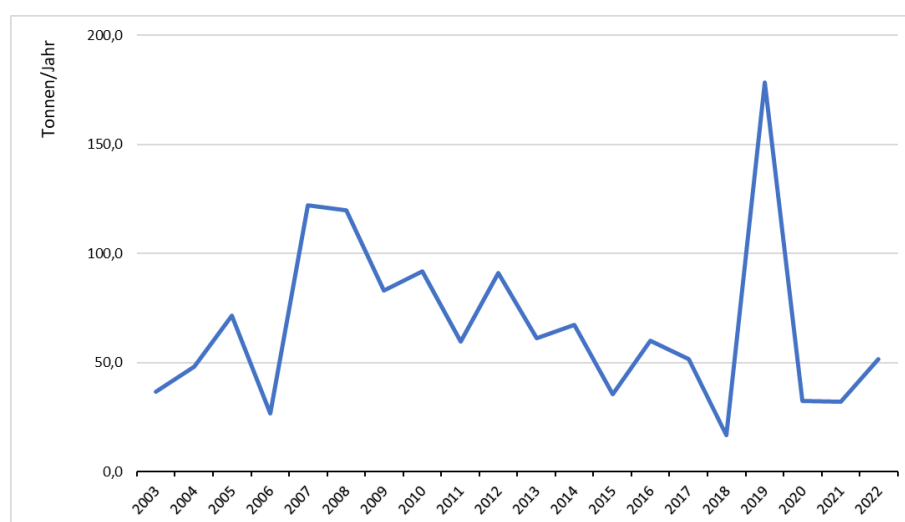


Abbildung 1: Entwicklung des Ernteaufkommens von Roteichensaatgut in Deutschland im Zeitraum 2003 bis 2022 (Quelle: www.ble.de)

Figure 1: Development of the volume of the red oak seed harvest in Germany between 2003 and 2022 (Source: www.ble.de)

Die 23 bayerischen, nach FoVG zugelassenen Erntebestände der Roteiche sind jedoch von unbekannter Herkunft und zeichnen sich durch eine hohe phänotypische Variation aus. Oftmals sind nur geringe Anteile der Bäume eines Zulassungsbestands für die Produktion höherwertigen Saatguts geeignet, da Qualitätsmängel wie phototropes Wachstum mit Stammkrümmungen, Steillästen und Zwieseln häufig vorkommen. Die Inventur dieser Saatgutbestände ergab eine geringe Fläche von nur 29,3 ha (Stand 12/2023).

Zusätzlich weist die Erntepraxis in Bayern eine Besonderheit auf: Im Zeitraum 2003 bis 2023 wurden 18.628 kg Eicheln gesammelt – davon 11.831 kg in einem nur 1,5 ha großen Privatwaldbestand bei Straubing. Auf 5 % der Zulassungsfläche wurde 64 % des Ernteaufkommens erzeugt. Im Mittel kamen aus diesem Bestand 50.000 Pflanzen auf den Markt, obwohl er nur durch eine mittlere Stammqualität gekennzeichnet ist. Dieses Vorgehen bei der Saatguternte ist aus forstgenetischer

Sicht unbefriedigend, da immer die gleichen Mutterbäume beerntet werden. Es besteht hierbei die Gefahr einer genetischen Einengung des Pflanzguts mit der Folge einer reduzierten Anpassungsfähigkeit, auf die es jedoch im Klimawandel entscheidend ankommt.

Eine Vergrößerung der Fläche zugelassener Erntebestände und eine Verbesserung ihrer Qualität ist dringend notwendig. Zusätzlich muss eine hoheitliche Steuerung des Erntegeschehens erfolgen, damit vermehrt unterschiedliche Bestände in die Saatguternte einbezogen werden.

Bei der Bewertung der Roteichenbestände wurde offensichtlich, dass in diesen Vorkommen immer wieder einzelne, überdurchschnittlich gute Plusbäume eingestreut sind. Das AWG hat daher 2013 ein auf mehreren Selektionsschritten beruhendes Ausleseprogramm begonnen. Ziel ist die Fortentwicklung von Versuchsbeständen aus Plusbaumabsaaten hin zu plantagenartig bewirtschafteten Erteeneinheiten mit deutlich höherer Qualität.

2. Qualitätssicherung durch Selektion

Auslesezüchtung bietet die Chance, Bäume zu selektieren die besser an bestimmte Umweltbedingungen angepasst sind (KONNERT et al. 2015). Sie ist daher ein Ansatz, um die Klimatoleranz zu erhöhen. Allerdings ist Selektion mit dem Verlust genetischer Variation verbunden (GODT et al. 2001), was bei Art und Intensität von Durchforstungseingriffen berücksichtigt werden muss.

Als Grundlage für die Verbesserung der Saatguterntebasis wurden die bekannten Roteichenvorkommen in Bayern begutachtet. Vorwiegend in zugelassenen Saatguterntebeständen wurden Bäume mit herausragender Qualität erfasst. Diese Plusbäume sind ein entscheidender Selektionsfaktor für die Steigerung des Wuchspotentials (CLARK und WILSON, 2005). Die Verbesserung der Wuchsleistung durch phänotypische Selektion ist in verschiedenen Studien nachgewiesen worden. Demnach kann das Höhen- und Durchmesserwachstum durch Selektion um bis zu 15 % und der Volumenzuwachs um bis zu 35 % gesteigert werden (CORNELIUS, 1994).

Im Rahmen der in Nachkommenschaftsprüfungen ausgewählten Plusbäume werden die angelegten Versuchsflächen langfristig zu Samenplantagen fortentwickelt. Zur Steigerung ihrer Qualität sind die in Tabelle 1 aufgeführten Auslesemaßnahmen in der Umsetzung.

Tabelle 1: Übersicht der Auslesemaßnahmen

Table 1: Overview of the selection measures

Selektions-schritt	Beschreibung der Maßnahmen (Jahr)	Jahr
1	Plusbaumauswahl im Ausgangsbestand	2014
2	Qualitäts- und Höhensortierung in der Baumschule vgl. Kap. 4	2016
3	Erste Negativauslesedurchforstung nach Qualität vgl. Kap. 5	2023/24
4	zweite Negativauslese nach Qualität, Wuchsleistung und genetischer Vielfalt	
5	dritte Negativauslese nach Qualität, Wuchsleistung und genetischer Vielfalt	

Nach einzelbaumweiser getrennter Aussaat in der Baumschule im Frühjahr 2015 zeigten sich signifikante Entwicklungsunterschiede zwischen den Nachkommenschaften. Die schlechtesten Nachkommenschaften wurden vor Abspflanzung auf Versuchsflächen aussortiert. Im Winter 2023/24 erfolgte mit der Entnahme von 20 % der Nachkommenschaften eine erste Durchforstung. In den verbleibenden Nachkommenschaften wurde der Standraum von zwei auf drei Quadratmeter Standraum/Pflanze erhöht. Die vierte Selektion erfolgt, sobald der Bestand nach der ersten Durchforstung wieder Kronenschluss erreicht hat. Es werden die qualitativ schlechtesten Nachkommenschaften mit der geringsten genetischen Diversität vollständig entnommen, sodass nur noch 40 % der ursprünglich vorhandenen Nachkommenschaften verbleiben. In diesen Parzellen wird die Stammzahl auf 6 m² Standraum/Baum erhöht.

Nach dem letzten, fünften Selektionsschritt verbleiben nur noch Nachkommenschaften mit phänotypisch höchster Qualität, überdurchschnittlicher Wuchsleistung und genotypisch überragender genetischer Vielfalt. Die Entnahmeintensität richtet sich nach dem Standraumbedarf der langfristig plantagenartig zu bewirtschaftenden Einzelbäume. Die Zulassung als Sämlingsplantage erfolgt, sobald ausreichend Fruktifikation einsetzt, jedoch spätestens im Alter 40.

3. Plusbaumauswahl und Beerntung

Es wurden 131 besonders qualitativ hochwertige Plusbäume in Bayern und Baden-Württemberg (Herkunftsgebiet 816 02) ausgewählt. Der Schwerpunkt der verwendeten Ausleseebäume lag in zugelassenen Saatguterntebeständen in Schwaben (Abbildung 2). Im BaySF-Revier Altenmünster des Forstbetriebs Zusmarshausen, im Stadtwald Augsburg, im Bereich der Fuggerstiftung Laugna sowie im Landstroser Wald bei Offingen ergab die Inventur einen Schwerpunkt mit zahlreichen überdurchschnittlich wertvollen Bäumen.

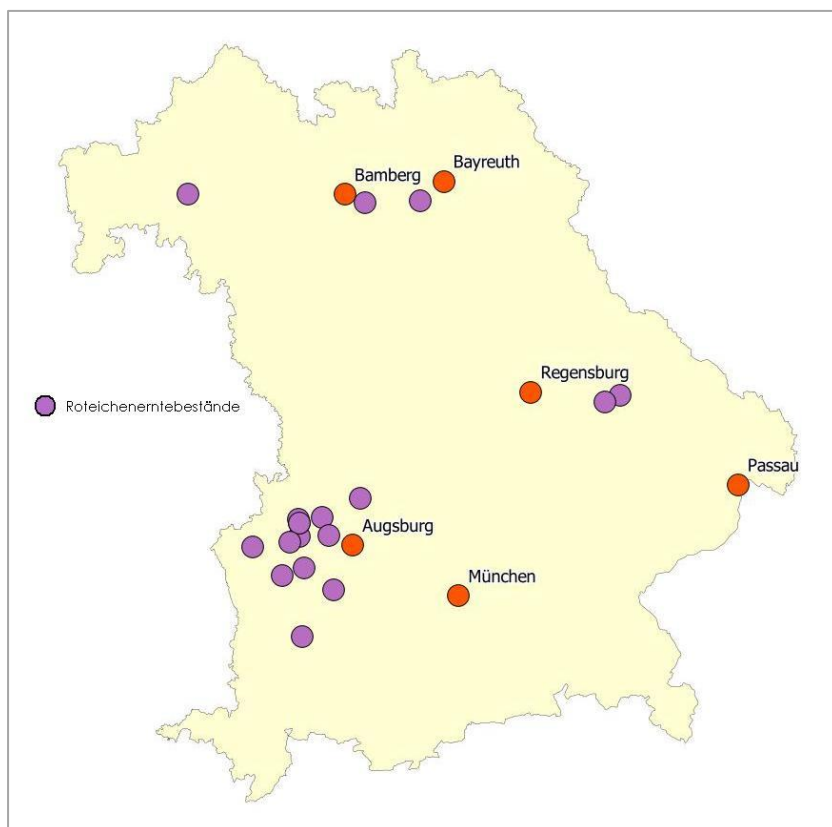


Abbildung 2: Lage der zugelassenen Saatguterntebestände von Roteiche in Bayern

Figure 2: Location of authorised seed crop stands of red oak in Bavaria

Auswahlkriterien waren ein Mindestalter von 50 Jahren, Brusthöhendurchmesser von mindestens 35 cm sowie gute Qualitätseigenschaften wie Geradschaftigkeit, Wipfelschäftigkeit, geringe Astigkeit und geringe Neigung zur Zwiesselbildung. In den Beständen häufig vorkommende Hochzwiesel und Steilläste sowie Drehwüchsigkeit und Neigung zur Wasserreiserbildung schlossen die Eignung als Plusbaum aus.

Wenn in einem Bestand mehrere Plusbäume zur Auswahl standen, wurde zwischen diesen ein Mindestabstand von ca. 100 m eingehalten, um Familienstrukturen mit geringerer genetischer Vielfalt zu vermeiden. Diese Plusbäume wurden in der Vorauswahl zunächst drei Qualitätsstufen zugeordnet (Tab. 2). Anschließend wurden die zu Beerntung vorgesehenen Bäume abschließend ausgewählt nach Qualitätsstufe, räumlichem Abstand zu weiteren Plusbäumen, regionaler Verteilung und potenziellem Saatgutangebot aufgrund der Kronengröße.

Tabelle 2: Zuordnung potenzieller Plusbäume zu Qualitätsstufen

Table 2: Assignment of potential plus trees to quality levels

	Qualitätsstufe		
	1 - hervorragend	2 - sehr gut	3 - gut
Stamm			
Geradschaftigkeit	zweischnürig	ein-/zweischnürig	einschnürig; phototrop.
Rindenstruktur im ast-freien Stammabschnitt	glatt	glatt	Krümmung tolerierbar, ggf. leicht rau
Faserverlauf	kein Drehwuchs	(fast) kein Drehwuchs	ggf. leichte Drehung
Beastung			
Steilläste	nicht vorhanden	nicht vorhanden	in Ausnahmefällen sehr hoch angesetzter Steilast tolerierbar
Zwiesel	nicht vorhanden	sehr hoch angesetzter Zwiesel tolerierbar	sehr hoch angesetzter Zwiesel tolerierbar
Wasserreiser/Klebäste	nicht vorhanden	ggf. einzelne vorhanden	ggf. einzelne vorhanden
Krone	groß	groß - mittel	mittel

Wegen der im Herbst 2014 regional unterschiedlichen Fruktifikationsverhältnisse konnten nur 85 % der kartierten Plusbäume (112 Bäume) beerntet werden. Durch einzelbaumweise Handsammlung wurden 201 kg Eicheln gewonnen. Die Erntemenge schwankte zwischen 0,7 und 5,3 kg/Baum.

Bei den Nachkommenschaften der Plusbäume handelt es sich um Halbgeschwister, da der väterliche Anteil nicht bekannt ist. Die Beerntung dieser phänotypisch hervorragenden Einzelbäume bietet jedoch die Chance, die genetische Qualität des Saatguts über den mütterlichen Beitrag zu steigern.

Genetische Untersuchungen in einer Pilotstudie an Buche (HASENKAMP et al. 2011) zeigten, dass Saatgut im stammnahen Bereich unter einem Baum mit einer Wahrscheinlichkeit von 63 % diesem Mutterbaum zugeordnet werden kann. HARDTKE (2022) konnte mittels Elternschaftsanalysen in einem Eichenbestand in Grünenplan/Niedersachsen bei 24 beernteten Bäumen zwischen 33 % und 95 % der Eicheln dem jeweiligen Erntebaum genetisch zuordnen. Die Wahrscheinlichkeit der Einmischung von Fremdeicheln nahm mit zunehmender Entfernung vom Stamm des Plusbaums bis zum äußersten Rand der Sammlung am Kronentrauf zu.

Um dieses Risiko der Vermischung von Saatgut des Plusbaumes mit dem von Nachbarbäumen möglichst gering zu halten, wurden folgende Maßnahmen getroffen:

- Bei den in der Regel großkronigen Altbäumen mit hohem Saatgutaufkommen wurde das Saatgut ausschließlich in Stammnähe eingesammelt. Die Sammlung begann direkt am Stammfuß und wurde dann spiralförmig mit zunehmendem Abstand zum Baum fortgesetzt bis die Mindestmenge von ca. 2 kg Saatgut erreicht war. Auf diese Weise wurde nur Saatgut im Kernbereich des Baumes eingesammelt.

- Die Plusbaumauswahl erfolgte vorrangig in lichten Bestandesbereichen bzw. in Bereichen mit anderen benachbarten Baumarten.
- Plusbäume mit nahe angrenzenden Roteichen wurden nur in das Zuchtprogramm aufgenommen, wenn ein Jahr vor der Saatguteinsammlung eine Freistellung von diesen direkt benachbarten Roteichen durchgeführt wurde.

4. Beobachtungen in der Baumschule

Es konnte nicht von allen beernteten Plusbäumen ausreichend Saatgut hinsichtlich Menge und Qualität gewonnen werden. In der Baumschule kamen daher nur 50 Nachkommenschaften zur Aussaat.

Bereits nach der zweijährigen Baumschulphase waren zwischen den Absaaten der verschiedenen Bäume erhebliche Unterschiede in der Qualitäts- und Höhenentwicklung zu beobachten (Abbildung 3). Dieses Ergebnis deckt sich mit dem Resultat von HARDTKE (2022), der in einem Aussaatversuch feststellte, dass wüchsige Eichen größere Eicheln hatten und ihre Sämlinge in der Folge ein besseres Höhenwachstum zeigten als die Nachkommen schlechter Mutterbäume.

Nachkommenschaften mit erhöhtem Zwieselanteil zeigten eine ausgeprägte Tendenz zur Steilastbildung. Im Saatbeet waren diese Bäume häufig verbuscht. Eine Korrelation zwischen Qualität und Höhenentwicklung war nicht nachweisbar.

Da die Anzucht unter gleichen Bedingungen auf homogenem Baumschulstandort erfolgte, waren diese Unterschiede auf genetische Ursachen zurückzuführen. Acht Prozent der nachgezogenen, aber qualitativ schlechtesten Herkünfte kamen nicht zur Auspflanzung auf den Versuchsflächen (2. Selektionsschritt). Bei den ausgepflanzten Nachkommenschaften erfolgte zusätzlich eine baumschulübliche Sortierung nach Pflanzenqualität.

Am Ende der zweijährigen Anzuchtphase hatten die Pflanzen eine Mittelhöhe von 30,1 cm. Die Ausbeute an verwertbaren Pflanzen betrug 77 Sämlinge/kg Saatgut.

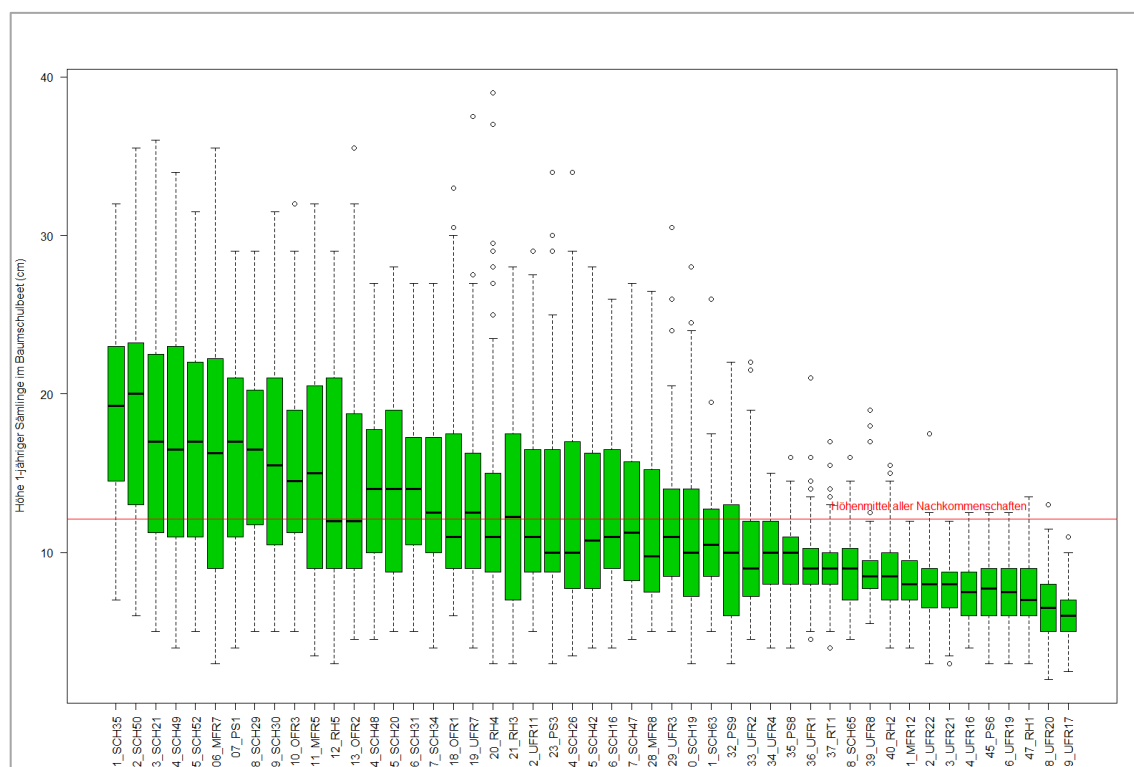


Abbildung 3: Höhenunterschiede der einjährigen Plusbaumnachkommenschaften in der Baumschule

Figure 3: Height differences in the one-year-old progeny of plus trees in the tree nursery

5. Entwicklung der Versuchsflächen

Ziel der Versuchsanlagen ist die schrittweise Selektion der Plusbaumnachkommenschaften vorrangig nach phänotypischen Kriterien unter zusätzlicher Berücksichtigung von Parametern der genetischen Vielfalt. Nach drei Durchforstungen soll aus dem Versuchsbestand eine Samenplantage mit bis zu 100 großkronigen Bäumen pro Hektar hervorgehen.

Versuchsflächen mit einer Größe von jeweils 0,5 ha wurden im Bereich der BaySF-Forstbetriebe Zusmarshausen (Fläche Biburg), Freising (Fläche Geibenstetten) und Berchtesgaden (Fläche O-sing) sowie bei der städtischen Forstverwaltung Augsburg (Fläche Odelzhausen) angelegt.

Um in der 40-jährigen Laufzeit der Versuche eine parzellenweise Entnahme von Nachkommenschaften mit unterdurchschnittlichen Qualitätseigenschaften ohne die Schaffung großer Bestandeslücken sicherzustellen, wurden Kleinstparzellen mit neun Pflanzen angebaut. Die für statistische Auswertungen notwendige Pflanzenzahl wurde durch die sechsfache Wiederholung der Prüfglieder erreicht. Zudem wurde ein enger Quadratverband von 1,25 m gewählt.

Drei Versuchsflächen haben sich sehr gut entwickelt. Nur am Standort Odelzhausen entstanden durch Hagel und Mäusefraß massive Ausfälle, sodass diese Fläche nicht in die Bewertung einbezogen werden konnte. Die Vollaufnahme auf den aufgenommenen Versuchsflächen (Abbildung 4) im Pflanzenalter von sieben Jahren brachte erste Ergebnisse zu Überlebensrate, Mittelhöhe und Qualität.

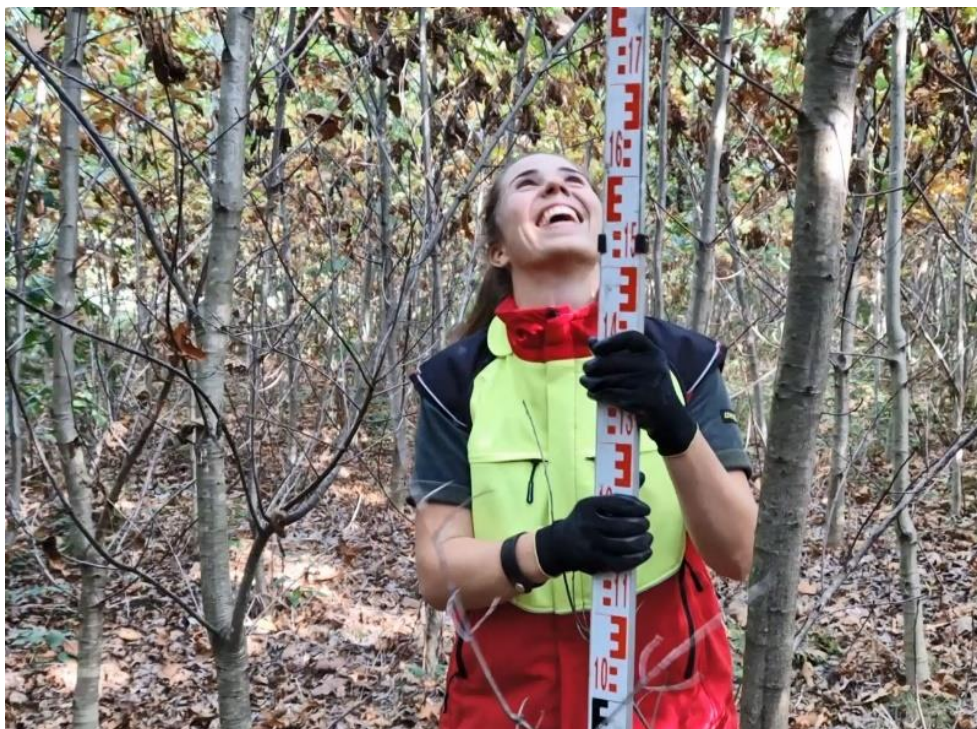


Abbildung 4: Höhenaufnahme durch Ronja Purwin in der Roteichen-Versuchsfläche Osing (Foto: AWG)

Figure 4: Ronja Purwin measures the heights of trees on the red oak trial plot in Osing (photo: AWG)

Überlebensrate

Die Überlebensrate der Pflanzen betrug im Durchschnitt über alle Flächen 76,3 %.

Die Fläche in Osing (Lkr. Berchtesgadener Land) war mit 91,6 % überlebender Pflanzen besonders gut bestockt. Etwas lückiger waren die Flächen Biburg (Lkr. Augsburg) mit 84,4 % und in Geibenstetten (Landkreis Kelheim) mit 54,1 %. Die hohe Überlebensrate in Osing ist Ausdruck der dort umgesetzten, überdurchschnittlich intensiven Pflege. In Geibenstetten traten Verbisschäden auf, die zu höheren Ausfällen führten.

Mittelhöhe

Die Mittelhöhe aller Flächen betrug 3,24 m. Einzelne Stämme hatten fünf Jahre nach Auspflanzung bereits Höhen von 7,20 m erreicht. Die Fläche Osing entwickelte sich mit einer Mittelhöhe von 3,79 m deutlich besser als die Flächen in Geibenstetten (3,32 m) und Biburg (2,53 m). Diese Entwicklung ist Ausdruck der unterschiedlichen Standortsqualität: In Osing sind nährstoffreiche, frische Lösslehme vorhanden, während in Geibenstetten und Biburg mäßig frische Sande den Bodenaufbau bestimmen. Der Brusthöhendurchmesser (BHD) lag im Mittel bei 2,3 cm. In Abbildung 6 ist der Zusammenhang zwischen Bodenqualität sowie Baumhöhe und Durchmesser deutlich erkennbar.

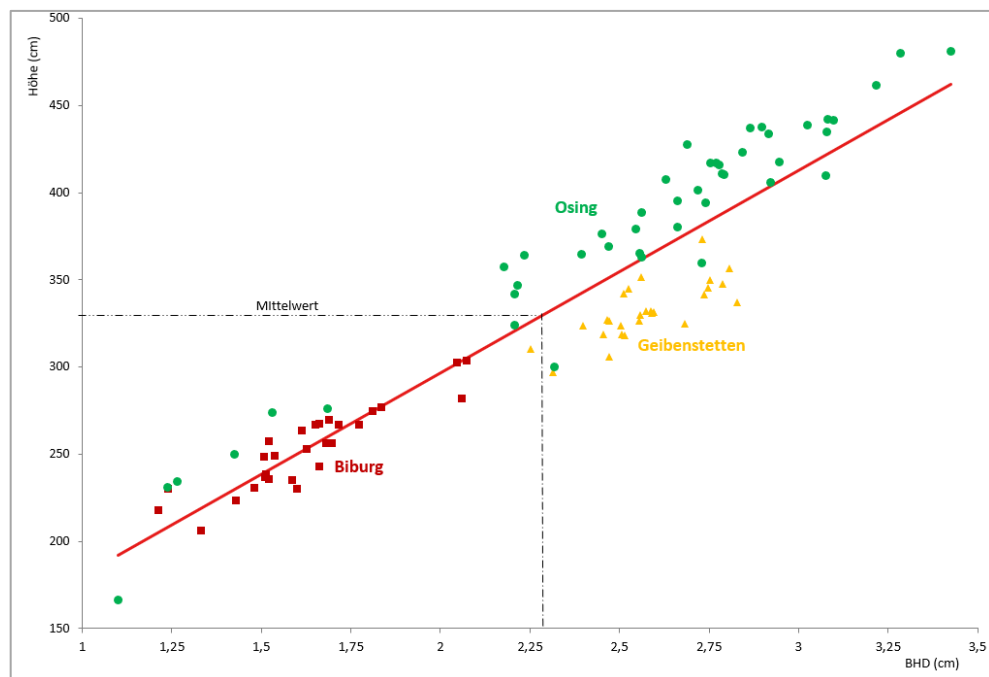


Abbildung 5: Vergleich der Wuchsleistung der Nachkommenschaften (NK) auf den Versuchsflächen Osing, Geibenstetten und Biburg (angegeben sind die Mittelwerte hinsichtlich Höhe und BHD)

Figure 5: Comparison of the growth performance of progeny (NK) on the Osing, Geibenstetten and Biburg trial plots (mean values for heights and BHD are shown)

Um die Höhenwuchsleistung einer Nachkommenschaft auf den standörtlich unterschiedlichen Flächen vergleichen zu können, wurde die Abweichung der Mittelhöhe dieser Nachkommenschaft von der Mittelhöhe aller Nachkommenschaften der jeweiligen Versuchsfläche als relativer Prozentwert berechnet (Mittelhöhe der NK/ Mittelhöhe aller NK der Vfl) x 100).

Überdurchschnittliche Höhenwuchsleistungen auf allen Flächen waren bei den Nachkommenschaften SCH34, RH4, UFR4 und UFR8 zu beobachten (Abbildung 6). Die Nachkommenschaften RT1, SCH63 und PS9 zeigten dagegen auf allen Flächen deutlich unter dem jeweiligen Flächenmittel liegende Höhenwuchsleistungen.

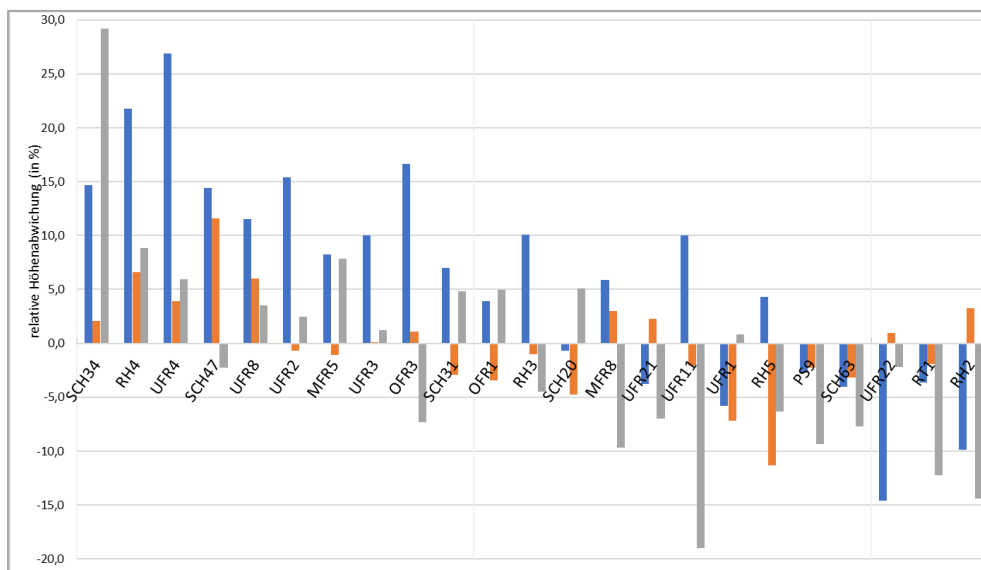


Abbildung 6: Abweichung der Höhe der jeweiligen Nachkommenschaft vom Höhenmittelwert aller Nachkommenschaften einer Versuchsfläche (Angaben in Prozent der Abweichung)
Blau: Osing - Orange: Geibenstetten - Grau: Biburg

Figure 6: Deviation of the height of the respective offspring from the mean height of all progeny from a trial plot (given as percentage of deviation)
Blue: Osing - orange: Geibenstetten - grey: Biburg

Qualität

Die Qualität der Pflanzen ist das wichtigste Auswahlkriterium für die ab dem Alter 9 vorgenommene, erste selektive Durchforstung. Grundlage für dieses Vorgehen ist die wissenschaftliche Erkenntnis, dass der Faktor Geradschaftigkeit bis zu 60 % (GEBUREK, 2004) durch die Erbanlagen beeinflusst wird, die Aststellung sogar ausschließlich (KLEINSCHMIT und SVOLBA, 1979). Alle Pflanzen wurden daher hinsichtlich Stammform und Zwieselbildung bonitiert (Tab. 3).

Tabelle 3: Boniturstufen zur Qualitätsbeurteilung und Ergebnis auf den Versuchsflächen (Angaben in Prozent aller Nachkommenschaften)

Table 3: Scoring levels for quality assessment and result on the trial plots (given as percentage of all progeny)

	Versuchsfläche	Osing	Geibenstetten	Biburg
Stammform (Haupttrieb)	1 gerade: zweischurig	9	1	1
	2 einschnurig	26	12	6
	3 unschnurig, starke einschnürige Krümmung	67	87	94
Zwiesel	1 kein Zwiesel	61	22	38
	2 Zwiesel in oberer Hälfte des Baumes (Hochzwiesel)	16	31	17
	3 Zwiesel in unterer Hälfte des Baumes (Tiefzwiesel)	24	43	45

Im Mittel aller Flächen waren 4 % sämtlicher Pflanzen gerade und 51 % ohne Zwiesel. Verbuschte Pflanzen machten 2 % der aufgenommenen Individuen aus. Verbuschung war häufig auf be-

schädigte, vertrocknete bzw. verbissene Gipfelknospen nach der Pflanzung zurückzuführen. Da vorrangig diese externen Faktoren für die Qualitätsminderung anzunehmen waren, blieb diese Boniturstufe bei der Bewertung unberücksichtigt. Der Versuch Osing wies den höchsten Anteil an geradschaftigen und unverzwieselten Pflanzen auf, der Versuch Biburg zeigte die schlechteste Qualität (Tab. 3).

Die Mehrheit der Nachkommenschaften wies keine flächenübergreifende einheitliche Rangfolge bei der Höhenwuchsleistung auf. Ursache hierfür ist neben der Variation der Standortsqualität die Tatsache, dass jede Nachkommenschaft aus genetisch unterschiedlichen Halbgeschwistern besteht. Als Konsequenz daraus wurde Qualität und Wuchsleistung der Nachkommenschaften für jeden Versuchsstandort gesondert bewertet und die im Rahmen der Selektion zu entnehmenden Nachkommenschaften flächenspezifisch festgelegt. Am Beispiel des Versuchs Osing wird die Vorgehensweise erläutert.

6. Nachkommenschaftsprüffläche Osing

Die Versuchsfläche Osing im Bereich des BaySF-Forstbetriebs Berchtesgaden mit 44 zu prüfenden Nachkommenschaften hatte sich am besten entwickelt. Sie zeigte nur 8,5 % Ausfälle. Wüchsiger Nachkommenschaften wiesen tendenziell geringere Ausfallraten auf. Im Alter 7 hatten die Versuchspflanzen bereits Dichtstand erreicht. Im unteren Kronenbereich setzte die natürliche Astreinigung ein. Der Mittelstamm hatte eine Höhe von 379 cm bei einem BHD von 2,6 cm. Die maximale Baumhöhe betrug 720 cm. Abbildung 7 zeigt die deutliche Korrelation beim Mittelwert der Nachkommenschaften zwischen Baumhöhe und Brusthöhendurchmesser (BHD). Die sieben hinsichtlich Stammform und Verzieselung besten Nachkommenschaften verteilten sich über das gesamte BHD/H-Spektrum. Der Anteil an stark gekrümmten und verzwiesselten Stämmen war dagegen besonders bei den wuchskräftigsten Nachkommenschaften überdurchschnittlich hoch.

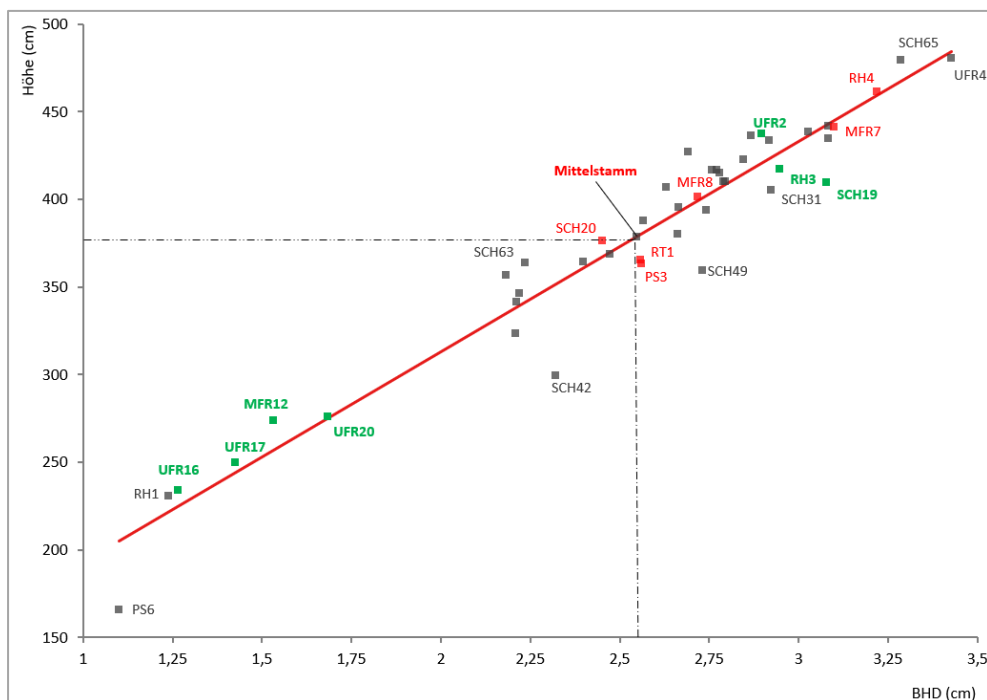


Abbildung 7: Wuchsleistungen der Nachkommenschaften (NK) auf der Versuchsfläche Osing (charakterisiert durch Höhen/BHD-Mittelwerte; qualitativ überdurchschnittliche NK sind grün, schlechte rot gekennzeichnet)

Figure 7: Growth performance of the progeny (NK) on the Osing trial plot (characterised by mean heights/BHD values; qualitatively above-average progeny are green, poor progeny are red)

Um die Kronenentwicklung zu fördern, wurde im Winter 2023/24 eine erste Durchforstung durchgeführt (vgl. Selektionsschritt 3 in Tabelle 1). Selektionskriterium war vorrangig die Qualität der Nachkommenschaften, da diese für künftige Saatgutbestände von entscheidender Bedeutung ist. Bei der Selektion erfolgte die vollständige Entnahme von 20 % der hinsichtlich Stammform und Verzweiselung schlechtesten Nachkommenschaften. Die Nachkommenschaften PS6 und RH1 wurden zusätzlich wegen signifikant unterdurchschnittlicher Massenleistung entnommen (vgl. Abbildung 6). Bei den verbliebenen, besseren Nachkommenschaften wurde die Stammzahl von neun auf sechs Bäume je Parzelle reduziert.

Im Durchschnitt waren 60,5 % der Stämme aller Nachkommenschaften unverzweiselt und 8,7 % zeigten zweischnürige, gerade Stammformen. Die qualitativ beste Nachkommenschaft SCH19 hatte 55,6 % unverzweiselte Stämme und 50,0 % gerade, zweischürige Stammformen, die schlechteste Nachkommenschaft PS3 dagegen nur 45,7 % unverzweiselte Stämme und keine geraden Stämme (Abbildung 8).

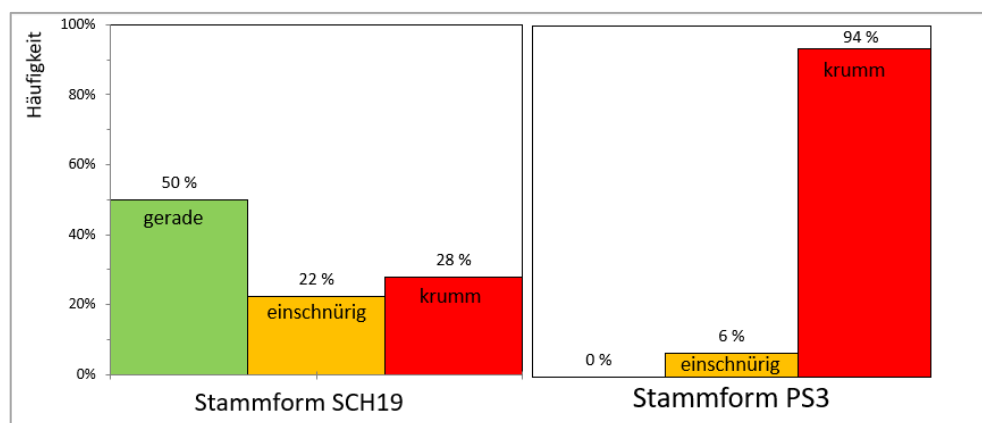


Abbildung 8: Gegenüberstellung der Anteile unterschiedlicher Stammformen guter und schlechter Nachkommenschaften (NK) auf der Versuchsfläche Osing am Beispiel der NK SCH19 und PS3

Figure 8: Comparison of the proportions of different trunk shape types of good and bad progeny (NK) on the Osing trial plot, taking the progeny of SCH19 und PS3 as examples.

Die Analyse der Daten ergab grundsätzlich, dass mit steigendem Anteil gerader Stämme (Boniturstufe 1, Tab. 3) der Anteil von Bäumen mit Tiefzwieseln (Boniturstufe 3) signifikant abnahm. Eine Korrelation zwischen Stammform und Hochzwieselanteil war dagegen nicht feststellbar. Mit zunehmender Baumhöhe waren weniger schlechte Stammformen und Tiefzwiesel, jedoch mehr Hochzwiesel zu beobachten.

Bei der ersten Durchforstung wurden die in Abbildung 8 aufgeführten, qualitativ schlechtesten Nachkommenschaften entnommen: PS3 (Battweiler, Forstamt Westrich/Rheinland-Pfalz), RT1 (Reutlingen/BW), SCH20 (Baierhofen/Schwaben), RH04 (Orbis, Forstamt Rheinhessen/ Rheinland-Pfalz), MFR8 (Stübach/Mittelfranken), MFR7 (Stübach/Mittelfranken).

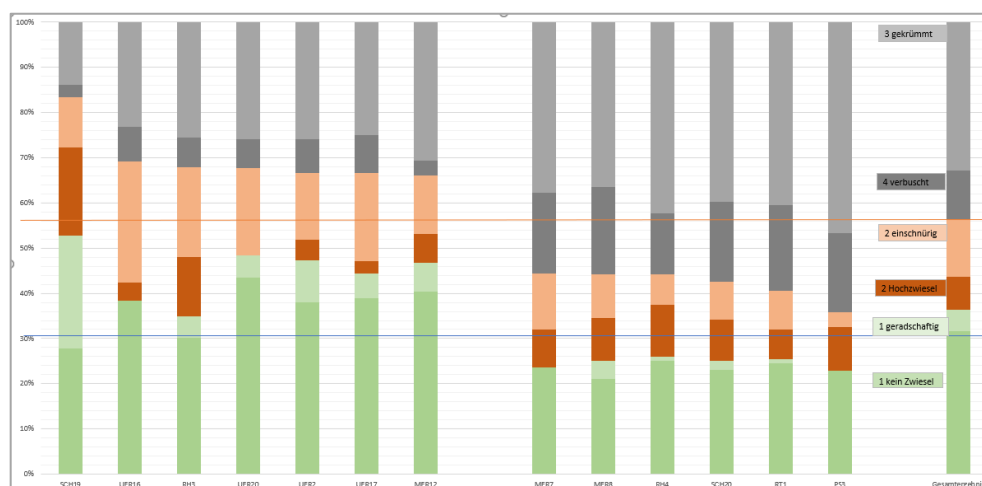


Abbildung 9: Gegenüberstellung der hinsichtlich Stammform und Verzweiselung besten und schlechtesten Nachkommenschaften auf der Fläche Osing

Figure 9: Comparison of the best and worst progeny on the Osing site with regard to trunk shape and forking

Die entstandenen Leerparzellen sind im Versuchsflächenplan (Abbildung 10) weiß gekennzeichnet. Die Versuchsfläche ist jetzt noch mit 219 Parzellen zu 77 % bestockt. Die qualitativ besten Nach-

Nach KONNERT et al. (2015) kann eine Selektion mit geringer Intensität, d. h. der Entnahme von etwa einem Drittel der Familien, ein Ansatz sein, um einerseits die notwendige Stabilität von phänotypischen Merkmalen in den verbleibenden Nachkommenschaften zu erreichen und gleichzeitig einen ausreichenden genetischen Pool zu erhalten.

Nach dem Forstvermehrungsgutrecht kann Roteiche als Kategorie „ausgewählt“ erst ab dem Alter 40 und mit einer Mindestfläche von 0,25 ha als Saatguterntebestand zugelassen werden. Die in der Versuchsserie auf einer Bestandesfläche von jeweils 0,5 ha angebauten Roteichen können jedoch bereits ohne gesetzlich vorgeschriebenes Mindestalter ab dem Zeitpunkt einer flächigen Fruktifikation als Samenplantage zugelassen und beerntet werden. Eine frühere Zulassung und höhere Saatgutqualität durch gezielte Selektion innerhalb der geprüften Nachkommenschaften sind für die Bereitstellung von Saatgut im Klimawandel von großer Bedeutung. Die Roteichenversuchsserie ist daher ein Modellprojekt, das bei der Erweiterung der Saatguterntebasis von auch von anderen trocken tolerant, heimischen Nebenbaumarten wie beispielsweise Elsbeere und Speierling zur Anwendung kommen sollte. Im Gegensatz zum Aufbau von Plantagen aus Pfropflingen ist diese Vorgehensweise kostengünstiger. Vergleichbare Versuchsanlagen sollten allerdings auf größeren Flächen als im dargestellten Versuch etabliert werden.

Die heutigen Versuchsbestände werden als künftige Plantagen zur Saatgutproduktion in wenigen Jahrzehnten überdurchschnittlich hochwertiges Erntegut liefern.

Literatur

- BAYERISCHES STAATSMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN (2020): Baumarten für den Klimawald - Bayerischen Forstverwaltung, 16 S.
- CLARK, J. und WILSON, T. (2005): The Importance of Plus-Tree Selection in the Improvement of hardwoods. *Quarterly Journal of Forestry*, 99(1):45–50.
- CORNELIUS, J. (1994): The effectiveness of plus-tree selection for yield. *Forest Ecology and Management*, 67:23–34.
- GEBUREK, T. (2004): Die Weitergabe genetischer Information - eine wichtige Komponente bei der Waldverjüngung. BFW-Praxisinformation, 4:18–20.
- GODT, M.J.W.; HAMRICK, J.L.; EDWARDS-BURKE, M.W.; WILLIAMS, J.H. (2001): Comparisons of genetic diversity in white spruce (*Picea glauca*) and jack pine (*Pinus banksiana*) seed orchards with natural populations. *Canadian Journal of Forest Research*, 31(6): 943–949.
- HARDTKE, A. (2022): Vorschläge zur Optimierung/Verbesserung der genetischen Qualität von Saatgut aus Erntebeständen bei den Eichenarten (*Quercus robur* L. und *Quercus petraea* [Matt.] Lieb.), Dissertation Georg-August-Universität Göttingen, 242 S.; <https://ediss.uni-goettingen.de/handle/11858/14309>
- HASENKAMP, N.; ZIEGENHAGEN, B.; MENGEL, C.; SCHULZE, L.; SCHMITT, H.-P.; LIEPELT, S. (2011): Towards a DNA marker assisted seed source identification: a pilot study in European beech (*Fagus sylvatica* L.), *European Journal of Forest Research* 130, S. 513-519
- KLEINSCHMIT, J. und SVOLBA, J. (1979): Möglichkeiten der züchterischen Verbesserung von Stiel und Traubeneichen (*Quercus robur* und *Quercus petraea*) III. Nachkommenschaftsprüfung von Eichenzuchtbäumen. *Allgemeine Forst- und Jagd Zeitung*, 150(6):111–119.
- KONNERT, M.; FADY, B.; GÖMÖRY, D.; A'HARA, S.; WOLTER, F.; DUCCI, F.; KOSKELA, J.; BOZZANO, M.; MAATEN, T.; KOWALCZYK, J. (2015): Use and transfer of forest reproductive material in Europe in the context of climate change. European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN), Bioversity International, Rome, Italy. xvi and 75p.

Agroforstwirtschaft: die Erfolgsgeschichte eines uralten Landnutzungssystems

Dietrich Schmidt-Vogt

Zusammenfassung Die Agroforstwirtschaft kombiniert Bäume oder andere Holzpflanzen mit landwirtschaftlicher Nutzung. Agroforstliche Systeme haben eine lange Geschichte und werden seit den 1970er Jahren weltweit als eine besonders für Kleinbauern geeignete nachhaltige Landnutzung propagiert. Dabei lag der Schwerpunkt unter dem Einfluss des 1978 gegründeten International Centre for Research in Agroforestry (ICRAF) lange auf den Tropen. Heute wird Agroforstwirtschaft auch in Europa als nachhaltige Alternative zu intensiven Formen der Landnutzung und als Strategie gegen globale Herausforderungen wie den Klimawandel und Biodiversitätsverlust angesehen und gefördert.

Schlüsselwörter Agroforstwirtschaft, Agroforstsysteme, Nachhaltigkeit, Wanderfeldbau, Energiewälder, Klimawandel.

Abstract Agroforestry combines trees or other woody plants with agricultural use of the land. Agroforestry systems have a long history and have been promoted worldwide since the 1970s as a sustainable form of land use particularly suitable for smallholders. Under the influence of the International Centre for Research in Agroforestry (ICRAF), which was established in 1978, the focus was for a long time on the tropics. Today agroforestry is also seen and fostered in Europe as a sustainable alternative to intensive forms of land use, and as a strategy for dealing with global challenges such as climate change and loss of biodiversity.

Keywords Agroforestry, agroforestry systems, sustainability, shifting cultivation, energy forests, climate change.

Agroforstwirtschaft und Agroforstliche Systeme

Mit den Begriffen Agroforstwirtschaft und Agroforstsysteme bezeichnet man – auf den einfachsten Nenner gebracht – Landnutzungssysteme, die Bäume und andere Gehölze mit landwirtschaftlichen Komponenten kombinieren. Im deutschen Schrifttum haben sich diese Begriffe in Anlehnung an die englischen Termini Agroforestry und Agroforestry Systems gegenüber der früher verwendeten Bezeichnung „kombinierter land- und forstwirtschaftlicher Anbau“ durchgesetzt.

Agroforstwirtschaft wird seit den 1970er Jahren weltweit propagiert. Eine Schlüsselrolle spielt dabei das 1978 gegründete International Centre for Research in Agroforestry (ICRAF), das 2002 zu World Agroforestry Center umbenannt und 2017 mit dem Center for International Forestry Research (CIFOR) zu CIFOR-ICRAF fusioniert wurde. Im Kontext einer Schwerpunktverschiebung von der bis dahin fast ausschließlich auf die Landwirtschaft fokussierten Entwicklungszusammenarbeit hin zu einer stärkeren Berücksichtigung der Rolle, die Wälder und Bäume bei der Existenz-Sicherung von Kleinbauern spielen können, wurde Agroforstwirtschaft als eine für ländliche Räume von Entwicklungsländern besonders geeignete Landnutzung angesehen. Der regionale Schwerpunkt der Tätigkeit von ICRAF lag daher auf tropischen Ländern.

Die Integration von Bäumen und Landwirtschaft ist kein neues Konzept, sondern hat eine sehr lange Geschichte. Als traditionelle Systeme treten Agroforstsysteme vor allem in den Tropen in großer Vielfalt auf, waren in der Vergangenheit aber auch außerhalb der Tropen weit verbreitet. In Europa sind traditionelle Agroforstsysteme schon frühzeitig durch Regulierung und Intensivierung von Land- und Forstwirtschaft zurückgedrängt worden. Seit etwa 20 Jahren wird Agroforstwirtschaft in der EU als Strategie für eine nachhaltige landwirtschaftliche Entwicklung vor dem Hintergrund globaler Herausforderungen wie Klimawandel, Biodiversitätsverlust und Ernährungssicherung anerkannt und gefördert. In Deutschland hat dieser Prozess noch später eingesetzt. Der Deutsche Fachverband für Agroforstwirtschaft wurde zum Beispiel erst 2019 gegründet.

Die Definitionen von Agroforstwirtschaft variieren und spiegeln damit den Facettenreichtum aber auch die historischen Veränderungen dieses Konzeptes wider. ICRAF hat lange Zeit die Definition von LUNDGREN und RAIN TREE (1982) verwendet: „Agroforestry is a collective name for land-use systems and technologies where woody perennials are deliberately used on the same land management unit as agricultural crops and/or animals either in some form of spatial arrangement or temporal sequence. In agricultural systems there are normally both ecological and economic interactions between the different components“. Neuere Definitionen, wie z.B. die Definition auf der Website von CIFOR-ICRAF, sind inklusiver aber auch diffuser. Sie heben das agroforstliche Prinzip der Integration von Gehölzen mit Landwirtschaft von der Betriebs- auf die Landschaftsebene oder sie heben es durch die Einbeziehung von reinen Baumkulturen ganz auf: „agroforestry is an agroecological approach that involves farmers, livestock, trees and forests at multiple scales including trees on farms, farming in forests and at forest margins and tree crop production“ (<https://www.cifor-icraf.org/research/topic/agroforestry/>).

Die Verordnung (EU) Nr. 1305/2013 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 17.12.2013 definiert Agroforstsysteme in Artikel 23 als „solche Landnutzungssysteme, bei denen eine Fläche von Bäumen bewachsen ist und gleichzeitig landwirtschaftlich genutzt wird.“ Auch diese Definition ist sehr weit gefasst und ermöglicht damit Spielräume für die Auslegung oder Umsetzung durch die Mitgliedstaaten. Wichtig ist aber, dass in der EU-Flächen, auf denen Agroforstwirtschaft betrieben wird, als landwirtschaftlich genutzte Flächen gelten. Die agroforstliche Nutzung von Waldflächen, z.B. durch Waldweide, die früher auch in Europa weit verbreitet war, bleibt dabei unberücksichtigt (SZABÓ et al 2024). Bei aller Begriffsdynamik bzw. Begriffsunschärfe kann man festhalten, dass das grundlegende Prinzip von Agroforstwirtschaft in der funktionalen Integration von diversen Komponenten besteht, zu denen in allen Fällen Gehölze und in fast allen Fällen landwirtschaftliche Nutzpflanzen und/oder Nutztiere gehören. Die Integration dieser Komponenten kann auf unterschiedlichen Maßstabsebenen in einem räumlichen Nebeneinander oder einem zeitlichen Nacheinander stattfinden. Die Ziele dieser Integration sind vielfältig und beinhalten Optimierung von Nährstoffkreisläufen, Diversifizierung von Produkten, Verbesserung der Standortqualität und Steigerung von Ökosystemleistungen wie z.B. Kohlenstoffspeicherung.

So wie es unterschiedliche Definitionen gibt, gibt es auch unterschiedliche Klassifikationsmodelle (McADAM et al. 2008). In der Literatur am häufigsten verwendet wird die Klassifikation nach Komponentenkombination, die drei Haupttypen unterscheidet:

- Silvoarable Systeme: Bäume und andere Gehölze integriert mit landwirtschaftlichen Nutzpflanzen.
- Silvopastorale Systeme: Bäume und andere Gehölze integriert mit Nutztieren.
- Agrosilvopastorale Systeme: Bäume und andere Gehölze integriert mit landwirtschaftlichen Nutzpflanzen und mit Nutztieren.

Agroforstliche Systeme in den Tropen

Die Erfolgsgeschichte der Agroforstwirtschaft begann in den Tropen. Traditionelle Agroforstsysteme treten in den Tropen in besonders großer Zahl auf. Das liegt u.a. an dem vielfältigen Angebot von geeigneten Pflanzen, aber auch an der Vielfalt von z.T. ungebrochenen Anbautraditionen.

An erster Stelle ist hier der Brandrodungs- oder Wanderfeldbau zu nennen, der als das älteste Agroforstsystem oder als das erste Agrarsystem überhaupt angesehen wird. Bei dieser Form der Landnutzung wird auf Waldflächen, die unter Einsatz von Feuer gerodet wurden, für einen begrenzten Zeitraum Landbau betrieben, und die Flächen danach der Wiederbewaldung überlassen (SCHMIDT-VOGT 1999, 2023). Zu den für die Tropen spezifischen Agroforstsystemen gehören vor allem die tropischen Hausgärten, die eigentlich Waldgärten sind, mit einem hohen bis nahezu ausschließlichen Anteil an Bäumen und anderen Gehölzpflanzen, hoher Artenvielfalt, und einer mehrstöckigen Bestandesstruktur (KUMAR und NAIR 2007). Ein Beispiel für Agroforstsysteme mit eher agrarischer Prägung sind Futterbäume auf den meist terrassierten Landwirtschaftsflächen im

Vorderen Himalaya, die einen Teil des Futters für das vor allem zum Zweck der Naturdüngerproduktion gehaltenen Viehs liefern (KOLLMAR 1999).

Systeme wie diese geraten im Zuge der Globalisierung unter Druck. Die Nachfrage auf internationalen Märkten, aber auch der politische Wille von Regierungen führen zur Kommodifizierung tropischer Landschaften durch den großflächigen Anbau für den Export von z.B. Ölpalmen, Kautschuk, Sojabohnen etc., oft in Monokulturen und zur Verdrängung von traditionellen Landnutzungsformen (MEYFROIDT et al. 2014).

Im Rahmen einer kritischen Einschätzung dieser Entwicklung und einer Veränderung der Prioritätensetzung werden Agroforstsysteme zunehmend als Alternative, vor allem zur Ausbreitung von Monokulturen, diskutiert (OLLINHO und KRÖGER 2022). Zu dem seit Beginn der Förderung von Agroforstwirtschaft gesteckten Ziel der Existenzsicherung von Kleinbauern tritt nun verstärkt die Bekämpfung von globalen Umweltproblemen hinzu.

Agroforstliche Systeme in Europa und Deutschland

In Europa und in Deutschland haben Agroforstsysteme in der Vergangenheit eine größere Rolle gespielt, als das in der Gegenwart der Fall ist. Beispiele dafür sind Waldweide, wie z.B. Schweinemast im Wald, das Sammeln von Laubstreu, und die Beweidung unter Schattenbäumen wie z.B. auf Streuobstwiesen oder unter Weidebuchen. Ein Gegenstück zum Wanderfeldbau der Tropen waren Wald-Feld-Wechselsysteme wie die Reutbergwirtschaft im Schwarzwald (KÜSTER 1998). Vor allem die in Wäldern praktizierte Agroforstwirtschaft ist im Zuge der Segregation von land- und forstwirtschaftlich genutzten Flächen aus Mitteleuropa weitgehend verschwunden (SZABÓ et al. 2024). Andere agroforstliche Nutzungen sind der Intensivierung der Landwirtschaft und der Flurbereinigung zum Opfer gefallen.

Die Zielsetzungen der Landwirtschaftspolitik in der EU haben sich inzwischen im Sinne von mehr Flächennutzung für den Umweltschutz geändert. Damit stellte sich die Frage, ob auch die Agroforstwirtschaft als nachhaltige Landnutzung förderwürdig ist. Meilensteine auf diesem Weg sind der European Green Deal sowie die Farm to Fork Strategy aus dem Jahr 2020 (MOSQUERA-LOSADA et al. 2023).

Die rechtlichen Grundlagen für eine Förderung der Agroforstwirtschaft wurden durch eine EU-Verordnung am 20. September 2005 geschaffen und durch den oben bereits erwähnten Artikel 23 der Verordnung 1305/2013 aus dem Jahr 2013 bekräftigt. Als förderfähige Investition ist die Agroforstwirtschaft 2007 von der EU-Agrarpolitik anerkannt worden (HÜBNER 2022).

Seit dem Inkrafttreten der neuen Gemeinsamen Agrarpolitik der Europäischen Kommission (GAP)-Förderperiode am 1. Januar 2023 ist die Agroforstwirtschaft nun auch in der Bundesrepublik als förderwürdig eingestuft. Agroforstsysteme werden als Teil der beihilfefähigen, landwirtschaftlichen Fläche definiert – und zwar auf Ackerland, Grünland und in Dauerkulturen (DEFAF 2022).

Im Zuge der Energiewende kommt den Energiewäldern oder Kurzumtriebsplantagen (KUPs) eine besondere Bedeutung zu. Kurzumtriebsflächen sind landwirtschaftliche Flächen, auf denen Bäume innerhalb von kurzen Intervallen, d.h. mit einer Umtriebszeit von maximal 20 Jahren angebaut werden. Man spricht von Energiewäldern oder Energieholzstreifen, wenn die Flächen für die Gewinnung von Energieholz genutzt werden (UNSELD et al. 2014, WINTERLING et al. 2022).

Rück- und Ausblick

Agroforstsysteme, die ab den 1970er Jahren in erster Linie als nachhaltige Landnutzung für Kleinbauern vor allem in tropischen Ländern propagiert wurden, werden heute als Teil von Strategien zur Bewältigung globaler Probleme angesehen. Dabei spielt vor allem der Klimawandel eine wichtige Rolle. Agroforstsysteme können langfristig und weltweit einen Beitrag zur Bewältigung des Klimawandels durch Produktion von Energieholz, vor allem aber durch Kohlenstoffspeicherung leisten. ZOMER et al. (2016, 2022) haben auf der Grundlage einer Auswertung von Fernerkundungsdaten festgestellt, dass im Jahr 2010 43 % der globalen landwirtschaftlichen Fläche eine Baumbedeckung von mindestens 10 % aufwies. Von 2000 bis 2010 hatte sich der Baumbedeckungsgrad auf diesen Flächen um 3,7 % erhöht. Das entspricht einer Erhöhung des Biomasse-Kohlenstoffs um 4,6 %. Die Tatsache, dass Biomasse-Kohlenstoff auf landwirtschaftlichen Flächen in Brasilien, Indien, Indonesien und China am stärksten zugenommen hat spricht für eine anhaltende Bedeutung der tropischen Regionen hinsichtlich des Beitrags, den Agroforstsysteme zur Bewältigung globaler Herausforderungen wie dem Klimawandel leisten können.

Literatur

- DEUTSCHER FACHVERBAND FÜR AGROFORSTWIRTSCHAFT (2022): Themenblatt Nr. 3: Agroforstsysteme in der GAP ab 2023 – ein Überblick. Cottbus.
- DUPRAZ, C., LAWSON, G.J., LAMERSDORF, N., PAPANASTASIS, V.P., ROSATI, A., RUIZ-MIRAZO, J. (2018): Temperate agroforestry: the European way. In: GORDON, A.M., NEWMAN, S.M., COLEMAN, B.R.W. (Hrsg.): Temperate agroforestry systems. Wallingford: CABI: 98-152.
- HESMER, H. (1966/1970): Der kombinierte land- und forstwirtschaftliche Anbau. Teil 1 und Teil 2 (Wissenschaftliche Schriftenreihe des Bundesministeriums für Wirtschaftliche Zusammenarbeit, Bd. 8 und 17). Stuttgart: Ernst Klett.
- HÜBNER, R. (2022): Der Weg der Agroforstwirtschaft – Entwicklung der politischen Rahmenbedingungen. In: Ländlicher Raum 73, 1: 30-32.
- KOLLMAIR, T. (1999): Futterbäume in Nepal: traditionelles Wissen, Stellenwert in kleinbäuerlichen Betrieben und räumliche Verteilung. Kultur, Gesellschaft, Umwelt – Schriften zur Südasien- und Südostasienforschung Bd. 3. Münster: LIT Verlag.
- KUMAR, B., NAIR, P. (2007): Tropical homegardens: a time-tested example of sustainable agroforestry. Springer Science and Business Media.
- KÜSTER, H. (1998): Geschichte des Waldes. München: C.H. Beck.
- LUNDGREN, B.O., RAIN TREE, J.B. (1982): Sustained agroforestry. In: Nester, B. (Hrsg.): Agricultural research for development potentials and challenge in Asia. Den Haag: ISNAR: 37-49.
- MCADAM, J.H., BURGESS, P.J., GRAVES, A.R., RIGUEIRO-RODRIGUEZ, A., MOSQUERA-LOSADA, M.R. (2008): Classifications and functions of agroforestry systems in Europe. In: RIGUEIRO-RODRIGUEZ, A., MCADAM,

- J.H., MOSQUERA-LOSADA, M.R. (Hrsg.): *Agroforestry in Europe: current status and future prospects*. Dordrecht: Springer: 21-42.
- MEYFROIDT, P., CARLSON, K.M., FAGAN, M.E., GUTIÉRREZ-VÉDLEZ, V.H., MACEDO, M.N., CURRAN, L.M., DEFRIES, R.S., DYER, G.A., GIBBS, H.K., LAMBIN, E.F., MORTON, D.C., ROBIGNIO, V. (2014): Multiple pathways of commodity crop expansion in tropical forest landscapes. *Environmental Research Letters* 9 074012. Doi:10.1088/1748-9326/9/7/074012.
- MOSQUERA-LOSADA, M.R., SANTOS, M.G.S., CONCALVES, B., FERREIRO-DOMÍNGUEZ, N., CASTRO, M., RIGUERO-RODRÍGUEZ, A., GONZÁLES-HERNÁNDEZ, M.P., FERNÁNDEZ-LORENZO, J.L., ROMERO-FRANCO, R., ALDREY-VÁSQUEZ, J.A., SORBRINO, C.C., GARCÍA-BERRIOS, J.J., SANTIAGO-FREIJANES, J.J. (2023). Policy challenges for agroforestry implementation in Europe. *Frontiers in Forests and Global Change*.
- OLLINAHO, O.I., KRÖGER, M. (2021): Agroforestry transitions: the good, the bad and the ugly. *Journal of Rural Studies* 82: 210-220.
- SZABÓ, P., DINIZ, E.S., HOUSKA, J. (2024): Traditional agroforestry on forested land: a comprehensive analysis of its distribution pattern in the 19th century. *Agroforestry Systems* 98, 115-127.
- SCHMIDT-VOGT, D. (1999): *Der Wanderfeldbau in den Gebirgen Monsunasiens: Hindernis oder Stütze einer nachhaltigen Entwicklung?* HGG-Journal 14. Heidelberg: Heidelberger Geographische Gesellschaft: 163-190.
- SCHMIDT-VOGT, D. (2023): Metamorphosis in the mountains: swiddeners as a force for change in a changing context. In: CAIRNS, M. (Hrsg.): *Farmer innovations and best practices by swiddeners in Asia-Pacific*. CABI: 8-23.
- UNSELD, R., SEIDL, F., NAHM, M., KAROPKA, M., ZÜRCHER, A., MÖDEL, A. (2014): *Anlage und Bewirtschaftung von Kurzumtriebsflächen in Baden-Württemberg*. Rheinstetten-Forchheim: Landwirtschaftliches Technologiezentrum Augustenberg.
- WINTERLING, A., WIESINGER, K., BORCHERT, H. (2022): Agroforstsysteme zur Energieholzgewinnung im ökologischen Landbau. In: *Ländlicher Raum* 73, 1: 36-37.
- ZOMER, R.J., NEUFELDT, H., XU, J., AHREND, A., BOSSIO, D., TRABUCCO, A., VAN NOORDWIJK, M., WANG, M. (2016): Global tree cover and biomass carbon on agricultural land: the contribution of agroforestry to national and global carbon budgets. *Scientific Reports* 2016: 29987. DOI: 10.1038/srep29987.
- ZOMER, R.J., BOSSIOH, D.A., TRABUCCO, A., VAN NOORDWIJK, M., XU, J. (2022): Global carbon sequestration potential of agroforestry and increased tree cover on agricultural land. *Circular Agricultural Systems* 2 (3): <https://doi.org/10.48130/CAS-2022-0003>.

Herkunftsversuche mit Douglasie (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco.) in Bayern

Ein geschichtlicher Rückblick

Wolfhard F. Ruetz

Zusammenfassung Der Anbau der Douglasie in Europa geht schon auf nahezu 200 Jahre zurück. Viele der ersten Anbauten waren sehr erfolgreich, andere erfolglos. Erst durch den umfangreichen Douglasien-Provenienzversuch der IUFRO, den anschließenden kontrollierten Ernten und den darauffolgenden Versuchsanbauten auf verschiedenen Standorten konnte die Herkunftsfrage und die Anbaueignung geklärt werden.

Schlüsselwörter Douglasien-Herkunftsversuche, IUFRO Provenienzversuch, kontrollierte Saatguternten in den USA, Douglasienanbau in Bayern.

Abstract Douglas fir was introduced into Europe nearly 200 years ago. Many of the first plantations were very successful, whereas others failed. It was only through the extensive provenance trial with Douglas fir carried out by IUFRO, the subsequent controlled harvests, and the cultivation trials that followed those on various sites that provenance recommendations could be made for the sites in Bavaria.

Keywords Introduction of Douglas fir in Europe and in Bavaria, Germany, IUFRO provenance trials, controlled seed harvests in Washington and Oregon, development of Douglas fir plantations in Bavaria.

1. Geschichtlicher Rückblick

Die Douglasie sowie zahlreiche andere Baumarten des amerikanischen Westens wurden bereits im Jahr 1826 nach Europa eingeführt. Die ersten Anregungen zur systematischen Anlage von Versuchsanbauten mit ausländischen Holzarten stammen wohl aus dem Jahre 1880 von dem Baumschulbesitzer John Booth aus Klein-Flottbeck bei Altona (BOOTH, 1907). Bei einer Sitzung des „Vereins deutscher forstlicher Versuchsanstalten“ am 7. September 1880 in Baden-Baden stand das Thema „Feststellung der Anbauwürdigkeit ausländischer Waldbäume“ auf der Tagesordnung. Als Referent wurde John Booth geladen. Schon damals wies Booth auf die Notwendigkeit hin „*genau auf die Provenienz des Samens zu achten.*“ (S.153-155, GANGHOFER 1882).

Die Standortempfehlungen von damals treffen auch heute noch weitgehend zu - „*Genügsam (auf Düdensand): liebt losen und milden, durchlässigen, frischen Boden, gedeiht auf trockenem Boden, erträgt strengen Frost, verhält sich ungünstig auf feuchtem und nassem Boden.*“

In der folgenden Zeit wechselten sich immer wieder Phasen der Begeisterung mit Phasen der Abneigung gegenüber der Douglasie ab. Die Gründe für dieses wechselhafte Verhalten vieler Forstleute lagen meist an der ungeeigneten Standortwahl und später oft auch bei der Herkunft, welche zufällig angebaut wurde. Die ersten Douglasien, die nach Europa kamen, stammten vermutlich aus dem Mündungsgebiet des Columbia Flusses in den Pazifik - der heutigen Grenze zwischen den Bundesstaaten Oregon und Washington - entlang des 46° Breitengrades. Es ist eine sehr wüchsige küstennahe Douglasien-Herkunft.

Die Douglasie (*Pseudotsuga menziesii* Mirb Franco) wird seit über 100 Jahren in Bayern angebaut (MAYR 1907, SCHWAPPACH, 1907, 1914). Die erste Anbauperiode mit verschiedenen nordamerikanischen Baumarten erfolgte zwischen 1881-1891 (HARTIG 1892). Bereits 1884 berichtete der Forstmeister Bierdimpfel zu Freising über die Nachzucht der Douglasie. Er empfahl: „die Douglasie gedeihe am besten unter dem Schirm älterer Bäume“ (siehe auch hierzu GANGHOFER 1882 „Das forstliche Versuchswesen“ Band II, Heft 1, S. 169 ff). Schon 1891 wurden nach den Angaben von MAYR (1907) in den Staatswäldungen Bayerns 938.760 Douglasien in 179 Revieren ausgepflanzt (davon 56.840 in Oberbayern). Es wird berichtet, dass die Ausfälle weit über 50 Prozent betrugen. MAYR wies auch darauf hin, dass die Douglasie schon wegen der Güte ihres Holzes anbauwürdig sei, und dass 25-jährige Douglasien (im Jahr 1907) schon eine Höhe von 15 m erreichten. Im gleichen Jahr schrieb MAYR: „*Die grüne Douglasie mag überall Verwendung finden, wo die Winter nicht allzu strenge, die blaue, wo das Klima kontinentaler wird.*“ und empfahl die Douglasie auf Standorte zweiter Bonität gruppenweise einzubringen. So auch die Douglasien im „Stecher“ zwischen Teisendorf und Oberteisendorf, die im Jahr 1903 gepflanzt wurden und nun eine Höhe von 55 m erreicht haben.

Da sich das Verbreitungsgebiet der Douglasie vom südlichen Kanada bis nach Mexico und vom Pazifik bis zum Ostabhang des Felsengebirges (Rocky Mountains) erstreckt (Abbildung 1), verwundert es nicht, dass auch andere Herkünfte aus diesem riesigen Gebiet, das erst Mitte des 19. Jahrhunderts erschlossen wurde, nach Europa gebracht wurden. Aber neben geeigneten Herkunft

kamen auch zahlreiche Herkünfte mit schlechten Wuchseigenschaften nach Europa. Es überrascht umso mehr, wie früh bereits auf die Eignung der grünen Douglasie für den Anbau in Europa hingewiesen wurde (MAYR 1907) und dass es nahezu 100 Jahre dauern musste, bis diese Empfehlung auch ihren Weg in die Gesetzgebung und Herkunftsempfehlung fand. BOISELLE (1953/54) schrieb: „Die Snoqualmie Douglasie, die Douglasie der Zukunft“. Jedoch brauchte es fast weitere 40 Jahre, bis man erkannte, wie wüchsig Herkünfte aus dem Snoqualmie-Gebiet (heutige Saatgutzone 412) tatsächlich sind. Nach Reisen in die Douglasiengebiete (1951 und 1955) wiesen B. STREHLKE (1959) und E.G. STREHLKE (1959) auf die guten Herkünfte im nördlichen Teil des Staates Washington zwischen Ashford/Randle im Süden und bis zum Mount Baker im Norden hin, insbesondere auf die: „Besonders bewährte Herkunft - mit ausgezeichneter Stammform in der Nähe von Darrington“. Die Herkünfte aus dieser Region haben sich später als sehr wüchsig und frosthart in mitteleuropäischen Anbauten herausgestellt.

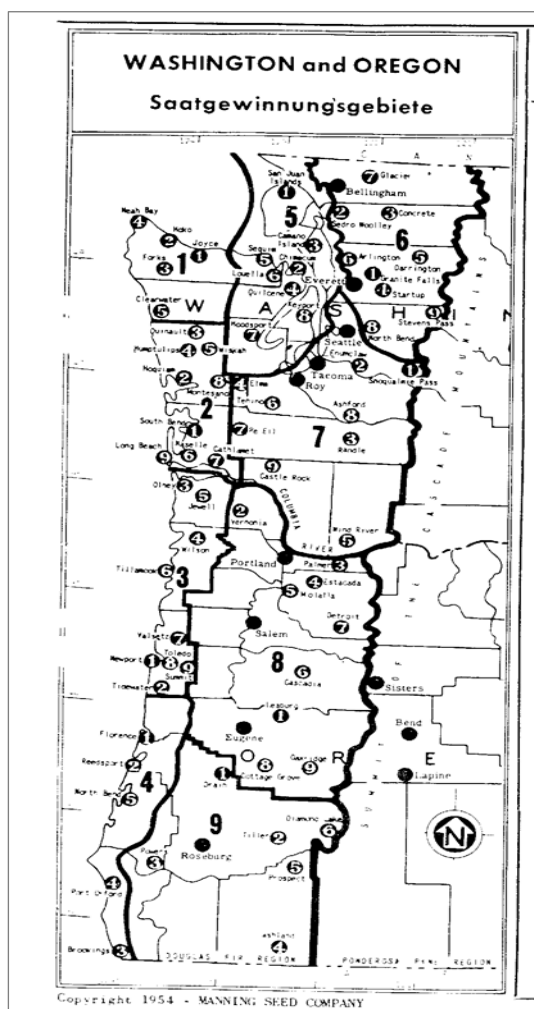


Abbildung 1: Herkunftsgebietskarte der Firma Manning Seed Company, 1954.

Figure 1: Map showing areas of provenance (seed crop areas) of the Manning Seed Company 1954.

Zu Beginn des 20. Jahrhunderts drängte sich, nach schlechten Erfahrungen mit Kiefer und Erle in der Forstwirtschaft, der Herkunftsgedanke bei der Douglasie ins Bewusstsein. Daher wurden auch die ersten Herkunftsversuche in dieser Zeit angelegt. So legte Professor Münch im Jahr 1913 den

ersten bayerischen Douglasien-Provenienzversuch im Forstamt Kaiserslautern an (MÜNCH 1923, 1928, STIMM und DONG, 2001). Weitere Anbauten erfolgten in den dreißiger- und fünfziger Jahren (FABRICIUS 1947, DITTMAR 1954, MEYER 1954, ROHMEDE 1954, 1956, SCHÖBER 1954, 1959, SCHÖBER und MEYER 1955). Ende der sechziger Jahre wurde von der IUFRO eine Saatguternte für einen umfangreichen „Internationalen Douglasien-Provenienzversuch“ organisiert. Anfang der siebziger Jahre wurden dann die Pflanzen in zahlreichen Ländern auf Versuchsflächen ausgebracht.

Die ersten Versuchsanbauten deuteten alle darauf hin, dass aus dem pazifischen Verbreitungsgebiet der Douglasie die besten Herkünfte für Mitteleuropa zu finden seien. So schrieb ROHMEDE bereits im Jahre 1954 über einen im Jahre 1932 angelegten Provenienzversuch, dass die besten Douglasien-Herkünfte vom Westabhang der Kaskaden stammen sollten und dass diese neben dem guten Wachstum auch die höchste Resistenz gegenüber der Nadelschütte *Phaeocryptopus gäumannii* hätten. Leider gingen exakte Herkunftsangaben verloren. Er bezeichnete die Herkünfte vom Westabhang der Kaskaden in Washington aus unterschiedlichen Höhenlagen mit den Buchstaben A, E, I, O und U. Die Herkunft „Y“ kam aus dem Siskyou Gebirge in Süd-Oregon aus einer Höhenlage von 1.500 m. Die Longbell Lumber Company von Longview, Washington am unteren Columbia Fluss war der Saatgutlieferant.

In der gleichen Zeitschrift berichtete MEYER (1954), dass die „Grüne Douglasie“ (*viridis*) sich gegenüber der Nadelschütte *Rhabdocline pseudotsugae* resistent zeigte, die *glauca*-Form aber besonders anfällig sei und bei der Übergangsform *caesia* („Graue Douglasie“) aus dem Inlandsgebiet (Anmerk.: Shuswap Lake/ Salmon Arm Gebiet) von British Columbia, eine sehr heterogene Anfälligkeit zu finden sei, je nach Höhenlage der Provenienz.

Mangels ausreichender Herkunftskontrollen wurden jedoch weiterhin häufig ungeeignete Herkünfte nach Deutschland exportiert, denn man erntete dort, wo es am günstigsten zu ernten war. Die *caesia* Rasse war auch bei den Baumschülern sehr beliebt, weil man sie in der Baumschule nicht gegen Winterfrost und Frostdrocknis schützen musste (siehe auch WAGNER 1976). Wie beim Roulette bekam man mal eine gute, mal eine schlechte Herkunft, oder eine Mischung aus beiden. Daher war der Douglasienanbau von Phasen des Erfolgs und des Misserfolgs geprägt.

2. Saatgutbeschaffung

Nach dem Zweiten Weltkrieg stieg das Interesse an der Douglasie wieder an. Für den Wiederaufbau gab es einen hohen Holzbedarf und viele Waldflächen mussten wieder aufgeforstet werden. Damit stieg auch die Nachfrage an Douglasien-Saatgut.

Die Firma Manning Seed Company (später „Silva Seed“) mit Sitz in der Nähe von Tacoma (Roy), Washington, war eine der ersten Firmen, die eine Karte der Staaten Washington und Oregon herausbrachte mit eingezeichneten „Saatgutgewinnungsgebieten“. Der Firmenbesitzer Bent Gerdes war Däne und kannte die europäischen Verhältnisse. Die Karte enthielt auch Klimaangaben zu den einzelnen Erntegebieten (Abbildung 1.). Diese Karte bezog sich ausschließlich auf die Region westlich des Kaskadenkammes in den Staaten Oregon und Washington, dem Gebiet der „Grünen

Douglasie“. Eine weitere Karte mit eingezeichneten Herkunftsgebieten in British Columbia, Canada erschien in einem Douglasien-Sonderheft der Firma C. Appel im Jahr 1964 (EISELE 1964) (Abbildung 2).

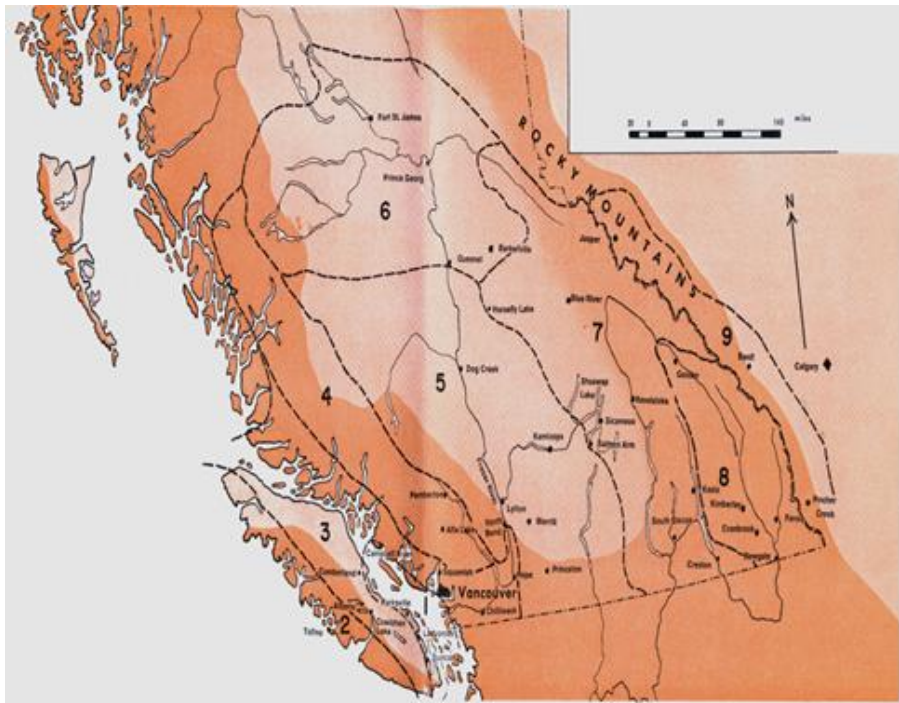


Abbildung 2: Saatgut-Erntegebiete in British Columbia, Canada (Fa. APPEL, 1964).

Figure 2: Seed harvesting areas in British Columbia, Canada (APPEL company, 1964)

Wie konnte es jedoch dazu kommen, dass größere Mengen Saatgut, bzw. Saatgut-Mischungen aus der Region der „Grauen Douglasie“ importiert wurden?

Die Antwort lag sowohl in Europa wie in Nordamerika. Baumschulen in Deutschland bevorzugten oft die „Graue Douglasie“, die frost-unempfindlicher war und sich leichter in Baumschulen nachziehen ließ. In Nordamerika fruktifizierte die Inlands-Douglasie („Graue Douglasie - *caesia*“) häufiger und regelmäßiger als die „Grüne Douglasie“ aus dem niederschlagsreichen Gebiet westlich des Kaskadenkammes. Ernte-Kontrollen gab es zu dieser Zeit nicht, somit wurde oft das Saatgut östlich des Kaskadenkammes geerntet und über den Kaskadenkamm in das Gebiet der „Grünen Douglasie“ gebracht. Die Zapfenernte war meist ein Familienereignis der ländlichen Bevölkerung, um die Haushaltskasse aufzubessern. Man hat sich keine Gedanken über die Herkunft gemacht, sondern man hat geerntet, wo es am meisten Saatgut zu ernten gab. Die Saatguthändler waren froh über jedes geerntete Kilogramm Saatgut, denn die Nachfrage war hoch. So schrieb E.G. STREHLKE im Jahr 1959 „Umso beunruhigender ist es, dass im letzten Jahr fast 50 % des importierten Douglasiensaatgutes aus den obengenannten *caesia*-Inseln stammen dürfte. Vielleicht Folge einer dort besonders guten Ernte, vielleicht auch begünstigt durch ein größeres forstliches Interesse für die *caesia*!“. Auch in den USA wurden Bestände im Bereich der „Grünen Douglasie“ mit Herkünften der „Grauen Douglasie“ gegründet.

Saatgut für die ältesten Versuche wurde meist über Beziehungen zu der amerikanischen Bundesforstverwaltung (U.S. Forest Service) eingebracht oder durch Holzfirmen geerntet (ROHMEDER 1952, MEYER 1954). Auch die Beziehungen vieler amerikanischer Forstfakultäten zu denen in Europa halfen bei der Beschaffung von Saatgut (PLOCHMANN 1966).

3. Kontrollierte Saatguternten

Ein wesentlicher Schritt in Richtung Herkunftssicherung erfolgte in den Haupterntegebieten der Douglasie in den Staaten Oregon und Washington, USA durch die Einführung von offiziellen Saatgut-Erntezonen (seed zones, Abb. 3) mit entsprechender OECD-Zertifizierung im Jahr 1966 (HERMANN 1969). Das OECD-Schema wurde 1970 mit der Abgrenzung von Saatguterntezonen dann auch 1977 in Kanada eingeführt, (DOBBS; R:C., EDWARDS, DGW, KONISHI and WALLINGER, D. 1976).

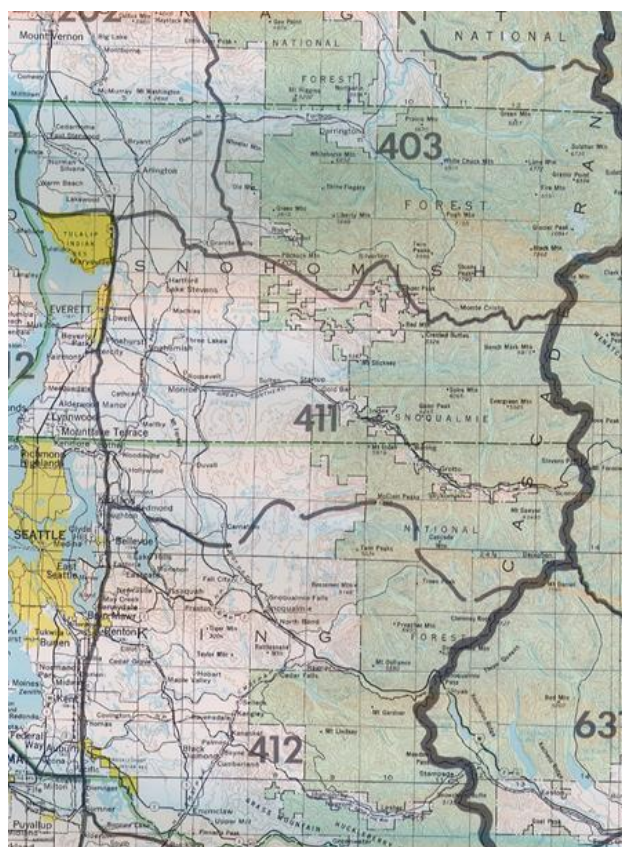


Abbildung 3: Auszug aus der Seed-Zone-Karte für das Gebiet Snoqualmie (412) und Darrington (403).

Figure 3: Excerpt from the „Seed Zone Map” for the Snoqualmie (412) and Darrington (403) areas.

Ende der 1960er Jahre wurde von der IUFRO eine Saatguternte für einen umfangreichen „Internationalen Douglasien-Provenienzversuch“ organisiert, welcher Anfang der 1970er Jahre in zahlreichen Ländern ausgepflanzt wurde (DIMPFLMEIER, 1970). Die IUFRO-Ernte in den Jahren 1966-1968 mit über 160 Herkünften aus dem gesamten Verbreitungsgebiet der Douglasie wurde von Helmut Barner (Dänemark) koordiniert. Diese Ernte war der Vorbereiter für die erste kontrollierte Ernte der Bundesländer Bayern und Niedersachsen (RACZ, 1972) im Jahr 1971 und 1976 (z.B. RUETZ 1989). Zur Durchführung des Versuchswesens an der damaligen „Landesanstalt“ wurde im Jahr 1973 Dr.

Wolfhard RUETZ in Teisendorf als Forstwissenschaftler angestellt. Eine weitere kontrollierte Saatguternte 1976 wurde in Zusammenarbeit mit der Simpson Timber Company und der Unterstützung der Baumschule Steingaesser in Miltenberg durchgeführt. Die nächste Ernte erfolgte 1978 im Rahmen eines Forschungsaufenthalts von Ruetz an der University of Washington (Seattle). Alle diese Ernten konzentrierten sich speziell auf die Gebiete nördlich des 45° Breitengrades der Bundesstaaten Oregon und Washington sowie auf den südlichen Teil der Provinz British Columbia (Vancouver Island) und auf den westlichen Teil des Kaskaden-Hauptkamms (siehe RACZ und KLEINSCHMIT 1978). Ziel war es, die Herkunftsfrage bei dieser leistungsfähigen Baumart endgültig zu klären. Mit dem eingebrachten Saatgut wurden über 20 (22,4 ha) Anbau/Provenienzversuche in vielen Regionen Bayerns angelegt KONNERT, RUETZ und SCHIRMER, 2008).

In Bayern wurde der IUFRO Hauptversuch mit 109 Herkünften im Forstamt Heigenbrücken angelegt und ein weiterer Anbauversuch mit Restpflanzen im Forstamt Traunstein/Osing in unmittelbarer Nähe des Pflanzgartens Laufen-Lebenau mit 73 Herkünften. Über die Entwicklung der verschiedenen Herkünfte auf der Versuchsfläche in Heigenbrücken wurde erstmals im Alter von 6 Jahren berichtet (KLEINSCHMIT et.al. 1974).

Der Anbauversuch im Osinger Wald diente überwiegend als Exkursionsobjekt für die Fortbildung von Studenten, Referendaren und Waldbesitzern (LUCKAS, 2024). Neben der Herkunftsfrage sollte der Versuch auch Hinweise für die waldbauliche Behandlung der Douglasie im Alpenvorland geben (RUETZ, 1981, RUETZ und FOERST, 1984, RUETZ und NATHER, 1987, RUETZ 1989). Die Versuchsanbauten im Osinger Wald wurden im Jahr 2009 Bestandteil eines Waldlehrpfades zum Thema „Unser Wald im Wandel“.

Der IUFRO-Versuch wurde mit 3-jährigen, wurzelnackten Pflanzen im Verband 2 x 2 m angelegt. Der Versuch in Heigenbrücken mit 109 Herkünften war ein „Dreisatzgitter“ mit 16 Pflanzen je Parzelle und 3 Wiederholungen. Der Versuch in Traunstein enthielt 73 Herkünfte, jedoch nur mit 5 bis maximal 40 Restpflanzen je Herkunft, ohne Wiederholung. Die Herkünfte wurden zur Auswertung folgenden Regionen zugeordnet:

1. Vancouver Island, British Columbia, Canada
2. Küstenbereich, British Columbia, Canada
3. Inlandsbereich („interior“) British Columbia, Canada („Graue Douglasie“)
4. Küstengebiet/Olympic Halbinsel, Washington, USA
5. WestKaskaden, Washington, USA (Nordteil)
6. Westkaskaden, Washington, USA (Südteil)
7. Ostkaskaden, Washington und Nord-Oregon, USA
8. Westkaskaden und Küstengebirge, Oregon, USA
9. Deutsche Herkünfte
10. Kalifornien, USA

4. Begleitende Untersuchungen und Entstehung eines Isoenzym-Labors

In enger Zusammenarbeit mit der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen wurden an den Jungpflanzen aus den kontrollierten Ernten auch physiologische Untersuchungen durchgeführt (u.a. LARSEN und RUETZ, 1980). Mit dem Forstgenetischen Institut in Göttingen konnten auch die ersten angewandten biochemisch-genetischen Untersuchungen mit Isoenzymen durchgeführt werden, um ihre Eignung für die Praxis zu testen (BERGMAN und RUETZ, 1987). Die Ergebnisse waren eine vielversprechende Möglichkeit, Baumarten, Bestände und Provenienzen zu charakterisieren. Die Ergebnisse solcher Untersuchungen wurden bei der 25-Jahrfeier (1989) der damaligen „Landesanstalt“ in Teisendorf vorgestellt. Der damalige Leiter, Dr. Rudolf DIMPFLMEIER befürwortete die Einrichtung eines Isoenzym-Labors als weiteres Standbein der „Landesanstalt“. Die Zustimmung, durch MDir. Dr. O. SEITSCHKEK erfolgte noch am Ende der 25-Jahrfeier. Mit den Planungen für das Labor wurde umgehend begonnen. Im Jahr 1991 wurde das Labor in der ehemaligen Werkstatt fertiggestellt und Dr. Monika KONNERT als Leiterin des neuen Labors eingestellt. Die durchgeführten Untersuchungen waren so erfolgreich und prägend, dass die Behörde im Jahr 2019 in „Amt für Waldgenetik“ umbenannt wurde. Ein Neubau mit einem weiterem Labor-Gebäude entstand bereits 2014.

5. Entwicklung nach den ersten Versuchsauswertungen

Durch die verstärkte Abholzung vieler Douglasien-Bestände in Nordamerika Ende der 1970er und Anfang der 1980er Jahre, beschlossen verschiedene europäische Länder, von den besten Herkünften aus den kontrollierten Ernten und den IUFRO-Ernten nochmals Saatgut in Nordamerika zu ernten, um damit sogenannte „Generhaltungsbestände“ in Europa anzulegen. In Bayern wurden fünf solcher künftigen Saatguterntebestände gegründet.

Von der damaligen EWG, jetzt EU, wurde eine Bereisung der Douglasien Herkunftsgebiete in den Jahren 1988, 1989 und 1991 durchgeführt. Ziel der Bereisung war, den Zustand und die Erntemöglichkeiten in den Beständen aus der Region des IUFRO-Herkunftsversuchs in den Staaten Washington, Oregon und Kalifornien zu erkunden. Die verschiedenen Erntebestände wurden in Karten eingetragen und kurz beschrieben. Jeder Bestand erhielt neben der Herkunftsgebietsnummer eine zusätzliche EU (engl. EC) Nummer, unter deren Bezeichnung auch Douglasien-Saatgut zu beziehen ist. So hat zum Beispiel der Talkessel von Darrington, Washington, USA („Darrington Flats“) die Bezeichnung 403/10 (403 = Herkunftsgebiet oder Samenzone (engl. „seed zone“) und 10 = der Bestand „Darrington Flats“); 403/11 ist das Ernteggebiet am „Round Mountain“ usw. (FLETCHER et al. 1991) (Abbildung 4.).

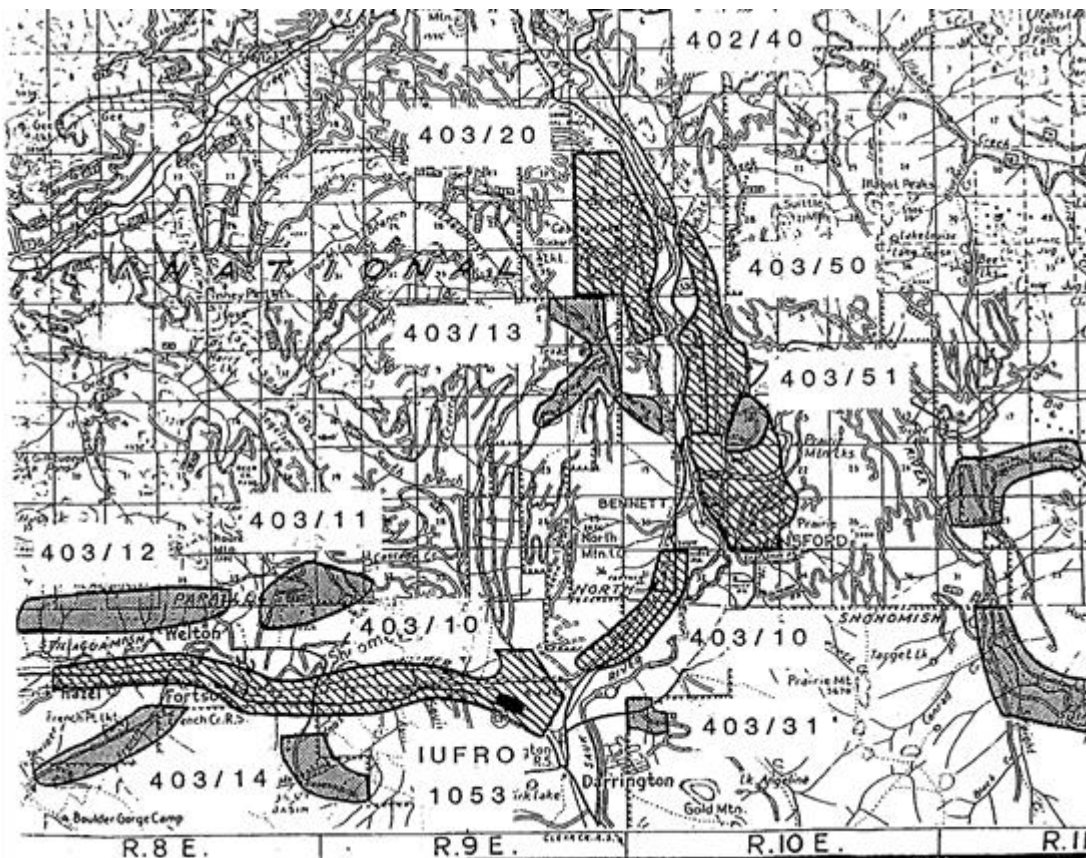


Abbildung 4: Ausgewählte Erntebestände durch die EU, 1991.

Figure 4: Douglas fir seed-crop stands designated by the EU, 1991

Nach der Douglasien-Anbauwelle der 1970er Jahre folgte eine kurze Phase der Abneigung gegenüber Nadelholz allgemein und besonders gegenüber „fremdländischen Baumarten“. Diese Abneigung endete jedoch Anfang der 1990er Jahre durch die überzeugende Leistung geeigneter Douglasien-Herkünfte, durch die verstärkte Verwendung von Holz im Baubereich und die Übernahme von DIN-Normen für die Verwendung von Douglasienholz. Beginnende Diskussionen über die Klimaerwärmung (Klimawandel) verbunden mit einem Rückgang der Fichte, führte dazu, dass am Ende des Jahres 2001 wieder verstärkt Douglasien angebaut wurden.

Die restriktive Gesetzesänderung der EU zum Import von Forstlichem Vermehrungsgut machte eine weitere Bereisung der Herkunftsgebiete der Douglasie im nördlichen Teil der „grünen“ Douglasie erforderlich. Mitarbeitende des damaligen ASP (jetzt AWG) reisten im Jahr 2010 in den Staat Washington, um mit der Unterstützung der Firma GERDES-SILVASEED in Roy Washington und der „Forstlichen Kontrollbehörde“ eine Auswahl von Douglasien-Saatgut-Erntebeständen zu erreichen. Damit wurde eine Angleichung der Import-Richtlinien an das EU-Recht erreicht und der Import aus diesen Beständen wieder zugelassen (KONNERT und RUETZ, 2011). Dies galt dann auch für andere interessante Baumarten wie Küstentanne (*Abies grandis*) und Edeltanne (*Abies procera*), bei denen ebenfalls kontrollierte Saatguternten von der IUFRO und den Ländern durchgeführt wurden. Über die Ergebnisse der Provenienz- und Anbauversuche mit Douglasie, Küsten- und Edeltanne berichteten zahlreiche Publikationen und auch Diplom- und Abschlussarbeiten.

Fazit

Die im Jahr 1964 gegründete Landesanstalt in Teisendorf, in Zusammenarbeit mit der IUFRO und der Arbeitsgemeinschaft der Länder hatte einen wesentlichen Anteil, dass die Herkunftsfrage bei der Douglasie endgültig geklärt wurde. Douglasien-Holz ist heute eine begehrte Holzart, die in jedem Baumarkt zu finden ist. Auch im Zeichen des Klimawandels wird sie dank der zahlreichen Versuchsanbauten auf passenden Standorten häufig angebaut.

Literatur

- BERGMAN, F. und RUETZ, W. (1987): Identifizierung von Hybridlärchensaatgut aus Samenplantagen mit Hilfe eines Isoenzym-Markers. *Silvae Genetica*, Nr. 36, Heft 2. S.102-105.
- BOISELLE, R. (1953): Die Snoqualmie-Douglasie, die Douglasie der Zukunft. *Allg. Forst und Jagdzeitung* 1953/54, Heft 2, S.
- BOOTH, J. (1907): Die Versuche mit ausländischen Holzarten in den bayerischen Staatswäldungen. *Forstw. Centralblatt*, Jahrgang 29, Sept.-Okt. S. 531-541.
- DIMPFLMEIER, R. (1970): Zur Anzucht der Douglasie, *Allg. Forstzeitschrift* Nr. 39, S. 812-813.
- DITTMAR, O. (1954): Teil II. Die Entwicklung des Douglasienprovenienzversuchs aus dem Jahre 1930 in Freiwäldern, Abteilung 171. *Archiv f. d. Forstwesen* 3, 1954, S. 399-431.
- DOBBS, R.C.; EDWARDS, D.G.W.; KONISHI, J. and WALLINGER, D. (1976): Guidelines to collecting cones of B.C. conifers, B.C. Forest Service/Canadian Forestry Service Joint Report No.3 March 1976 96 S.
- EISELE, K. (1964): Douglasien Sonderheft der Fa. C. Appel, Darmstadt.
- FABRICIUS, L. (1947): Aus dem Heinrich-Mayr-Garten in Grafrath. *Allg. Forstzeitschrift* 2, Heft 3, S.17-19.
- FLETCHER, A.M.; BASTIEN, J. C. and NANSON, A. (1988 and 1991): Douglas-fir Seed Sources – Field Inspection – Washington, Oregon and Northern California. Volumes 1 and 2, Report to the Commission of the European Communities.
- GANGHOFFER, A. (1882): Anbauversuche mit ausländischen Holzarten. *Das Forstliche Versuchswesen*, Band II. Heft I. S.153-196.
- HARTIG, R. (1892): Anbauversuche mit ausländischen Holzarten in den bayerischen Staatswäldungen. *Forstlich-naturwissenschaftlichen Zeitschrift*, Heft 11 und 12, S.1-43.
- HERMANN, R. K. (1969): Forstliche Saatgutenerkennung im Nordwesten der USA. *Allg. Forstzeitschrift* 14, Heft, S. 304-306.
- KLEINSCHMIT, J.; RACZ, J.; WEISGERBER, H.; DIETZE, W.; DIETRICH, H. und DIMPFLMEIER, R. (1974): Ergebnisse aus dem internationalen Douglasien-Herkunftsversuch von 1970 in der Bundesrepublik Deutschland. *Silvae Genetica* 23. S167-176.
- KONNERT, M.; RUETZ, W. und SCHIRMER, R. (2007): Fragen zum forstlichen Vermehrungsgut bei Douglasie, *LWF Wissen*, Heft 59. S. 22-26.
- KONNERT, M. und RUETZ, W. (2011): Besuch von Erntebeständen im Ursprungsland der Douglasie. *Allg. Forstzeitschrift* 6. Jg. H. 5, 9-11.
- LARSEN, J. B. und RUETZ, W. F. (1980): Frostresistenz verschiedener Herkünfte der Douglasie *Pseudotsuga menziessii* und der Küstentanne *Abies grandis* entlang des 4. Breitengrades in Mittel Oregon. *Forstwissenschaftl. Centralblatt*, 99 (4), S. 222-233.
- LUCKAS, M. (2024): Themenpfad „Unser Wald im Wandel“, Beitrag im Forstlichen Forschungsbericht München (in Druck)
- MAYR, H. (1907): Die Anbauversuche mit fremdländischen Baumarten in den Staatswäldungen des Königreichs Bayern. *Forstw. Centralblatt*, 29 Jg., Januar, S.1-10. und März, S. 129-137.
- MEYER, H. (1954): Rhabdoclinebefall an Douglasien verschiedener Provenienz. *Forstz und Holzwirt* 9, S. 180-182.

- MÜNCH, E. (1923): Anbauversuch mit Douglasfichten verschiedener Herkunft und anderen Nadelholzarten. Mitt. Der Deutschen Dendrol. Ges. 33, S. 61-79.
- MÜNCH, E. (1928): Klimarassen der Douglasie. Zentralbl. für das Ges. Forstwesen 54, S. 254-260.
- PLOCHMANN, R. (1966): Samengewinnung bei der Douglasie. Bericht an die Oberforstdirektion München vom 5.9.1966.
- RACZ, J. (1972): Möglichkeiten und Voraussetzungen für die kontrollierte Beerntung von Douglasien in den USA. Forstarchiv 43 (1), S. 5-12.
- RACZ, J. und KLEINSCHMIT, J. (1978): Standörtliche Grundlagen für Anbauempfehlungen von Douglasien-Herkünften und erste Ergebnisse der Prüfung von Douglasien-Herkünften und erste Ergebnisse der Prüfung von Bestandesbeerntungen aus den USA. Allg. Forst- u. Jagdztg. 149. Jahrgang, Heft 6/7, S.101-113.
- ROHMEDER, E. (1952): 23 j. Anbauversuche mit grüner Douglasie verschiedener Herkunft. Versuchsniederschrift an die Bayer. Ministerialforstabteilung (15.Mai, 1952).
- ROHMEDER, E. (1954): 23-jährige bayerische Anbauversuche mit grüner Douglasie verschiedener Herkunft“ Der Forst und Holzwirt 9, 1954, S. 179-180.
- ROHMEDER, E. (1956): Prof. Münchs Anbauversuche mit Douglasien verschiedener Herkunft und anderen Nadelbaumarten im Forstamt Kaiserslautern-Ost. Zeitschrift f Forstgenetik 5, 1956, S. 142-156.
- RUETZ, W.F. (1981): Douglasien-Herkunftsempfehlungen – ein Vorschlag für Bayern. Allg. Forstzeitschrift, Nr. 41. 1074-1077.
- RUETZ, W.F. (1989): Provenienzforschung bei der Douglasie. Allg. Forstzeitschrift- Sonderheft 25 Jahr LASP, Heft 22/23, 563-565.
- RUETZ, W.F. und FOERST, K. (1984): Grundsätze für den Anbau der Douglasie in Bayern. Bayer. Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten – Herausgeber, 17 S.
- RUETZ, W.F. und NATHER, J. eds- (1987): Proceedings of the IUFRO Working Party on Breeding Strategy for Douglas-fir as an Introduced Species. FBVA Berichte (Forstl. Bundesversuchsanstalt/Wien, Nr. 21, 300 S. Meeting of IUFRO WP.S2.02.05, Vienna, Austria, June 1985.
- SCHOBER, R. (1954): Douglasien Provenienzversuche I, Allg. Forst und Jagdzeitung 125 (5), 1954, S.160-179.
- SCHOBER, R. (1959): Ergebnisse von Douglasien-Provenienzversuchen in Deutschland, Holland und Dänemark. Allg. Forstzeitschrift 14, Nr. 8, S.145-152.
- SCHOBER, R. und MEYER, H. (1955): Douglasien-Provenienzversuche II, Allg. Forst und Jagdzeitung 126 (11/12) S. 221-243.
- SCHWAPPACH, A. (1907): Über den Wert der verschiedenen Formen der Douglasfichte. Mitt. der Deutschen Dendrol. Ges. 16, S. 122-125.
- SCHWAPPACH, A., (1914): Einfluss der Herkunft des Samens von *Pseudotsuga Douglasii* auf das Wachstum der Pflanzen. Mitt. der Deutschen Dendrol. Ges: 23, S. 35-36.
- STIMM, B. und DONG, P.H. (2001): Der Douglasien-Herkunftsversuch Kaiserslautern nach neun Jahrzehnten Beobachtung. Forstw. Centralblatt. Jg. 120, S.173-186
- STREHLKE, E. G. (1959): Auf die Herkunft kommt es an! Zum Anbau der Douglasie in Deutschland. Der Forst- und Holzwirt Jahrg. 14 – Heft 14, S289-295.
- STREHLKE, B. (1959): Die Ernte von Douglasiensamen in USA und Kanada – Folgerungen für die deutsche Forstwirtschaft. Der Forst und Holzwirt Jg. 14 – Heft 14, S.295-300.
- WAGNER, F. (1976): Douglasienanbau: Auswertung der Erhebungsbögen über Frosttrocknisschäden. Schreiben der Oberforstdirektion Regensburg an die Forstämter v. 1.10.1976.

Anbau von Alternativbaumarten im Klimawandel am Beispiel der Atlaszeder

Muhidin Šeho, Barbara Fussi und Darius Kavaliauskas

Zusammenfassung 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 trockenheits-toleranten Alternativbaumarten seitens der Forstpraxis.

Die beiden Zedernarten Atlas- und Libanonzeder werden wegen ihrer hohen Klimatoleranz (Trockenheits- und Frosttoleranz) zunehmend als mögliche Alternativbaumarten in Bayern oder Deutschland diskutiert und können ökologisch und ökonomisch in unsere Wälder integriert werden. Sie sollen zur Stabilisierung von labilen Fichten- und Kiefernbeständen beitragen und damit langfristig Engpässe bei der Nadelstammholzversorgung vermeiden.

Da bisher kaum Anbauerfahrungen in Bayern vorliegen, sollten die möglichen Alternativbaumarten im Rahmen von Herkunfts- und Praxisanbauversuchen ausprobiert werden. Besonderes Augenmerk sollte auf die Herkunft des Vermehrungsgutes gerichtet werden, da diese für die Anpassungsfähigkeit und den erfolgreichen Anbau eine entscheidende Rolle spielt. Vor der Einbringung sollten die Eignung von Saatguterntebeständen bewertet werden. Neben der Bewertung des Phänotyps (Erscheinungsbild), ist es wichtig die genetische Vielfalt und Diversität sowie die räumlich genetische Differenzierung der Populationen zu ermitteln. Anhand der vorliegenden Ergebnisse können Saatguternte- und Erhaltungsbestände für die Atlaszeder vorgeschlagen werden.

Schlüsselwörter *Cedrus atlantica*, Artdifferenzierung, räumlich-genetische Strukturen, genetische Vielfalt, Saatguterntebestände

Abstract The effects of climate change are becoming more and more apparent, affecting entire ecosystems and their services. As a consequence of increasingly frequent dry years and the invasive spread of harmful organisms, interest on the part of forest stakeholders in drought-tolerant alternative tree species is growing.

The two cedar species Atlas cedar and Lebanese cedar have been discussed as possible alternative tree species in Bavaria or Germany, due to their high climate tolerance (drought and frost tolerance), and the fact that they can be integrated both ecologically and economically into our forests. They should help to stabilise unstable spruce and pine stands and thus to prevent bottlenecks in the supply of coniferous logs in the long term.

As there is no experience in Bavaria to date with the cultivation of these species, they should be tested as possible alternative tree species in the course of provenance and practical cultivation trials. Particular attention should be paid to the origin of the reproductive material, as this plays a decisive role in the trees' adaptability and the success of the cultivation. The suitability of seed crop stands should be evaluated before their use as seed sources. In addition to evaluating the phenotype, it is important to determine the genetic diversity and spatial genetic differentiation of the populations. Based on the available results, potential seed crop stands and conservation stands for the Atlas cedar can be proposed.

Keywords: *Cedrus atlantica*, species differentiation, spatial genetic structures, genetic diversity, seed crop stands

1. Einleitung

Das Ziel der aktuellen Einbringung von möglichen Alternativbaumarten ist es, die bestehende Baumartenpalette zu erweitern und dadurch das Anbaurisiko zu streuen (DE AVILA und ALBRECHT 2018, THURM et al. 2018, ŠEHO und JANŠEN 2019, ŠEHO 2020). Die verwendeten Baumarten sollten ökologisch und ökonomisch in unser Waldökosystem integrierbar sein.

Im Rahmen des vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMLE) geförderten Projekts „CorCed“ wurde die Anbaueignung von Herkünften der Atlaszeder, Libanonzeder und Baumhasel als mögliche Alternativbaumarten in Deutschland untersucht. Wie bei den heimischen Baumarten sollte bei den verwendeten nichtheimischen Baumarten das Augenmerk auf die Herkunftswahl einer Baumart sowie die Qualität und nachhaltige Erzeugung des Saat- und Pflanzguts gerichtet werden. Die Erzeugung, die Ein- und Ausfuhr und das Inverkehrbringen sollten unter Einhaltung der gesetzlichen Vorgaben erfolgen, die durch das Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) geregelt sind (ŠEHO und JANŠEN 2019 und 2020). In Deutschland waren bis zum Projektbeginn kaum forstliche Erfahrungen mit den genannten Baumarten vorhanden und geeignete Saatgutertebebestände standen nicht zur Verfügung. Für eine erfolgreiche Umsetzung des Projekts war es erforderlich, eine enge Zusammenarbeit mit den örtlichen Institutionen in den Ursprungsländern im Bereich forstliches Vermehrungsgut und Pflanzenanzucht auszubauen. Anschließend wurden Bereisungen und die Bewertung möglicher Saatgutertebebestände vorgenommen.

In einem weiteren Schritt erfolgte die Auswahl und die Beerntung von Beständen und der Import von Saatgut geeigneter Herkünfte nach Deutschland. Um die Qualität der Saatgutpartien und die daraus zu produzierenden Pflanzenmengen zu bewerten, wurden Saatgutprüfungen durchgeführt. Die Anzucht des Pflanzmaterials erfolgte bei privaten und staatlichen Baumschulen. Bei der Bereisung der möglichen Saatgutertebebestände wurden genetische Proben gewonnen, die zur Beschreibung der innerartlichen genetischen Variation (Struktur, Vielfalt und Diversität) dienen und als wichtiger Maßstab für Angepasstheit und Anpassungsfähigkeit der Bestände bei sich ändernden Umweltbedingungen notwendig sind.

Nach der Anzucht des Pflanzmaterials wurden mehrere Praxisanbauversuche und vier Herkunftsversuche der Atlaszeder auf Versuchsstandorten in Bayern und Baden-Württemberg etabliert (ŠEHO 2020). Die Versuchsflächen sollen in regelmäßigen Abständen (alle fünf Jahre) aufgenommen und ausgewertet werden. Die gewonnenen Daten sollen für die Bewertung der Anbauwürdigkeit der drei Projektbaumarten verwendet werden. Daneben können die gewonnenen Erkenntnisse später als Grundlage für die Erarbeitung von Herkunftsempfehlungen dienen.

Im Jahr 2020 erfolgte die Aufnahme der Projektbaumarten in DIE LEITLINIE DER BAYERISCHEN FORSTVERWALTUNG „Baumarten für den Klimawald“. Im Rahmen von Praxisanbauversuchen werden nun alle drei Baumarten gefördert. Die Anlage von Praxisanbauversuchen erfolgt bei allen Waldbesitzarten und leistet einen wichtigen Beitrag zum Erkenntnisgewinn (ŠEHO 2021). Seit Einführung des Instruments im Jahr 2020 (StMELF 2020) konnten im bayerischen Privat- und Körperschaftswald 7,28 ha Praxisanbauversuche mit Atlaszeder auf 65 Teilflächen (18.105 Pflanzen) begründet

werden. Zwischen 2020 und 2023 konnte eine Überlebensrate von 80 % beobachtet werden (WIMMER und ŠEHO 2024). Im gleichen Zeitraum wurden bei den Bayerischen Staatsforsten ca. 4,5 ha Praxisanbauversuche mit Atlaszeder erfolgreich begründet. Durch die genetischen Analysen ist eine Differenzierung der Saatguterntebestände aus den unterschiedlichen Herkunftsländern möglich. Nach intensiven Bemühungen des AWG in den letzten Jahren konnte Ende Oktober 2021 der Probelauf einer ZüF-Ernte nördlich von Carcassonne durchgeführt werden. Ausgewählt wurde zunächst der zugelassene Atlaszedern-Erntebestand CAT900-055 Sabarthes. Der Probelauf der ZüF-Ernte wurde von der Firma Vilmorin organisiert und durch einen AWG-Mitarbeiter begleitet.

2. Bereisung der Bestände

Eine Bereisung und Beschreibung der Bestände im natürlichen Verbreitungsgebiet sowie die Prüfung der Eignung des Anbaugebiets sollte vor einer Einbringung erfolgen, um wichtige Einblicke in die Bedeutung der Baumart sowie die Bewirtschaftung zu erhalten. Die Atlaszeder ist eine Halbschattbaumart, die sich durch geringes Invasionspotenzial und hohe Mischungsfähigkeit auszeichnet (ŠEHO 2018, 2019). Sie kommt auf kalkhaltigen und silikatischen Böden vor. Das natürliche Verbreitungsgebiet der Atlaszeder ist zersplittert und beschränkt sich auf die nordafrikanischen Bergregionen Marokkos und Algeriens (CAUDULLO et al. 2017). Bei der Atlaszeder handelt es sich um eine gefährdete Baumart, die in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet stark übernutzt wurde und nur noch in geringen Populationsgrößen vorkommt. In Marokko gibt es derzeit noch ca. 184.000 ha Zedernwald, in Algerien sind es ca. 14.000 ha, die die Forstverwaltungen der Länder weitgehend unter Schutz gestellt haben. Die durchschnittliche Jahrestemperatur im Hauptverbreitungsgebiet beträgt 7,5 – 15,0 °C. Die kältesten Monatsmittelwerte können minus 1 °C bis plus 8 °C betragen.

Neben dem Klimawandel stellt die Beweidung immer noch die größte Herausforderung für den langfristigen Erhalt der Zedernwälder dar, da in den Bergregionen die Schaf- und Ziegenhaltung eine wichtige Existenzgrundlage für die von der Landwirtschaft abhängige Bevölkerung darstellt. Eines der größten zusammenhängenden Zederngebiete befindet sich im Mittleren Atlas auf einer Hochebene südlich von Azrou (Mittlerer Atlas) auf Basalt-Grundgestein. Dort sind noch Bäume mit einem Alter bis zu 700 Jahre zu finden. Aufgrund ihres lichten Aufwuchses sind die ältesten Bäume jedoch meist grobastig, aber mit beachtlichen Dimensionen.

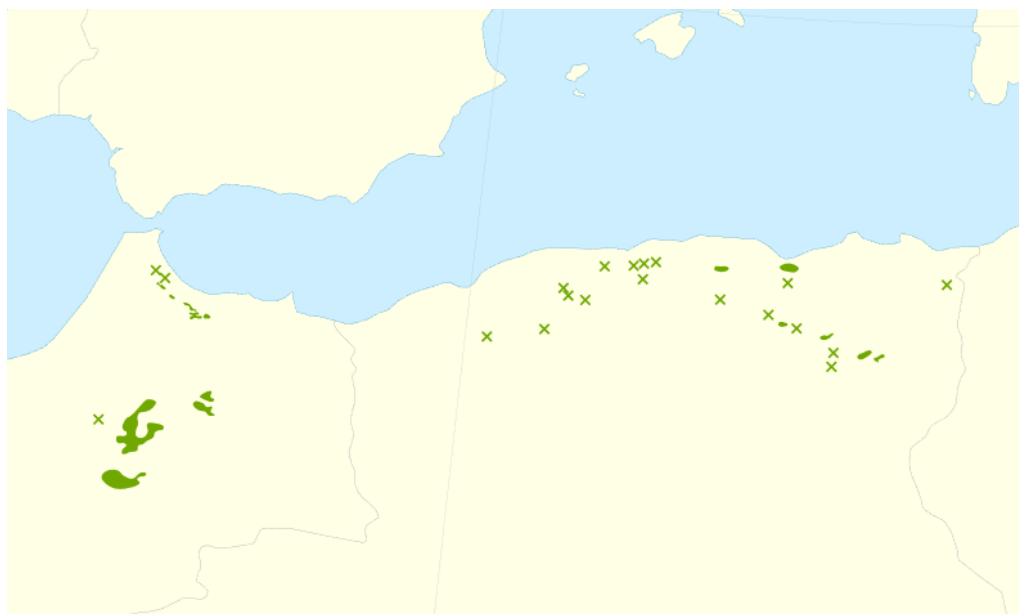


Abbildung 1: Das natürliche Verbreitungsgebiet der Atlaszeder nach CAUDULLO et al. 2017
Grün: zusammenhängendes natürliches Verbreitungsgebiet, X isolierte Populationen

Figure 1: The natural range of the Atlas cedar according to CAUDULLO et al. 2017
Green: contiguous natural distribution area, X = isolated populations

Die Atlaszeder weist eine Trockenheits- und Spätfrosttoleranz auf und wächst auf flachen bis tiefgründigen, trockenen bis fast nassen, nährstoffarmen bis nährstoffreichen Standorten.

Im größten Anbaugebiet außerhalb der natürlichen Verbreitung in Frankreich stocken ca. 20.000 ha Zedernwald. In Frankreich wird sie seit Mitte des 19. Jahrhunderts für die Wiederaufforstung von devastierten und erosionsgefährdeten Flächen verwendet. Das verwendete Vermehrungsgut war algerischen Ursprungs und stammte aus dem Tell-Atlas. Sie konnte sich an die dortigen schwierigen Standortbedingungen anpassen.

Bei der Bereisung wurden Hauptvorkommen der Atlaszeder am Mont Ventoux sowie in Ménerbes im Luberon besichtigt. Hier hat sich die Atlaszeder bereits in der dritten Generation verjüngt. Die Bäume weisen gute Stammformen auf und können uneingeschränkt als Saatguterntebestände verwendet werden. Die drei französischen Bestände (Mont Ventoux, Ménerbes und Saumon) wurden in Nachkommenschaftsprüfungen getestet und haben überdurchschnittlich abgeschnitten. Aus diesen Beständen wird Saatgut der höchsten Kategorie „geprüft“ gewonnen und verkauft.

Neben der phänotypischen Bewertung ist es gerade bei Baumarten mit einem kleinen und zersplitterten natürlichen Verbreitungsgebiet von sehr hoher Bedeutung, die genetische Ausstattung der Bestände zu kennen, die für eine spätere Verwendung empfohlen werden. Daher sollte der Hauptfokus auf die Analyse der innerartlichen genetischen Variation (Struktur, Vielfalt und Diversität) ausgerichtet werden. Die Kennwerte dienen als Basis für Angewandtheit und Anpassungsfähigkeit der Bestände bei sich ändernden Umweltbedingungen.

3. Genetische Analysen der Bestände

Für die genetischen Analysen wurden Proben (Nadeln) von Atlas- und Libanonzedern herangezogen.

Die Libanonzeder wurde im Rahmen des CorCed Projekts ebenfalls in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet beprobt und wird im Rahmen dieser Arbeit für die Artdifferenzierung herangezogen. Für die Analysemethodik wurden DNA-Marker im AWG-Labor etabliert, getestet und optimiert. Darauf basierend wurden folgende 15 SSR-Marker aus dem Kerngenom für die Routine-Analyse ausgewählt: CaTssr_41, CaTssr171, CaTssr31, CaTssr175 (KARAM et al. 2015); EQJYX_A, DWOTR_A, GN16, GN19, GN24, GN_02, GN_18 (KARAM et al. 2019); CatXITcE11, CatXiiTcC6, CatITgD4, Cat_D12 (CHAIB et al. 2006). Ausgehend von den für die Einzelbäume bestimmten Multilocus-Genotypen wurden zuerst die Allelhäufigkeiten und daraus folgende Parameter berechnet, die die genetische Variation innerhalb der Vorkommen beschreiben. Nachfolgende genetische Indizes wurden mit dem Programm GeneAlex Version 6.5 (PEAKALL und SMOUSE 2012) berechnet: Genetische Vielfalt N_a ; private Allele N_p (Allele, die nur in dieser Population vorkommen), Genetische Diversität (N_e), Genetische Vielfalt „Allelic richness“ (A_r), Heterozygotiegrad (H_b - beobachtete Heterozygotie und H_e - erwartete Heterozygotie) sowie der Fixierungskoeffizient F als Verhältnis zwischen (H_b) und (H_e).

Die Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) wurde mittels GeneAlex 6.5 (PEAKALL und SMOUSE 2012) durchgeführt. Die AMOVA ermöglicht eine hierarchische Aufteilung der genetischen Variation zwischen Regionen, Populationen und innerhalb von Populationen. Für die AMOVA-Signifikanz-Tests wurden 999 zufällige Permutationen durchgeführt. Als Differenzierungsmaß kann die sogenannte F-Statistik (WRIGHT 1951, 1965; NEI 1977) verwendet werden. Hierbei stellt der Wert „ F_{ST} “ ein Maß für die genetische Differenzierung zwischen Populationen dar (Anteil der gesamten Inzucht innerhalb einer Population aufgrund der Differenzierung zwischen Sub-Populationen) (GURIES und LEDIG 1981).

Die räumlich-genetische Populationsstruktur wurde mit folgendem Ansatz ermittelt: Wir nutzten einen Bayesian-Cluster-Ansatz („Bayesian clustering approach“), der als Algorithmus in der Software STRUCTURE 2.3.3 hinterlegt ist (PRITCHARD et al., 2000) und die empirische Statistik DeltaK (EVANNO et al., 2005, implementiert in STRUCTURE HARVESTER (EARL und VON HOLDT 2012)), um die Anzahl an Cluster zu bestimmen (K), in die sich die untersuchten Populationen mit höchster Wahrscheinlichkeit aufteilen lassen. Jeder Lauf bestand aus 20.000 Iterationsschleifen und 200.000 Datensatzwiederholungen und wurde 20-mal wiederholt. In der Online Software CLUMPAK wurde das Ergebnis visualisiert (KOPELMAN et al. 2015).

3.1 Genetische Differenzierung der Atlas- und Libanonzeder

Nach der Bereisung und Beprobung der Libanon- und Atlaszedernvorkommen wurde die DNA von 13 Libanonzedern- und 11 Atlaszedernpopulationen extrahiert (Tab. 1). Die 15 Kernmikrosatelliten-genorte haben bei beiden Baumarten leicht zu bewertende Allele erzeugt und waren hochgradig polymorph.

Tabelle 1: Im Rahmen des Projekts beprobte Zedern-Vorkommen

Table 1: Cedar populations examined in the course of the project

Nr.	Pop_ID	Baum-art	Land	Herkunft	N	E	Höhe [m]	Anzahl Proben
1	1_FRA	<i>C.atlantica</i>	Frankreich	CAT900	44.600000	4.500000	500-600	48
2	2_FRA			Mont_Ventoux	44.116667	5.183333	780-930	48
3	3_FRA			Mont_Ventoux2	44.116667	5.183333	780-930	30
4	4_FRA			Saumon	44.100000	6.233333	820-950	48
5	5_FRA			Menerbes	43.833333	5.200000	660	48
6	6_FRA			Menerbes2	43.800000	5.250000	714	30
7	7_MAR	<i>C.atlantica</i>	Marokko	Rif	34.822500	-4.410833	1765	26
8	8_MAR			Talzemt	33.633333	-4.000000	1990	48
9	9_MAR			Marmoucha	33.578611	-4.216944	1800	47
10	10_MAR			Azrou	33.425000	-5.180000	1814	48
11	11_MAR			Ifrane	33.316667	-5.233333	1653	48
12	1_TUR	<i>C.libani</i>	Türkei	Antalya/Kaş/Karaçay	36.398056	29.44028	1550	48
13	2_TUR			Antalya/Finike/Aykırıçay	36.450278	30.17944	1300	48
14	3_TUR			Isparta/Isparta/Kapıdağ	38.08972	30.70556	1600	48
15	4_TUR			Eskişehir/Afyon/Sultandağı	38.53389	31.15194	1400	48
16	5_TUR			Konya /Ermenek/ Kazanci	36.53528	32.77722	1750	48
17	6_TUR			Mersin/Anamur/Abonoz-1	36.33750	32.93750	1430	48
18	7_TUR			Mersin/Mersin/Aslanköy	37.00000	34.23333	1000	48
19	8_TUR			Adana/Pozanti/Pozanti	37.50889	34.96056	1325	48
20	9_TUR			Amasya/Niksar/Çatalan	40.79167	36.57778	1100	48
21	10_TUR			Amasya/Niksar/Çatalan2	40.79167	36.57778	1100	28
22	11_TUR			K.Maraş/Andirin/Elmadağı	37.61750	36.46889	1550	48
23	12_LBN	<i>C.libani</i>	Libanon	Ain Zhalta	33.74278	35.73083	1580	48
24	13_LBN			Ehden	34.31000	35.99000	1565	48
							Gesamt	1.073

Für alle Marker waren die mittlere Allelzahl, die durchschnittlich beobachtete Heterozygotie, die genetische Diversität und der Polymorphismus-Informationsindex hoch. Die Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) zeigte, dass 63 % der gesamten genetischen Variationen innerhalb von Populationen, 26 % zwischen den Populationen und 11 % zwischen den Individuen lagen (Abbildung 2).

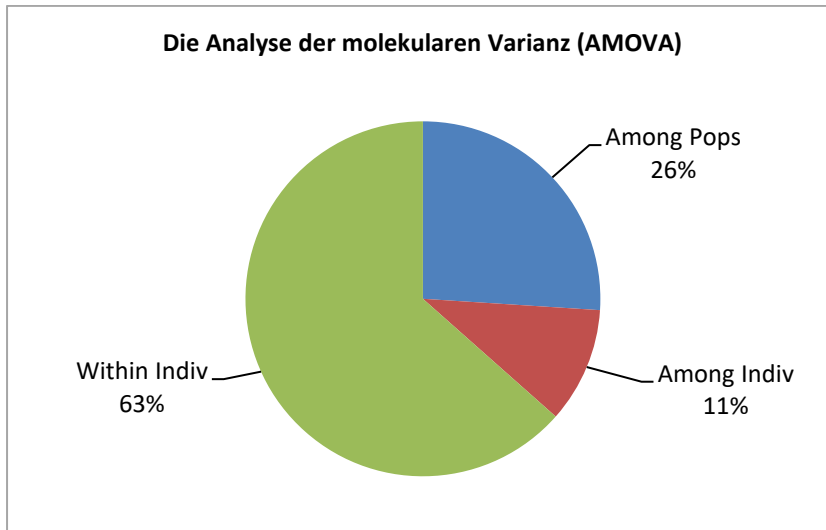


Abbildung 2: Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) zwischen den Zedern-Populationen

Figure 2: Analysis of the molecular variance (AMOVA) between the cedar populations

Die Bayes'sche Clusteranalyse mit der Software STRUCTURE ergab die größte Wahrscheinlichkeit für zwei genetische Cluster (Maximalwert Delta K = 92.9 bei K = 2, Delta K=3.9 bei K=3). Die Populationen sind durch vertikale Linien abgetrennt und auf der X-Achse mit der Pop.ID (siehe Abbildung 3) gekennzeichnet. Jedes Baumindividuum innerhalb der Populationen ist durch eine Farblinie repräsentiert. Die Länge eines jeden Farbstriches auf der Y-Achse korrespondiert mit der Wahrscheinlichkeit der individuellen Zuteilung zu einem von STRUCTURE gebildeten Cluster. Basierend auf den STRUCTURE-Ergebnissen wurde eine klare Trennung der beiden Zedernarten festgestellt. Abbildung 3 zeigt die Trennung der Populationen von *Cedrus atlantica* (grün: Population 1-11) und *Cedrus libani* (rot: Populationen 12-24) mit der Software CLUMPAK dargestellt (Abbildung 3). Die verwendeten 15 Marker eignen sich damit sehr gut für statistische Berechnungen zur Artunterscheidung.

K2

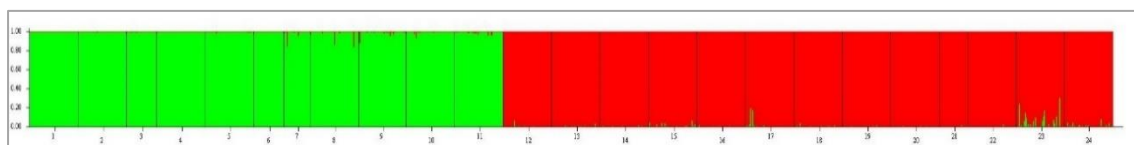


Abbildung 3: Clusteranalyse zur Artbestimmung mittels genetischer Marker; Die Farbverteilungen K1 bis K2 zeigen eine klare Gruppierung an: grün = *Cedrus atlantica*, rot = *Cedrus libani*. Histogramm der genetischen Strukturen der 24 Zedern-Vorkommen

Figure 3: Cluster analysis for species identification using genetic markers; the colour distributions K1 to K2 indicate clear grouping: green = *Cedrus atlantica*, red = *Cedrus libani*. Histogram of the genetic structures of the 24 cedar populations

3.2 Genetische Ausstattung Atlaszeder

Die durchgeführten Laboranalysen zeigten bei den untersuchten Atlaszeder-Vorkommen eine mittlere genetische Vielfalt. Die Anzahl der Allele (N_a) schwankte zwischen 3,53 (Population 4_FRA) und 6,40 (Population 5_FRA) mit einem Gesamtdurchschnitt von $N_a = 5,10$. Die Anzahl der effektiven Allele (N_e) schwankte von 2,10 (Population 4_FRA) bis 3,18 (Population 9_MAR) mit einem Gesamtmittelwert von $N_e = 2,71$. Die Heterozygotie (H_e) war in allen untersuchten Populationen ebenfalls mittelhoch (Mittelwert = 0,499). Die allelische Vielfalt (A_r) schwankte zwischen 3,19 (Population 4_FRA) und 5,53 (Population 5_FRA) mit einem Gesamtmittelwert von $A_r = 4,65$ (Tab. 2).

Insgesamt waren 31 Privatallele vorhanden, die sich über 8 Populationen verteilten (Abbildung 4 und 5). Die höchste Anzahl an privaten Allelen wurde in der Population 5_FRA ($N_p = 7$) festgestellt (Abbildung 5). Der Inzuchtkoeffizient (F_{is}) variierte von -0,059 (Population 10_MAR) bis 0,265 (Population 9_MAR, Tab. 2).

Tabelle 2: Parameter der genetischen Variation innerhalb der untersuchten 11 Atlaszeder-Populationen

Table 2: Parameters of genetic variation within the 11 Atlas cedar populations examined

Pop	PopName	N	N_a	N_e	A_r	N_p	H_b	H_e	F_{is}
1_FRA	CAT900	48	5.60	3.00	4.99	3	0.460	0.535	0.156
2_FRA	Mont_Ventoux	48	5.33	2.75	4.78	0	0.470	0.509	0.085
3_FRA	Mont_Ventoux	30	5.33	2.85	5.15	0	0.504	0.524	0.045
4_FRA	Saumon	48	3.53	2.10	3.19	3	0.325	0.407	0.169
5_FRA	Menerbes	48	6.40	3.06	5.53	7	0.498	0.542	0.093
6_FRA	Luberon	30	5.47	2.99	5.28	0	0.507	0.535	0.044
7_MAR	Rif	26	5.07	2.92	5.04	6	0.477	0.490	0.059
8_MAR	Talzemt	48	5.07	2.54	4.39	2	0.509	0.497	0.031
9_MAR	Marmoucha	47	5.20	3.18	4.76	2	0.417	0.538	0.265
10_MAR	Azrou	48	4.60	2.22	4.03	4	0.492	0.445	-0.059
11_MAR	Ifrane	48	4.47	2.23	4.04	4	0.419	0.468	0.110
Total			5.10	2.71	4.65	2.8	0.462	0.499	0.091

N Probenzahl pro Population

N_a Mittlere Anzahl verschiedener Allele

N_e mittlere effektive Anzahl von Allelen

A_r mittlere allelische Vielfalt
(basierend auf einer Stichprobengröße von 30 Individuen)

N_p private Allele, die nur in dieser Population vorkommen

H_b beobachtete Heterozygotie

H_e erwartete Heterozygotie

F_{is} Inzuchtkoeffizient

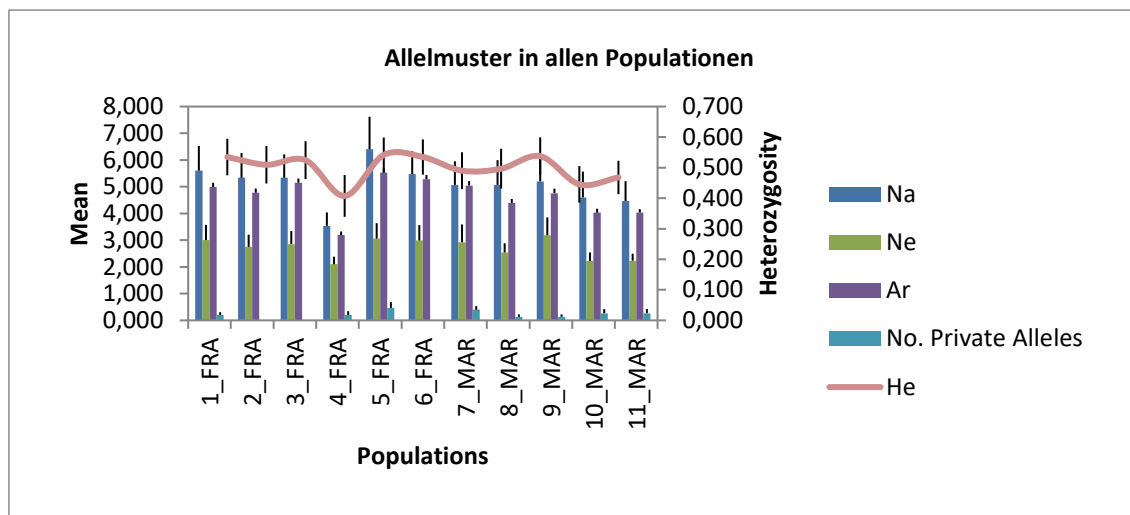
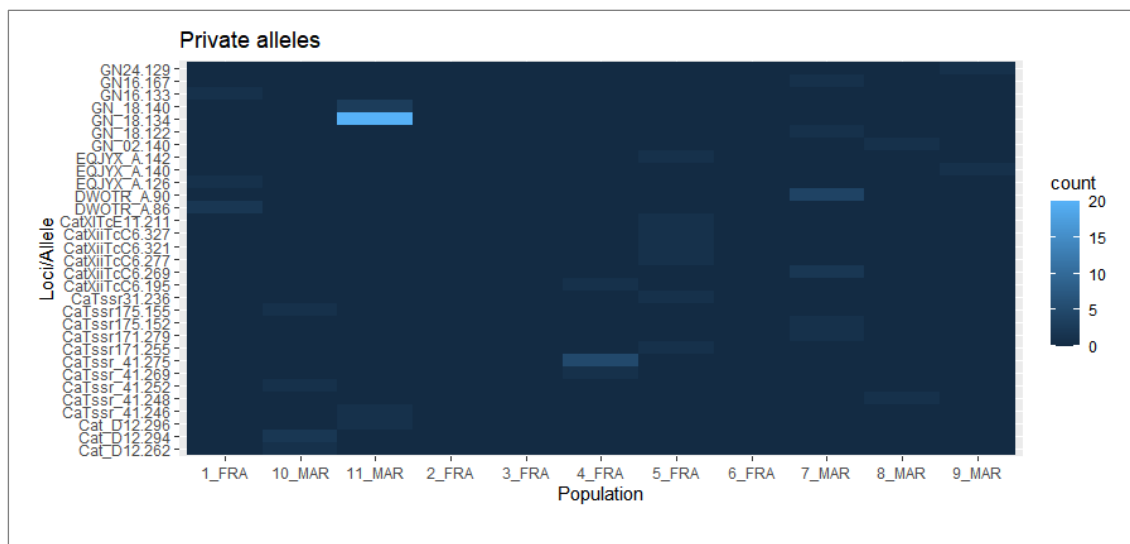


Abbildung 4: Verteilung der genetischen Variationsparameter auf die Vorkommen

Figure 4: Distribution of the genetic variation parameters across the populations

Abbildung 5: Private Allele zwischen *Cedrus atlantica* VorkommenFigure 5: Private alleles between *Cedrus atlantica* populations

Die Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) zeigte, dass 79 % der gesamten genetischen Variation innerhalb von Populationen und 12 % zwischen den Populationen vorkommt (Abbildung 6).

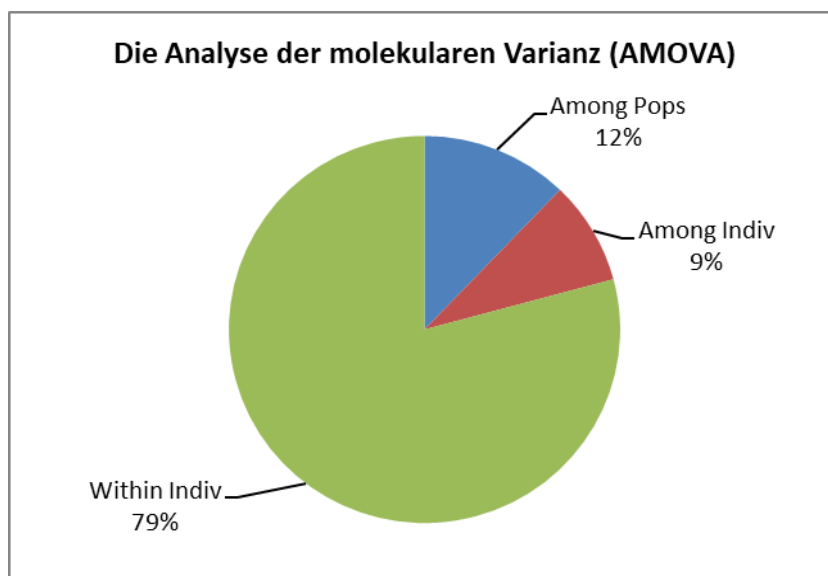


Abbildung 6: Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) zwischen den Atlaszeder-Populationen

Figure 6: Analysis of the molecular variance (AMOVA) between the Atlas cedar populations

Das Ergebnis der Clusterbildung auf Basis der 15 eingesetzten nSSR-Genorte ergab einen K-Wert von 2. Der deltaK-Wert war mit rund 475 sehr hoch. Die zwei Farben geben verschiedene STRUC-TURE-Cluster wieder. Nachfolgende Abbildung 7 gibt einen zusammenfassenden Überblick über die räumlich-genetischen Strukturen der Atlaszeder-Vorkommen, insbesondere die Zugehörigkeit der einzelnen Populationen zu einer der zwei ermittelten Gruppen.

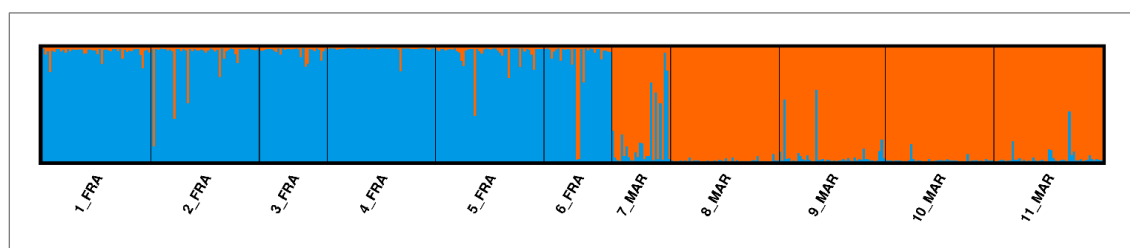


Abbildung 7: Clusteranalyse zur Artbestimmung mittels genetischer Marker; blau: *Cedrus atlantica* aus Frankreich; orange: *Cedrus atlantica* aus Marokko. Histogramm der genetischen Strukturen der 11 Zeder-Vorkommen.

Figure 7: Cluster analysis for species identification using genetic markers; blue: *Cedrus atlantica* from France; orange: *Cedrus atlantica* from Morocco. Histogram of the genetic structures of the 11 cedar populations.

Die im Histogramm (siehe Abbildung 7) aufgezeigten Gruppierungen lassen sich räumlich klar in zwei Bereiche aufteilen. Eine eindeutige Trennung der Populationen aus Frankreich (K1, blau) und der Populationen aus Marokko (K2, orange) ist festzustellen. Die in Abbildung 8 dargestellten Tortendiagramme geben hierbei die relative Zugehörigkeit zu den zwei STRUC-TURE-Clustern wieder (die Bereiche mit hohem Orange- und Blau-Anteil entsprechen den Anteilen innerhalb der Populationen im Histogramm der Abbildung 7).

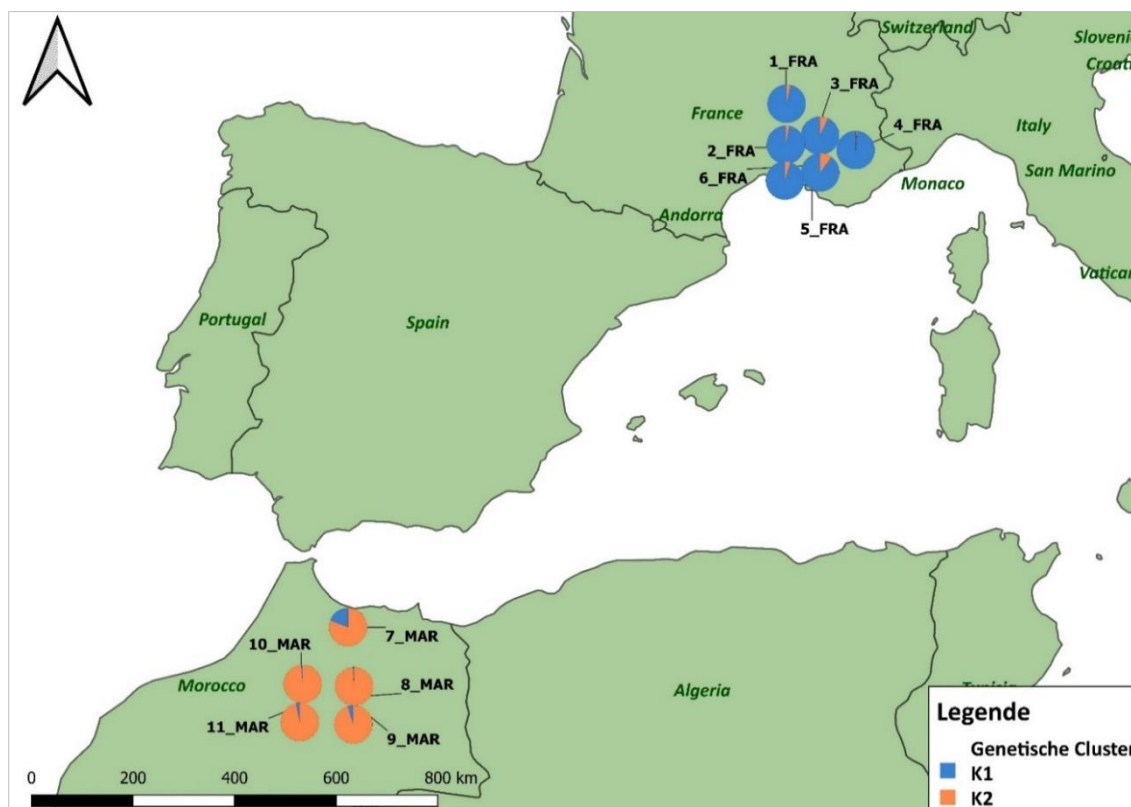


Abbildung 8: Verteilung der räumlich-genetischen Strukturen der Vorkommen von *Cedrus atlantica*. Die Farbgebungen K1 und K2 zeigen eine deutliche räumliche Gruppierung.

Figure 8: Distribution of the spatial genetic structures of the *Cedrus atlantica* populations. The colours K1 and K2 show clear geographical grouping.

4. Zusammenfassung und Schlussfolgerung

Die beiden Zedernarten Atlas- und Libanonzeder werden zunehmend als mögliche trockenheitstolerante Alternativbaumarten in Bayern (oder Deutschland/Mitteleuropa) diskutiert. Sie sollen zur Stabilisierung von labilen Fichten- und Kiefernbeständen beitragen und damit langfristig Engpässe bei der Nadelstammholzversorgung vermeiden. Beide Zedernarten weisen eine hohe Klimatoleranz (Trockenheits- und Frosttoleranz) auf und können ökologisch und ökonomisch in unsere Wälder integriert werden.

Besonderes Augenmerk sollte auf die Herkunft des Vermehrungsgutes gerichtet werden, da diese für die Anpassungsfähigkeit und den erfolgreichen Anbau eine entscheidende Rolle spielt. Die Zedernarten wurden bisher in Bayern vorwiegend als Park- und Straßenbäume angebaut. Anbauverfahren im Wald waren bis zum Projektbeginn von CorCed kaum vorhanden. Um die Anbaueignung von unterschiedlichen Herkünften der Atlaszeder (*Cedrus atlantica*) und Libanonzeder (*Cedrus libani*) unter den mitteleuropäischen Klimabedingungen zu testen und ihre Anbauwürdigkeit zu bewerten, wurden mögliche Saatguterntebestände im natürlichen Verbreitungsgebiet phänotypisch bewertet und genetisch charakterisiert. Eine detaillierte Beschreibung der bereisten Populationen erfolgte in ŠEHO 2018 und 2020.

Nach der erfolgreichen Anzucht des Pflanzmaterials wurden mehrere Anbau- und Herkunftsversuche in Süddeutschland (Kelheim, Kipfenberg, Wüstenrot und Kandern) begründet. Diese Versuche sollen als Grundlage für die spätere Bewertung der Anbaueignung der Projektbaumarten unter den mitteleuropäischen Klimabedingungen dienen. Um der Frage der genetischen Differenzierung von geeigneten Populationen nachzugehen, wurde zunächst eine Artunterscheidung der Zedernarten vorgenommen.

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 eindeutig 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. Die Anzahl der Allele (N_a) schwankte bei den französischen Populationen zwischen 3,53 (Pop 4) und 6,40 (Pop 5), die Werte der marokkanischen Populationen lag dazwischen. Der Bestand Soumon (Pop 4) zeigte die geringste genetische Vielfalt und Diversität als auch Heterozygotie auf. Ursache für die geringen Diversitätsparameter könnte die Beerntung von wenigen fruktifizierenden Bäumen sein. Dieser Bestand sollte nochmal repräsentativ beprobt und untersucht werden. Falls sich das vorliegende Ergebnis bestätigt, sollte das Vorkommen nicht weiter für die Beerntung empfohlen werden. Die ersten untersuchten marokkanischen Vorkommen zeigten eine mittlere genetische Vielfalt. Das Augenmerk sollte in allen Herkunftsländern auf die Erhaltung dieser ökologisch wertvollen Baumart gelegt werden (CHEDDADI et al. 2017, WAZEN 2017). Durch die Pflanzung von sogenannten „Trittssteinpopulationen“ kann zum Genfluss und damit zu einer genetischen Aufwertung beigetragen werden. Die Wahl der geeigneten Herkunft wird bei der Atlaszeder eine entscheidende Rolle bei der Einbringung und dem Anbauerfolg spielen. Anhand der vorliegenden Ergebnisse können mögliche Saatguternte- und Erhaltungsbestände für die Atlaszeder vorgeschlagen werden. Des Weiteren können die gewonnen Ergebnisse zur Herkunftskontrolle genutzt werden. Dadurch ist eine Zuordnung zu den untersuchten Beständen und eine großräumige Zuordnung der Herkünfte im natürlichen Verbreitungsgebiet möglich.

Förderung und Danksagung

Die Förderung des Verbundvorhabens erfolgte durch finanzielle Unterstützung des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL). Projektträger für das BMEL für das Förderprogramm „Nachwachsende Rohstoffe“ ist die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR). Ein großer Dank gilt unserem ehemaligen Kollegen Gerhard Huber, der als Sachgebietsleiter das

Projekt beantragt, an den Bereisungen teilgenommen und dieses Vorhaben unterstützt hat sowie unseren Kolleginnen, die die Laborarbeiten durchgeführt haben.

Literatur

- BAYERISCHES STAATSMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN (2020): Leitlinien der Bayerischen Forstverwaltung-Baumarten für den Klimawald. 14 S.
- CAUDULLO, G.; WELK, E.; SAN-MIGUEL-AYANZ, J. (2017): CHOROLOGICAL MAPS FOR THE MAIN EUROPEAN WOODY SPECIES. DATA IN BRIEF 12, S. 662 - 666. DOI: [10.1016/j.dib.2017.05.007](https://doi.org/10.1016/j.dib.2017.05.007)
- CHAÏB, J.; DANAN, S.; Jouaud, B.; Hagen, L. S.; Lefevre, F.; Fady, B. (2006): Identification and characterization of nuclear microsatellites in Mediterranean cedars (*Cedrus* sp.). Molecular Ecology Notes, 6(3), 840 - 842.
- CHEDDADI, R.; HENROT, A.-J.; FRANÇOIS, L.; BOYER, F.; BUSH, M.; CARRÉ, M.; COISSAC, E.; DE OLIVEIRA, P. E.; FICETOLA, F.; HAMBUCKERS, A.; HUANG, K.; LÉZINE, A.-M.; NOURELBAIT, M.; RHOUJJATI, A.; TABERLET, P.; SARMIENTO, F.; ABEL-SCHAAD, D.; ALBA-SÁNCHEZ, F.; ZHENG, Z., (2017): Microrefugia, Climate Change, and Conservation of *Cedrus atlantica* in the Rif Mountains, Morocco. Frontiers in Ecology and Evolution 5, 114: 1-15.
- DE AVILA, A.L.; ALBRECHT, A. (2018): Alternative Baumarten im Klimawandel: Artensteckbriefe - eine Stoffsammlung. Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (FVA) (Hrsg.), Eigenverlag, Freiburg, 122 S.
- EARL, D.A.; VON HOLDT, B.M. (2012): STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genetics Resources 4, S. 359 - 361
- EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. (2005): Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Mol. Ecol. 14, S. 2611 - 2620.
- GOUDET, J. (2001): FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3).
- GURIES, R.P.; LEDIG F.T. (1981): Genetic structure of populations and differentiation in forest trees. In Conkle, MT (tech. coord.) Proceedings of the symposium on isozymes of North American forest trees and forest insects. USDA For. Serv. Gen. Tech. Rep. PSW-48 (pp. 42 - 47). <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
- KARAM, M. J.; LEFÈVRE, F.; DAGHER-KHARRAT, M. B.; PINOSIO, S.; VENDRAMIN, G. G. (2015): Genomic exploration and molecular marker development in a large and complex conifer genome using RADseq and mRNAseq. Molecular Ecology Resources, 15(3), 601 - 612.
- KARAM, M. J.; AOUAD, M.; ROIG, A.; BILE, A.; DAGHER-KHARRAT, M. B.; KLEIN, E. K.; FADY, B.; LEFÈVRE, F. (2019): Characterizing the genetic diversity of Atlas cedar and phylogeny of Mediterranean *Cedrus* species with a new multiplex of 16 SSR markers. Tree Genetics und Genomes, 15(4), 1 - 12.
- KOPELMAN, N. M.; MAYZEL, J.; JAKOBSSON, M.; ROSENBERG, N. A.; MAYROSE, I. (2015): Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. Molecular ecology resources, 15(5), S. 1179 – 1191.
- NEI, M. (1977): F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. Annals of Human Genetics 41, S. 225 – 233.
- PEAKALL, R.; SMOUSE P.E. (2012): GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. Bioinformatics 28, S. 2537 – 2539.
- PRITCHARD, J.K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics, 155(2), S. 945 – 959.
- ŠEHO, M. (2018): Atlaszeder als Alternative für trockene Standorte. AFZ-Der Wald 24, 30 - 33.
- ŠEHO, M. (2019): Kurzportrait Atlaszeder (*Cedrus atlantica* (Endl.) Manetti ex Carrière). URL: https://www.waldwissen.net/waldwirtschaft/waldbau/wuh_atlaszeder/index_DEKamvar

- ŠEHO, M. (2020): Die Libanonzeder – dürrerotolerante Baumart für trockene Standorte. AFZ-Der Wald 12, 16 - 20.
- ŠEHO, M. (2021): Neues Vorgehen beim Aufbau klimastabiler Wälder - mit Praxisanbauversuchen zu schnellerem Erkenntnisgewinn. Intern Mitarbeitermagazin der Bayerischen Staatsforsten, Ausgabe 107, 14 - 15.
- ŠEHO, M.; JANßEN, A. (2019): Neue Schwerpunkte und Herausforderungen im Klimawandel. AFZ-Der Wald 5, 20 - 23.
- ŠEHO, M.; JANßEN, A. (2020): Alternativbaumarten im Klimawandel – das bayerische Vorgehen aus forstgenetischer Sicht. Thünen Report 76, 222 - 229.
- THURM, E.A.; HERNANDEZ, L.; BALTENSWEILER, A.; AYAN, S.; RASZTOVITS, E.; BIELAK, K.; FALK, W. (2018): Alternative tree species under climate warming in managed European forests. Forest ecology and management, 430, 485 - 497.
- WAZEN, N., GARAVAGLIA, V., PICARD, N., BESACIER, C., FADY, B. (2017): [Geographic distribution of 24 Mediterranean and European forest tree species](#) [Data set accessed in May 2020]. Geographic distribution of 24 Mediterranean and European forest tree species. FAO and Plan Bleu, Rome, Italy. [ISBN 9789251094693](#).
- WIMMER, N.; ŠEHO, M. (2024): Praxisanbauversuche – neue Wege auf der Suche nach klimaresilienten Baumarten. LWF aktuell 144, S. 7.
- WRIGHT, S. (1951): The genetical structure of populations. Ann Eugen 15: S. 323 - 354
- WRIGHT, S. (1965): The interpretation of population structure by F-Statistics with special regard to systems of mating. Evol. 19, S. 395 – 420.



Saatguterntebestand Ménerbes, Frankreich. (Foto: M. Šeho)
Seed crop stand Ménerber, France. (Photo: M. Seho)

Chancen der Traubeneiche im Klimawandel

Muhidin Šeho, Johann Geiger, Barbara Fussi, Devrim Semizer-Cuming und Karl-Heinz Mellert

Zusammenfassung Die Auswirkungen des Klimawandels sind deutlich spürbar und heimische Hauptbaumarten wie Fichte, Kiefer aber auch Rotbuchen zeigen auf einigen Standorten deutliche Vitalitätsverluste. Bei weiter steigenden Temperaturen und abnehmenden Sommerniederschlägen gewinnen die Eichenarten aufgrund ihrer überwiegend hohen Trockenheitstoleranz vermehrt an Bedeutung. Aus diesem Grund wird ihr Flächenanteil zunehmen und sich das Verhältnis der verschiedenen Eichenarten weiter ändern. Die Wahl der richtigen Baumarten und Herkünfte ist entscheidend für den Anbauerfolg und die Anpassungsfähigkeit der Bestände in der Zukunft. Der Einfluss des Klimawandels auf die zugelassenen Saatguterntebestände von Eichen in Süddeutschland und dem näheren Ausland, in denen das Vermehrungsgut für den Zukunftswald gewonnen wird, wurde bisher nicht untersucht und sollte unbedingt Gegenstand aktueller Forschungsaktivitäten werden. Bei der erwarteten Temperaturerhöhung, die bei einem härteren Klimaszenario prognostiziert wird, werden die Toleranzgrenzen der heimischen Herkünfte auf bestimmten Standorten jedoch überschritten. In den Fokus rücken Herkünfte, die aus Regionen stammen, in denen heute das Klima herrscht, das wir in den nächsten Jahrzehnten bei uns erwarten. Mithilfe der ökologischen Nischenmodellierung in Kombination mit Methoden der dendroökologischen Resilienzforschung und der ökologischen Genetik sollten zunächst die wichtigsten Faktoren ermittelt werden, die zum einen die Vulnerabilität vorhandener Saatguterntebestände und zum anderen ihre Anpassungsfähigkeit in der Zukunft bewerten.

Im Rahmen des sensFORoak Projekts (<https://www.awg.bayern.de/344293/index.php>) werden diese Arbeiten für die drei heimischen Eichenarten in Süddeutschland und dem näheren Ausland vorgenommen.

Schlüsselwörter Klimasensitivität heimischer Eichenarten, klimaplastische Herkünfte, Feuchtigkeitsbedingungen von Saatguterntebeständen, Genetische Vielfalt und Hybridisierung, Praxisanbauversuche, sensFORoak

Abstract The effects of climate change are clearly noticeable and native main tree species such as spruce, pine and beech are showing significant losses in vitality in some locations. As temperatures continue to rise and summer precipitation decreases, oak species are gaining in importance due to their predominantly high tolerance of drought. Their share of the forest area will thus increase, and the relative proportions of the different oak species will continue to change. The selection of the right tree species and provenances is crucial for the success of cultivation and the future adaptability of the stands.

The influence of climate change on the approved oak seed harvesting stands in southern Germany and neighbouring countries from which the forest reproductive material for the future forest is taken has not yet been investigated. It should definitely be the subject of research activities. However, with the temperature increase to be expected in a harsher predicted climate scenario, the tolerance limits of local provenances will be exceeded on certain sites. The focus is shifting towards provenances from regions where the prevailing climate today is the climate that we can expect to have here in the coming decades. Using ecological niche modeling in combination with methods of dendroecological resilience research and ecological genetics, this study first aimed to identify the key factors for assessing the vulnerability of existing seed orchards and their adaptability in the future.

As part of the sensFORoak project (<https://www.awg.bayern.de/344293/index.php>), this work is being carried out for the three native oak species in southern Germany and neighbouring countries.

Keywords climate sensitivity of native oak species, climate-resilient provenances, moisture conditions of seed crop stands, genetic diversity and hybridisation, field cultivation trials, sensFORoak

1. Einleitung

Die Folgen des Klimawandel werden zunehmend sichtbarer und betreffen das ganze Waldökosystem. Vitalitätsverluste sind bei vielen heimischen Baumarten zu beobachten. Neben den stark geschädigten Fichten- und Kiefernbeständen zeigt die Rotbuche teils starke Vitalitätseinbußen. In den Fokus der Praxis rücken zunehmend trockenheitstolerante Baumarten wie die einheimischen Eichenarten Traubeneiche (*Quercus petraea*) und Stieleiche (*Quercus robur*). Bei weiter steigenden Temperaturen und abnehmenden Sommerniederschlägen gewinnen die Eichenarten zunehmend an Bedeutung für den Waldumbau. Beide Eichenarten haben ein großes natürliches Verbreitungsgebiet, das sich zum großen Teil überdeckt. Das natürliche Verbreitungsgebiet der Traubeneiche ist ozeanisch getönt (Abbildung 1), im Gegensatz dazu reicht das natürliche Verbreitungsgebiet der Stieleiche weiter in den kontinentalen Osten. Es wird erwartet, dass es durch die Erwärmung zu einer Verschiebung der West-Ost-Ausdehnung und zu einem Anstieg der Populationen in der Höhenlage der Stieleiche kommt. *Quercus petraea* kommt in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet schon im Bergland vor und hat ihren Verbreitungsschwerpunkt in Bayern auf den Sonnenhängen der kollinen bis submontanen Stufe (bis 900 m ü. NN).

Die Traubeneiche ist wärmebedürftiger als die Stieleiche und bevorzugt Jahresmitteltemperaturen von 7,5 bis 12 °C. Mit der Meereshöhe nimmt die Gefährdung durch Winterkälte und Spätfrost zu, Risiken, die durch den Klimawandel abzunehmen scheinen. Das Anbaurisiko der Traubeneiche wird in großen Teilen Bayerns geringer. Die Anfälligkeit für Schadorganismen wird vor allem in den warm-trockenen Bereichen Bayerns steigen (FOERSTER et al. 2019). In Herkunftsversuchen wurde hauptsächlich die Variation phänotypischer Merkmale (Austrieb, Form, Wuchsleistung) zwischen verschiedenen Herkunftten untersucht (KRAHL-URBAN 1959, GROTEHUSMANN 2021, SVOLBA und KLEINSCHMIT 2000, KLEINSCHMIT 2000, MAURER, et al. 2000). Es gibt deutliche Unterschiede beim Austrieb, der Johannistriebbildung und dem Triebabschluss bei den verschiedenen Herkunftten sowie eine klinale Variation von Nordwesten nach Südosten. Auf den von KRAHL-URBAN (1959) angelegten Herkunftsversuchen haben sich besonders Herkunftte aus dem Spessart (818 10) und dem Pfälzer Wald (818 08) durch überlegene Wuchs- und Formeigenschaften bewährt.

Die bisherige Auswahl von Saatguterntebeständen erfolgte ausschließlich nach dem Phänotyp vorwiegend aus optimalen Standorten. Die Anpassungsfähigkeit der Herkunftte unter sich rasch ändernden Umweltbedingungen wurde dabei nicht untersucht. Bei der erwarteten Temperaturerhöhung werden die Toleranzgrenzen der heimischen Herkunftte auf bestimmten Standorten überschritten. In diesen Regionen sollten bereits heute Herkunftte berücksichtigt werden, die eine höhere Trockenheitstoleranz aufweisen (z.B. aus Frankreich oder Kroatien). In der Fachwelt werden als mögliche Anpassungsstrategien Alternativmaßnahmen, wie „assisted gene flow“ oder „assisted migration“ untersucht (AIKEN und WHITLOCK 2013). Dadurch könnte die genetische Vielfalt der Traubeneiche langfristig erhöht werden. NEOPHYTOU und MICHIELS beschreiben 2013, dass die Stieleichenbestände, die vor allem in den letzten 70 Jahren angelegt wurden, vielfältiger waren. Sie erklären diese Tatsache durch die künstliche Bestandsverjüngung in dieser Zeit. Zusätzlich stellt die Versorgung mit hochwertigem Vermehrungsgut die Fortpraxis vor große Herausforderungen. So

konnten im Jahr 2021/22 bei fast allen heimischen Baumarten geringere Ernten erzielt werden. Diese bewegen sich zum Teil weit unterhalb des Durchschnitts der vergangenen zehn Jahre. Vor allem heimische Laubbaumarten wie Rotbuche (3.168 kg, Vorjahr: 108.459,25 kg), Stieleiche (6.760 kg, Vorjahr: 225.647 kg) und Traubeneiche (28.556 kg, Vorjahr: 284.630 kg) zählen dazu. Nur Sommer- und Winterlinden erreichten das Niveau ihres zehnjährigen Durchschnitts (www.ble.de).

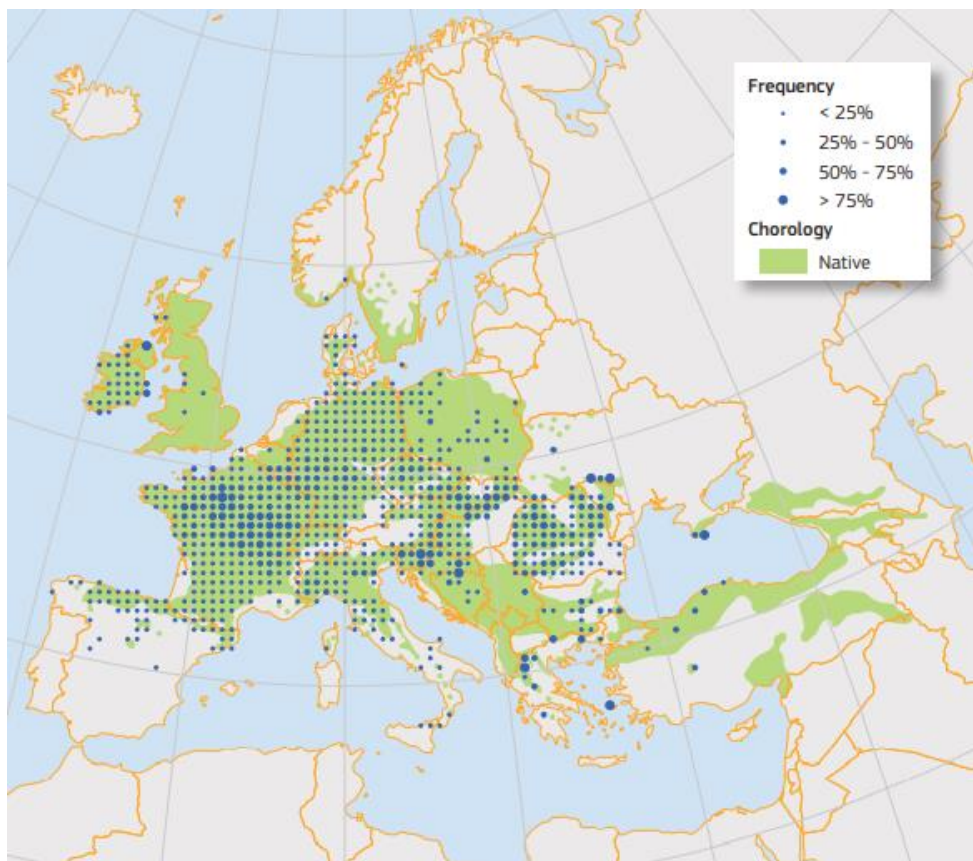


Abbildung 1: Natürliches Verbreitungsgebiet (grün) und Häufigkeit des Vorkommens (blaue Punkte; die Größe des Punktes stellt die Häufigkeit dar) der Traubeneiche nach CAUDULLO et al. (2017)

Figure 1: Natural range (green) and frequency of occurrence (blue dots; the size of the dot represents the frequency) of the sessile oak according to CAUDULLO et al. (2017)

1.1 Die Rolle der Traubeneiche in Bayern

Bei der bayerischen Strategie im Klimawandel spielen klimaplastische Herkünfte unserer Hauptbaumarten eine wichtige Rolle. In Bayern ist die Traubeneiche vor allem in Franken und hier besonders im Spessart, auf der Fränkischen Platte und auf Teilen des Fränkischen Keupers verbreitet. Dort findet sie sich vor allem auf Standorten, auf denen die Konkurrenzkraft der Rotbuche wegen Trockenheit und/oder Nährstoffmangel nachlässt. Die Traubeneiche hat etwas geringere Ansprüche an Nährstoff- und Basenversorgung als die Stieleiche (MELLERT et al. 2020) und kann trockene Kuppen besiedeln. Mit Ausnahme der staunassen und grundwasserbeeinflussten Böden ist sie auf vielen Standorten auch bei steigenden Temperaturen eine wichtige Mischbaumart. Bei erhöhten Temperaturen und Trockenheit zeigt sich ihre große morphologische Plastizität:

Sie bildet Johannistriebe und Triebe aus schlafenden Knospen und kann aktiv Zweige abstoßen. Dadurch kann sie flexibel auf Witterungsextreme reagieren: bei Dürre ist sie in der Lage, die Blattmasse kurzfristig zu reduzieren, um später bei besserer Wasserversorgung wieder neue Triebe zu bilden.

In großen Teilen Bayerns ist das zukünftige Anbaurisiko der Traubeneiche gering, wenngleich die Anfälligkeit für Eichenfraßgesellschaften in warm-trockenen Regionen steigt. Bei weiter steigenden Sommertemperaturen werden die bisher bewährten Herkünfte in den wärmsten Regionen Deutschlands an ihre ökologischen Grenzen stoßen. In diesen Gebieten sind bereits heute Herkünfte mit höherer Trockenheitstoleranz (z.B. aus Frankreich) eine sinnvolle Alternative und sollten in Praxisanbauversuchen ausprobiert werden. Diese Erntebestände sind in den neuen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen für Bayern als klimaplastische Herkünfte und für Praxisanbauversuche vorgeschlagen (<https://www.awg.bayern.de/319397/index.php>).

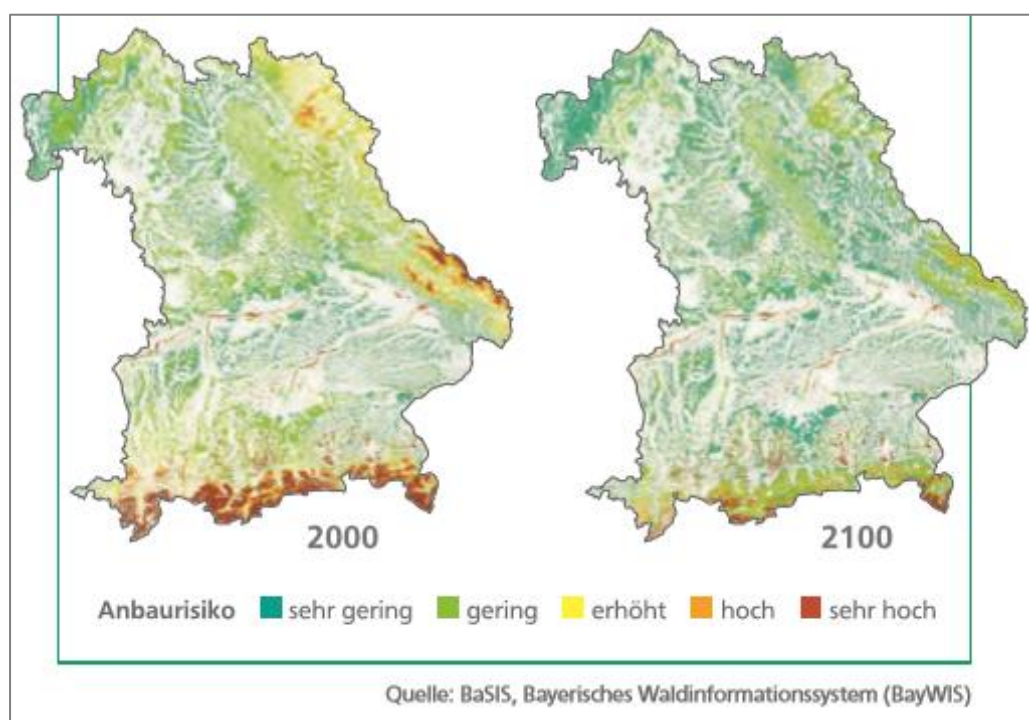


Abbildung 2: Anbaurisiko der Traubeneiche in Bayern nach FORESTER et al. (2019), Praxishilfe Klima-Boden-Baumartenwahl Band I

Figure 2: Cultivation risk of sessile oak in Bavaria according to FORESTER et al. (2019), in practical guide on climate, soil and tree species selection "Klima-Boden-Baumartenwahl" Volume I

1.2 Einteilung der Herkunftsgebiete und vorhandene Saatgutquellen

Für die Traubeneiche sind in Deutschland in 13 Herkunftsgebieten (HKG) insgesamt 1.999 Saatguterntebestände auf einer reduzierten Fläche von insgesamt 21.602,10 ha zugelassen. Davon haben 19 Bestände die höchste Saatgutkategorie „Geprüft“ und weisen eine reduzierte Fläche von 300,3 ha auf. Zusätzlich gibt es eine Samenplantage der Kategorie „Qualifiziert“ auf einer Fläche von 2,1 ha und eine der Kategorie „Geprüft“ auf einer Fläche von 1,0 ha. Die Begründung für die Ausweisung von Herkunftsgebieten betrifft die klimatische Prägung, die Kontinentalität, die Länge

der Vegetationszeit sowie die Milde des Winters. So beginnend von Nord nach Süd weisen die Herkunftsgebiete ein ozeanisches Tieflandklima mit langer Vegetationszeit und milden Wintern über subozeanisch bis subkontinentales Tieflandklima mit nach Südosten zunehmender Kontinentalität und erhöhter Spätfrostgefahr auf. Weiter im Süden geht es mit ozeanischem bis subozeanischem Berglandklima mit kühlerem Teil des Westdeutschen Berglandes weiter, in Leelagen subkontinental getönt. Das HKG 09 ist durch trockene Standorte gekennzeichnet. Subatlantisches Berglandklima herrscht im HKG 10. Das Herkunftsgebiet 11 ist geprägt durch ein warm-trockenes subkontinentales Klima und reichere schwere Böden. Das Fränkische Hügelland ist ein Schwerpunkt der natürlichen Verbreitung der Traubeneiche mit weitgehend autochthonen Beständen. Das Herkunftsgebiet 12 weist ein subkontinentales Berglandklima mit strengen Wintern auf.

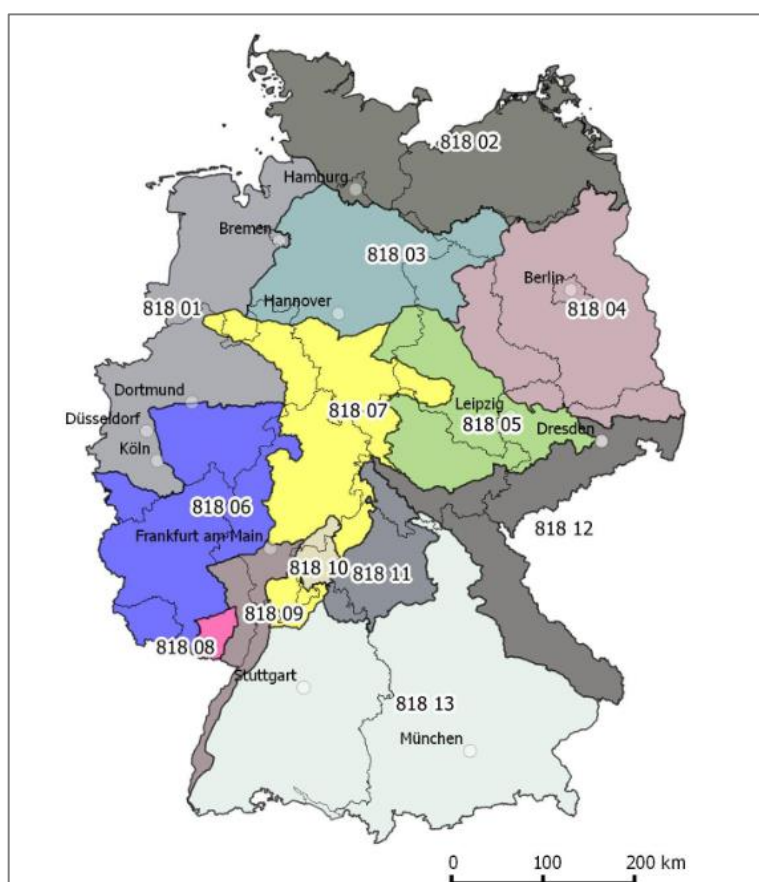


Abbildung 3: Herkunftsgebiete für forstliches Vermehrungsgut der Traubeneiche nach der Herkunftsgebietsverordnung (BLE 13)

Figure 3: Designated areas of provenance for forest reproductive material for sessile oak in accordance with the [German national] Ordinance on Areas of Provenance (BLE 13)

Tabelle 1: Übersicht der zugelassenen Saatguterntebestände der Traubeneiche nach HKG (BLE 2023)

Table 1: Overview of approved seed crops stands for sessile oak in accordance with national ordinance HKG (BLE 2023)

HKG	Herkunftsgebiet	reduzierte Fläche (ha)	Bestände (Anzahl)
01	Niedersächsischer Küstenraum und Rheinisch-Westfälische Bucht	48,70	14
02	Ostsee - Küstenraum	323,19	61
03	Heide und Altmark	148,70	21
04	Ostdeutsches Tiefland	2.061,92	154
05	Mitteldeutsches Tief - und Hügelland	841,06	135
06	Rheinisches und Saarbergland	3.528,50	466
07	Harz, Weser - und Hessisches Bergland außer Spessart	3.619,83	307
08	Pfälzerwald	2.262,10	274
09	Ober rheingraben	61,50	6
10	Spessart	3.365,30	139
11	Fränkisches Hügelland	4.315,20	233
12	Südostdeutsches Hügel- und Bergland	38,53	16
13	Süddeutsches Mittelgebirgsland sowie Alpen	1.444,60	193

Stark differenziertes subozeanisch bis subkontinentales Klima ist topographisch bedingt im Herkunftsgebiet 13 vorzufinden. Auch die Standorte sind kleinräumig gegliedert. Aufgrund der bisher eher geringen Bedeutung der Traubeneiche in den Alpen wurden diese nicht als gesondertes Herkunftsgebiet ausgewiesen. Diese Tatsache kann sich mit erwarteter Trockenheit in den nächsten Jahrzehnten ändern. Die Herkunftsgebiete 08 und 10 zeichnen sich gegenüber anderen Herkunftsgebieten durch Traubeneichen mit hohen Holzqualitäten aus. Herkunftsversuche ergaben eine deutlich überdurchschnittliche Wuchseistung und Form. Pfälzerwald und Spessart sind Gebiete der klassischen Furniereichenwirtschaft. Die Anzahl der zugelassenen Saatguterntebestände fällt unterschiedlich aus. So sind im HKG 09 Ober rheingraben nur sechs Bestände zugelassen, im HKG 12 sind es 16 Bestände und im HKG 01 sind es 14 bzw. im HKG 03 21 Bestände. Die größte Anzahl an zugelassenen Saatguterntebeständen wird mit 459 Beständen im HKG 06 erreicht.

1.3 Feuchtigkeitsbedingungen zugelassener Saatguterntebestände in Bayern

Der Ellenberg-Quotient (ELLENBERG 1988) stellt das Klimagefälle von Buchenwaldtypen in Mitteleuropa dar, wobei bei Quotienten-Werten über 20 die Konkurrenzkraft der Buche langsam abnimmt und über 30 reine Eichenwälder vorkommen. Dieser Quotient wird allgemein als Trockenheitsindex benutzt, insbesondere um Klimabedingungen in Mitteleuropa zu beschreiben (MÁTYÁS et al. 2010, MELLERT et al. 2016).

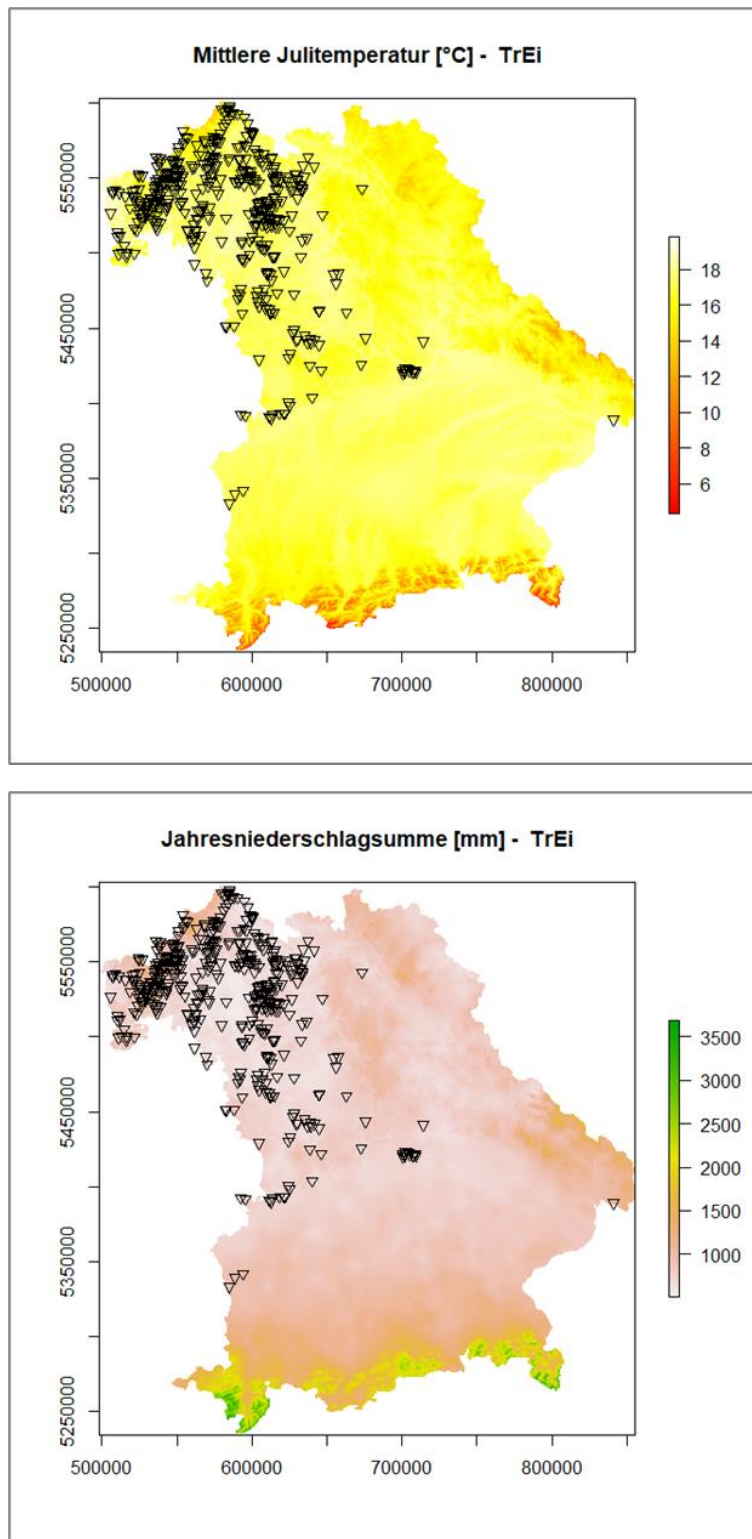


Abbildung 4: Mittlere Julitemperatur und Jahresniederschlagssumme für ausgewählte Saatguterntebestände der Traubeneiche in Bayern.
 Formel: $QE = (1.000 \cdot JulT) / JN$ (JN: mittlere Jahresniederschlagssumme (mm), JulT: Mitteltemperatur im Juli (°C), 1.000 rechnerische Konstante)

Figure 4: Mean July temperature and sum of annual precipitation for selected sessile oak seed crop stands in Bavaria.
 Formula: $QE = (1.000 \cdot JulT) / JN$ (JN: mean sum of annual precipitation (mm), JulT: mean temperature in July (°C), 1.000 mathematical constant)

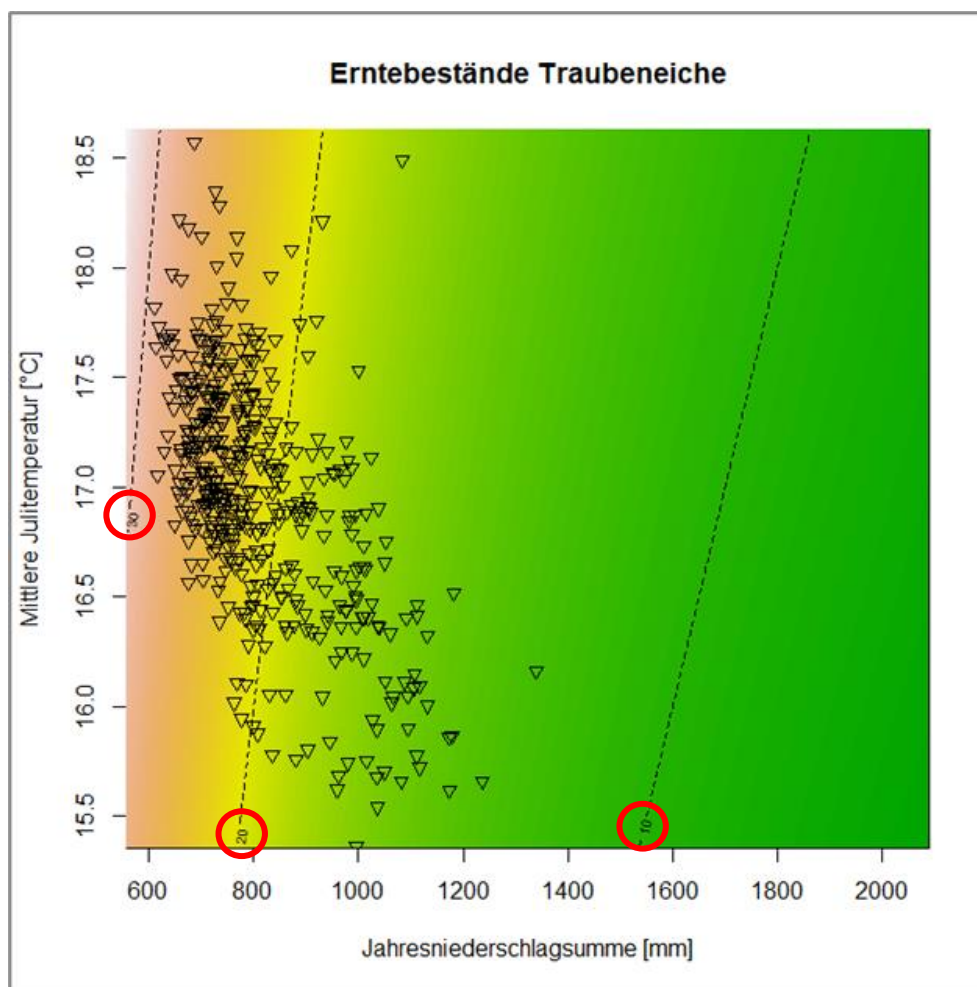


Abbildung 5: Berechneter Ellenberg-Quotient für die ausgewählten Saatguterntebestände der Traubeneiche in Bayern

Figure 5: Calculated Ellenberg quotient for the selected sessile oak seed crop stands in Bavaria

Der berechnete Ellenberg-Quotient der ausgewählten Saatguterntebestände der Traubeneiche liegt bei den meisten Beständen zwischen 20 und 30 (Abbildung 5). Nach Ellenberg 1996 handelt es sich dabei um einen Buchenwald mit Eichen. Bei weiteren Saatguterntebeständen liegt der Quotient sogar zwischen 10 und 20 und liegt im warm-feuchten Bereich des Buchenwaldes (Abbildung 5). Es gibt keine zugelassenen Saatguterntebestände, bei denen der Quotient über 30 liegt und die damit nach Ellenberg als trockene Eichenwälder ohne Buche klassifiziert werden könnten. In Frankreich finden sich viele autochthone Bestände von Traubeneiche, die im Hinblick auf den Klimawandel für Bayern eine wichtige Rolle einnehmen könnten. Im Folgenden wird ein Überblick zu Vorkommen der Traubeneiche sowie der Auswahl von Saatguterntebeständen in Frankreich dargestellt.

1.4 Die Rolle der Traubeneiche in Frankreich

In Frankreich finden sich viele autochthone Bestände von Baumarten, die im Hinblick auf den Klimawandel für Bayern eine wichtige Rolle einnehmen werden. Die Traubeneiche ist in Frankreich vor allem in der kollinen Stufe eine der wichtigsten Baumarten, bestandesbildend auf 1,8 Millionen

Hektar mit einem Holzvorrat von 321 Millionen Festmetern. Sie tritt vor allem auf Standorten mit Jahresdurchschnittstemperaturen von 8 bis 12 °C und Jahresniederschlägen von 600 bis 750 mm auf. Wie in Deutschland ist eine Präferenz für saure bis neutrale Böden erkennbar. In Frankreich wurden 185 Erntebestände der Traubeneiche mit insgesamt 10.615 ha Fläche zugelassen. Das Herkunftsgebiet 411 Allier in Zentralfrankreich (Abbildung 6a) beinhaltet insgesamt 10 zugelassene Erntebestände mit 1.142 ha Fläche. Im Rahmen des Projekts »Saatgut alternativer Baumarten für Bayern« bereisten Mitarbeiter des AWG deshalb Erntebestände im Massif Central.

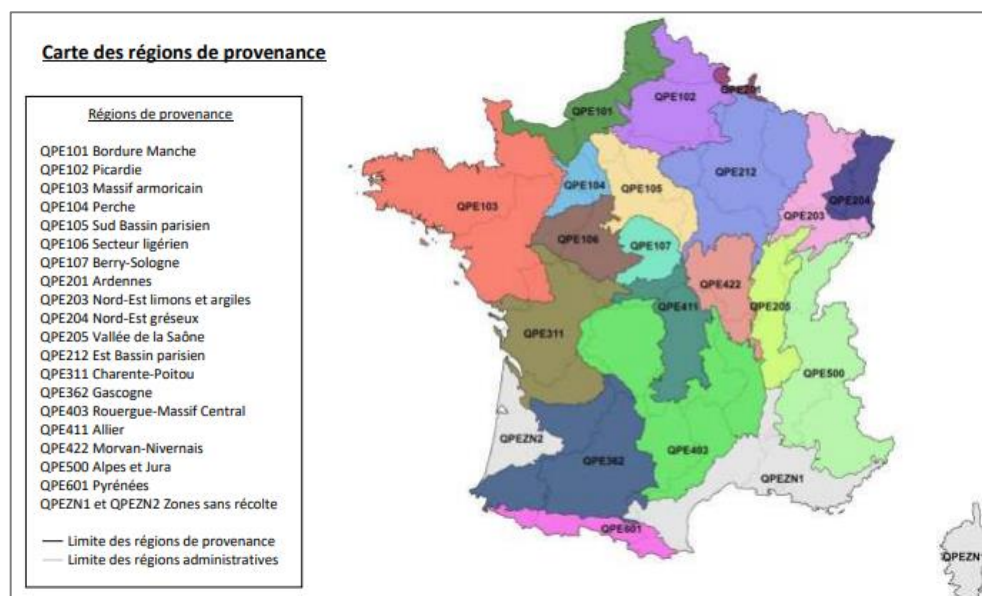


Abbildung 6a: Ausgewiesene Herkunftsgebiete der Traubeneiche in Frankreich (agriculture.gouv.fr)

Figure 6a: Designated areas of provenance of the sessile oak in France (agriculture.gouv.fr)

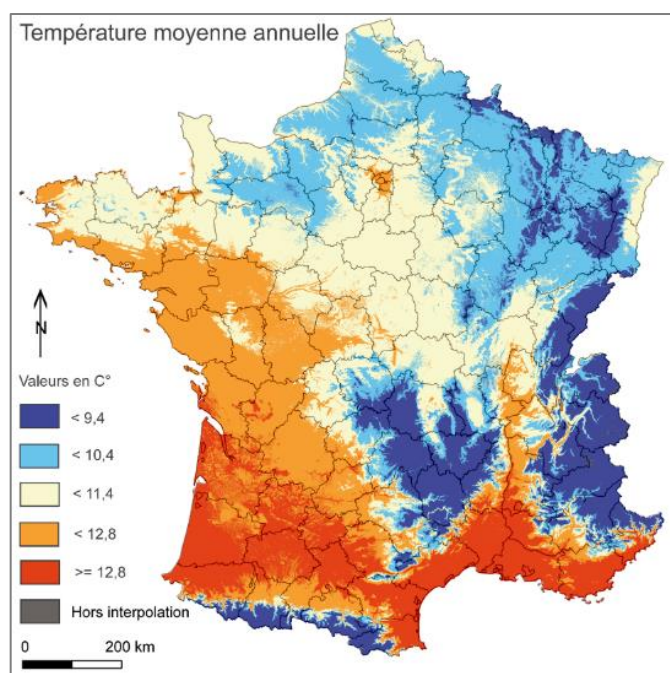


Abbildung 6b: Jahresdurchschnittstemperaturen in Frankreich (<http://thema.univ-fcomte.fr>)

Figure 6b: Average annual temperatures in France (<http://thema.univ-fcomte.fr>)

Die größte und bekannteste Ernteeinheit (467 ha) liegt im Forêt de Tronçais (QPE 411-002), zwischen Montluçon und Moulins am nördlichen Rand der Auvergne. Ein Teil dieser Bestände (196 ha) sind zusätzlich als Generhaltungseinheit ausgewiesen. Die Traubeneichen sind 120 bis 220 Jahre alt, die ältesten und beeindruckendsten Exemplare stehen in den Abteilungen 132 bis 135 (Abbildung 7). Hier sind Bestandeshöhen bis 42 Meter, Brusthöhendurchmesser bis 110 cm und Vorräte über 500 Vfm zu bestaunen. Einzelne Methusaleme (z.B. sog. „Wächtereiche oder Charles-Lois-Phillippe“) haben 160 bis 200 cm BHD und sind wohl über 400 Jahre alt. Die Bestände stocken auf 220 bis 250 m NN, auf mäßig frischen bis wechsellückigen pseudovergleyten Parabraunerden. Die Jahresdurchschnittstemperatur liegt bei 11 bis 11,5°C, bei einem jährlichen Niederschlag von 780 bis 850 mm. Dies sind Bedingungen, die im Klimawandel für einige Gebiete Bayerns erwartet werden.

Die Stämme der Traubeneichen im Altbestand werden durch einen Zwischen- und Unterstand aus Hainbuche und Buche (einzelne Elsbeeren und Vogelkirschen) umfüttert. Die Eichen zeigen hervorragende Qualitäten mit langen, geraden, bis zu 20 Meter astfreien Schäften. Nur selten sind Drehwuchs, Krumme Stämme oder Zwiesel zu finden. Durch die sommerlichen Wasserdefizite und mäßige Durchforstungseingriffe entsteht ein feiner, gleichmäßiger Jahrringbau. Das Holz wird deshalb von Furnierherstellern, Schreibern und Fassproduzenten geschätzt und gut bezahlt.



Abbildung 7: Vitale Traubeneichen im Forêt de Tronçais (Foto: J. Geiger, AWG)

Figure 7: Vigorous sessile oaks in the Forêt de Tronçais (Photo: J. Geiger, AWG)

Durch die Einbringung von hochwertigem Vermehrungsgut von Herkünften, das an wärmere Bedingungen angepasst ist und eine hohe genetische Vielfalt aufweist, könnte die Anpassungsfähigkeit der bayerischen Traubeneichenwälder im Klimawandel erhöht werden. Gerade mit zunehmenden Folgen des Klimawandels ist eine hohe genetische Vielfalt und damit eine hohe Anpassungsfähigkeit von Beständen und forstlichem Vermehrungsgut entscheidend, um für neue Herausforderungen gerüstet zu sein.

1.5 Genetische Vielfalt und Hybridisierung

Genetische Variation ist die Grundlage für die Anpassung von Populationen an veränderte Umweltbedingungen (BARRETT und SCHLUTER 2008). Zahlreiche Studien haben die genetische Variation der europäischen Weißeichenarten untersucht. Es hat sich gezeigt, dass es eine hohe genetische Vielfalt innerhalb der mitteleuropäischen Eichenpopulationen gibt, im Gegensatz zu einer geringen genetischen Differenzierung zwischen den Populationen, was auf die weite Verbreitung von Pollen zurückzuführen ist, die den Genaustausch zwischen den Beständen erleichtert (DERORY et al. 2010; GERBER et al. 2014; NEOPHYTOU 2015). Im Vergleich zur Stieleiche weist die Traubeneiche eine geringere Vielfalt an Chloroplasten-Haplotypen innerhalb der Bestände auf, was wahrscheinlich darauf zurückzuführen ist, dass die Stieleiche Pioniermerkmale und eine effizientere Ausbreitungsfähigkeit aufweist (Neophytou und MICHIELS 2013). Ökologische, paläoökologische und populationsgenetische Studien zeigen, dass die Stieleichen-Samen besser verbreitet werden, als bei der Traubeneiche und dass die Verbreitung des Pollens bei Eichen viel effizienter ist als die der Samen (PETIT et al. 2002).

Die Reproduktionsökologie der Traubeneiche wurde in einem Bestand in Deutschland untersucht, indem die Paarungsmuster und die genetische Struktur innerhalb erwachsener Bäume und Sämlinge analysiert wurden (EUSEMANN und LIESEBACH 2021). Der größte Teil der Ausbreitung von Samen und Pollen fand über kurze Entfernungen statt (durchschnittliche Samenausbreitung 8,4 m und Pollenausbreitung 22,6 m). Der Fortpflanzungserfolg der einzelnen Bäume war sehr unausgewogen mit nur 41 Prozent aller erwachsenen Bäume, die Nachkommen produzierten (EUSEMANN und LIESEBACH 2021).

Die Hybridisierung und der genetische Austausch zwischen den Arten ist ein wichtiger evolutionärer Prozess für heimische Eichenarten. Obwohl jede Art unterschiedliche Standortbedingungen bevorzugt, kommt es zur Hybridisierung, wenn sich die Umwelтанforderungen und das Verbreitungsgebiet aller drei Arten überschneiden (NEOPHYTOU et al. 2015, DEGEN et al. 2023). KREMER und HIPP (2020) kamen zu dem Schluss, dass Eichen ein hohes Anpassungspotenzial haben und der Genfluss bei Eichen die Vielfalt erhöht, adaptive Allele zwischen den Arten verschiebt und die Introgression die Anpassung verbessert und die Migration fördert. Hybridisierung und Introgression verlaufen asymmetrisch und verstärken somit die ökologische Dynamik, indem sie die Ausbreitung der Traubeneiche in bereits von Stieleichen besiedelten Regionen erleichtern (PETIT et al. 2002).

1.6 Genetische Differenzierung

Die Eichenarten haben die Eiszeiten in den drei südlichen Hauptrefugien (Iberische Halbinsel, Apennin, Balkan) überdauert (PETIT et al. 2002), dort haben sich sog. Hotspots der genetischen Diversität entwickelt. Während der Rückwanderung nach Mitteleuropa haben sich bestimmte Linien durchgesetzt und nicht alle Genotypen, die im Süden vertreten sind, sind auch im Norden angekommen (Abbildung 8). Dadurch ist es zu einer Einschränkung der genetischen Vielfalt gekommen. Im Gegensatz dazu haben sich aber in Mitteleuropa Linien unterschiedlicher Refugien getroffen und damit einen gemischten Genpool geschaffen. Eine kürzlich durchgeführte Studie ergab deutliche Hinweise auf homogene Genpools sowohl bei der Trauben- als auch bei der Stieleiche in ihrem Verbreitungsgebiet nördlich der Alpen, was mit ihrer großen Populationsgröße und einem effizienten Genfluss erklärt werden kann (NEOPHYTOU et al. 2024). Mit dem erneuten Einführen von Populationen aus den ursprünglichen Refugien könnten daher auch Varianten eingeführt werden, die bisher noch nicht berücksichtigt wurden.

Damit die Qualität des eingebrachten Vermehrungsgutes hoch ist, ist es notwendig, die genetische Vielfalt der Erntebestände zu kennen. Populationen, die in der Vergangenheit etwa einem Flaschenhals oder starken Selektionsprozessen ausgesetzt waren, haben eine geringere Vielfalt als andere Bestände, die in ihrer Vergangenheit keiner starken Reduktion der Individuenzahl ausgesetzt waren. Adaptive Merkmale zeigen bei mitteleuropäischen Eichen ein hohes Maß an räumlicher genetischer Differenzierung. Entlang von Höhen- oder Breitengradienten zeigen Traubeneichen-Populationen Unterschiede in der Baumhöhe und Phänologie (ALBERTO et al. 2011; DUCOUSSO et al. 1996; SÁENZ-ROMERO et al. 2017; VITASSE et al. 2009). RELLSTAB et al. (2016) untersuchten die lokale Anpassung von Trauben-, Flaum- und Stieleichen-Populationen in der Schweiz und machten Vorhersagen über ihre Reaktion auf zukünftige Klimabedingungen. Dendroökologische Studien, die die Auswirkungen von Trockenstress auf das Baumwachstum behandeln, können in Kombination mit adaptiven Markern bedeutende Zusammenhänge zur Anpassung an Trockenheit (HEER et al., 2018, ZACHARIAS et al., 2022) und Kronencharakteristiken (PRETZSCH et al., 2022) aufdecken. Der Forschungsbedarf zur Identifizierung von trocken-toleranten Merkmalen auf morphologischer, genetischer und Bestandesebene ist trotz der bereits vorhandenen Grundlagen nach wie vor sehr hoch.

Auf Basis von Chloroplastenmarkern wurde bei der Eiche (*Quercus* spp.) die nacheiszeitliche Rückwanderungsgeschichte europaweit untersucht (Abbildung 8, PETIT et al. 2002). Auf dieser Grundlage können Hinweise auf die Autochthonie von Vorkommen und das Pflanzmaterial gewonnen werden. Meist kommen in einem Bestand nur ein oder zwei dieser Linien (Haplotypen) vor. Daher sollte im Saat- und Pflanzgut ebenfalls nur eine geringe Zahl an Haplotypen vorkommen.

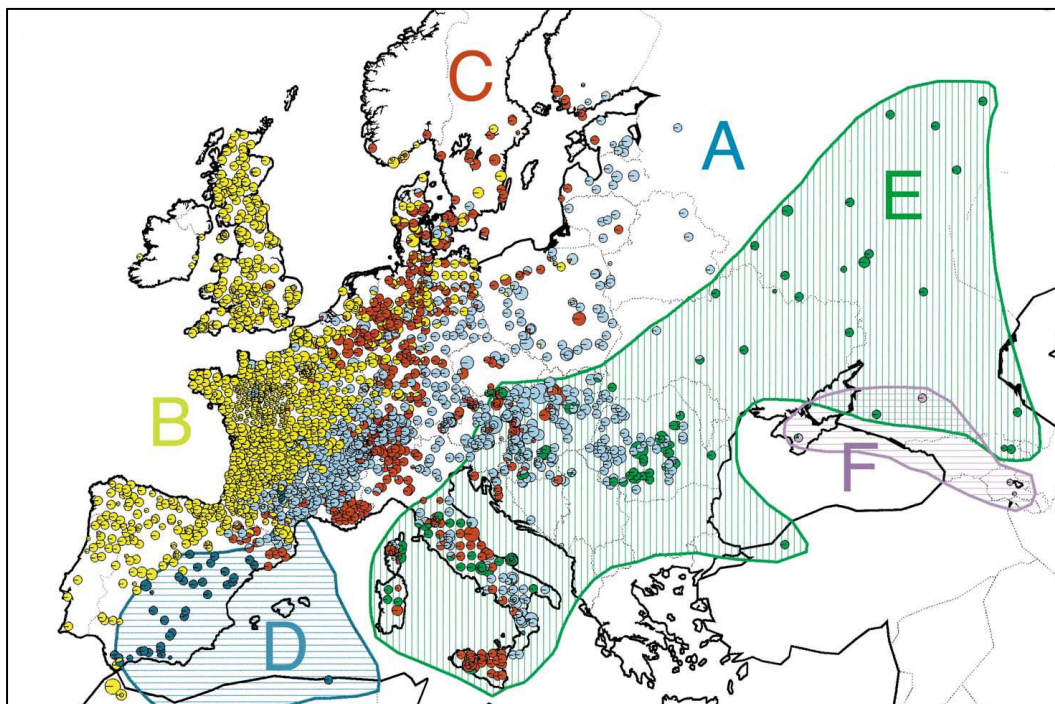


Abbildung 8: Karte der cpDNA-Rückwanderungslinien in Europa. Die geografische Verteilung der sechs identifizierten cpDNA-Linien (A - F) wird angegeben. Verschiedene Haplotypen derselben Linie wurden gepoolt und werden durch die gleiche Farbe dargestellt. Die Verteilungsgrenzen für drei der sechs Linien (D - F) sind gezeigt (PETIT et al. 2002)

Figure 8: Map of the cpDNA return migration lines in Europe. The geographical distribution of the six identified cpDNA lines (A - F) is indicated. Different haplotypes of the same lineage were pooled and are represented by the same colour. The distribution limits for three of the six lineages (D-F) are shown (PETIT et al. 2002)

Nach einigen Studien (PETIT et al. 2002; 2002a) zeigen bestimmte französische Herkünfte von *Quercus petraea* eine große genetische Vielfalt. Gerade bei großen Einheiten und Individuenzahlen, wie im Forêt de Tronçais sind hoher Genfluss und Diversität vorhanden. Da bei der Traubeneiche sowohl Stammform als auch Holzqualität stark genetisch geprägt werden, ist die Verwendung herkunftssicheren Saatguts unverzichtbar. In den neuen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen für Bayern (HuV) werden einige bewährte französische Provenienzen als klimaplastische Herkünfte und für Praxisanbauversuche empfohlen.

1.7 Neue Empfehlungen in Bayern

Auf 50 % der Fläche Bayerns werden bereits bei einem Temperaturanstieg von 2 °C künftig Standortbedingungen vorherrschen, die aktuell nirgendwo in Bayern realisiert sind (FISCHER et al. 2018). Besonders in einigen Herkunftsgebieten in Unter- und Mittelfranken ist auch bei den Hauptbaumarten Buche, Trauben- und Stieleiche eine Erweiterung der Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen für Vermehrungsgut aus heute bereits wärmeren und trockeneren Regionen notwendig. Außerdem könnten innerhalb Bayerns Herkünfte für höhere Lagen empfohlen werden. Dabei gilt als Faustzahl: bei einer Erwärmung um ein Grad Celsius steigt die Eignung der Herkünfte um 150 Höhenmeter.

Diese Empfehlung orientiert sich an der voraussichtlichen Klimaentwicklung. Die Herkünfte stammen aus Regionen, in denen heute das Klima herrscht, welches wir in den nächsten Jahrzehnten für das zugeordnete Herkunftsgebiet erwarten. Zusätzlich wird Vermehrungsgut der Kategorien „geprüft“ und „qualifiziert“ empfohlen. Allerdings sind Herkünfte aus einem wärmeren Klima in der Regel weniger an Frost- und Schneeereignisse angepasst. Da in Bayern trotz des Klimawandels auch (Spät-)Fröste und Nassschneelagen vorkommen werden, sind Frost- oder Schneebruchschäden an diesen Herkünften nicht auszuschließen.

Diese Empfehlungsstufe enthält Vorschläge für Herkünfte bestimmter Baumarten, die nach aktueller Einschätzung in der Zukunft zum Anbau in Praxisanbauversuchen (PAV) geeignet sein könnten (JANßEN et al. 2019, HAMBERGER et al. 2021) oder sich bereits in Herkunftsversuchen als vielversprechend erwiesen haben (z.B. bei Rotbuche, ŠEHO et al. 2022). Diese sind alternative Herkünfte von heimischen oder bei uns bereits bewährten alternativen Baumarten. Die Eignung dieser Herkünfte bzw. Baumarten sollte im Rahmen von Praxisanbauversuchen (PAV) genauer beleuchtet werden, um möglichst schnell praxisrelevante Erkenntnisse zu gewinnen.

818 13 Süddeutsches Mittelgebirgsland sowie Alpen			
Bisher bewährte Herkünfte			
EB des HKG 818 13			ausgewählt
Klimaplastische Herkünfte			
EB Revier Johanniskreuz	Rheinland-Pfalz	Register-Nr. 072 818 08 001 4	geprüft
EB Revier Trippstadt	Rheinland-Pfalz	Register-Nr. 072 818 08 002 4	geprüft
EB Revier Johanniskreuz	Rheinland-Pfalz	Register-Nr. 074 818 08 009 4	geprüft
EB Malbaum	Bayern	Register-Nr. 091 818 10 055 4	geprüft
EB Scheuer	Bayern	Register-Nr. 091 818 10 056 4	geprüft
EB Langrain	Bayern	Register-Nr. 091 818 10 094 4	geprüft
EB Eichhall	Bayern	Register-Nr. 091 818 10 167 4	geprüft
EB Urwald	Bayern	Register-Nr. 091 818 10 168 4	geprüft
EB Spessart	Hessen	Register-Nr. 062 818 10 001 4	geprüft
EB des HKG 818 08			ausgewählt
EB des HKG 818 10			ausgewählt
EB des HKG 818 11			ausgewählt
Herkünfte für Praxisanbauversuche			
Kroatien	SP	HR-QPE-SP-211/180	qualifiziert
	EB	HR-QPE-SS-211-214	ausgewählt
Frankreich	EB des HKG QPE203		ausgewählt
	EB des HKG QPE422		ausgewählt
	EB des HKG QPE411		ausgewählt

Abbildung 9: Empfehlungen zur Traubeneiche. Auszug aus den Bayerischen HuV

Figure 9: Recommendations for the sessile oak. Excerpt from the Bavarian recommendations for provenance and use ("HuV")

2 Schlussfolgerungen und Ausblick

Die beiden heimischen Eichenarten haben ökologisch und ökonomisch eine sehr hohe Bedeutung; sie wird durch den Klimawandel und die damit verbundene Erwärmung zunehmen. Durch die Veränderungen für unsere Waldökosysteme werden trockenheitstolerante Baumarten zunehmend eine wichtigere Rolle bei den Waldumbaumaßnahmen spielen. Vor allem die Traubeneiche, die einen höheren ozeanischen Einfluss benötigt, könnte ihr Verbreitungsareal weiter in den Osten und höher ins Bergland ausdehnen. Die Wahl der geeigneten Herkunft und die Versorgung mit hochwertigem und herkunftssicherem Vermehrungsgut wird bei allen Baumarten und Herkunftsn (heimisch oder nichtheimisch) entscheidend für den Anbauerfolg und den Aufbau von stabilen Waldbeständen sein. Zur Herkunftssicherung sollten genetische Marker verwendet werden, die eine eindeutige Zuordnung der beiden Eichenarten sowie Hybride zulassen (NEOPHYTOU al. 2014). Um dieses Ziel zu erreichen, werden bereits heute wichtige Schritte identifiziert:

Für die Gewinnung von forstlichem Vermehrungsgut stehen in erster Linie die autochthonen Bestände zur Verfügung. Bei der erwarteten Temperaturerhöhung werden die Toleranzgrenzen der heimischen Herkunftsn auf bestimmten Standorten jedoch überschritten. In den Fokus rücken Herkunftsn, die aus Regionen stammen, in denen heute das Klima herrscht, welches wir in den nächsten Jahrzehnten bei uns erwarten. Transfergrenzen sind weiterhin zu berücksichtigen. So wurden bei weiter östlich angebauten westlichen Herkunftsn der Traubeneiche in Norddeutschland des Öfteren Spätfrostschäden festgestellt. Diese Tatsache sollte vor allem beim Anbau im kontinental geprägten Osten Bayerns berücksichtigt werden. Des Weiteren sollte die phänotypische Bewertung der Bestände eine wichtige Rolle spielen und in Nachkommenschaftsprüfungen bewertet werden. Die Ausprägung von Stammform und Holzqualität ist genetisch definiert und wird durch die Erbanlagen an die Folgegeneration weitergegeben.

Die neuen Herkunftsn- und Verwendungsempfehlungen (HuV) in Bayern bieten neue Möglichkeiten für die Waldbesitzenden, um ihre Wälder fit für den Klimawandel zu machen und artenreiche, stabile und genetisch vielfältige Mischwälder aufzubauen. Durch den dreistufigen Aufbau der neuen HuV wird die Verwendung von „Bisher Bewährten“, „Klimaplastischen“ sowie ganz neuen Herkunftsn, die nur im Rahmen von Praxisanbauversuchen (PAV) angebaut werden können, ermöglicht. Bei den klimaplastischen Herkunftsn orientiert sich die Empfehlung an der voraussichtlichen Klimaentwicklung. Zusätzlich wird priorisiert Vermehrungsgut der Kategorie „geprüft“ sowie der Kategorie „qualifiziert“ empfohlen. Durch die Einbringung von hochwertigem Vermehrungsgut von Herkunftsn, die an wärmere Bedingungen angepasst sind und eine hohe genetische Vielfalt aufweisen, könnte die Anpassungsfähigkeit der bayerischen Traubeneichenwälder im Klimawandel erhöht werden. In der vorliegenden Arbeit wird die Bedeutung der genetischen Vielfalt und Diversität beim Aufbau von klimaresilienten Wäldern dargestellt. Am Beispiel der französischen Traubeneichenwälder wird das mögliche Potenzial für alternative Herkunftsn heimischer Baumarten vorgestellt. Im Klimawandel wird es weiterhin wichtig sein, die Erhaltung forstlicher Genressourcen zu intensivieren und die nachhaltige Nutzung zielgerichtet vorzunehmen. Gleichzeitig muss die Forschung intensiviert werden. Im Rahmen des sensFORoak Projekts wird durch eine Kombination von

ökologischen Nischenmodellen (ENM) mit Methoden der dendroökologischen Resilienzforschung und der ökologischen Genetik der Einfluss des Klimawandels auf die zugelassenen Saatguterntebestände von heimischen Eichenarten in Süddeutschland und dem näheren Ausland ermittelt (<https://www.awg.bayern.de/344293/index.php>).

Literatur

- AITKEN, S.N.; WHITLOCK, M. C. (2013): Assisted Gene Flow to Facilitate Local Adaptation to Climate Change. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 2013. 44:367–88. 10.1146/annurev-ecolsys-110512-135747.
- ALBERTO, F.; BOUFFIER, L.; LOUVET, J.-M.; LAMY, J.-B.; DELZON, S.; KREMER, A. (2011): Adaptive responses for seed and leaf phenology in natural populations of sessile oak along an altitudinal gradient. *Journal of Evolutionary Biology* 24, 1442–1454.
- BARRETT, R. D.; SCHLUTER, D. (2008): Adaptation from standing genetic variation. *Trends in Ecology und Evolution* 23(1), 38–44.
- CAUDULLO, G.; WELK, E.; SAN MIGUEL-AYANZ, J. (2017): Chorological maps for the main European woody species. *Data in Brief* 12: 662–666.
- DEGEN, B.; BLANC-JOLIVET, C.; MADER, M.; YANBAEVA, V.; YANBAEV, Y. (2023): Introgression as an Important Driver of Geographic Genetic Differentiation within European White Oaks. *Forests* 14, 2279.
- DERORY, J.; SCOTTI-SAINTAGNE, C.; BERTOCCHI, E.; LE DANTEC, L.; GRAIGNIC, N.; JAUFFRES, A.; CASASOLI, M.; CHANCEREL, E.; BODÉNÈS, C.; ALBERTO, F. (2010): Contrasting relationships between the diversity of candidate genes and variation of bud burst in natural and segregating populations of European oaks. *Heredity* 104, 438–448.
- DUCOUSSO, A.; GUYON, J.P.; KREMER, A. (1996): Latitudinal and altitudinal variation of bud burst in western populations of sessile oak (*Quercus petraea* (Matt) Liebl). *Ann. des Sci. For.* 53, 775–782.
- ELLENBERG, H.H. (1988): *Vegetation ecology of Central Europe*. University Press, Cambridge, UK, pp. 731.
- EUSEMANN, P.; LIESEBACH, H. (2021): Small-scale genetic structure and mating patterns in an extensive sessile oak forest (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.). *Ecology and Evolution*, 11(12), 7796–7809.
- FISCHER, H.; MEISSNER, K. J.; MIX, A. C.; ABRAM, N. J.; AUSTERMANN, J.; BROVKIN, V.; ... und ZHOU, L. (2018): Palaeoclimate constraints on the impact of 2 C anthropogenic warming and beyond. *Nature geoscience*, 11(7), 474–485.
- FORSTER, M.; FALK, W.; REGER, B.; BLASCHKE, M.; DIMKE, P.; ENZENBACH, B.; EWALD, J. et al. (2019): *KlimaBoden-Baumartenwahl*. Hrsg. Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, Praxishilfe Band I, 110 S.
- GERBER, S.; CHADOEUF, J.; GUGERLI, F.; LASCoux, M.; BUITEVELD, J.; COTTRELL, J.; ... KREMER, A. (2014): High rates of gene flow by pollen and seed in oak populations across Europe. *PloS one* 9(1).
- GROTEHUSMANN, H. (2021): Eichen-Bestandsprüfung in Norddeutschland, Teil 2: Traubeneiche. *AFZ/Der Wald* 3: 29–33.
- HAMBERGER, J.; ŠEHO, M.; WIMMER, N. (2021): Erste Blicke auf den Zukunftswald. *Bayerisches Landwirtschaftliches Wochenblatt* 44, 58 – 59.
- HEER, K.; BEHRINGER, D.; PIERMATTEI, A.; BÄSSLER, C.; BRANDL, R.; FADY, B.; ... OPGENOORTH, L. (2018): Linking dendroecology and association genetics in natural populations: Stress responses archived in tree rings associate with SNP genotypes in silver fir (*Abies alba* Mill.). *Molecular Ecology*, 27(6), 1428–1438.
- JANSEN, A.; ŠEHO, M.; SCHIRMER, R.; TRETTER, S.; PRATSCH, S. (2019): Praxisanbauversuche: Bewertung alternativer Baumarten in Bayern. *AFZ/Der Wald* 74, Heft 5: 24–27.
- KLEINSCHMIT, J. (2000): Bestände und Samenplantagen von Stiel- und Traubeneiche. Informationsreihe Geprüftes Vermehrungsgut. *AFZ/Der Wald* 55: 512–513.
- KRAHL-URBAN, J. (1959): *Die Eichen: Forstliche Monographie der Trauben-Eiche und der Stiel-Eiche*. Paul Parey Verlag, Hamburg, Berlin.

- KREMER, A.; HIPPEL, A. L. (2020): Oaks: an evolutionary success story. *New Phytologist*, 226(4), 987-1011.
- MÁTYÁS, C.; BERKI I.; CZÚCZ, B.; GÁLOS, B.; MÓRICZ, N.; RASZTO-VITIS, E. (2010): Future of beech in southeast Europe from the perspective of evolutionary ecology. *Acta Silvatica et Lignaria Hungarica*, 6: 91–100.
- MAURER, W.; TABEL, U.; KÖNIG, A.; STEPHAN, B.; MÜLLER-STARCK, G. (2000): Provenance trials on *Quercus robur* L. and *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. in Rhineland-Palatinate (Germany): Preliminary results of phenotypic and genetic surveys. In: Vukelic, J.; Anic, I. (eds.): *Glasnik za šumske pokuse - Annales experimentis silvarum culturae provehendis*, no. 37. Proceedings of the International Conference "Oak 2000 - Improvement of Wood Quality and Genetic Diversity of Oaks" in Zagreb (Kroatien) am 20. - 25. Mai 2000, 329-345.
- MELLERT KH, EWALD J, HORNSTEIN D, DORADO-LIÑÁN I, JANTSCH M, TAEGER S, et al., (2016): Climatic marginality: a new metric for the susceptibility of tree species to warming exemplified by *Fagus sylvatica* (L.) and Ellenberg's quotient. *Eur J For Res* 135(1): 137-152. <https://doi.org/10.1007/s10342-015-0924-9>
- MELLERT, K.H., FÄTH, J., FALK, W., WELLBROCK, N., GÖTTLEIN, A., (2020): Die ökologische Basenamplitude von Baumarten in Deutschland. *Allgemeine Forst- und Jagdzeitung : Allg. F. u. J. Ztg.* 190, 184–204. <https://doi.org/10.23765/afjz0002046>
- NEOPHYTOU, C. (2015): Does human management affect genetic variation of the oaks in the Upper Rhine plain? Wirkt sich menschliche Bewirtschaftung auf das Erbgut der Eichen am Oberrhein aus? *Forstarchiv* 86, 183–193.
- NEOPHYTOU, C.; GÄRTNER, S.M.; VARGAS-GAETE, R.; MICHIELS, H.-G. (2015): Genetic variation of Central European oaks: shaped by evolutionary factors and human intervention? *Tree Genet. Genomes* 11, 79.
- NEOPHYTOU, C.; SEMIZER-CUMING, D.; MICHIELS, H. G.; KREMER, A.; JANSEN, S.; FUSSI, B. (2024): Relict stands of Central European oaks: Unravelling autochthony and genetic structure based on a multi-population study. *Forest Ecology and Management*, 551, 121554.
- NEOPHYTOU N, C.; MICHIELS, H. G. (2013): Upper Rhine Valley: A migration crossroads of middle European oaks. *Forest Ecology and Management*, 304: 89-98.
- NEOPHYTOU, C.; FUSSI, B.; KONNERT, M.; LUCKAS, M. (2014): Traubeneiche und Stieleiche – zwei ungleiche Schwestern. *LWF Wissen* 75, LWF Wissen 75: 14-20.
- PETIT, R. J.; LATOUCHE-HALLÉ, C.; PEMONGE, M. H.; KREMER, A. (2002a): Chloroplast DNA variation of oaks in France and the influence of forest fragmentation on genetic diversity. *Forest Ecology and Management*, 156(1-3), 115-129.
- PETIT, R. J.; CSAIKL, U. M.; BORDÁCS, S.; BURG, K.; COART, E.; COTTRELL, J.; VAN DAM, B. C. et al. (2002): Chloroplast DNA variation in European white oaks phylogeography and patterns of diversity based on data from over 2600 populations. *Forest Ecology and Management*, 156(1-3), 5-26.
- PRETZSCH H, AHMED S, JACOBS M, SCHMIED G, HILMERS T (2022): Linking crown structure with tree ring pattern. *Methodological considerations and proof of concept*. *Trees* 36:1349–1367
- RELLSTAB, C.; ZOLLER, S.; WALTHER, L.; LESUR, I.; PLUESS, A. R.; GRAF, R.; ... GUGERLI, F. (2016): Signatures of local adaptation in candidate genes of oaks (*Quercus* spp.) with respect to present and future climatic conditions. *Molecular Ecology*, 25(23), 5907-5924.
- SÁENZ-ROMERO, C.; LAMY, J. B.; DUCOUSSO, A.; MUSCH, B.; EHRENMANN, F.; DELZON, S.; ... KREMER, A. (2017): Adaptive and plastic responses of *Quercus petraea* populations to climate across Europe. *Global Change Biology* 23(7), 2831-2847.
- ŠEHO, M.; SOMMER, C.; KOHNLE, U. (2022): Der internationale Buchenherkunftsversuch von 1996/1998: Wachstums- und qualitätsrelevante Merkmale unter unterschiedlichen Standorts- und Klimabedingungen in Süddeutschland. *Allg. Forst und J.-Ztg.* 191 Jg. 11/12, 243-261.
- SVOLBA, J.; KLEINSCHMIT, J. (2000): Herkunftsunterschiede beim Eichensterben. *Forst und Holz* 58: 15-17.
- VITASSE, Y.; DELZON, S.; DUFRÊNE, E.; PONTAILLER, J.-Y.; LOUVET, J.-M.; KREMER, A.; MICHALET, R. (2009): Leaf phenology sensitivity to temperature in European trees: Do within-species populations exhibit similar responses? *Agric. For. Meteorol.* 149, 735-744.
- ZACHARIAS, M.; PAMPUCH, T.; DAUPHIN, B.; OPGENOORTH, L.; ROLAND, C.; SCHNITTLER, M.; ... HEER, K. (2022): Genetic basis of growth reaction to drought stress differs in contrasting high-latitude treeline ecotones of a widespread conifer. *Molecular Ecology*, 31(20), 5165-5181.

Erhaltung und Nutzung von seltenen heimischen Baumarten

Muhidin Šeho, Darius Kavaliauskas, Barbara Fussi

Zusammenfassung Der Klimawandel und dessen Folgen für die Waldökosysteme sind deutlich zu spüren und stellen die Forstwirtschaft vor große Herausforderungen. Durch die immer häufiger auftretenden Hitzewellen, Dürren, Sturmereignisse, Flächenbrände und den Befall durch Schadorganismen wird das Baumwachstum weltweit limitiert. An entsprechenden Standorten kommt es zum Absterben von Waldbeständen. Um die Anpassung der Wälder an den Klimawandel gewährleisten zu können, werden große Mengen an geeignetem und genetisch vielfältigem forstlichen Vermehrungsmaterial benötigt. Ein hohes Maß an genetischer Vielfalt ist die Grundlage für die Anpassungsfähigkeit von forstlichen Genressourcen und muss daher für die Zukunft erhalten werden. Die Erhaltung von forstgenetischen Ressourcen kann dynamisch (*In-situ*) erfolgen, so dass evolutionäre Mechanismen wie Selektion, Mutation und Genfluss wirken können. Falls der Fortbestand am natürlichen Standort gefährdet ist und Baumarten oder Populationen aus ihren Lebensräumen innerhalb oder außerhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebiets verbracht und angepflanzt werden, spricht man von dynamischen *Ex-situ* Maßnahmen. Zusätzlich sind statische *Ex-situ* Maßnahmen möglich, bei denen genetisches Material (Saatgut oder Pflanzengewebe) in Genbanken eingelagert wird. Die wirksame Erhaltung von forstgenetischen Ressourcen erfordert jedoch eine Kombination von *In-situ*- und *Ex-situ*-Maßnahmen. Bei den seltenen heimischen Baumarten wie z.B. Sommerlinde, Elsbeere, Vogelkirsche oder Speierling, die bisher eine Nebenrolle gespielt haben, ist es notwendig, zunächst Erkenntnisse über die genetische Struktur, Vielfalt und Diversität zu gewinnen, um Empfehlungen für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung aussprechen zu können. Im Rahmen dieser Arbeit werden am Beispiel der Sommerlinde und des Speierlings entsprechende Empfehlungen vorgestellt.

Schlüsselwörter Erhaltung forstlicher Genressourcen, *In-situ*, *Ex-situ*, genetische Struktur Anpassungsfähigkeit

Abstract Climate change and its consequences for forest ecosystems are now clearly noticeable and pose major challenges for the forestry sector. Increasingly frequent heatwaves, droughts, storms, extensive wildfires, and infestation with harmful organisms are impeding tree growth worldwide. This is leading to the dying off of forest stands on the corresponding sites. For the forests to be able to adapt to climate change, large quantities of suitable and genetically diverse forest reproductive material (FRM) are required. A high degree of genetic diversity is essential for the adaptability of forests and forest genetic resources (FGR), and these must therefore be preserved for the future.

Forest genetic resources can be preserved dynamically (*in-situ*), so that evolutionary mechanisms such as selection, mutation and gene flow can take effect. If the continued existence of forest genetic resources on their natural sites is endangered, and measures are taken to plant tree species or populations elsewhere, within or outside their natural range, these are referred to as dynamic *ex-situ* measures. Static *ex-situ* measures are also possible, whereby genetic material (seed or plant tissue) is stored in gene banks. However, the effective conservation of forest genetic resources requires a combination of *in-situ* and *ex-situ* measures. In the case of rare native forest tree species such as the large-leaved lime, wild service tree, wild cherry or service tree, FGR conservation has been overlooked up to now because these species have generally played a minor economic role. However, the ecological significance of these tree species is widely acknowledged in Europe, and the demand for suitable FRM is growing. Before selecting seed harvesting stands or implementing other FGR conservation measures, it is necessary to gather information on the genetic structure, variety and diversity of these species, so that recommendations can be made for their conservation and sustainable utilisation. Such recommendations are presented here, using the large-leaved lime and service tree as examples.

Keywords conservation of forest genetic resources, *in-situ*, *ex-situ*, genetic structure, adaptability

1. Einleitung

Die Auswirkungen des Klimawandels werden immer sichtbarer und die Waldökosysteme geraten zunehmend unter Druck. Ein globaler Verlust der biologischen Vielfalt wird prognostiziert und wird alle Länder betreffen (THE EUROPEAN GREEN DEAL 2019). Um die Anpassung der Wälder an den Klimawandel gewährleisten zu können, werden große Mengen an geeignetem und genetisch vielfältigem forstlichen Vermehrungsmaterial benötigt (EU-WALDSTRATEGIE 2030). Das hochwertige Vermehrungsgut wird aus ausgewählten und geprüften Saatguterntebeständen sowie qualifizierten Samenplantagen gewonnen. Daher müssen koordinierte Anstrengungen unternommen werden, um forstgenetische Ressourcen (FGR), von denen eine klimaangepasste Forstwirtschaft abhängt, zu erhalten und nachhaltig zu nutzen (NEUE EU-WALDSTRATEGIE für 2030).

Anthropogene Störungen haben negative Auswirkungen auf die genetische Vielfalt und das Anpassungspotenzial von Arten (ARAVANOPOULOS 2018, KAVALIAUSKAS et al. 2018, GAUTAM et al. 2021). Ein hohes Maß an genetischer Vielfalt ist die Grundlage für die Anpassungsfähigkeit von forstlichen Genressourcen und muss daher für die Zukunft erhalten werden. Die moderne Forstwirtschaft basiert auf der nachhaltigen Nutzung forstgenetischer Ressourcen und hat das Ziel, die biologische Vielfalt auf allen drei Ebenen (Ökosystem, Art, Gen) zu erhalten und damit die vielfältigen Waldfunktionen sicherzustellen. Die Erhaltung von forstgenetischen Ressourcen kann dynamisch (*In-situ*) erfolgen, so dass evolutionäre Kräfte wie Selektion, Mutation und Genfluss wirken können. Falls der Fortbestand am natürlichen Standort gefährdet ist und Baumarten oder Populationen aus ihren Lebensräumen innerhalb oder außerhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebiets verbracht und angepflanzt werden, spricht man von dynamischen *Ex-situ* Maßnahmen. Zusätzlich sind statische *Ex-situ* Maßnahmen möglich, bei denen genetisches Material (Saatgut oder Pflanzengewebe) in Genbanken eingelagert wird (EUFORGEN 2021 Strategie für forstliche Genressourcen in Europa 2021).

Nach der europäischen Strategie für forstliche Genressourcen (EUFORGEN 2021) sollte die *In-situ*-Erhaltung die erste Priorität und die wichtigste Erhaltungsstrategie sein, da sie die Evolution und lokale Anpassung ermöglicht. Die wirksame Erhaltung von FGR erfordert jedoch eine Kombination von *In-situ*- und *Ex-situ*-Maßnahmen (dynamisch und statisch) (Strategie für forstgenetische Ressourcen in Europa 2021). Im Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Bayern (ASP 2015), das auf dem "Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland" (PAUL et al. 2000) basiert, wird die europäische Strategie verfolgt. In der Bundesrepublik Deutschland werden die Arbeiten zur Erhaltung forstlicher Genressourcen seit 1985 durch eine Bund-Länder-Arbeitsgruppe (BLAG-FGR) koordiniert. Mit der Erarbeitung der "Empfehlungen für die Ausweisung von Generhaltungseinheiten unter Berücksichtigung von Mindestkriterien" wurde das Verfahren zur Erfassung und Ausweisung von *In-situ*-Generhaltung einheitlich für alle Bundesländer festgelegt ((BLAG-FGR, Stand 01/2017). Dabei wurden die Empfehlungen des Europäischen Netzwerks EUFORGEN für die Erhaltung forstlicher Genressourcen berücksichtigt.



Abbildung 1: Beispiel einer *In-situ*-Maßnahme, AWG Generhaltungswald der Weißtanne bei Schrög (Foto: M. Šeho)

Figure 1: Example of an *in-situ* conservation measure, AWG gene-preservation forest of silver fir near Schrög (Photo: M. Šeho)

Sowohl *Ex-situ*- als auch *In-situ*-Erhaltungsmaßnahmen erfordern bestimmte Entscheidungen darüber, welche Populationen für welche Maßnahme ausgewählt werden sollen (LEDIG 1986). Um das Erhaltungsnetz und seine Aktivitäten zu optimieren ist es wichtig, bestimmte Kenntnisse über Ökologie, Biologie, die Verbreitung und die genetische Variation und Differenzierung der Arten zu gewinnen (LEDIG 1986 und Verweise darin). Darüber hinaus sollte der Schutz von Einzelbäumen und kleinen und marginalen Populationen verstreut vorkommender Baumarten bei der Auswahl für die Erhaltung berücksichtigt werden, da sie spezifische genetische Varianten aufweisen und die für den Genfluss wichtige Konnektivität gewährleisten können (LEDIG 1986, BEDNORZ 2007).

DNA-Analysen nach systematischen Probenahmen werden zunehmend häufiger verwendet, um die Muster der räumlich-genetischen Variation im natürlichen Verbreitungsgebiet einer Art zu kartieren. Die gesammelten Informationen und Bestimmung der genetischen Vielfalt geben Aufschluss über die genetische Variabilität innerhalb und zwischen den Populationen, so dass der

Auswahlprozess für die Erhaltung der Arten und die Nutzung forstgenetischer Ressourcen optimiert werden kann (MARSHALL und BROWN 1975, LEDIG 1986, PETIT et al. 1998, RAJORA und MOSSELER 2001, CABALLERO et al. 2010, usw.). So können umfangreiche Probenahmen für DNA-Analysen zu einer Verringerung der für tatsächliche Erhaltungsmaßnahmen erforderlichen Populationen führen (LEDIG 1986 und Verweise darin). Es gibt eine Reihe solcher Beispiele für zahlreiche Baumarten in Europa, z. B., *Sorbus torminalis* (DEMASURE et al. 2000, BEDNORZ und KOSIŃSKI 2006, BEDNORZ 2007, KAVALIAUSKAS et al. 2021, usw.), *Ulmus laevis* (COLLIN und BOZZANO 2015, COLLIN et al. 2020, KAVALIAUSKAS et al. 2022a, usw.), *Taxus baccata* (ŠEHO et al. 2022, KOMÁRKOVÁ et al. 2022, LINARES 2013, KLUMPP et al. 2011), *Fagus sylvatica* (LEFEVRE et al. 2013, VON WUEHLISCH 2008, VORNAM et al. 2004), *Quercus* spp. (DE DATO et al. 2018, LEFEVRE et al. 2013, DUCOUSSO und BORDACS. 2004.), etc.

Die Auswahl von Erhaltungsstrategien und geeigneten Generhaltungsbeständen hängt bei den Baumarten jedoch von vielen einzelnen Faktoren ab, wie der Biologie der Art (z. B. Art der Bestäubung durch Wind oder Insekten), der Ökologie (z. B. selten/verstreute Vorkommen oder häufige Baumart) oder der genetischen Struktur (z. B. genetische Variation innerhalb und zwischen Populationen) und externen Faktoren wie Eigentumsverhältnisse, wirtschaftliche Bedeutung, Aussterberisiko usw. Die FGR-Strategie für Europa (2021) unterstreicht, dass die Erhaltungsbestände (*In-situ* und *Ex-situ*) das Schlüsselement des paneuropäischen Netzwerks für die dynamische Erhaltung der FGR sind und dass die Verteilung und der Erfassungsbereich der GCU ausgeweitet werden müssen, um so viele Arten und ihre genetische Vielfalt wie möglich zu erfassen, einschließlich seltener Baumarten und marginaler Populationen an den Grenzen der natürlichen Verbreitung.

Ein regelmäßiges forstgenetisches Monitoring der Erhaltungsbestände ist erforderlich, um die Reproduktionskapazitäten der Baumarten und ihre Anpassungsmöglichkeiten an sich ändernde Umweltbedingungen zu bewerten. (EUFORGEN Strategie für forstgenetische Ressourcen für Europa 2021). Das forstgenetische Monitoring liefert uns wichtige Informationen über den Zustand und die Veränderungen des forstgenetischen Systems (FUSSI et al. 2016).



Abbildung 2: Austriebsbeobachtungen in einem Monitoringsbestand der Rotbuche bei Adlgaß (Chiemgauer Alpen) (Foto: M. Kunz, AWG)

Figure 2: Observation of bud burst in a forest genetic monitoring stand of beech near Adlgaß (Chiemgau Alps) (Photo: M. Kunz, AWG)

Für die Erhaltung einer bestimmten Baumart müssen zunächst Informationen über die vorhandenen Populationen im natürlichen Verbreitungsgebiet gesammelt und danach anhand von Mindestanforderungen eingeteilt, besichtigt und bewertet werden. Die Bestände sollten vital sein und eine gute bis sehr gute Qualität aufweisen. In einem Bestand sollten bei seltenen Baumarten mindestens 50 fortpflanzungsfähige Individuen der Zielart vorhanden sein, die im Genfluss miteinander stehen. Wenn Blüte oder Fruchtbildung nicht direkt beurteilt werden können, kann der BHD oder die Kronengröße als Näherungswert dienen ($DBH > 20$ cm für die meisten Baumarten). Je mehr reproduzierende Bäume vorhanden sind, desto größer ist das Potenzial für neue genetische Kombinationen. Die Ausweisung von Erhaltungsbeständen sollte auch Eigenschaften wie die Beerntbarkeit des Bestandes sowie den Abstand zu schlecht veranlagten Phänotypen von 400 m (Empfehlungen nach dem FoVG) berücksichtigen. Informationen über die Autochtonie des Bestandes sind von Vorteil. Nach einer ersten Bewertung der Bestände sollte eine Vorauswahl getroffen werden und eine repräsentative Abdeckung der Artverbreitung erfolgen. Die Probenahme für die genetische Analyse sollte systematisch erfolgen, um die gesamte Population zu erfassen.

Die Ergebnisse der genetischen Analyse geben uns einen Überblick über die genetische Variation der Baumart und die räumlich-genetische Struktur und können helfen, Hotspots der genetischen Vielfalt zu identifizieren. Verschiedene Parameter der genetischen Vielfalt können für den Vergleich und die Priorisierung verschiedener Populationen verwendet werden.

In Anlehnung an MARSHALL und BROWN (1975); PETIT et al. (1998); RAJORA und MOSSELER (2001); CABALLERO et al. (2010) sind wir der Ansicht, dass die allelische Vielfalt (A_r) von zentraler Bedeutung für Erhaltungsprogramme ist, insbesondere für untergliederte und verstreut vorkommende Baumarten. Daher schlagen wir A_r als Hauptparameter für die Auswahl der Erhaltungseinheiten vor. Neben der allelischen Vielfalt ist die effektive Populationsgröße (N_e) ein entscheidender Indikator für die Erhaltung forstlicher Genressourcen (LANDE und BARROWCLOUGH, 1987, SANTOS-DEL-BLANCO et al. 2022, HOBAN et al. 2023, LIESEBACH et al. 2024, usw.). Schätzungen der aktuellen effektiven Populationsgröße (N_e) können wertvolle Informationen für genetische Erhaltung und Monitoring liefern (SANTOS-DEL-BLANCO et al. 2022 und Verweise darin). Nach NEEL und CUMMINGS (2003) ist eine größere Anzahl von Populationen erforderlich, um die genetische Vielfalt zu erhalten, wenn GCUs ohne genetische Informationen ausgewählt werden. Daher sollte die weitere Auswahl von GCUs auf kollektiven Daten zur genetischen Vielfalt, Umweltdaten und der Verteilung von Bäumen/Populationen in bestimmten Regionen beruhen. Darüber hinaus könnte die genetische Differenzierung zwischen den Populationen als eine der Maßnahmen für die Auswahl der GCUs herangezogen werden, selbst wenn einige Populationen das erforderliche Maß an genetischer Vielfalt nicht erfüllen, da einige dieser "Kandidaten"-Populationen seltene Allele und Genotypen aufweisen können (BEDNORZ 2007).

Die Einstufung und Priorisierung von Arten und Populationen berücksichtigt ihren Gefährdungsstatus und ermöglicht es uns, über die Dringlichkeit von Erhaltungsmaßnahmen zu entscheiden. Aus ökologischer oder wirtschaftlicher Sicht sollten wertvolle Populationen einer Art, die an den Standort angepasst sind und eine hohe genetische Variabilität aufweisen, im Fokus der Erhaltung stehen. Bei dominanten Baumarten können neben der Vitalität und dem Vorhandensein von Naturverjüngung auch eine überdurchschnittliche Stammqualität und Wuchseigenschaft wichtige Kriterien für die Auswahl der Erhaltungsmaßnahmen sein. Die Bewertung der Erhaltungsnotwendigkeit sollte für Populationen mit hohem Aussterbe- oder Rückgangsrisiko vorgenommen werden. Innerhalb der Gruppe der seltenen und ökologisch bedeutsamen Baumarten liegt der Schwerpunkt auf der Beurteilung der Erhaltungsdringlichkeit auf Artniveau.

In Bayern wurden gemäß dem Konzept für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung forstlicher Genressourcen innerhalb der Gruppe seltener, ökologisch wichtiger Baumarten der Auswahlprozess mit der Bewertung der Erhaltungsdringlichkeit auf Artebene definiert:

1. Arten mit hoher Priorität - Maßnahmen zur Erhaltung der Gene sind dringend erforderlich.
2. Arten mit mittlerer Priorität - Erhaltungsmaßnahmen sind wichtig, aber nicht vorrangig.
3. Arten mit geringer Priorität - Genschutzmaßnahmen können aufgeschoben werden.

Die Gefährdung eines Objekts kann anhand der Einschätzung folgender Risikofaktoren bestimmt werden, von denen sich einige gegenseitig beeinflussen oder mehrere Risiken erhöhen, wenn sie zusammentreffen.

- **tatsächliche Populationsgröße:** je kleiner die Population, desto höher ist das Risiko des Aussterbens,
- **Abweichung von der potenziellen natürlichen Vegetation:** Je weiter die aktuelle Population vom optimalen Standort einer Art abweicht, desto höher ist das Risiko des Aussterbens,
- **Konkurrenzschwäche:** die Population von frühreifen, konkurrenzstärkeren Arten erhöht das Risiko des Rückgangs,
- **Veranlagung zu Krankheiten/Kalamitäten:** Arten mit Krankheiten/Kalamitäten, die ihre Existenz bedrohen, sind einem erhöhten Risiko ausgesetzt,
- **Hybridisierung mit Kultursorten:** Anpflanzungen von Kultursorten in unmittelbarer Nähe von Generhaltungsobjekten gefährden die Ressource durch Auskreuzung (z.B. Wildkirsche, Wildapfel),
- Der Verlust von Waldflächen führt zu einer Verringerung der effektiven Populationsgröße und erschwert zudem den Genfluss durch die Fragmentierung des Lebensraums.
- Der Verbiss der Naturverjüngung schränkt die genetische Erhaltung der Generhaltungseinheit ein, da keine neue Baumgeneration gebildet werden kann.

Nach der Priorisierung der Arten wird die geeignete Erhaltungsmaßnahme gewählt. Dabei kann es sich um *In-situ*- oder *Ex-situ*-Maßnahmen oder um beides handeln, je nach den Umständen und dem Bedarf. Im Folgenden werden daher *In-situ*- und *Ex-situ*-Erhaltungsmaßnahmen anhand von Beispielen für heimische Nebenbaumarten und seltene heimische Baumarten diskutiert.

2. *In-situ*-Erhaltungsmaßnahmen am Beispiel Sommerlinde

Arten mit einer ausreichenden Anzahl lebensfähiger Populationen in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet können für eine *In-situ*-Erhaltung in Betracht gezogen werden. Das Ziel sollte die Erhaltung der genetischen Vielfalt, die natürliche Verjüngung der Generhaltungseinheit oder die künstliche Verjüngung mit ressourceneigenem Vermehrungsgut sein. *In-situ*-Maßnahmen haben den Vorteil, dass sie in die reguläre Waldbewirtschaftung integriert werden können. Verschiedene Populationen einer seltenen Baumart haben oft eine einzigartige genetische Zusammensetzung, und der Verlust einer Population würde einen irreparablen genetischen Verlust bedeuten (Verlust lokal angepasster genetischer Variation, unterbrochene Konnektivität und Verlust des Genflusses). Für die meisten seltenen Baumarten sind Generhaltungsbestände eine absolute Notwendigkeit, um die forstliche Genressource zu erhalten. Darüber hinaus ist eine *Ex-situ*-Erhaltung erforderlich, um das Risiko eines plötzlichen Verlustes durch eine Katastrophe zu verringern. Hauptbaumarten sind oft genetisch variabel, werden aber in der Regel intensiver genutzt, so dass seltene oder populationspezifische (private) Allele verloren gehen können, wenn bei den Bewirtschaftungsmethoden die genetischen Besonderheiten der Arten nicht berücksichtigt werden (DANUSEVIČIUS et al. 2016, KAVALIAUSKAS et al. 2018, etc.). Bestimmte Populationen von Zielbaumarten, bei denen natürliche Evolutionsprozesse wirken können (natürliche Verjüngung ist obligatorisch, Erntetechniken, die die genetische Vielfalt, Reproduktion, Selektion usw. fördern) sollten ausgewiesen werden. Es sollte

darauf geachtet werden, dass die Populationen nicht durch unerwünschten Pollenflug aus umliegenden Pflanzungen mit ungeeigneten Herkünften bestäubt werden.

Die Sommerlinde hat ein großes natürliches Verbreitungsgebiet. Dieses erstreckt sich vom nördlichen Spanien über Italien, Korsika, den Norden Griechenlands, bis zum Schwarzen Meer. Im Norden kommt sie bis ins südliche England vor. Im Vergleich zur Winterlinde endet ihre östliche Verbreitung aber bereits in Polen und der Ukraine (SCHÜTT 1994). In Bayern kommt die Sommerlinde potenziell auf vielen Standorten vor. Auf Grund ihrer ökologischen Ansprüche und der geringeren Konkurrenzkraft tritt sie meist nur einzeln und selten bestandesbildend auf. In der Konkurrenzkraft zur Buche ist sie meistens unterlegen und findet sich dann auf Standorten ein, die für die Rotbuche weniger geeignet sind. Das sind Hangschuttwälder, Schluchtwaldgesellschaften, (Kalk-, Muschelkalk-) Block-Schuttwälder oder frische Mergelböden. Für die Sommerlinde gibt es in Bayern elf zugelassene Ernteeinheiten, darunter zwei Samenplantagen mit 40 bzw. 27 Klonen.

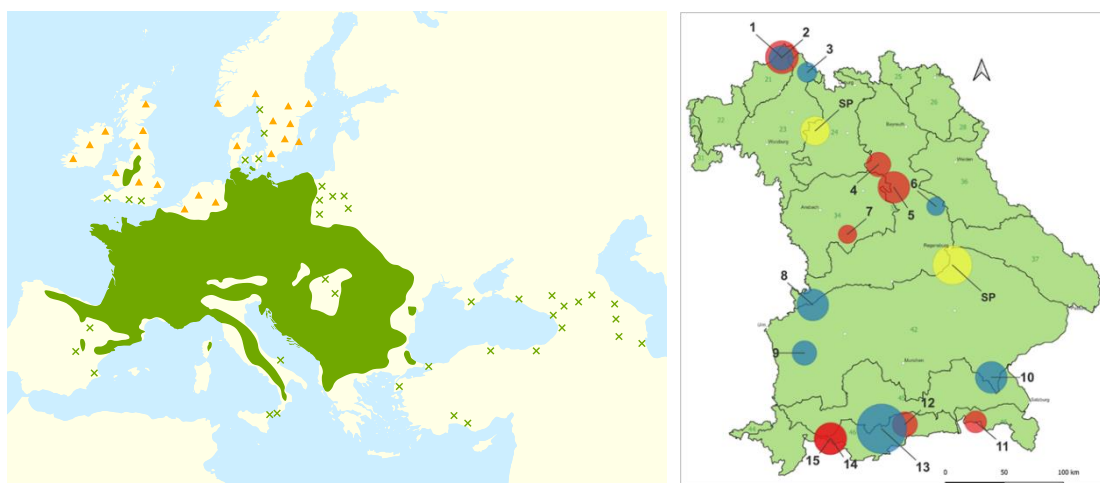


Abbildung 3: (a) Das natürliche Verbreitungsgebiet der Sommerlinde nach CAUDULLO et al. 2017 (links) Grün: natürliches Verbreitungsgebiet. X: Isolierte Populationen (b) Verteilung der beprobten Populationen der Sommerlinde in Bayern (rechts). Die Größe des Kreises entspricht der tatsächlichen Populationsgröße (RAU et al. 2023). Gelb: beprobte Samenplantagen, Blau: Zugelassene Saatguterntebestände, Rot: neu beprobte Bestände.

Figure 3: (a) The natural range of the large-leaved lime according to CAUDULLO et al. 2017 (left) Green: natural range. X: Isolated populations (b) Distribution of the sampled populations of large-leaved lime in Bavaria (right). The size of the circle indicates the actual population size (RAU et al. 2023). Yellow: sampled seed orchards; blue: approved seed crop stands; red: newly sampled stands.

In Bayern ist *Tilia platyphyllos* nur kleinflächig verbreitet und die wirtschaftliche Bedeutung ist gering bis mittel. Die bisherige Anfälligkeit für biotische und abiotische Schäden ist gering. Die Sommerlinde wird als Baumart mit hoher Priorität für die Erhaltung und Nutzung eingestuft und Maßnahmen zur Erhaltung sind dringend erforderlich. Bislang fehlen jedoch Kenntnisse über die genetische Struktur und Vielfalt der Sommerlinden-Populationen in Bayern (Süddeutschland). Ziel unserer Studie war es, die genetische Struktur und Diversität zu erfassen und mögliche Saatgutbestände und Generhaltungseinheiten (GCU) für die Sommerlinde auszuwählen.

Die folgenden Ergebnisse wurden anhand von 11 Kern-Mikrosatellitenmarker erzielt. Die meisten der 15 Sommerlindenpopulationen wiesen eine relativ hohe genetische Variation auf. Die Anzahl der Allele (N_a) schwankte zwischen 6,73 (7-Gunzenhausen) und 10,64 (1-Oberelsbach) mit einem Mittelwert über alle Vorkommen von $N_a = 9,13$. Die allelische Vielfalt (A_r) schwankte zwischen 6,62 (7-Gunzenhausen) und 10,10 (10-Trostberg) mit einem Mittelwert von $A_r = 8,76$. Insgesamt waren 34 Privatallele vorhanden, die sich über 14 Populationen verteilten (RAU et al. 2023, KAVALIUSKAS et al. 2024).



Abbildung 4: Möglicher Plusbaum einer Sommerlinde bei Petersberg. (Foto: B. Rau, AWG)

Figure 4: Possible large-leave lime plus tree near Petersberg. (Photo: B. Rau, AWG)

Unter 690 Bäumen in den 15 genetisch analysierten Vorkommen befanden sich sechs Klone. Bei der Gewinnung von Pflanzmaterial oder Saatgut sollte ein Mindestabstand von 30 m zwischen den möglichen Plusbäumen oder Erntebäumen eingehalten werden. Der Vergleich natürlicher Bestände mit Samenplantagen der Sommerlinde zeigte, dass alle Parameter der genetischen Vielfalt und Variation in den Samenplantagen vergleichbar waren oder höher lagen als in den natürlichen Beständen. Die mittlere Anzahl von Allelen (N_a) lag bei den untersuchten Sommerlinden-Samenplantagen bei 11,09 (SP Dünzling) und 10,18 (SP Gerolzhofen). Die mittlere allelische Vielfalt (A_r) bei den untersuchten Samenplantagen lag 9,89 (SP Dünzling) und 10,08 (SP Gerolzhofen).

Die Erfassung der räumlich-genetischen Struktur erfolgte anhand einer Bayes'schen Clusteranalyse mit der Software STRUCTURE und ergab als wahrscheinlichste Gruppierung zwei genetische Cluster (Maximalwert Delta K = 64,320 bei K = 2) innerhalb der untersuchten Sommerlinden-Populationen in Bayern. Abbildung 5 zeigt das Ergebnis der Clusterbildung bei einem K-Wert von 2. Die zwei Farben geben die verschiedenen STRUCTURE-Cluster wieder. Nach dieser Einteilung wird das erste Cluster K1 (höchster Anteil an orange) hauptsächlich im Norden Bayerns identifiziert (5 Populationen: 1, 2, 3, 4, 6 und 7). Das zweite Cluster K2 (höchster Anteil an blau) wurde in Südbayern gefunden (9, 10, 11, 12, 13, 14 und 15). Drei Populationen (5 und 8) in der Mitte Bayerns teilen sich etwa 50 % der beiden Cluster. Die Population 16 stellt die Samenplantage Dünzling dar, deren Klone aus Südbayern stammen. Population 17 stellt die Samenplantage Gerolzhofen dar, die mit Plusbäumen aus Nordbayern aufgebaut wurde.

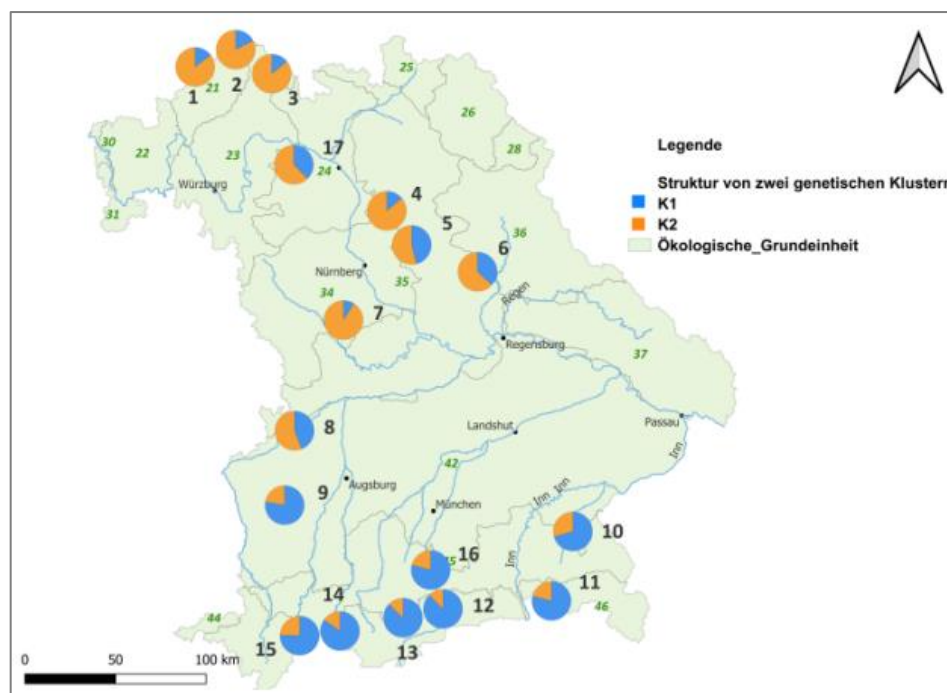


Abbildung 5: Verteilung der räumlich-genetischen Strukturen der Sommerlinde in Bayern anhand der ökologischen Grundeinheiten: Die Farbverteilungen K1 bis K2 zeigen eine klare räumliche Gruppierung an (RAU et al. 2023).

Figure 5: Distribution of spatial-genetic structures of the large leaved lime in Bavaria based on the basic ecological units: The distribution of coloured dots K1 to K2 indicates a clear spatial grouping (RAU et al. 2023).

Für die Sommerlinde ist die *In-situ*-Erhaltung die bevorzugte Maßnahme. Für den künftigen Anbau sollten die beiden identifizierten Hauptcluster berücksichtigt werden, damit der vorhandene Genpool erhalten bleibt. Für die Erhaltung forstlicher Genressourcen bei der Sommerlinde werden in allen relevanten Generhaltungszonen Erhaltungsbestände ausgewiesen. Bestände, die eine allelische Vielfalt über $Ar > 8,76$ aufweisen, werden in erster Linie als Erhaltungsbestände empfohlen. Nach den vorliegenden Ergebnissen können zehn Erhaltungsbestände in Bayern ausgewiesen werden. In Populationen, die sich an der unteren Grenze dieses Wertes befinden (Graefenberg, Krumbach, Geigelstein, Lenggries), können mit Vermehrungsgut aus genetisch vielfältigeren

Beständen angereichert werden. Neben den Parametern der genetischen Vielfalt ist der Genfluss zwischen den Populationen besonders wichtig. Aus diesem Grund sollte langfristig die Einrichtung von Trittsteinpopulationen in Betracht gezogen werden. Auf europäischer Ebene müssen mehr GCU registriert werden. Zurzeit sind nur sieben GCU in ganz Europa in EUFGIS (<http://portal.euf-gis.org/>) registriert und keine einzige in Deutschland. Es sollten mindestens eine bis zwei GCU pro Umweltzone gemeldet werden.

Für die Nutzung forstgenetischer Ressourcen der Sommerlinde lassen sich aus den vorliegenden Ergebnissen 14 der untersuchten Bestände als mögliche Saatgutquelle ableiten. Insbesondere bei Nebenbaumarten sollte bei der Zulassung eines Erntebestandes die Individuenzahl im Bestand berücksichtigt werden. Bei sehr kleinen Beständen und fehlender Vernetzung zu benachbarten Beständen derselben Art kann fehlender Genfluss zu einer genetischen Verarmung führen und die Anpassungsfähigkeit des Saat- und Pflanzguts darunter leiden. Aus diesem Grund sollten aus genetischer Sicht keine Vorkommen der Sommerlinde mit weniger als 40 Individuen für die Saatguternte empfohlen werden. Saatguterntebestände sollten bevorzugt eine größere Fläche (mindestens 0,5 ha) und Erntebäume eine gute räumliche Verteilung im Bestand aufweisen. Bei der Sommerlinde ist durch das Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) keine Mindestfläche vorgegeben. Es kann beobachtet werden, dass in der Regel bei allen größeren Beständen die genetischen Vielfaltsparameter überdurchschnittlich abschneiden. Des Weiteren sollte die Anzahl der zu beerntenden Bäume bei Nebenbaumarten erhöht werden. Gerade bei Nebenbaumarten, bei denen keine großen Bestände vorhanden sind, sollten mindestens 50 Bäume einer Waldpopulation vorhanden sein. Daneben ist bei seltenen Baumarten der Aufbau von Erhaltungsplantagen eine wichtige Maßnahme und kann zur Sicherung forstlicher Genressourcen und zur Versorgung mit hochwertigem Vermehrungsgut beitragen.

Aus diesem Ergebnis wird deutlich, dass es bei Baumarten, die im Klimawandel an Bedeutung gewinnen und eine positive Prognose aufweisen, z. B. Spitzahorn, Hainbuche und Sommerlinde, sehr wichtig ist, zeitnah neue Erhaltungsplantagen anzulegen.

3. *Ex-situ*-Erhaltungsmaßnahmen am Beispiel Speierling

Bei Arten, bei denen die Zahl der lebensfähigen Populationen gering ist, sollten *Ex-situ*-Maßnahmen bevorzugt werden. Zu den *Ex-situ*-Maßnahmen gehört der Anbau von Populationen zusätzlich zu deren aktuellen Vorkommen (Saatgutreservebestände), Erhaltungsplantagen und Klonsammlungen, die Einlagerung von Samen und Pollen, die Einlagerung von Pflanzen und Pflanzenteilen sowie die dauerhafte vegetative und *In-vitro*-Vermehrung.

Die *Ex-situ*-Erhaltung ist angebracht, wenn die Baumart sehr selten ist und nur in kleinen Beständen vorkommt, wenn der Standort bedroht ist oder wenn die natürliche Verjüngung nicht etabliert werden kann. Die wichtigste Methode für die *Ex-situ*-Erhaltung von Waldbaumarten ist die Anlage von Samenplantagen. Die einzelnen Bäume werden entweder durch Pfropfen vermehrt und in Klonsammlungen gebracht, oder es werden Samen von den ursprünglichen Bäumen gesammelt und

sogenannte Familienabsaaten mit Sämlingen angelegt. In den Familienabsaaten werden mehrere Sämlinge einer Familie nebeneinander gepflanzt, und mit Durchforstungsmaßnahmen schlechte Nachkommen entnommen, so dass schließlich nur noch ein Baum je Familie übrigbleibt. Die Familien, die denselben Bestand repräsentieren, werden innerhalb der Fläche so verteilt, dass sie nach der Durchforstung auch für die Saatgutproduktion verwendet werden können.

Einer der Vorteile von Sämlings-Samenplantagen besteht darin, dass innerhalb der Reproduktionseinheit eine gewisse Selektion stattfindet. Sie produzieren gut angepasstes und genetisch variables Saatgut, das in der Waldverjüngung verwendet werden kann (KOSKELA et al. 2007). Einige bedrohte Kleinarten (z.B. Mehlbeere) werden in botanischen Gärten und Arboreten zu Erhaltungszwecken gesammelt, aber diese Sammlungen bestehen oft nur aus sehr wenigen Exemplaren. Im Gegensatz dazu sollten *Ex-situ*-Erhaltungsbestände in der Forstwirtschaft aus einer größeren Anzahl von Individuen bestehen.

Der Speierling (*Sorbus domestica*) kommt in Südeuropa wie z.B. in Spanien, Italien, dem Balkan bis Griechenland natürlich vor. In Mitteleuropa wächst er im Weinbaumklima (Frankreich, Deutschland, Schweiz, Österreich, Ungarn) am besten, ist dort aber eine sehr seltene Baumart, die nur einzeln oder in kleinen Trupps auftritt. Das heutige Auftreten in Deutschland ist ein Resultat aus seinen klimatischen und standörtlichen Ansprüchen sowie dem Rückwanderungsgeschehen nach der letzten Eiszeit. Diese Rückwanderung erfolgte aus den Refugien Südfrankreichs über das Tal der Rhône und das Jura-Massiv. Nach Phasen der klimatischen Abkühlung und seit der Umstellung von Nieder- und Mittelwaldbewirtschaftung auf den schlagweisen Hochwald ist die Zahl der konkurrenzschwachen Speierlinge wohl deutlich zurückgegangen. In einer Studie der BLE von 2013 (RIEDERER und FRITSCH 2013) wird heute mit einer Zahl von 4.889 Speierlingen (davon 2.084 gepflanzt) in Deutschland gerechnet. Er ist somit einer der seltensten heimischen Baumarten in Deutschland. Auf Grund seiner geringen Stückzahlen und durch seine besondere Ökologie ist sein Fortbestand bedroht.

In Bayern kommen gemäß der BLE-Studie ca. 1.055 Speierlinge vor. Hier werden wärmebegünstigte Lagen in den Naturräumen Fränkische Platte und Fränkischer Keuper und Albvorland besiedelt („Weinbauklima“, RIEDERER und FRITSCH 2013). Speierlinge, die außerhalb dieser Regionen in Wald und Feld vorkommen, sind überwiegend gepflanzt und von unbekanntem Ursprung. Der Speierling zeichnet sich durch enorme Trockenheitstoleranz aus. Es werden nährstoffreichere und carbonathaltige Bodentypen des Muschelkalks und des Keupers bevorzugt, nährstoffärmere oder feuchte und nasse Böden werden eher gemieden. Mit seinem tiefreichenden Herzwurzelsystem kann der Speierling auch tonige Böden erschließen und längere warme und trockene Phasen ertragen. Der Wurzelstock hat ein hohes Ausschlagvermögen. Daneben ist die Fähigkeit zu starker Wurzelbrut vorhanden. Dadurch verjüngen sich so die allermeisten Speierlinge. Junge etablierte Bäume, in deren Nähe kein Altbaum oder ein alter Stock zu finden ist, sind äußerst selten. Die Fähigkeit zur generativen Vermehrung durch Samen scheint seit vielen Jahrzehnten stark eingeschränkt zu sein. Das könnte ein Hinweis auf mögliche Isolationseffekte (Selbstbestäubung) oder eine Inzuchtdepression sein (WAGNER, 1998, STEINER, 1993, ROLOFF et al., 2010).

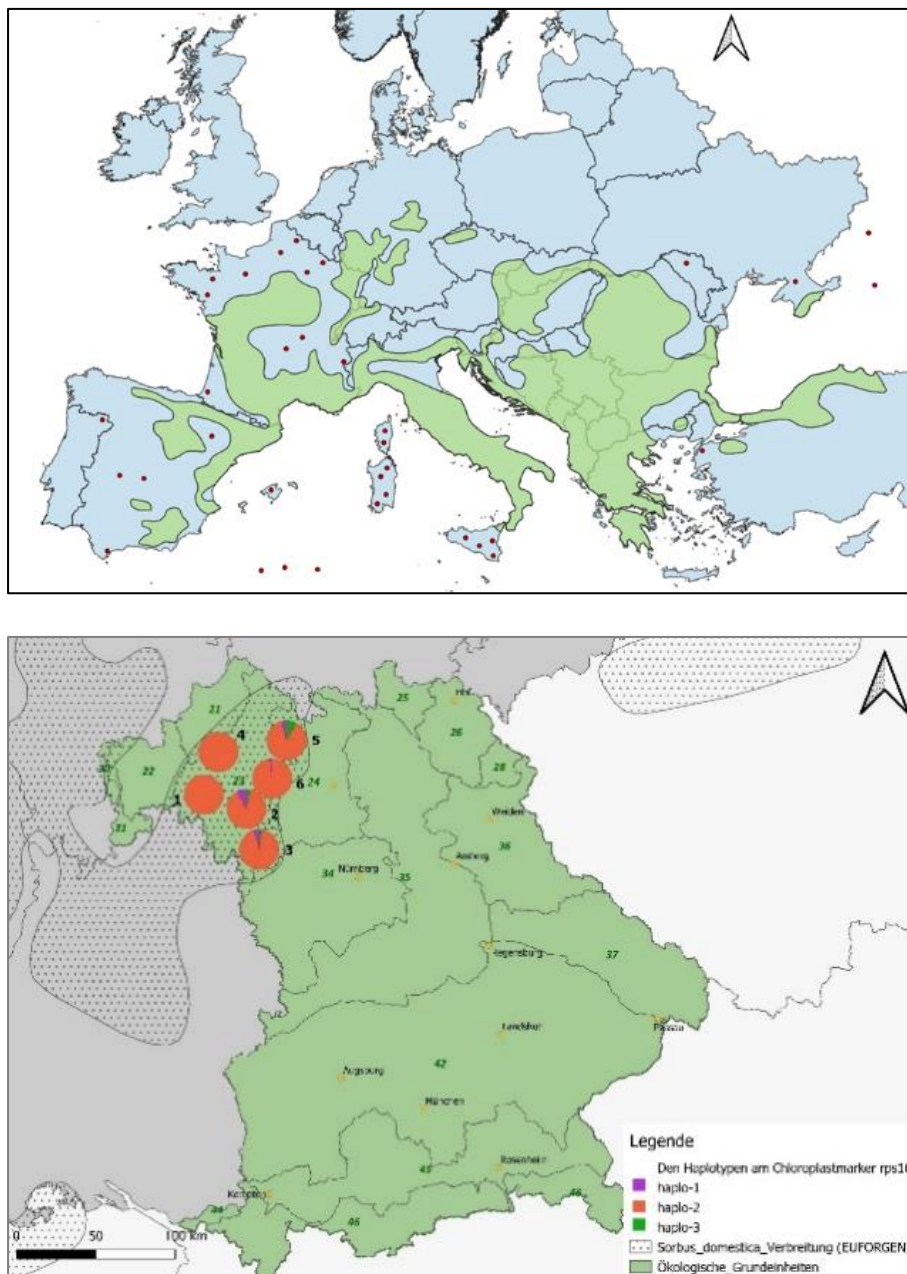


Abbildung 6: Verbreitung des Speierlings in Europa nach CAUDULLO et al. 2017 (oben) Punkte = einzelne Randvorkommen. Verteilung der beprobten Populationen des Speierlings in Bayern (unten).

Figure 6: Distribution of the service tree in Europe according to CAUDULLO et al. 2017 (top). Dots = individual marginal occurrences. Distribution of the sampled service tree populations in Bavaria (bottom).

In Bayern ist *Sorbus domestica* nur kleinflächig verbreitet und die wirtschaftliche Bedeutung ist gering bis mittel. Der Speierling wird als Baumart mit hoher Priorität eingestuft und Maßnahmen zur Erhaltung der Gene sind dringend erforderlich. Bislang fehlten jedoch Kenntnisse über die genetische Struktur und Vielfalt der Speierlingspopulationen in Bayern (Süddeutschland).

Im Rahmen des Projekts P034 wurden 6 Speierlings-Vorkommen für genetische Untersuchungen ausgewählt und untersucht. Insgesamt wurden Proben von 264 Bäumen aus 6 Vorkommen in Bayern anhand von acht Kern-Mikrosatellitenmarker und einem Chloroplastenmarker untersucht. Die

genetischen Vielfaltsparameter sind als nicht sehr hoch einzuschätzen. Die genetische Vielfalt (N_a) liegt zwischen 4,63 (5-Sailershausen) und 6,25 (6-Gerolzhofen) bei einem Mittelwert von 5,48. Die allelische Vielfalt (A_r) liegt zwischen den Werten 4,63 (5-Sailershausen) und 5,50 (6-Gerolzhofen) bei einem Mittelwert von 5,09 über alle untersuchten Populationen. Die meisten privaten Allele (7) wurden im Vorkommen 6-Gerolzhofen gefunden. Genetische Abstände und Differenzierung zwischen den Speierlings-Vorkommen ist aufgeteilt auf 4 % zwischen und 96 % innerhalb der Populationen. Die genetischen Daten zeigen keine Aufteilung in Cluster im Untersuchungsgebiet an. Die gleichen Ergebnisse wurden durch einen Chloroplasten-DNA-Marker-Test bestätigt. Es wurden nur drei Haplotypen identifiziert, wobei der dominierende Haplotyp 2 in allen sechs Populationen gefunden wurde.



Abbildung 7: Möglicher Plusbaum des Speierlings bei Gerolzhofen. (Foto: M. Šeho)

Figure 7: Possible service tree plus tree near Gerolzhofen. (Photo: M. Šeho)

Die insgesamt gefundene mittlere Anzahl an verschiedenen Allelen sind in der Gruppe der Plusbäume mit $N_a = 6,13$ höher als in den natürlichen Populationen. Die Werte der Allelic richness (A_r) liegen bei den Plusbäumen ebenfalls über dem Mittelwert der untersuchten Vorkommen mit Werten von 5,30 (Plusbäume) und dem Mittelwert der untersuchten Vorkommen (5,09). Unter 264 Bäumen in den sechs untersuchten Vorkommen, die für die DNA-Analyse beprobt wurden, befanden sich 39 Klone. Dies ist eine wichtige Erkenntnis bei der Auswahl von Plusbäumen und der späteren

Einrichtung von Samenplantagen und sollte berücksichtigt werden. Bei der Gewinnung von Pfropfreisern oder Saatgut sollte ein Abstand von 30 m zwischen den Plusbäumen und Samenbäumen eingehalten werden. Insgesamt wurden 71 Plusbäume für den Aufbau einer Samenplantage identifiziert. Diese verteilen sich über alle untersuchten Vorkommen. Für die Etablierung einer Erhaltungsplantage für den Speierling in Bayern muss berücksichtigt werden, dass bei einer Veredelung der Pfropfreiser die produzierten Pflanzen oft vom Obstbaumkrebs bedroht sind. Spezialisierte Baumschulen haben durch langjährige Erfahrung bereits gute Erfolge bei der Speierlings-Nachzucht erzielt. Im ersten Schritt wird daher der Aufbau einer Sämlings-Samenplantage angestrebt. Im Herbst 2024 sind dafür Einzelabsaaten der Plusbäume und die getrennte Anzucht des Pflanzmaterials geplant. Langfristig soll die Samenplantage zum Erhalt und nachhaltigen Nutzung der forstgenetischen Ressourcen des Speierlings beitragen.

Literatur

- ARAVANOPOULOS, F. A. (2018): Do silviculture and forest management affect the genetic diversity and structure of long-impacted forest tree populations? *Forests*, 9(6), 355.
- BEDNORZ, L. (2007): Conservation of genetic resources of *Sorbus torminalis* in Poland. *Dendrobiology*, 58, 3-7.
- BEDNORZ, L. (2007): Conservation of genetic resources of *Sorbus torminalis* in Poland. *Dendrobiology*, 58, 3-7.
- BEDNORZ, L. and KOSIŃSKI, P. (2006): Genetic variability and structure of the wild service tree (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) in Poland. *Silvae Genet.* 55(1-6), 197-202. <https://doi.org/10.1515/sq-2006-0027>
- CABALLERO, A.; RODRÍGUEZ-RAMILO, S.T.; AVILA, V.; FERNÁNDEZ, J. (2010): Management of genetic diversity of subdivided populations in conservation programmes. *Conserv. Genet.* 11(2), 409-419. DOI 10.1007/s10592-009-0020-0
- CAUDULLO, G.; WELK, E.; SAN-MIGUEL-AYANZ, J. (2017): Chorological maps for the main European woody species. Data in Brief 12, S. 662 – 666. DOI: 10.1016/j.dib.2017.05.007
- COLLIN, E.; BOZZANO, M. (2015): Implementing the dynamic conservation of elm genetic resources in Europe: case studies and perspectives. *Iforest* 8(2):143. <https://doi.org/10.3832/ifor1206-008>
- COLLIN, E.; RONDOUIN, M.; JOYEAU, C. et al. (2020): Conservation and use of elm genetic resources in France: results and perspectives. *Iforest* 13(1):41. <https://doi.org/10.3832/ifor3065-01>
- DANUSEVIČIUS, D.; KERPAUSKAITĖ, V.; KAVALIAUSKAS, D.; FUSSI, B.; KONNERT, M.; BALIUCKAS, V. (2016): The effect of tending and commercial thinning on the genetic diversity of Scots pine stands. *European Journal of Forest Research*, 135(6), 1159-1174. <https://doi.org/10.1007/s10342-016-1002-7>.
- DE DATO, G.; TEANI, A.; MATTIONI, C.; MARCHI, M.; MONTEVERDI, M. C.; DUCCI, F. (2018): Delineation of seed collection zones based on environmental and genetic characteristics for *Quercus suber* L. in Sardinia, Italy. *iForest-Biogeosciences and Forestry*, 11(5), 651.
- DEMASURE, B.; LE GUERROUÉ, B.; LUCCHI, G.; PRAT, D.; PETIT, R.J. (2000): Genetic variability of a scattered temperate forest tree: *Sorbus torminalis* L. (Crantz). *Ann. For. Sci.* 57(1), 63-71. <https://doi.org/10.1051/forest:2000101>
- DUCOUSO, A. and BORDACS, S. (2004): EUFORGEN Technical Guidelines for genetic conservation and use for pedunculate and sessile oaks (*Quercus robur* and *Q. petraea*). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy. 6 pages.
- EUFORGEN (2021): Forest Genetic Resources Strategy for Europe. European Forest Institute.
- EUROPEAN COMMISSION, EUROPEAN GREEN DEAL (2021): Commission proposes transformation of EU economy and society to meet climate ambitions, Press Release, 14 July 2021. <https://www.europarl.europa.eu/legislative-train/carriage/european-green-deal/report?sid=8201>

- EUROPEAN COMMISSION, NEUE EU-WALDSTRATEGIE FÜR 2030 (2021): Mitteilung der Kommission an das Europäische Parlament, den Rat, den Europäischen Wirtschafts- und Sozialausschuss und den Ausschuss der Regionen. Brüssel, den 16.7.2021
- FUSSI, B.; WESTERGREN, M.; ARAVANOPOULOS, F.; BAIER, R.; KAVALIAUSKAS, D.; FINZGAR, D.; ALIZOTI, P.; BOZIC, G.; AVRAMIDOU, E.; KONNERT, M.; KRAIGHER, H. (2016): Forest genetic monitoring: an overview of concepts and definitions. *Environmental Monitoring and Assessment*, 188(8), 493. <https://doi.org/10.1007/s10661-016-5489-7>.
- GAUTAM, S.; TIMILSINA, S.; SHRESTHA, M. (2021): The Effects of Forest Management Activities on Genetic Diversity of Forest Trees. *Indonesian Journal of Social and Environmental Issues (IJSEI)*, 2(2), 110-118.
- GENERHALTUNGSKONZEPT (2015): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Bayern (Concept for the conservation and sustainable use of forest genetic resources in Bavaria). https://www.awg.bayern.de/mam/cms02/asp/dateien/generhaltungskonzept_bayern_kurzfassung.pdf
- HOBAN, S.; BRUFORD, M.; DA SILVA, J. M.; FUNK, W. C.; FRANKHAM, R.; GILL, M. J.; ..., LAIKRE, L. (2023): Genetic diversity goals and targets have improved, but remain insufficient for clear implementation of the post-2020 global biodiversity framework. *Conservation Genetics*, 24, 181–191. 10.1007/s10592-022-01492-0
- KAVALIAUSKAS, D.; DANUSEVIČIUS, D.; BALIUCKAS, V. (2022b): New insight into genetic structure and diversity of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) populations in Lithuania based on nuclear, chloroplast and mitochondrial DNA markers. *Forests*, 13(8), 1179.
- KAVALIAUSKAS, D.; FUSSI, B.; RAU, B.; ŠEHO, M. (2022a): Assessing genetic diversity of European white elm (*Ulmus laevis* Pallas) in Bavaria as an indicator for *in-situ* conservation and sustainable use of the species genetic resources. *European Journal of Forest Research*, 142(1), 145
- KAVALIAUSKAS, D.; FUSSI, B.; WESTERGREN, M.; ARAVANOPOULOS, F.; FINZGAR, D.; BAIER, R.; ALIZOTI, P.; BOZIC, G.; AVRAMIDOU, E.; KONNERT, M.; KRAIGHER, H. (2018): The Interplay between Forest Management Practices, Genetic Monitoring, and Other Long-Term Monitoring Systems. *Forests*, 9(3), 133. *Forests* 2018, 9(3), 133; <https://doi.org/10.3390/f9030133>
- KAVALIAUSKAS, D.; ŠEHO, M.; BAIER, R.; FUSSI, B. (2021): Genetic variability to assist in the delineation of provenance regions and selection of seed stands and gene conservation units of wild service tree (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) in southern Germany. *European Journal of Forest Research*, 140(3), 551-565.
- KLUMPP, R.; DHAR, A. (2011): Genetic variation of *Taxus baccata* L. populations in the Eastern Alps and its implications for conservation management. *Scandinavian Journal of Forest Research*, 26(4), 294-304. <https://doi.org/10.1080/02827581.2011.566888>
- KOMÁRKOVÁ, M.; NOVOTNÝ, P.; CVRČKOVÁ, H.; MÁCHOVÁ, P. (2022): The genetic differences and structure of selected important populations of the endangered *Taxus baccata* in the Czech Republic. *Forests*, 13(2), 137. <https://doi.org/10.3390/f13020137>
- KOSKELA, E.; OLLIKAINEN, M.; PUKKALA, T. (2007): Biodiversity conservation in commercial boreal forestry: the optimal rotation age and retention tree volume. *Forest Science*, 53(3), 443-452.
- LANDE, R.; BARROWCLOUGH, G. F. (1987): Effective population size, genetic variation, and their use in population management. *Viable populations for conservation*, 87, 87-124.
- LEDIG, T. (1986): Conservation strategies for forest gene resources. *Forest Ecology and Management* 14, Issue 2, 77-90.
- LEFEVRE, F.; KOSKELA, J.; HUBERT, J.; KRAIGHER, H.; LONGAUER, R.; OLRİK, D.C.; SCHULER, S.; BOZZANO, M. et al. (2013): Dynamic conservation of forest genetic resources in 33 European countries-Conservation Biology 27(2)-p. 373–384.
- LIESEBACH, H.; EUSEMANN, P.; HÖLTKEN, A. M.; TRÖBER, U.; KUCHMA, O.; KAROPKA, M.; ... FUSSI, B. (2024): Effective population size of adult and offspring cohorts as a genetic monitoring tool in two stand-forming and wind-pollinated tree species: *Fagus sylvatica* L. and *Picea abies* (L.) Karst. *Conservation Genetics*, 1-15.
- LINARES, J. C. (2013): Shifting limiting factors for population dynamics and conservation status of the endangered English yew (*Taxus baccata* L., Taxaceae). *Forest Ecology and Management*, 291, 119-127. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2012.11.009>

- MARSHALL, D.R. and BROWN, A.H.D. (1975): Optimum sampling strategies in genetic conservation. In: Frankel, O. H., and Hawkes, J. G. (Eds.). (1975). Crop genetic resources for today and tomorrow (Vol. 2). Pp.53-80. CUP Archive.
- NEEL, M.C. and CUMMINGS, M.P. (2003): Effectiveness of conservation targets in capturing genetic diversity. *Conserv. Biol.* 17(1), 219-229. <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2003.01352.x>
- PAUL, M.; HINRICHS, T.; JANSSEN, A.; SCHMITT, H.-P.; SOPPA, B.; STEPHAN, B.R.; DOERFLINGER, H. (2000): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Sächsische Landesanstalt für Forsten: 66 S.
- PETIT, R.J.; ELMOUSADIK, A.; PONS, O. (1998): Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. *Conserv. Biol.* 12(4), S. 844 - 855. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.1998.96489.x>
- RAJORA, O.P.; MOSSELER, A. (2001): Challenges and opportunities for conservation of forest genetic resources. *Euphytica*, 118(2), 197-212. <https://doi.org/10.1023/A:1004150525384>.
- RIEDERER, J.; FRITSCH, M. (2013): Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Flaumeiche (*Quercus pubescens*), der Elsbeere (*Sorbus torminalis*) und des Speierlings (*Sorbus domestica*) in Deutschland, Untersuchungen zum Speierling, Endbericht 2013, Forstbüro Ostbayern.
- ROLOFF, A.; PIETZARKA, U.; HEIDECHE, C. (2010): *Sorbus domestica* L., 1753, Enzyklopädie der Holzgewächse, Band III-2.
- SANTOS-DEL-BLANCO, L.; OLSSON, S.; BUDDE, K. B.; GRIVET, D.; GONZÁLEZ-MARTÍNEZ, S. C.; ALÍA, R.; ROBLEDÓ-ARNUNCIÓ, J. J. (2022): On the feasibility of estimating contemporary effective population size (N_e) for genetic conservation and monitoring of forest trees. *Biological Conservation*, 273, 109704.
- ŠEHO, M.; FUSSI, B.; RAU, B.; KAVALIUSKAS, D. (2022): Conservation and sustainable use of forest genetic resources of English yew (*Taxus baccata* L.) in Bavaria. *SilvaWorld*, 1(1), 52-68. <https://doi.org/10.29329/silva.2022.462.06>
- STEINER, W. (1993): Der Speierling – Baum des Jahres 1993. *HZBl.* 112: S. 1746.
- THEILADE, I. (2003): The role of ex situ conservation of trees in living stands. Guidelines und Technical Notes No.64. Danida Forest Seed Centre, Humlebaek, Denmark
- VON WUEHLISCH G. (2008): EUFORGEN Technical Guidelines for genetic conservation and use.
- VORNAM, B.; RECARLI, N.; GAILING, O. (2004): Spatial distribution of genetic variation in a natural beech stand (*Fagus sylvatica* L.) based on microsatellite markers. *Conservation Genetics* 5:561–570.
- WAGNER, K. (1998): Genetische Variation des Speierlings in ausgewählten Gebieten der Schweiz, Süddeutschlands und in Österreich, *Corminaria* Nr. 10, 1998, S. 3 – 6.

Wachstum und Trockenreaktion der Baumhasel in Abhängigkeit der Nachbarschaftskonstellation

Sabine Sandholz, Muhidin Šeho, Peter Annighöfer

Zusammenfassung Die Wälder Mitteleuropas sind durch den Klimawandel häufiger Trockenperioden und höheren Temperaturen ausgesetzt. Eine Strategie im adaptiven waldbaulichen Umgang mit dem Klimawandel ist die kontinuierliche Anreicherung der Wälder mit Baumarten, die voraussichtlich besser mit den zu erwartenden Bedingungen zurecht kommen werden. Eine solche Baumart könnte die Baumhasel (*Corylus colurna* L.) sein. Vor rund 70 bis 120 Jahren wurden zwei Baumhaselbestände in Würzburg begründet. Das Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG) hat im Jahr 2022 die beiden Bestände beprobt und genetisch analysiert. Anschließend erfolgte ein Vergleich der Vielfaltsparemetere sowie die Zuordnung der Bestände zu Ausgangspopulationen im natürlichen Verbreitungsgebiet. Im Jahr 2023 wurde in diesen Beständen im Rahmen einer Masterarbeit die Wachstumsreaktion der Baumhasel (*Corylus colurna* L.) in Dürre Jahren in Abhängigkeit der Nachbarschaftskonstellation untersucht. Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass der absolute Grundflächenzuwachs (BAI) der Baumhasel entlang von Klimagradierten nicht signifikant abgenommen hat. Allerdings lag das Zuwachsniveau und damit auch die Produktivität der Baumhasel insgesamt deutlich unter jener der Nachbarbäume. Trotz unterschiedlicher Bestandeskonstellationen zeigte sich bei der Reaktion in den Trockenjahren kein deutlicher Zusammenhang mit der Nachbarschaft.

Schlüsselwörter Baumhasel, alternative Baumarten, Trockenreaktion, Nachbarschaftskonstellation, Grundflächenzuwachs, Trockenjahre, *Corylus colurna*

Abstract The forests of Central Europe are being exposed to more frequent dry periods and higher temperatures as a result of climate change. One strategy of adaptive silvicultural management in the face of climate change is to continuously enrich forests with tree species that are likely to cope better with the conditions to be expected. One such tree species is the Turkish hazel (*Corylus colurna* L.). Around 70 to 120 years ago, two stands of Turkish Hazel were established in Würzburg. In 2022, the Bavarian Office for Forest Genetics (AWG) took samples from the two stands and analysed them genetically. The diversity parameters were then compared and the stands were assigned to source populations in the natural distribution area. In 2023, the growth response of the Turkish hazel (*Corylus colurna* L.) in drought years relative to the neighbourhood constellation was investigated in these stands as part of a master's thesis. The results indicate that the absolute basal area increment (BAI) of Turkish hazel did not decrease significantly along climate gradients.

However, the overall level of growth increment and thus also the productivity of the Turkish hazel was significantly lower than that of the neighbouring trees. Despite different stand constellations, there was no clear correlation between the reaction in drought years and the neighbourhood constellation.

Keywords Turkish hazel, alternative tree species, drought stress response, neighbourhood constellation, basal area increment, drought years, *Corylus colurna*

Beschreibung der Baumhasel

Die Baumhasel (*Corylus colurna* L.), auch Türkische Hasel genannt, gehört zur Familie der Birken-gewächse (*Betulaceae*) und der Unterfamilie der *Coryleae* MEISSN.

Das natürliche Verbreitungsgebiet der Baumhasel umfasst die Balkanhalbinsel, Teile Kleinasiens, das Bergland im Norden Persiens und Afghanistan (ALEXANDROV, 2014). Genetische Analysen zeigen, dass die Populationen in drei genetische Cluster eingeteilt werden können: Balkanhalbinsel, Kaukasus und Kleinasien (ŠEHO et al., 2023).

In den Herkunftsländern ist die Abundanz der Baumhasel wegen historischer Übernutzung herabgesetzt, vor allem, was dimensionsstarke Individuen angeht. Inzwischen ist die Baumart laut IUCN-Liste eine geschützte Art (SHAW et al., 2015). Nach Mitteleuropa wurde die Baumhasel im 17. Jahrhundert eingeführt, wo sie seitdem in Italien, Österreich, Deutschland, Polen, der Ukraine und Ungarn in begrenztem Umfang kultiviert wird (ŠEHO et al., 2017). Häufig kommt sie als Alleebaum oder Straßenbegleitgrün in urbanen Gebieten vor (ŠEHO et al., 2017), so z. B. auch vielfach in München.

Die Baumhasel kann zu einem stattlichen Baum heranwachsen und im ausgewachsenen Zustand eine Höhe von 25 bis 30 m und einen Brusthöhendurchmesser von 50 bis 60 cm erreichen (ALEXANDROV, 2014; ŠEHO et al. 2017, ŠEHO et al. 2008) (vgl. Abbildung 1).



Abbildung 1: Baumhasel in Würzburg im Winter (Foto: S. Sandholz)

Figure 1: Turkish hazel in Würzburg in winter (Photo: S. Sandholz)

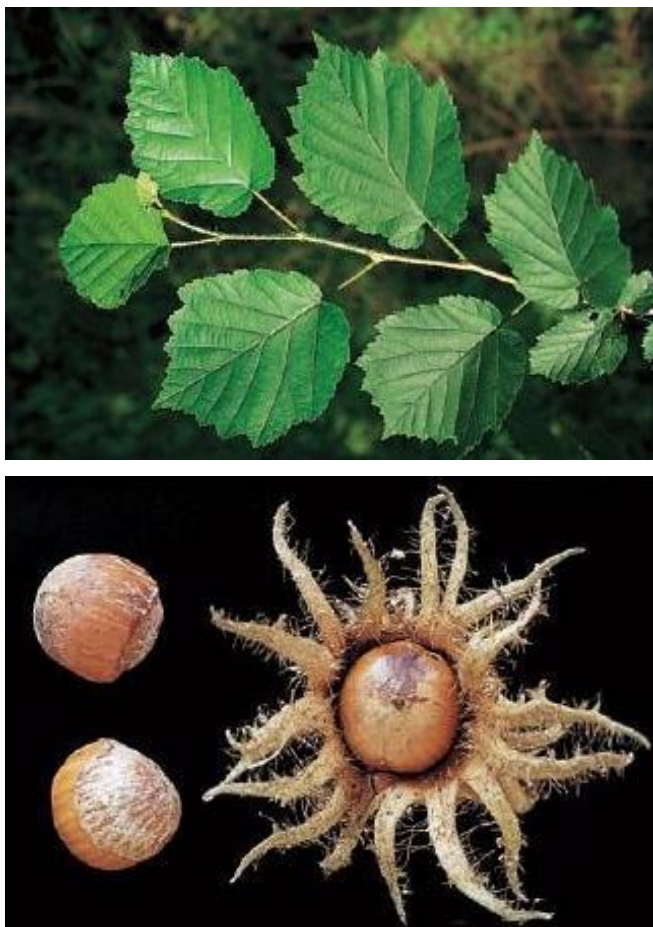


Abbildung 2: Blätter der Baumhasel (oben), Nüsse der Baumhasel (unten) (ALEXANDROV, 2014)

Figure 2: Turkish hazel leaves (top), nuts of the Turkish hazel (bottom) (ALEXANDROV, 2014)

Die Krone weist in der Jugend eine pyramidenförmige Gestalt auf, während sie im Alter breiter und auffallend dunkelgrün wird. Die starke, längsrissige Borke bildet sich früh aus und bringt eine Korkschicht hervor (RUHM, 2013). Baumhaseln bilden ein Wurzelsystem aus, das eine tiefe Pfahlwurzel entwickelt. Die Blätter sind an der Basis herzförmig und laufen am Apex spitz aus (vgl. Abbildung 2 oben). Die weiblichen Blütenstände ähneln Knospen und beherbergen jeweils zwei Blüten, deren dunkelrote Narben deutlich sichtbar sind. Hingegen hängen die männlichen Blüten zahlreich an graubraunen Kätzchen. Erstes Fruktifizieren erfolgt ab einem Alter von etwa zehn Jahren. Die Früchte sind oft in Büscheln angeordnet und von großen, stark zerschlitzten Hüllblättern umgeben (vgl. Abbildung 2 unten). Die Nüsse reifen im September/Oktober heran (vgl. ALEXANDROV, 2014), sind essbar, nahrhaft und werden beispielsweise in der Süßwarenindustrie verarbeitet (ŠEHO et al., 2017).

Das Holz der Baumhasel ist im Kern gleichmäßig lichtbraun bis hellrötlich, während der breite Splint einen gelblichen Ton aufweist (RUHM, 2013) (vgl. Abbildung 3). Das Holz zeichnet sich durch Elastizität und leichte Bearbeitbarkeit aus und ähnelt hinsichtlich der technologischen Merkmale dem Bergahorn (*Acer pseudoplatanus* L.). Es eignet sich für den Möbelbau und kann als Bau-, Schnitz- und Drechselholz verwendet werden. Die Wertholzproduktion kann bei guten Wachstumsbedingungen schneller vonstattengehen als bei der Eiche (ŠEHO et al., 2019).

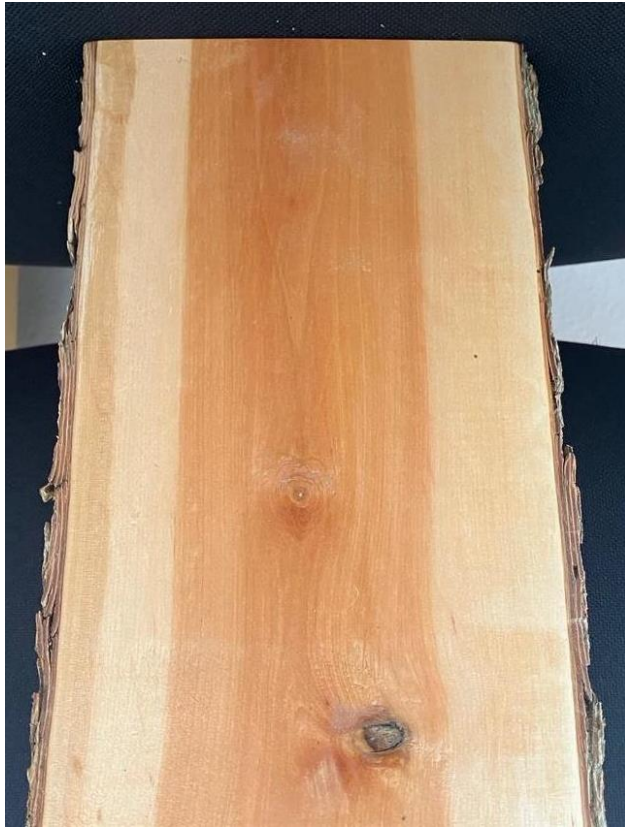


Abbildung 3: Längsschnitt durch den Stamm einer Baumhasel (Foto: K.-G. Schönmüller)

Figure 3: Longitudinal section through the trunk of a Turkish hazel (Photo: K.-G. Schönmüller)

Wachstumsverhalten und Klimareaktion der Baumhasel

Die Baumhasel zeichnet sich durch ein rasches Jugendwachstum aus und eine natürliche Verjüngung ist sowohl unter lichtem Schirm als auch auf Freiflächen möglich (ŠEHO und HUBER 2018). Die Halbschatten-Baumart ist in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet äußerst anpassungsfähig und gedeiht auf einer Vielzahl von Standorten. Begrenzt wird das Wachstum durch stark vernäs-sende und extrem trockene Standorte (ALEXANDROV, 2014). Die Wuchsleistung auf nährstoffrei-chen, frischen Böden ist vergleichbar mit Hainbuche. Auf Standorten mit geringerer Standortlei-stungskraft kann die Baumhasel in der Höhenwuchsleistung problemlos mit den dort vorkommenden Mischbaumarten Bergahorn und Esche mithalten (ŠEHO et al., 2017, 2019). Entsprechende Nach-barschaftskonfiguration mit Seitendruck befördert ein nahezu senkrechtes Höhenwachstum (KLE-BER et al., 2020).

Im Ursprungsgebiet der Baumhasel liegt die durchschnittliche jährliche Temperatur zwischen 5 °C und 13 °C mit einem jährlichen Niederschlag von 570 bis 800 mm. Die Baumhasel kann Tempera-turextreme von -38 °C bis +40 °C aushalten und gilt, bis auf die ersten Jahre des Wachstums, als winter- und frosthart (ŠEHO et al., 2019). Sie kommt auf Höhen zwischen 100 und 1.700 m ü NN vor, wächst aber meistens zwischen 300 und 800 m ü NN (ŠEHO et al., 2017).

Forschungsbedarf und Zielsetzung

Die Baumhasel führt in Deutschland forstlich gesehen ein Nischendasein. Über ihre Reaktion auf Trockenheit und ihr Wachstum unter mitteleuropäischen Klimabedingungen ist nur wenig bekannt. Um den Kenntnisstand zur Baumhasel für die forstliche Nutzung hierzulande zu erweitern, wurden im Rahmen einer Abschlussarbeit in zwei Baumhaselbeständen im Würzburger Stadtwald Jahrringanalysen an reifen Individuen durchgeführt und deren Nachbarschaft erfasst. Folgende Forschungsfragen sollten dabei untersucht werden:

1. Wie verhält sich die Baumhasel unter klimatisch ungünstigen Bedingungen und wie ist die Reaktion in Trockenjahren?
2. Welchen Einfluss hat die Nachbarschaftskonstellation auf die Trockenreaktion der Baumhasel?

Angesichts der erhofften Trockenheitstoleranz der Baumhasel wurde dabei hypothetisch angenommen, dass sich der absolute Grundflächenzuwachs (BAI) der Baumhasel in Trockenjahren nicht signifikant von dem BAI in klimatisch durchschnittlichen Jahren unterscheiden würde, im Gegensatz zu interspezifischen Baumarten in der direkten Nachbarschaft.

Beschreibung der Baumhaselbestände in Würzburg

Die beiden Baumhaselbestände „Bismarckwäldchen“ und „Frankenwarte“ in Würzburg befinden sich im Wuchsgebiet 4 „Fränkische Platte“, Wuchsbezirk 4.2 „Südliche Fränkische Platte“. Würzburg hat ein gemäßigtes, ozeanisch beeinflusstes Klima mit einer Jahresdurchschnittstemperatur von 9,9 °C und jährlichen Niederschlägen von 757 mm, was die Region zur wärmsten und trockensten Bayerns macht. Die natürliche Waldgesellschaft ist der Waldmeister-Rotbuchenwald (Galio oderati – Fagetum).

Bismarckwäldchen:

- Lage:
Nördlich der Würzburger Altstadt auf dem Steinberg (280-300 m über NN), Fläche: 5,8 ha.
- Böden:
westlich: Pararendzinen und Rendzinen aus Mergelstein/Kalkstein,
östlich: Rendzinen aus Schuttlehm/Ton über Kalkstein.
- Vegetation:
Schwarzkiefer-Spitzahorn-Mischbestand, mit Edellaubhölzern, Baumhasel, Gemeine Esche, Traubeneiche, Europäische Lärche, Fichte. Weitere Mischbaumarten: Zerreiche, Orientbuche, Vogelkirsche, Winterlinde, Robinie.
- Besonderheit:
1950 westlich des Bismarckturms gepflanzte Baumhaseln, Durchforstungen 2012 und 2020, sonst nur Verkehrssicherungs- und Forstschutzmaßnahmen.

Frankenwarte/Nikolausberg:

- Lage:
Südwestlich der Würzburger Altstadt auf dem Nikolausberg (240-350 m ü. NN), Fläche: 25 ha.
- Böden:
vorherrschend sind Rendzinen aus Schuttlehm/Ton über Kalkstein.
- Vegetation:
Schwarzkiefer-Buchen-Mischbestand, mit Laubhölzern, Fichte, Berg-/Spitzahorn, Europäische Lärche, Baumhasel. Weitere Mischbaumarten: Robinie, Gemeine Esche, Bergulme, Vogelkirsche, Tanne, Douglasie.
- Besonderheit:
Alter der Baumhaseln ca. 100-120 Jahre, teils starke Entnahmen von Fichte (*Picea Abies* (L.) KARST) aufgrund von Waldschutz, gute Astreinigung, kleine Kronen, natürliche Verjüngung.

Material und Methoden

Beprobt wurden die Bestände mit einer systematischen Stichprobe (TREMP, 2008) entlang eines Rasters, welches über die Flächen gelegt wurde. Um die Rasterecken wurde in einem definierten Radius nach Baumhaseln gesucht und wenn vorhanden, wurde die der Rasterecke am nächsten liegende Baumhasel beprobt. Mit diesem Verfahren wurden im Bismarckwäldchen $n = 24$ und in der Frankenwarte $n = 56$ Baumhaselindividuen erfasst. Für die Baumhaseln wurden Brusthöhendurchmesser (BHD), Baumhöhe (H) sowie soziale Klasse (SK) nach Kraft erfasst und die Nachbarschaftskomposition (Baumart, Brusthöhendurchmesser und Abstand benachbarter Bäume) aufgenommen. Um die Trockenreaktion der Baumhasel in Abhängigkeit der Nachbarschaftskonstellation zu analysieren, wurde mit den Parametern zur Beschreibung der Nachbarschaft (vgl. Tab. 1) ein multipler Mittelwertvergleich durchgeführt. Für die weitere Nachbarschaftsanalyse wurde der Konkurrenzindex nach HEGYI (1974) herangezogen.

Tabelle 1: Parameter zur Beschreibung der Nachbarschaftskonstellation

Table 1: Parameters describing the neighbourhood constellation

Baumart	Laub	>50 % der Nachbarschaft besteht aus Laubbäumen
	Nadel	>50 % der Nachbarschaft besteht aus Nadelbäumen
Konkurrenz	Intra	>50 % der Nachbarschaft ist intraspezifisch
	Inter	>50 % der Nachbarschaft ist interspezifisch
Soziale Klasse der Baumhasel	dominant	SK 1
		SK 2
	mittig	SK 3
	subdominant	SK 4
		SK 5

Anschließend wurden Bohrkern entnommen und eine Jahrringanalyse der Jahre 2001 bis 2022 durchgeführt. In diesem Zeitraum liegende Trockenjahre sind die Jahre 2003, 2015, 2018, 2019

und 2020. Als Klimaindizes wurden die Potenzielle Evapotranspiration (PET), der De Martonne Ariditätsindex (IDM) und der standardisierte Niederschlagsindex (SPI) verwendet. Von der LWF wurden modellierte Bodenfeuchtedaten (BF) zur Verfügung gestellt.

Um die Reaktion der Baumhasel auf Trockenheit zu analysieren, musste zu Beginn festgelegt werden, was als Trockenreaktion definiert wird. An die Berechnung der Resistenz nach LLORET et al. (2011) angelehnt, wurde der BAI zwei aufeinanderfolgender klimatisch durchschnittlicher Jahre (DJ_n/DJ_{n+1}) als Vergleichsgröße zu zwei aufeinanderfolgenden trockenen Jahren (TJ_n/TJ_{n-1}) ins Verhältnis gesetzt.

$$TR_x = \frac{TJ_n / TJ_{n+1}}{DJ_n / DJ_{n+1}}$$

Ist TR_x kleiner als eins, dann resultierte das Jahr mit Trockenheit in einem verringerten absoluten Grundflächenzuwachs im Vergleich zum klimatisch durchschnittlichen Jahr.

Die klimatisch durchschnittlichen Jahre sollten einerseits zeitlich nicht zu weit von den Trockenjahren entfernt liegen, um einem Alterstrend vorzubeugen und eine große Veränderung der Nachbarschaftskonstellation auszuschließen. Andererseits sollten sie möglichst nahe am Durchschnitt des betrachteten Zeitraums liegen. Aus den in den Bohrkernen wiederzufindenden Trockenjahren 2003, 2015, 2018, 2019 und 2020 wurden die Jahre 2019 und 2020 zur weiteren Untersuchung herangezogen. Daraus ergaben sich die Vergleiche: TR_1 (2019/2020 zu 2005/2006) und TR_2 (2019/2020 zu 2016/2017).

Ergebnisse und Diskussion

Die untersuchten Bestände „Bismarckwäldchen“ und „Frankenwarte“ und Einzelbäume waren sich im Mittel recht ähnlich und unterschieden sich für die Baumhasel mit einem BHD von etwa 23 cm, bzw. auch bei den anderen Baumarten (~ 28 cm BHD) nicht signifikant. Die dimensionsstärksten Individuen wurden in der Frankenwarte gemessen (vgl. Tab. 2), wo Baumhaselindividuen mit knapp 60 cm BHD gefunden wurden. Die Oberhöhen der stärksten Baumhaselindividuen lagen bei etwa 25 m, was sich mit den zu erwartenden Angaben aus der Literatur deckt (Abbildung 4).

Tabelle 2: Einzelbaumkenngrößen nach Bestand und Baumartengruppen

Table 2: Individual tree parameters according to stand and tree species group

	untersuchte Bäume			Min	Mean	Max	SD
Bismarckwäldchen	96	BHD	Nachbarbäume (cm)	8,2	28,3	64,7	11,9
	34	BHD	Baumhasel (cm)	8,2	23,5	44,9	8,9
	24	Höhe	Baumhasel (m)	8,3	17,4	24,5	4,6
Frankenwarte	260	BHD	Nachbarbäume (cm)	7,0	28,3	84,8	14,6
	83	BHD	Baumhasel (cm)	7,8	22,9	55,7	9,6
	56	Höhe	Baumhasel (m)	8,8	18,0	25,7	3,9

Min Minimum

Mean Arithmetischer Mittelwert

Max Maximum

SD Standardabweichung

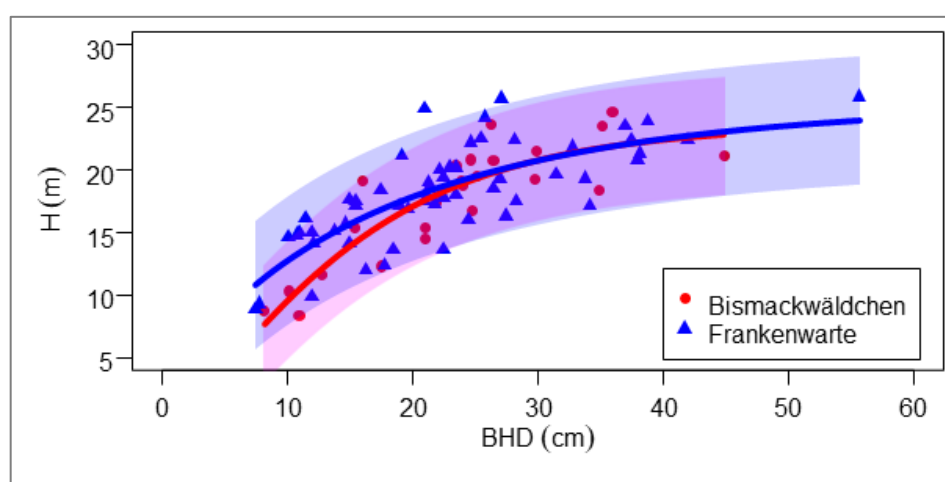


Abbildung 4: Verhältnis von Brusthöhendurchmesser (BHD in cm) zu Höhe (H in m) für n = 24 und n = 56 Baumhaselindividuen im Bismarckwäldchen und in der Frankenwarte.

Figure 4: Ratio of breast height diameter (BHD in cm) to height (H in m) for n = 24 and n = 56 individual Turkish hazel specimens in the Bismarckwäldchen and Frankenwarte forests.

Der absolute Grundflächenzuwachs (BAI) war bei allen untersuchten Bäumen in der Frankenwarte im Mittel höher als im Bismarckwäldchen, was auch für die Maximalwerte galt. Bei der Baumhasel war der BAI in beiden Beständen im Mittel ähnlich, aber der Maximalwert war auch in der Frankenwarte höher (vgl. Tab 3).

Tabelle 3: Absoluter Grundflächenzuwachs (= BAI (cm² Jahr⁻¹)) nach BestandTable 3: Absolute basal area increment (=BAI (cm² Year⁻¹)) according to stand

	untersuchte Bäume			Min	Mean	Max	SD
Bismarckwäldchen	41	BAI	Nachbarbäume (cm ² Jahr ⁻¹)	0,3	11,5	64,2	2,7
	24	BAI	Baumhasel (cm ² Jahr ⁻¹)	0,5	6,4	39,0	5,5
Frankenwarte	112	BAI	Nachbarbäume (cm ² Jahr ⁻¹)	0,2	17,3	92,4	2,5
	56	BAI	Baumhasel (cm ² Jahr ⁻¹)	60,2	6,9	52,2	6,8

Min Minimum

Mean Arithmetischer Mittelwert

Max Maximum

SD Standardabweichung

Forschungsfragen

1. Wie verhält sich die Baumhasel unter klimatisch ungünstigen Bedingungen und wie ist die Reaktion in Trockenjahren?

Um das Verhalten der Baumhasel in Trockenjahren zu untersuchen, wurden der absolute Grundflächenzuwachs (BAI) und der standardisierte Jahrringbreitenindex (RWI) der Baumhaseln entlang von zwei Klimaindizes De Martonne-Index (IDM) und Potenzielle Evapotranspiration (PET) mit jenen der Nachbarbäume verglichen und eine einfache lineare Regression gerechnet (Abbildung 5).

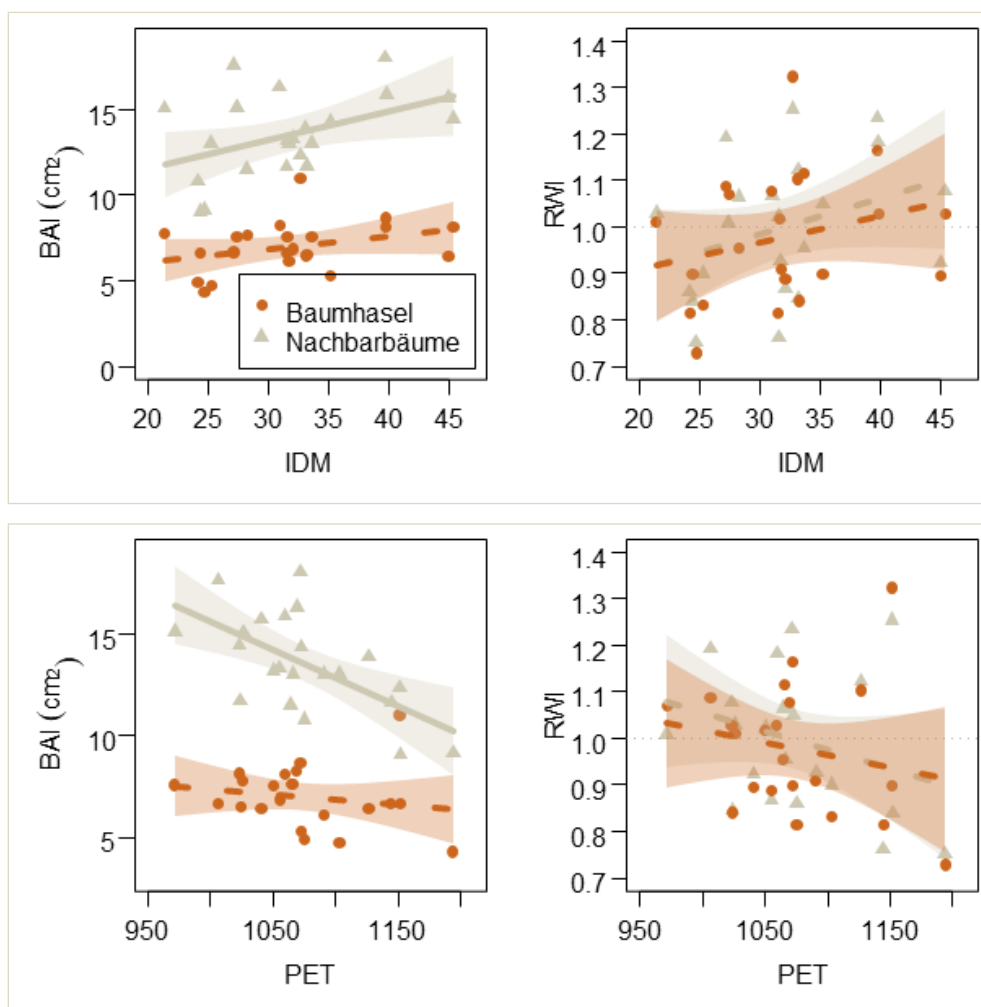


Abbildung 5: Durchschnittlicher jährlicher Zuwachs (BAI in cm^2 , jeweils links und standardisierter Jahrringbreitenindex (RWI, jeweils rechts) über IDM - De Martonne-Index (oben) und PET - potenzielle Evapotranspiration (unten). Durchgezogene Regressionsgeraden zeigen signifikante Zusammenhänge an, gestrichelte Regressionsgeraden zeigen nicht signifikante Zusammenhänge an; $n = 22$ Jahre, jeweils.

Figure 5: Average annual increment (BAI in cm^2) left top and bottom; and standardized ring width index (RWI right top and bottom) using IDM – de Martonne index (top) and PET – potential evapotranspiration (bottom). Solid regression lines indicate significant correlations, dashed regression lines indicate non-significant correlations; $n = 22$ years in each case.

Hierbei hat sich gezeigt, dass weder der BAI noch der RWI der Baumhasel signifikant auf die Klimaindizes reagiert hat, auch wenn der Trend jeweils in eine ähnliche Richtung verweist, wie für die direkten Nachbarbäume (Spitzahorn, Rotbuche, Gemeine Esche, Europäische Lärche und Stieleiche, Schwarzkiefer). Der BAI der Nachbarbäume reagiert entlang der Klimagradi- enten wie zu erwarten, nimmt also mit wachsendem De Martonne-Index (IDM) von trocken (20-30) über halbtrocken (30-40) nach feucht (>40) signifikant zu und mit zunehmender potenzieller Evapotranspiration (PET) signifikant ab. Darüber hinaus zeigt sich aber auch, dass das BAI-Niveau für die Baumhasel insgesamt deutlich unter dem BAI der Nachbarbäume liegt, die je- weils selbst unter klimatisch ungünstigen Bedingungen noch signifikant über den Werten der Baumhasel liegen (vgl. Abbildung 5, links). Das muss aber kein genereller Trend sein, sondern könnte auch auf einen fehlenden waldbaulichen Fokus zur Förderung der Baumhaseln zurück- zuführen sein. Die linearen Modelle zum standardisierten Jahrringbreitenindex (RWI) (vgl. Ab- bildung 5, rechts) zeigen in die zu antizipierenden Richtungen, waren aber weder für die Baum- haseln noch für deren Nachbarbäume signifikant, da die Streuung der Daten in den beiden Gruppen vergleichsweise hoch war. Trotzdem deuten sich für beide Gruppen für klimatisch ungünstige Bedingungen RWI-Werte < 1 an, was ein unterdurchschnittliches Wachstum an- zeigt und auf eine Klimasensitivität hindeuten könnte. Zudem unterscheidet sich das Niveau der Baumhasel in den RWI-Werten kaum von den Nachbarbäumen. Gerade für die Baumhasel könnte das also darauf hindeuten, weitere Untersuchungen zu Sensitivität im Hinblick auf Tro- ckenheit und Wärme durchzuführen und den Stichprobenumfang zu erhöhen. Wo nämlich der BAI durch Alter und Größe des Baumes beeinflusst werden kann, ist der RWI ein standardi- siertes Maß, welches durch die Normalisierung der Ringbreiten hilft, Umwelt- und Klimafakto- ren zu isolieren, die das Baumwachstum beeinflussen.

Die dargestellten Ergebnisse deuten also darauf hin, dass der absolute Grundflächenzuwachs (BAI) der Baumhasel entlang des Klimagradi- enten nach dem De Martonne-Index und der Po- tenziellen Evaporation (PET) nicht signifikant abgenommen hat. Gleichzeitig fordern die Trends der dargestellten Ergebnisse, gerade zum RWI, weitere Untersuchungen.

Außerdem soll nochmal betont werden, dass das Zuwachsniveau und damit auch die Produk- tivität der Baumhasel insgesamt deutlich unter jener der Nachbarbäume lag. Eine Erklärung für die vergleichsweise geringe Produktivität könnte sein, dass es sich bei den Böden in beiden Beständen um Rendzinen und Pararendzinen handelt, die einen mäßigen bis guten Nährstoff- gehalt aufweisen. Je höher der Nährstoffgehalt des Bodens, desto weniger konkurrenzfähig ist die Baumhasel und desto höher sind die Wachstumsraten der mesophilen Baumarten (ŠEHO et al., 2019). Erst auf trockenen und nährstoffarmen Standorten nimmt die Konkurrenzkraft der Baumhasel wieder zu. Des Weiteren kommen die hier untersuchten Baumhaseln in Mischun- gen vor, die nicht durchgehend für sie geeignet sind. ŠEHO et al. (2019) halten eine Mischung mit Buche, Traubeneiche, Spitzahorn, Elsbeere, Hainbuche oder Linde sowie Esskastanie für passend.

Betrachtet man zudem den Verlauf des absoluten Grundflächenzuwachses (BAI) der Baumhaseln von 2001 bis 2022 in beiden Untersuchungsgebieten, dann deutet dieser darauf hin, dass auch die Baumhasel nicht indifferent gegenüber trockenen Jahren ist (Abbildung 6). Der Verlauf der BAI war in beiden Beständen ähnlich, wobei der des Bismarckwäldchens bis zum Jahr 2017 unterhalb des absoluten Grundflächenzuwachses der Frankenwarte lag und ab dem Jahr 2018 bis 2022 darüber. Insgesamt erfolgte eine stetige Abnahme der jeweiligen absoluten Grundflächenzuwächse bis zum Trockenjahr 2019. Auch die Trockenjahre 2015 und 2018 sind als Einbrüche im absoluten Grundflächenzuwachs zu erkennen. Im Jahr 2021 steigt der absolute Grundflächenzuwachs beider Bestände jeweils bis zum Höchstwert an. Die Ursache der hohen Werte im Jahr 2021 könnte sein, dass im Jahr 2020 sowohl im Bismarckwäldchen als auch in der Frankenwarte Durchforstungen stattgefunden haben. Die Zuwachssteigerung spricht für eine große Reaktionsfreudigkeit der Baumhasel auf Durchforstungsmaßnahmen. Die Freistellung, gepaart mit einem niederschlagsreichen Jahr (2021) resultierte offensichtlich für viele Individuen in einem besseren Ressourcenzugang. Im Jahr 2022 schienen die Werte im Durchschnitt allerdings wieder etwas abzufallen. Tendenzen für eine Resilienz, die Fähigkeit einer Baumart, sich von Stress- oder Störereignissen zu erholen, sind bei der Baumhasel nach den Trockenjahren 2015 und 2020 in den Jahren 2016 und 2021 gegeben, auch wenn der Durchforstungseinfluss im Jahr 2021 überwiegen mag.

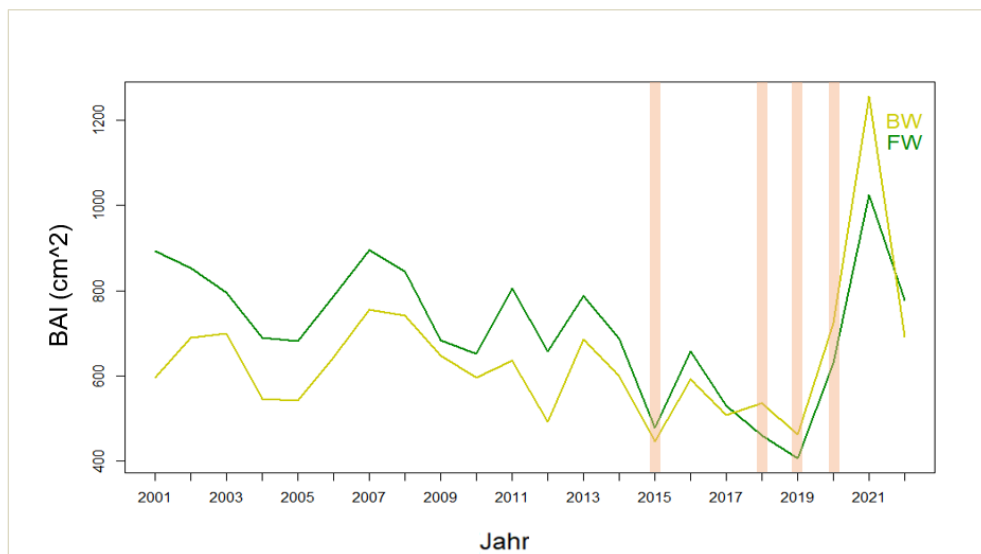


Abbildung 6: Absoluter Grundflächenzuwachs (BAI) der Baumhasel. Dunkelgrün = Frankenwarte (FW) (n = 56), Hellgrün = Bismarckwäldchen (BW) (n = 24), orange Säulen = Trockenjahre

Figure 6: Absolute basal area increment (BAI) of the Turkish hazel. Dark green = Frankenwarte (FW) (n = 56); light green = Bismarckwäldchen (BW) (n = 24); orange bars = drought years

2. Welchen Einfluss hat die Nachbarschaftskonstellation auf die Trockenreaktion der Baumhasel?

Im Rahmen der Untersuchung wurden Baumhaseln in unterschiedlichen Bestandeskonstellationen und Nachbarschaften erfasst. Wie zu erwarten, waren die kleineren Individuen tendenziell einer größeren Konkurrenz ausgesetzt (Abbildung 7). Dabei reichten die Hegyi-Werte im Bismarckwäldchen von $0 < \text{Hegyi} < 3$ und in der Frankenwarte von $0 < \text{Hegyi} < 7$.

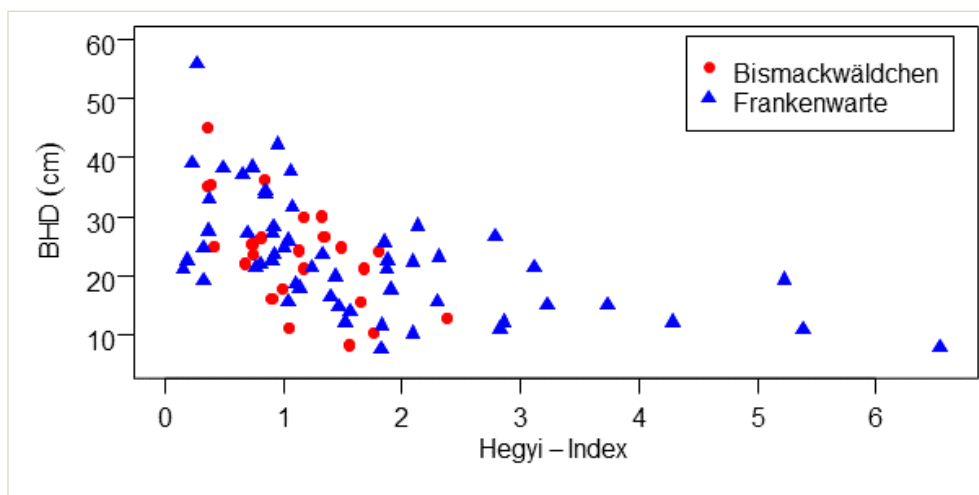


Abbildung 7: BHD (in cm) in Abhängigkeit der Nachbarschaftskonkurrenz (als Hegyi-Index) der untersuchten Baumhaseln

Figure 7: BHD (in cm) relative to competing neighbouring trees (as Hegyi index) of the Turkish hazel trees studied

Trotz unterschiedlicher Bestandeskonstellationen zeigte sich bei der Reaktion in den Trockenjahren kein deutlicher Zusammenhang mit der Nachbarschaft. Innerhalb der Trockenreaktionen (TR1 und TR2) gab es keine signifikanten Unterschiede zwischen den laub- und nadelholzdominierten Nachbarschaften (Abbildung 8 links). Auch streuten die Werte überwiegend gleichmäßig um den Wert 1, nur nicht für die nadelholzdominierte Nachbarschaft der TR1. Gleiches galt für die intra- und interspezifisch dominierte Nachbarschaft (Abbildung 8 rechts). Bezüglich der sozialen Stellung der aufgenommenen Individuen ist anzumerken, dass dominante und subdominante Bäume in den Beständen erfasst werden konnten. Das deutet darauf hin, dass die Baumhasel einen gewissen Schatten verträgt und über einen gewissen Zeitraum im Bestandesgefüge verbleibt. Ein Schirm kann Schutz vor starker Sonnenstrahlung bieten und einige Untersuchungen deuten darauf hin, dass so geschützte Individuen dadurch weniger stark von Trockenjahren betroffen sein könnten. Hier war es so, dass auch die soziale Stellung der Bäume keinen klaren Einfluss auf die Trockenreaktionen hatte (ohne Abbildung).

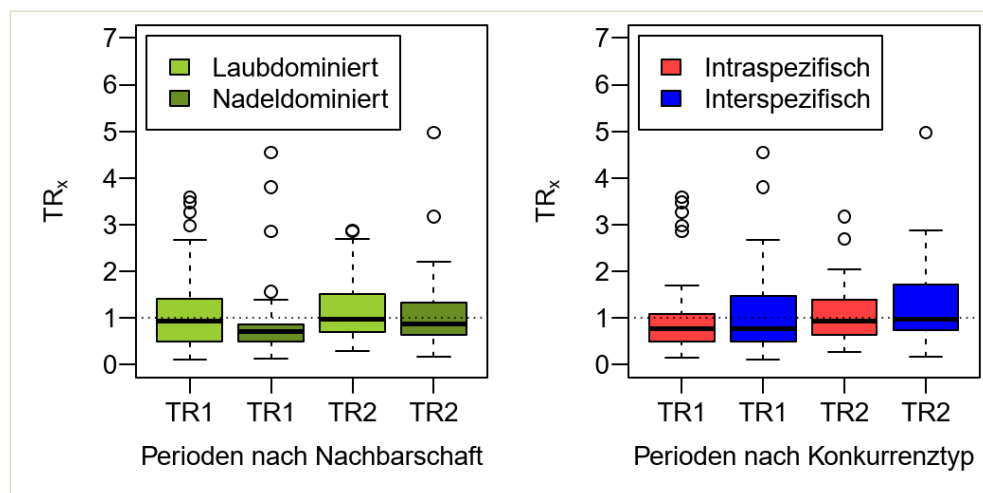


Abbildung 8: TR_x Ratio (TR1 (2019/2020 zu 2005/2006) und TR2 (2019/2020 zu 2016/2017)) nach Nachbarschaft (links) und Konkurrenztyp (rechts) der untersuchten Baumhaseln.

Figure 8: TR_x ratio (TR1 (2019/2020 to 2005/2006) and TR2 (2019/2020 to 2016/2017)) according to neighbouring trees (left) and competitor type (right) around the Turkish hazel trees studied.

Obwohl einige der Mittelwerte der Trockenreaktionen unter eins lagen (vgl. Abbildung 8), was letztlich darauf hindeutet, dass der Zuwachs im Trockenjahr unter dem Zuwachs des klimatisch durchschnittlichen Jahres lag, waren die Werte für die jeweiligen Boxplots nicht signifikant von eins verschieden (mit Ausnahme von TR1 in der nadelholzdominierten Nachbarschaft, wo die Werte im Mittel signifikant unter 1 lagen).

In Abhängigkeit des Hegyi-Konkurrenzindex zeigte sich auch eine große Streuung der Reaktionen auf Trockenheiten (TR_x) (Abbildung 9). Ein klarer Zusammenhang mit der quantifizierten Konkurrenz konnte auch hier nicht ausgemacht werden. Für die Frankenwarte war der Steigungsparameter der Regression zwar signifikant, wurde aber von zwei Beobachtungen getrieben (vgl. Abbildung 9). Das vergleichsweise indifferente Verhalten der Baumhasel deutet zumindest auf eine größere waldbauliche Flexibilität im Hinblick auf die Integration dieser Baumart im Bestandesgefüge hin.

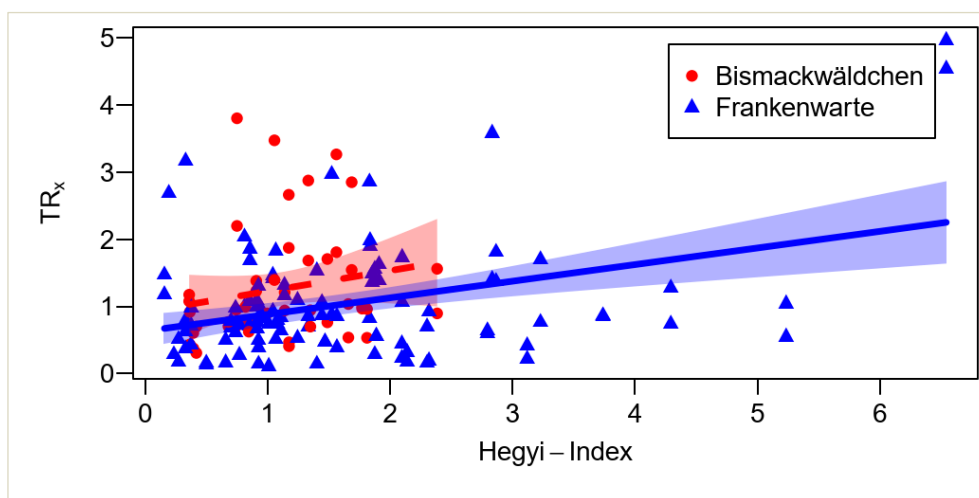


Abbildung 9: TRx Ratio (TR1 (2019/2020 zu 2005/2006) zusammen mit TR2 (2019/2020 zu 2016/2017)) in Abhängigkeit der Konkurrenz (Hegyi-Index) für die untersuchten Baumhaseln in den zwei Beständen. Durchgezogene Regressionsgeraden zeigen signifikante Zusammenhänge an, gestrichelte Regressionsgeraden zeigen nicht signifikante Zusammenhänge an

Figure 9: TRx Ratio (TR1 (2019/2020 to 2005/2006) together with TR2 (2019/2020 to 2016/2017)) relative to the competition (Hegyi index) for the tree hazels studied in the two stands. Solid regression lines indicate significant correlations, dashed regression lines indicate non-significant correlations

Schlussfolgerung und Ausblick

Insgesamt eröffnet die Untersuchung Perspektiven für den praktische Einsatz der Baumhasel in Zeiten des Klimawandels. Ihre Trockenreaktion macht sie zu einer weiteren Option für den Umgang mit zunehmend extremen Umweltbedingungen. Durch gezielte Anpflanzungen oder Integration in bestehende Bestände könnte die Baumhasel dazu beitragen, die Stabilität von Beständen zu verbessern. In dieser ersten Untersuchung ist festzustellen, dass auch die Baumhasel in den beiden Beständen bei Würzburg auf die Trockenheit reagiert hat und Zuwachseinbußen auftraten, von denen sie sich jedoch auch erholen konnte, wie in dieser Arbeit gezeigt wird. Zudem ist festzustellen, dass die untersuchte Baumhasel im direkten Vergleich mit benachbarten anderen Baumarten insgesamt einen vergleichsweise niedrigen Grundflächenzuwachs aufgewiesen hat. Eine konsequente Förderung und rechtzeitige Freistellung der Baumhaseln in den beiden Beständen ist allerdings auch nicht erfolgt und die Zuwachsreaktion im Jahr 2021 deutet zumindest darauf hin, dass die Baumhasel bei konsequenter Förderung deutlich höhere Potenziale hätte haben können. Zusammenfassend sprechen die Daten dafür, dass die Baumhasel Bestände stabilisieren kann und sich mit ihr auch bei Klimaextremen längerfristig Wertholz produzieren lässt.

Literatur

- ALEXANDROV, A. H. (2014): *Corylus colurna*. In Enzyklopädie der Holzgewächse: Handbuch und Atlas der Dendrologie.
- HEGYI, F. (1974): A simulation model for managing jack-pine standssimulation. RoyalColl. For, Res. Notes, 30, 74–90.

- KLEBER, A.; REITER, P.; EHRHART, H.-P.; MATTHES, U. (2020): Baumhasel. (*Corylus colurna* L.). FAWF / RLP Kompetenzzentrum für Klimawandelfolgen. Verfügbar unter: https://www.kwis-rlp.de/fileadmin/web-site/klimakompetenzzentrum/Klimawandelinformationssystem/Handlungsfelder/Wald/Ergaenzende_Baumarten/COCO_Steckbrief.pdf
- LLORET, F.; KEELING, E.G.; SALA, A. (2011): Components of tree resilience: effects of successive low-growth episodes in old ponderosa pine forests. *Oikos* 120(12): 1909-1920
- QGIS DEVELOPMENT TEAM (2022): QGIS Geographic Information System (Version 3.28.2) [Computer software]: Open Source Geospatial Foundation. Verfügbar unter: <https://www.qgis.org/de/site/>
- RICHTER, E. (2019): Trägt die Baumhasel zur Lösung des Waldumbaus bei? *Jagd, Forst und Natur*, (19), 26–27.
- RUHM, W. (2013): Die Baumhasel – trockenresistent und wertvoll. *Die Landwirtschaft*, Oktober, S. 22–23.
- ŠEHO, M.; AYAN, S.; HUBER, G.; KAHVECI, G. (2019): A Review on Turkish Hazel (*Corylus colurna* L.). *South-east European forestry*, 10(1), 53–63.
- ŠEHO, M.; HUBER, G. (2018): Baumhasel -Bewertung möglicher Saatguterntebestände. *AFZ-DerWald*, 4/2018(4).
- ŠEHO, M.; HUBER, G.; EBINGER, T.; KONNERT, M. (2016): Baumhasel - Saatgut und Vermehrung im Fokus. *Deutsche Baumschule*, (8), 42–45.
- ŠEHO, M.; HUBER, G.; FRISCHBIER, N.; SCHÖLCH, M. (2017): Kurzportrait Baumhasel (*Corylus colurna* L.).
- ŠEHO, M.; KAVALIAUSKA, D.; AYAN, S.; ČOKEŠA, V.; PETKOVA, K.; FUSSI, B. (2023): First insights into genetic structure and diversity of the threatened tree species *Corylus colurna* L. for conservation of its genetic resources and possible assisted migration. *Forest Ecology and Management*.
- SHAW, K.; STRITCH, L.; RIVERS, M.; ROY, S.; WILSON, B.; GOVAERTS, R. (2015): The red list of Betulaceae
- TREMP, H. (2008): Aufnahme und Analyse vegetationsökologischer Daten (5 Aufl.). Bad Orb: J.D. Sauerländers Verlag.

Kleinräumige Standortunterschiede beeinflussen das Einzelbaumwachstum auf Grenzstandorten erheblich

Karl-Heinz Mellert, Gerhard Schmied; Enno Uhl und Muhidin Šeho

Zusammenfassung Die kleinräumige Bodenvariabilität ist ein wichtiger Faktor für die Modifikation des Höhenwachstums von Einzelbäumen, insbesondere an Standorten mit kritischem Bodenwasserhaushalt. Praktische Entscheidungen, wie die Plusbaumwahl und Studien, die sich auf das Wachstum und die Vitalität von Einzelbäumen konzentrieren, sollten daher die kleinräumige Variabilität der nutzbaren Feldkapazität des Bodens (nFK) berücksichtigen.

Schlüsselwörter Baumwachstum, nutzbare Feldkapazität, Trophie, Klimatische Marginalität

Abstract Soil variability over small areas is an important factor influencing the height growth of individual trees, especially on sites with a critical soil water balance. Practical decisions such as the selection of plus trees and studies focusing on the growth and vitality of individual trees should therefore take account of the variability over small areas of the soil's plant-available water capacity (AWC).

Keywords: tree growth, plant-available water capacity, nutrient regime, climatic marginality

Motivation und Ziele

Der Einfluss der Bodenfruchtbarkeit auf das Baumwachstum ist ein zentrales Paradigma der forstlichen Standortklassifikation (z. B. BARNES et al., 1982; PYATT et al., 2001, AK STOK 2016). Da der Aufwand für die Bodenuntersuchung recht hoch ist, dient der Höhenzuwachs seit langem als wichtiger Indikator für die Standortleistungskraft in Waldklassifikationssystemen in Europa und Nordamerika (TESCH, 1980). Die Grundlage für diese Methode war die Beobachtung, dass die Grundbeziehung zwischen Höhe und Alter auch bei unterschiedlichen Bewirtschaftungsformen recht stabil bleibt (HUANG und TITUS, 1993). Obwohl Standorteffekte offensichtlich und unbestritten sind, gibt es nur wenige neuere Studien, welche insbesondere die kleinstandörtlichen Effekte des Bodens auf das Höhenwachstum von Altbäumen in Mitteleuropa quantifizieren.

Das Einzelbaumwachstum in Saatguterntebeständen ist jedoch insbesondere für die Forstgenetik ein wichtiges Thema und daher eine zentrale Motivation für unsere Studie. Um die Forschungsbasis zu verbreitern, zielt das Projekt sensFORclim darauf ab, klimaresiliente Populationen wichtiger Hauptbaumarten mit verschiedenen Methoden (Nischenmodellierung, Dendroökologie, Physiologie und Genetik) auf unterschiedlichen räumlichen Skalen (Kontinent, Region, Bestand) zu lokalisieren (AWG 2020, MELLERT et al. 2021b). Im Rahmen von sensFORclim untersucht die laufende Studie aktuelle und potenzielle Saatguterntebestände in Süddeutschland. Bei der Arbeit auf Einzelbaumebene ist es wichtig zu wissen, ob phänotypische (äußere) Unterschiede, z.B. im Baumwachstum, auf individueller Ebene des Genotyps (RELLSTAB et al., 2015; PFENNINGER et al., 2021, DIEHL 2021) oder auf kleinräumiger Variation der Bodeneigenschaften beruhen. Diese Frage ist nicht nur im Rahmen der Populationsgenomik interessant, sondern auch für die forstliche Saatguternte und -züchtung von praktischer Bedeutung (CLARK und WILSON, 2005, ŠEHO et al. 2023), da Bodeneffekte die Wirksamkeit der von Baumzüchtern durchgeführten Plusbaumwahl beeinträchtigen könnten (CORNELIUS, 1994).

Wir stellten die Hypothese auf, dass Bäume, die auf Böden mit höherer nutzbarer Feldkapazität des Bodens (nFK) wachsen, größere Höhen erreichen und nehmen an, dass dieser Effekt mit der aus Klima und Wasserhaushaltsstufe gebildeten Nischenzone (NZ) einer Art interagiert. Nach unserer Annahme sollte die erreichte Baumhöhe mit zunehmender klimatischer Marginalität eines Bestandes immer stärker von günstigen Kleinstandorten mit höherer nFK profitieren. Dieser Effekt sollte bei flachgründigen Böden mit einer hohen Heterogenität der nFK am deutlichsten sein.

Material und Methoden

Um mögliche kleinräumige Bodeneffekte auf die erreichte Baumhöhe in möglichst gleichaltrigen Reinbeständen zu untersuchen, wurden Saatguterntebestände dreier wichtiger Baumarten *Abies alba* (Aalba), *Fagus sylvatica* (Fsylv) und *Picea abies* (Pabie)) innerhalb ihres Nischenraums (Abbildung 1) analysiert. Für die Charakterisierung der Nischenzone (NZ) haben wir die klimatische Marginalität (MELLERT et al., 2016) zum hinteren Verbreitungsrand der Baumarten („Rear Edge“, HAMPE und PETIT, 2005), d.h. die trocken-warme Grenze der Artenverbreitung, herangezogen, da

innerhalb dieser Klimazone wichtige demografische und genetische Prozesse ablaufen (FADY et al., 2016, MELLERT et al. 2021b). Deshalb umfasst diese Studie einen großen Gradienten vom kalten und feuchten Gebirgsklima zum wärmeren und trockeneren gemäßigten Klima im Tiefland Süddeutschlands (Schmied et al., 2023).

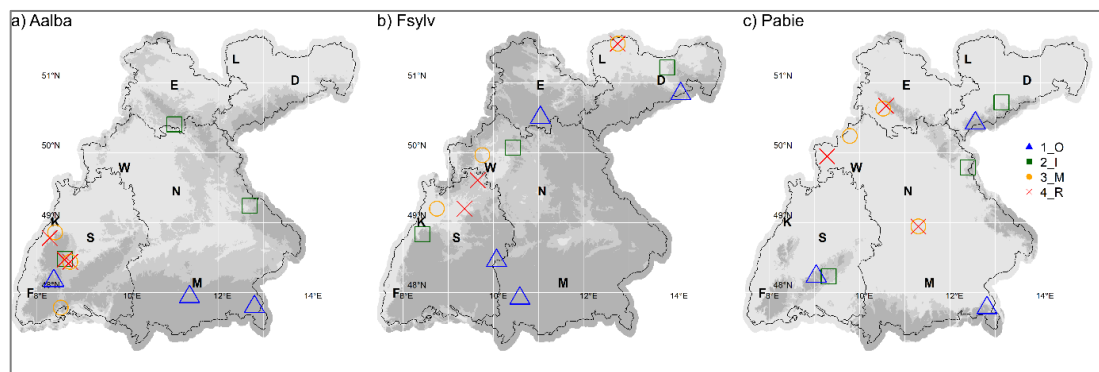


Abbildung 1: Untersuchungsstandorte für *Abies alba*, Aalba (a), *Fagus sylvatica*, Fsylv (b) und *Picea abies*, Pabie (c) in Süddeutschland mit Symbolen entsprechend ihrer Nischenzone (siehe Legende). Die Hintergrundschattierung stellt die makroklimatischen Nischenzonen gemäß dem klimatischen Marginalitätsindex (CMI: 1_O: optimal, 2_I: intermediär, 3_M: marginal, 4_R: Rear Edge) dar, wobei die hellere Schattierung die marginaleren Standorte kennzeichnet. Zur Orientierung sind geographische Koordinaten (WGS84) in Grad als weiße Linien (N: northing, E: easting) und die Lage der Städte als schwarze Buchstaben (D: Dresden, E: Erfurt, F: Freiburg, K: Karlsruhe, L: Leipzig, M: München, N: Nürnberg, W: Würzburg) angegeben.

Figure 1: Study sites for *Abies alba*, Aalba (a), *Fagus sylvatica*, Fsylv (b) and *Picea abies*, Pabie (c) in Southern Germany with symbols according to their niche zone (see key). The background shading represents the macroclimatic niche zones according to the climatic marginality index (CMI: 1_O: optimal, 2_I: intermediate, 3_M: marginal, 4_R: rear edge) with lighter shading at more marginal sites. For orientation purposes, geographic coordinates (WGS84) are shown in degrees as white lines (N: northing, E: easting) and the location of cities as black letters (D: Dresden, E: Erfurt, F: Freiburg, K: Karlsruhe, L: Leipzig, M: Munich, N: Nuremberg, W: Würzburg).

Dazu untersuchten wir die Bodentextur und den Skelettgehalt des Bodens in unmittelbarer Nähe der beprobten Bäume. Der mineralische Oberboden wurde bis zu einer Tiefe von maximal 30 cm anhand von kleinen Bodenprofilen charakterisiert. Der Unterboden wurde mit einem Pürckhauer-Bohrer untersucht. Bodenkerne wurden bis in eine Tiefe von 1 m (Länge des Bohrers) oder bis zum Ausgangsmaterial angesprochen. Auf der Grundlage dieser Daten berechneten wir die nFK der untersuchten Pedons (d.h. ein etwa sechseckiger Bodenbereich mit einer Oberfläche von ~10 m² und einer Tiefe von ~1 m; JOHNSON, 1963) in Anlehnung an die einschlägigen deutschen Bodenuntersuchungsrichtlinien (KA5 - AG BODEN, 2005; AK STOK, 2016).

Die Höhe der einzelnen Bäume wurden mit einem Vertex IV Ultraschall-Hypsometer (Haglöf, Schweden) gemessen. Wir wählten nur Bäume in Beständen mit geschlossenem Kronendach und Bäume, die dominant oder zumindest mitherrschend waren. Zur Bestimmung des Alters wurden bei jedem Baum zwei Bohrkern mit einem 5-mm-Zuwachsbohrer (Haglöf, Schweden) entnommen. In seltenen Fällen, in denen es nicht möglich war, den Kern zu erkennen oder das Baumalter zu schätzen, wurde das Durchschnittsalter der anderen Bäume im selben Bestand verwendet.

Unser Studiendesign beruht auf der Stratifizierung der Daten nach ihrer klimatischen Nischenzone (NZ) und dem Bodennährstoffregime (NR). Auf der Grundlage dieser Faktorvariablen haben wir den Umweltraum in zwei ordinale Achsen unterteilt, wobei die erste die NZ der Art darstellt (Abbildung 2). Die zweite Achse stellt das NR (siehe Unterkapitel 'Bodennährstoffregime') auf Basis der Standortklassifikation der Bundesländer dar (AK STOK, 2016). Innerhalb der sich daraus ergebenden zwölf Straten pro Art (4 klimatische Nischenschichten $\times$ 3 trophische Straten) suchten wir nach Altbeständen, die vordefinierte Bestandsmerkmale in Bezug auf Artenverteilung, Struktur, Störungen, Durchforstung und Bestandsdichte erfüllen. Für jede Schicht wurde ein Bestand zur Beprobung ausgewählt. Aufgrund der großen Bedeutung der Buchenwälder in Süddeutschland, die auf Standorten mit optimalem Klima (1_O) und mittlerer Trophie (m) wachsen, wählten wir zwei Standorte für dieses Stratum aus. Daraus ergab sich eine Gesamtzahl von 37 Beständen (Abbildung 1) mit insgesamt 565 Probestämmen und der gleichen Anzahl umliegender Pedone.

	Optimal	Intermediär	Marginal	Grenzstandorte
basenreich	Buche: 2201 RIE Tanne: 1201 STA Fichte: 3108 ALB	Buche: 2202 SAI Tanne: 1306 SLK Fichte: 3107 GAM	Buche: 2209 KAR Tanne: 1110 BLU Fichte: 3202 KIM	Buche: 2108 TAU Tanne: 1111 ALT Fichte: 3203 KIG
mittel-basisch	Buche: 2204 NEU; 2313 WUR Tanne: 1202 SRG Fichte: 3201 ADL	Buche: 2412 OTT Tanne: 1103 HOR Fichte: 3410 BOE	Buche: 2103 OES Tanne: 1105 HOM Fichte: 3306 DOL	Buche: 2107 LBA Tanne: 1104 HOG Fichte: 3305 VIR
basenarm	Buche: 2405 CUN Tanne: 1109 GEO Fichte: 3409 SAC	Buche: 2106 MAR Tanne: 1212 CHA Fichte: 3204 FLO	Buche: 2411 MOM Tanne: 1107 MAL Fichte: 3212 SOE	Buche: 2410 MOG Tanne: 1108 BAD Fichte: 3211 WAL

Legende

Bodenwasserhaushaltstufe

sehr frisch - frisch

mäßig frisch - trocken

Abbildung 2. Studienmatrix mit Zellenbesetzung nach Nischenzone (NZ, Spalten) und Nährstoffregime (NR, Zeilen). In den Spalten der Studienmatrix ist die klimatische Marginalität (Optimal- bis Grenzstandorte) in den Zeilen die Standortstrophie (basenreich bis basenarm) aufgetragen. Grenzstandorte liegen im künftigen Marginalbereich und sind zusätzlich durch eingeschränkten Bodenwasserhaushalt gekennzeichnet.

Figure 2: Study matrix with cell occupancy by niche zone (NZ, columns) and nutrient regime (NR, rows). The columns of the study matrix show the climatic marginality (optimal to marginal sites) and the rows show the site trophicity (base-rich to base-poor). Marginal sites are located in the future marginal area and are also characterised by a limited soil water balance.

Die Einstufung der vier NZ erfolgte nach den folgenden Kriterien:

- 1_O = "optimal": optimale makroklimatische NZ (Abbildung 1); zonale Bodenbeschaffenheit, mindestens mäßig frischer Bodenfeuchtehaushalt nach der Standortklassifikation; Zuschusswasser (Hangwasser) möglich.
- 2_I = "intermediate": mittlere makroklimatische NZ (Abbildung 1); zonale Bodenverhältnisse, mäßig frischer Bodenfeuchtehaushalt, kein Zuschusswasser (Ausschluss von Böden mit ausgeprägter Hydromorphie).

- 3_M = "marginal": marginale makroklimatische NZ (Abbildung 1); zonale Bodenverhältnisse, meist noch (mäßig) frische Bodenfeuchte; mäßig trockene Bodenfeuchte möglich; kein Zuschusswasser (striktter Ausschluss von Böden mit Hydromorphie).
- 4_R = "Rear Edge": marginale makroklimatische NZ (Abbildung 1); geringere Bodenfeuchte (mäßig trocken, trocken) im Vergleich zu 3_M aufgrund ungünstiger edaphischer Bedingungen, d.h. höherer Skelett-/Sandgehalt; kein Zuschusswasser (striktter Ausschluss von hydromorphen Böden). Wir betrachten dieses NZ als den potenziellen künftigen Rear Edge.

Wir untersuchten unsere Hypothese mit einem gemischten Regressionsmodell (lmer-Funktion aus dem lme4-Paket; BATES et al., 2015). Durch die Einbeziehung des Baumalters als Prädiktor ($\ln(\text{Alter})$) werden die Altersunterschiede zwischen den einzelnen Bäumen berücksichtigt. Dies vermeidet eine Verzerrung aufgrund von Alterstrends und macht jüngere und ältere Bäume vergleichbar. Der Vorhersagefehler oder die Güte des Modells wurde anhand des Akaike-Informationskriteriums (AIC) sowie des marginalen und bedingten R^2 gemessen, das mit der Funktion "performance" aus dem R-Paket "performance" abgeleitet wurde.

Vor der Analyse wurde geprüft, ob weitere, nicht in NZ enthaltene Klimaparameter (Jahresdurchschnittstemperatur, Jahresniederschlag) zur Erklärung des Einzelbaumwachstums beitragen. Außerdem haben wir geprüft, ob es eine signifikante Interaktion zwischen NZ und Baumart gibt. Beides war nicht der Fall. Alle Statistiken wurden mit der freien Statistiksoftware R (R CORE TEAM, 2020) berechnet. Für die Erstellung der Karte (Abbildung 1) verwendeten wir das Raster-Paket (HIJMAN et al., 2015). Für weitere methodische Details verweisen wir auf die Originalarbeit (MELLERT et al. 2023).

Kleinräumige Bodenverhältnisse beeinflussen das Wachstum

Das gemischte Regressionsmodell zur Prüfung der Auswirkungen von nFK nach NZ auf das Höhenwachstum erklärte 43 % der Gesamtvarianz (marginale R^2). Das mittlere Baumwachstum war in den ersten drei Nischenzonen (NZ: 1_O - 3_M) ähnlich, aber am Rear Edge (4_R) signifikant niedriger (Abbildung 3a). Dies spiegelt das geringe Wasserangebot in den Beständen am Rear Edge (4_R) wider. In Bezug auf die untersuchte Hypothese beobachteten wir signifikante Effekte der nFK auf die erreichte Baumhöhe, die in den jeweiligen Nischenzonen unterschiedlich ausgeprägt waren. Wir fanden einen negativen Effekt der nFK auf das Wachstum an optimalen Standorten, aber einen signifikant positiven Effekt auf das Wachstum von Beständen an intermediären Standorten (2_I) und am Rear Edge (4_R) mit ungünstigen Bodenbedingungen. Für Randstandorte mit zonalen Bodenbedingungen (3_M) wurde kein signifikanter Einfluss der individuellen nFK festgestellt.

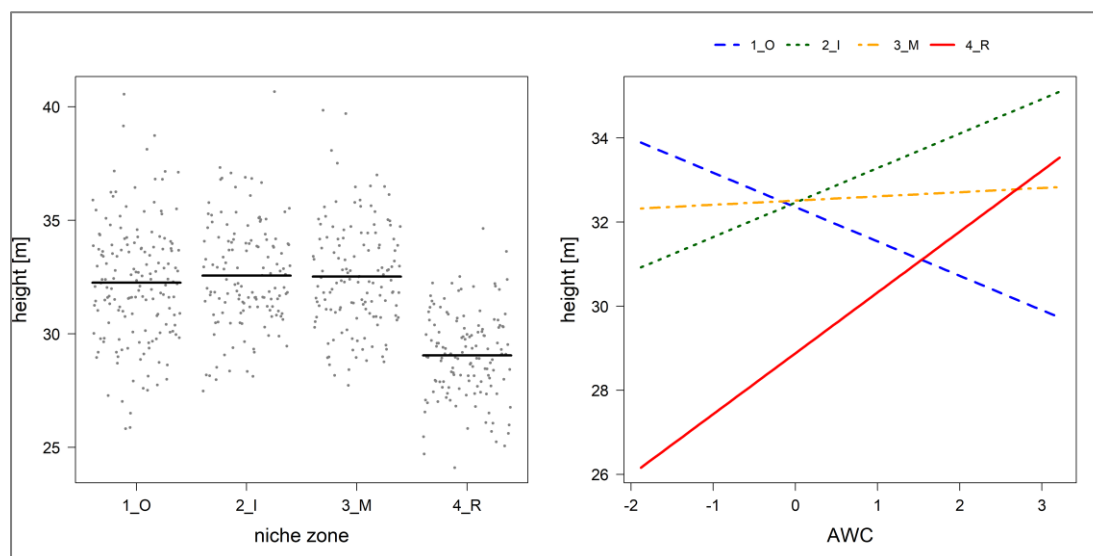


Abbildung 3. Effekt der untersuchten Schlüsselvariablen auf das Höhenwachstum der einzelnen Bäume gemäß dem Regressionsmodell. Haupteffekt der Nischenzone (=Linie, partielle Residuen=Punkte) (a) und die Interaktion zwischen Nischenzone und nutzbarer Feldkapazität des Bodens (nFK) (b).

Figure 3: Effect of the studied key variables on the height growth of the single trees according to the regression model. Main effect of the niche zone (=line, partial residuals=dots) (a) and the interaction between niche zone and the plant-available water capacity AWC - the focal relationship of our study (b).

Erwartete und unerwartete Effekte

Da wir keine schrittweise Zunahme des nFK-Einflusses mit zunehmender Marginalität entlang der NZ von den Optima (1_O) bis zum Rear Edge (4_R) feststellen konnten, bestätigt das Ergebnis unsere Hypothese nur teilweise. Außerdem hatten wir keinen negativen Effekt von nFK an optimalen Standorten erwartet. Unter den ungünstigsten Standortbedingungen mit geringem Wasserhaushalt und Wasserspeicherung aufgrund größerer Skelettgehalte und/oder sandiger Bodentextur (4_R) war die fördernde Wirkung der nFK auf das Einzelbaumwachstum jedoch maximal. Der geschätzte mittlere partielle Effekt auf das Höhenwachstum über den gesamten Bereich der nFK-Werte betrug an diesen Standorten fast 8 m (Abbildung 2). Der deutliche Beitrag des untersuchten Interaktionseffekts (21 % der erklärten Varianz) deutet darauf hin, dass die nFK das Wachstum insbesondere auf Standorten in der optimalen Zone (1_O) und am Rear Edge (4_R) beeinflusste.

Neben unseren Untersuchungen (SCHMIED et al. 2023a, 2023b) berücksichtigten bisher nur wenige dendroökologische Studien kleinräumige Bodeneffekte auf Baumarten der gemäßigten Zone (RABEL et al., 2018; HARTL et al., 2021). Während die Ergebnisse einer deutschen Studie (RABEL et al., 2018) die Annahme einer zunehmenden Bedeutung der Bodenfeuchte auf kleinräumiger Ebene an trockeneren Standorten unterstützen, zeigten HARTL et al. (2021) einen negativen Effekt feuchter Mikrostandorte auf das Radialwachstum von *Pinus sylvestris* in skandinavischen Wäldern aufgrund einer Verkürzung der Vegetationsperiode an solchen kalten Standorten. Dies könnte auch für den negativen Effekt von nFK in unserer Studie verantwortlich sein. Im Frühjahr kann die höhere Wasserspeicherung in Pedonen mit hoher nFK die Bodenerwärmung und das Baumwachstum im

Vergleich zu trockeneren Standorten auch im kühl-gemäßigten und feuchten Klima des optimalen NZ verzögern.

Die Wachstumsleistung der drei Baumarten war signifikant unterschiedlich, wobei Tanne und Fichte gleichauf lagen und die Buche eine deutlich geringere Wachstumsleistung aufwies. Das Nährstoffregime (NR) war statistisch nicht signifikant.

Bedeutung des Bodens im Klimawandel

Während unsere Studie kleinräumige Bodeneffekte entlang eines nationalen Klimagradienten untersucht, befassen sich neuere Studien mit der spezifischeren Frage, ob die nFK des Bodens einen bedeutenden Puffer für Bäume darstellt, um Trockenperioden zu überbrücken - ein Thema, das angesichts des Klimawandels zunehmend an Bedeutung gewinnt. Obwohl wir keine zeitlichen Aspekte untersucht haben, können die Ergebnisse durch das Konzept des Raum-Zeit-Ersatzes mit zeitlichen Studien in Verbindung gebracht werden. CHAKRABORTY et al. (2021) untersuchten Bestände entlang von Transekten in der Übergangszone von Buchen zu Eichenstandorten. Aus der paarweisen Analyse des Radialwachstums auf trockenen Parzellen (nFK < 60 l-2 gegenüber weniger trockenen Parzellen (nFK > 60 l/m²) schlossen sie, dass Veränderungen der Bodenwasserbedingungen das Wachstum von Buchen an der Trockengrenze unter dem sich ändernden Klima sogar auf der Ebene der Mikrostandorte (Parzellen mit 8 bis 12 Bäumen) beeinflussen könnten.

Eine Studie auf der Grundlage nationaler Waldinventurdaten und der europäischen Bodendatenbank (MELLERT et al., 2018) stützt die Hypothese, dass wichtige europäische Baumarten ihren Wasservorrat am trockeneren Südrand ihres Verbreitungsgebiets aufrechterhalten, indem sie auf Standorte mit höherer Wasserspeicherung ausweichen als in ihrem feuchten Kernverbreitungsgebiet.

Eine aktuelle Studie zeigt ebenfalls, dass die kleinräumigen Unterschiede der nFK in trockengestressten Beständen einen deutlichen Einfluss auf die Einzelbaumvitalität ausüben (SCHMIED et al. 2023). Um die Hintergründe und die Bedeutung für die in der Praxis festgestellten und in einigen Studien gefundenen fleckenhaften Muster von Waldtrockenschäden (Abbildung 4) (PFENNINGER et al., 2021; FREI et al., 2022; WEST et al., 2022) besser zu verstehen, sind jedoch weitere Studien nötig.



Abbildung 4. Sichtbare Wachstums- und Vitalitätseinbußen bis hin zum Absterben von Einzelbäumen, wie sie nach längeren Dürrephasen in den letzten Jahren vermehrt beobachtet werden konnten. (als Beispiel ein Tannen-Mischbestand. Foto: T. Haase, StMELF)

Figure 4: Visible loss of growth and vitality, including the dying off of individual trees, as has been increasingly observed in recent years after prolonged periods of drought. (Example of a mixed fir stand. Photo: T. Haase, StMELF)

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die kleinräumige Bodenvariabilität ein wichtiger Faktor für die Modifikation des Höhenwachstums von Einzelbäumen in Süddeutschland ist, insbesondere an Standorten mit einem angespannten Bodenwasserhaushalt. Studien zum Wachstum von Einzelbäumen, sollten daher die kleinräumige Variabilität der nFK nicht vernachlässigen, insbesondere an kritischen Standorten. In unserem Forschungsgebiet können genetische Evaluierungen, die sich auf Einzelbäume und die Plusbaumwahl konzentrieren, durch solche Bodeneffekte beeinträchtigt werden. Bodeneinflüsse können jedoch, wie in dieser Studie gezeigt, bereits mit einer einfachen Schätzung der Bodentextur im Feld bewertet werden. Daher sollte die kleinräumige Bodenvariabilität in wissenschaftlichen Studien und bei der praktischen Bewertung der Leistung und Vitalität von Einzelbäumen berücksichtigt werden, insbesondere bei Feldstudien zu genetischen Umwelteinflüssen und bei der Auswahl von Saatguterntebeständen und der Plusbaumauswahl für die Anlage von Samenplantagen in der Forstpflanzenzüchtung. Die Methoden und Ergebnisse unserer Studie sollten auf viele Wälder der gemäßigten Zonen übertragbar sein, die auf einem ähnlichen Standortsspektrum wachsen.

Danksagung

Diese Studie wurde gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages (Projektnummer 28W-B-4-058-01) sowie durch das Bayerische Amt für Waldgenetik.

Die Durchführung der Arbeiten erfolgt durch

- Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG),
- Technische Universität München (TU),
- Staatsbetrieb Sachsenforst (SBS),
- Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (FVA) und
- Thüringen Forst, Forstliches Forschungs- und Kompetenzzentrum Gotha (FFK)

Originalartikel

Karl H. MELLERT*, Gerhard SCHMIED, Vincent BUNESS, Mathias STECKEL, Enno UHL, Muhidin ŠEHO and Hans PRETZSCH (2023): Small-scale variation in available water capacity of the soil influences height growth of single trees in Southern Germany. *Forest Systems* 32/2. <https://revistas.inia.es/index.php/fs/article/view/20197/6247>

Literatur

- AK STOK, (1996). Forstliche Standortaufnahme. AK Standortkartierung, IHW-Verlag, Eching bei München. 400 pp.
- AWG [Bayerisches Amt für Waldgenetik] (2020). »sensFORclim« – Suche nach der Klimasensitivität heimischer Forstgenressourcen. LWF aktuell 127: 31-32
- BARNES BV, PREGITZER KS, SPIES TA, SPOONER VH, (1982). Ecological forest site classification. *J Forestry* 80(8): 493-498.
- CLARK J, WILSON T, (2005). The importance of plus-tree selection in the improvement of hardwoods. *Quart J Forest* 99(1): 45-50.
- CORNELIUS J, (1994). The effectiveness of plus-tree selection for yield. *Forest Ecol Manage* 67(1-3): 23-34. [https://doi.org/10.1016/0378-1127\(94\)90004-3](https://doi.org/10.1016/0378-1127(94)90004-3)
- DIEHL E. (2021): Studie in hessischen Wäldern nach Trockenjahren: Forscher*innen identifizieren Gene für Dürresistenz in Buchen – nicht jeder Baum hat das genetische Rüstzeug für einen Klimawandel. idw – Informationsdienst Wissenschaft. <http://idw-online.de/de/news771020>
- FADY B, ARAVANOPOULOS FA, ALIZOTI P, MÁTYÁS C, VON WÜHLISCH G, WESTERGREN M, et al., (2016). Evolution-based approach needed for the conservation and silviculture of peripheral forest tree populations. *Forest Ecol Manage* 375: 66-75. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2016.05.015>
- FREI ER, GOSSNER MM, VITASSE Y, QUELOZ V, DUBACH V, GESSLER A, et al., (2022). European beech dieback after premature leaf senescence during the 2018 drought in northern Switzerland. *Plant Biol* 24(7): 1132-1145. <https://doi.org/10.1111/plb.13467>
- HAMPE A, PETIT RJ, (2005). Conserving biodiversity under climate change: the rear edge matters. *Ecol Lett* 8(5): 461-467. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2005.00739.x>

- HARTL C, DÜTHORN E, TEJEDOR E, KIRCHHEFER AJ, TIMONEN M, HOLZKÄMPER S, et al., (2021). Micro-site conditions affect Fennoscandian forest growth. *Dendrochronologia* 65: 1257-1287. <https://doi.org/10.1016/j.dendro.2020.12578>
- HIJMANS RJ, VAN ETTEN J, CHENG J, MATTIUZZI M, SUMNER M, GREENBERG JA, et al., (2015). Package 'raster'. R package.
- HUANG S, TITUS SJ, (1993). An index of site productivity for uneven-aged or mixed-species stands. *Can J For Res* 23: 558-562. <https://doi.org/10.1139/x93-074>
- JOHNSON WM, 1963. The pedon and the polypedon. *Soil Sci Soc Am Proc* 27 (2): 212-215. <https://doi.org/10.2136/sssaj1963.03615995002700020034x>
- KA5 - AG BODEN, (2005). *Bodenkundliche Kartieranleitung* (German Soil Classification Handbook), 5th ed, Hannover [in German].
- MELLERT KH, EWALD J, HORNSTEIN D, DORADO-LIÑÁN I, JANTSCH M, TAEGER S, et al., (2016). Climatic marginality: a new metric for the susceptibility of tree species to warming exemplified by *Fagus sylvatica* (L.) and Ellenberg's quotient. *Eur J For Res* 135(1): 137-152. <https://doi.org/10.1007/s10342-015-0924-9>
- MELLERT KH, LENOIR J, WINTER S, KÖLLING C, ČARNI A, DORADO-LIÑÁN I, et al., (2018). Soil water storage appears to compensate for climatic aridity at the xeric margin of European tree species distribution. *Eur J For Res* 137(1): 79-92. <https://doi.org/10.1007/s10342-017-1092-x>
- MELLERT, KH. Janßen, A., Šeho, M. (2021a). Wo finden wir Alternativherkünfte der Buche für den Klimawandel? *AFZ-Der Wald* 24/2021, S. 16 – 20.
- MELLERT, K-H.; Janßen, A.; Šeho, M. (2021b): Anpassung an Klima und Boden bestimmt die Eignung von Herkunft. *LWF aktuell* 131, S. 43 – 45
- PFENNINGER M, REUSS F, KIEBLER A, SCHÖNNENBECK P, CALIENDO C, GERBER S, et al., (2021). Genomic basis for drought resistance in European beech forests threatened by climate change. *Elife* 10: e65532. <https://doi.org/10.7554/eLife.65532>
- PYATT G, RAY D, FLETCHER J, (2001). An ecological site classification for forestry in Great Britain. *Forestry Commission Bulletin* 124.
- R CORE TEAM, 2020. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>.
- RABELL I, NEUWIRTH B, BOGENA H, DIEKKRÜGER B, (2018). Exploring the growth response of Norway spruce (*Picea abies*) along a small-scale gradient of soil water supply. *Dendrochronologia* 52: 123-130. <https://doi.org/10.1016/j.dendro.2018.10.007>
- RELLSTAB C, GUGERLI F, ECKERT AJ, HANCOCK AM, HOLDEREGGER R, (2015). A practical guide to environmental association analysis in landscape genomics. *Mol Ecol* 24(17): 4348-4370. <https://doi.org/10.1111/mec.13322>
- SCHMIED, G., HILMERS, T., MELLERT, K. H., UHL, E., BUNESS, V., AMBS, D., STECKEL, M., BIBER, P., ŠEHO, M., HOFFMANN Y-D., PRETZSCH, H. (2023a): Nutrient regime modulates drought response patterns of three temperate tree species. *Science of the Total Environment*, 868, 161601.
- SCHMIED, G., PRETZSCH, H., AMBS, D., UHL, E., SCHMUCKER, J., FÄTH, J., BIBER, P., HOFFMANN, Y-D., ŠEHO, M., MELLERT, K.H., HILMERS, T. (2023b): Rapid beech decline under recurrent drought stress: Individual neighborhood structure and soil properties matter. *Forest Ecology and Management*, 545, 121305.
- ŠEHO, M., FUSSI, B., SCHIRMER, R., HAMBERGER, J., JANßEN, A. (2023): Neue Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen in Bayern. Liesebach, M. (ed.) *Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen: 7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung*. Tagungsband. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen Institut, 318 p, Thünen Report 105, DOI:10.3220/REP1681451577000, 282 – 297.
- TESCH SD, (1980). The evolution of forest yield determination and site classification. *For Ecol Manage* 3: 169-182. [https://doi.org/10.1016/0378-1127\(80\)90014-6](https://doi.org/10.1016/0378-1127(80)90014-6).
- WEST E, MORLEY PJ, JUMP AS, DONOGHUE DN, 2022. Satellite data track spatial and temporal declines in European beech forest canopy characteristics associated with intense drought events in the Rhön Biosphere Reserve, central Germany. *Plant Biol* 24(7): 1120-1131. <https://doi.org/10.1111/plb.13391>

Saatgut alternativer Baumarten und Herkünfte für Bayern

Johann Geiger, Darius Kavaliauskas, Muhidin Šeho

Zusammenfassung Das rasante Fortschreiten der Klimakrise bringt immer häufiger extreme biotische und abiotische Stressfaktoren wie Hitzewellen, Trockenperioden, Sturmereignisse und Befall durch Schadorganismen mit sich. Um die Wälder in Bayern resilienter zu machen und das Betriebsrisiko zu streuen, forscht das AWG nach klimatoleranten Baumarten und alternativen Herkünften heimischer Baumarten. Es werden Informationen und Erfahrungen gesammelt, für welche Standorte Baumarten mit geeigneten Herkünften wie Esskastanie, Baumhasel oder die Zedernarten in Bayern geeignet sind. Klimaplastische Herkünfte heimischer Baumarten wie z.B. die kalabrische Weißtanne aus wärmeren Regionen des natürlichen Verbreitungsgebiets stellen eine wichtige Ergänzung und genetische Anreicherung dar und sollten weiter untersucht und in Praxisanbauversuchen getestet werden. Die zuverlässige Saatgutversorgung aus zugelassenen Erntebeständen und Samenplantagen aus anderen Ländern gestaltet sich je nach Baumart teils sehr schwierig. Die empfohlenen Saatguterntebestände und Samenplantagen sollten phänotypisch und genotypisch beschrieben werden. Zusätzlich ist eine Bewertung von Anbauten außerhalb des natürlichen Verbreitungsgebiets notwendig. Bei vielen Anbauten mit möglichen Alternativbaumarten ist die Herkunft des verwendeten Materials und die genetische Vielfalt nicht bekannt und birgt ein hohes Risiko. Die gewonnenen Erkenntnisse sollten möglichst schnell in Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen (HuV) eingearbeitet werden und dadurch verfügbar für die Forstpraktiker sein. Zukünftig sollte die Anlage von Samenplantagen und Saatgutzukunftsbeständen intensiviert werden.

Schlüsselwörter: Klimakrise, Alternativbaumarten, hochwertiges und herkunftsgesichertes Vermehrungsgut, klimaplastische Herkünfte, kontrollierte Ernten

Abstract The rapid progression of climate change is already affecting all forest ecosystems and threatening forest species, increasingly bringing with it extreme stress factors such as heat waves, droughts and storm events that further accelerate pest and disease outbreaks. In order to improve the resilience of the forests in Bavaria and to spread the operational risk, the Bavarian Office for Forest Genetics (AWG) conducts research into the adaptability and resilience of forest tree species to environmental and climate changes. Scientists at AWG are involved in provenance research (e.g. the identification and testing of better-adapted provenances of native tree species), and the planning, selection and development of a basis of forest genetic resources (FGR) in Bavaria. AWG experts are able to draw on over 60 years of research to make recommendations for the use and conservation of FGR in Bavaria.

The continuity of such activities also allows AWG researchers to gather more accurate information and experience on numerous forest tree species (such as sweet chestnut, Turkish hazel or cedar) relevant to Bavaria in the context of climate change. A reliable supply of seed from approved seed crop stands and seed orchards is crucial. While sourcing high-quality forest reproductive material from abroad continues to be a challenging task, continuous collaboration with existing partners and the establishment of new contacts with colleagues in Germany and abroad are essential for the maintenance and development of the FGR base (e. g. the establishment of new seed orchards) in Bavaria.

Keywords Climate change, climate crisis, alternative tree species, high-quality reproductive material of certain provenance, climate-adaptable origins, controlled harvests

1. Einleitung

Die Auswirkungen des Klimawandels werden zunehmend sichtbar und das Ausfallrisiko durch auftretende Dürrephasen, Hitzesommer und Schädlingsbefall steigt. Für viele Populationen ändert sich das Klima drastisch und für den Wald zu schnell. In der Folge entstehen an entsprechenden Standorten viele Schadflächen in Bayern. Diese weisen eine starke regionale Differenzierung auf und sind innerhalb des Freistaats sehr ungleichmäßig verteilt.

Auf großen Flächen wurden die Fichten massiv vom Borkenkäfer befallen. Aber auch Waldkiefer und Rotbuche mussten auf vielen Standorten seit 2018 starke Vitalitätseinbußen bis hin zum Absterben einiger Bestände hinnehmen.

Um hochwertiges Vermehrungsgut alternativer Baumarten und Herkünfte für Bayern zu sichern, hat das Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG) seine Recherche nach trockenheitstoleranten Baumarten und Herkünften intensiviert. Diese sollen im Rahmen von Praxisanbauversuchen getestet werden und erste wichtige Anbauerfahrungen liefern. Die bisher erarbeiteten Erkenntnisse des AWG wurden bereits in die neuen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen (HuV) aufgenommen. Diese sollen jährlich aktualisiert und mit neuen Erkenntnissen erweitert werden. Dadurch können sich die Waldbesitzer aktiv bei der Erweiterung der Anbauerfahrungen beteiligen und werden durch die Förderung aktiv finanziell unterstützt. Um alle Waldbesitzarten mit hochwertigem und herkunftssicherem Vermehrungsgut zu versorgen und gleichzeitig die Saatgutversorgung in Bayern zu fördern, startete das AWG eine Abfrage bei staatlichen und privaten Baumschulen. Gefragt wurde, welche Baumarten und Herkünfte sowie Saatgutmengen benötigt werden. Diese Rückmeldung floss mit in die Suche nach geeigneten Erntebeständen im In- und Ausland ein.

Um die Saatgutversorgung bei trockenheitstoleranten heimischen und nichtheimischen Baumarten und Herkünften sicherzustellen, müssen die Kontakte nach Frankreich, Italien, Rumänien, Bulgarien sowie weitere Balkanländer und die Türkei weiter ausgebaut werden.

Während der Projektlaufzeit wurden folgende Arbeiten umgesetzt:

- Aufbau von Kontakten zum Saatguthandel im In- und Ausland und Bedarfsabfrage in Bayern
- Identifizierung und Beschreibung von geeigneten Saatgutquellen
- Bewertung von Anbauten außerhalb des natürlichen Verbreitungsgebiets am Beispiel der Baumhasel bei Würzburg
- Durchführung begleiteter Saatguternten bei Esskastanie, Atlaszeder, Libanonzeder
- Anlage von drei Saatgut-Zukunftsbeständen der Edelkastanie in Bayern

2. Bedarfsabfrage und Kontaktaufbau

Für den Aufbau von Kontakten zu Partnerinstitutionen im In- und Ausland konnte auf die bereits etablierten Kooperationen aus Daueraufgaben zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen sowie der Saatgutbeschaffung und verschiedenen Projekten (z.B. CorCed) des AWG zurückgegriffen werden. Mitarbeiter des AWG stellten Kontakte zu Forstbehörden, Saatguthändlern, Baumschulen, Samenklengen, Forschungsinstituten sowie Hochschulen in zwölf Ländern her und erkundigten sich über die Fruktifikation aller relevanten Baumarten. Parallel dazu startete eine Abfrage bei der Erzeugergemeinschaft für Qualitätsforstpflanzen »Süddeutschland« e.V. (EZG) und den Bayerischen Staatsforsten (BaySF) zu deren Saatgutbedarf.

Ziel der Erhebung war, für 24 vom AWG definierten Baumarten (15 Laub- sowie neun Nadelbaumarten) eine Priorisierung der Baumarten und eine Einschätzung der benötigten Saatgutmengen zu erhalten. Die Rückmeldungen waren erfreulicherweise sehr konkret und detailliert, aus der Abfrage ergibt sich ein eindeutiges Stimmungsbild: höchste Priorität haben Edelkastanie, Atlaszeder und Baumhasel, gefolgt von Libanonzeder und Roteiche. Der Hauptfokus wurde daher auf die Beernung der Esskastanie (Rheinland-Pfalz, Baden-Württemberg, Italien, Türkei), der Atlaszeder (Probelauf einer Ernte zur Zertifizierung überprüfbarer forstlicher Herkunft [ZÜF] in Frankreich) gelegt. Ein weiteres Ziel war die Beschreibung und genetische Analysen von Baumhaselbeständen bei Würzburg (Nikolausberg und Bismackwäldchen).

Im nächsten Schritt erfolgte eine Vorbereitung eines Probelaufs einer ZÜF-Ernte in diesen Beständen. Erntefirmen und Waldbesitzer wurden zusammengebracht und konnten erfolgreich den geplanten Probelauf durchführen. Bei der Libanonzeder erfolgte eine kontrollierte Ernte und Gewinnung von genetischen Proben in der Türkei. Bei der Roteiche wurde eine Abfrage in Frankreich gestartet. Im Folgenden werden die Ergebnisse der einzelnen Arbeiten präsentiert. An die EZG konnte Saatgut von *Fagus orientalis* aus der Türkei und Georgien sowie Saatgut von *Abies nordmanniana* und *Abies bornmülleriana* vermittelt werden. Den BaySF wurde die entscheidende Information für den Ankauf von *Abies bornmülleriana* aus der Samenplantage in Souseyrac gegeben.

3. Identifizierung und Beschreibung von geeigneten Saatgutquellen

Bei der Identifizierung von Saatgutquellen der möglichen Ersatzbaumarten und klimaplastischen Herkünften wird der Fokus zunächst auf das natürliche Verbreitungsgebiet einer Baumart ausgerichtet. Bei den autochthonen Vorkommen sind die genetische Vielfalt sowie die Anpasstheit an die dort herrschenden Bedingungen am höchsten. Daneben sind bestehende Vorkommen und Anbauten innerhalb Bayerns von großem Interesse. Bei Eignung dieser Vorkommen und ausreichend hoher genetischer Vielfalt wäre die Gewinnung von hochwertigem Vermehrungsgut wesentlich leichter als bei ausländischen Vorkommen.

3.1 Beschreibung ausgewählter Bestände

○ **Rotbuche Bulgarien**

Nach intensiver Vorbereitung und Gesprächen fand Anfang Mai 2022 die Bereisung Bulgariens statt. Nach der Anreise erfolgte umgehend die Kontaktaufnahme mit der Forest Seed Control Station (Saatgutprüfung und Zulassungsstelle für Erntebestände) in Sofia. Gemeinsam haben wir die Daten der Erntebestände verifiziert. Anschließend wurden drei ausgewählte Erntebestände der Rotbuche (*Fagus sylvatica*) bei Berkowiza mit jeweils 30 bis 32 ha Fläche begangen. Die klimatischen Bedingungen entsprechen den zu erwartenden Klimabedingungen vieler Standorte in Süddeutschland. Es herrscht ein kontinentales Klima mit heißen Sommern und kühlen Wintern. Die Jahresdurchschnittstemperatur beträgt 8,5 °C bei einem Jahresniederschlag von 850 bis 900 mm, der überwiegend von April bis Juni fällt. Die Temperatur schwankt von minus 22 °C im Januar bis plus 34 °C im August. Qualität und Vitalität sind gut bis sehr gut. Es wurden Genproben von 40 über den ganzen Bestand verteilten Altbuchen genommen. Aufgrund der Bewertung vor Ort konnten zwei der drei begangenen Bestände in den neuen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen (HuV) für Praxisanbauversuche empfohlen werden.

○ **Esskastanie Türkei**

Der Esskastanie werden auf vielen Standorten Bayerns günstige Prognosen im Klimawandel attestiert. Herkünfte aus dem östlichen Verbreitungsgebiet der *Castanea sativa* zeichnen sich durch eine höhere genetische Diversität aus. Das macht diese Herkünfte für Praxisanbauversuche in Bayern interessant. Während der Projektlaufzeit wurde ein zugelassener Erntebestand östlich von Bartin, bei Kurucasile besichtigt und beschrieben. Im Regenstau des Pontusgebirges fallen hier durchschnittlich 1.072 mm Niederschlag pro Jahr mit einer deutlichen Spitze im Dezember/Januar. Die Klimastation Bartin meldet eine Jahresdurchschnittstemperatur von 13,1 °C. Die Extreme schwanken von 40,0 °C im August bis minus 15,3 °C im Januar. Auch Spätfröste im Mai seien nach Aussage des örtlichen Revierleiters nicht selten. Der auf drei Parzellen aufgeteilte Erntebestand erstreckt sich auf insgesamt 27,8 ha. Auf der nördlichen Teilfläche dominiert die Edelkastanie; beigemischt sind einzelne *Carpinus betulus*, *Pinus sylvestris*, *Prunus avium* und *Populus tremula*. Die Terra fusca (toniger Lehm) aus Kalkverwitterung sorgt für eine gute Nährstoffversorgung. Der im Mittel 90 bis 95-jährige Bestand hat einen Durchschnitts-BHD von 45 cm und eine Höhe von 20 bis 22 m. Die Qualitäten der Edelkastanie sind durchschnittlich bis gut. Einzelne Exemplare weisen sehr gute Stammformen auf und sind als Plusbäume markiert. Positiv sind die gut ausgebauten Kronen und die Vitalität des Bestandes zu bewerten. Die türkischen Erntebestände sind für Praxisanbauversuche in Bayern empfohlen. An die EZG konnte Saatgut von Esskastanie aus der Türkei und Bulgarien vermittelt werden.

○ **Kalabrische Weißtanne**

Bei einer zweitägigen Exkursion in Oberösterreich konnten interessante Versuchsflächen u.a. von Douglasie und Stieleiche besichtigt und die Kontakte zu verschiedenen Kollegen in Österreich intensiviert werden. Dies mündete in einer Exkursion des AWG zum Waldbauexperten Christoph Jasser in die Nähe von Linz. Auf Versuchsflächen der kalabrischen Weißtanne und der Slawonischen Stieleiche konnten wir das Potenzial und die erstaunlichen Zuwächse dieser Herkünfte einschätzen. Die weitere Zusammenarbeit mit den österreichischen Kollegen, auch bei der Anlage von Samenplantagen wurde vereinbart.

Weitere Vorkommen der kalabrischen Weißtanne wurden recherchiert. In Dänemark existiert seit langem die Samenplantage Baekkelund, die nunmehr auch für Praxisanbauversuche in Bayern empfohlen wird. Zur Firma Levinsen, die im Herbst 2022 die gesamte Plantage beern- tet hat, wurde Kontakt aufgenommen. So konnten 2 kg dieses hochwertigen Saatguts für Bay- ern gesichert werden, mit der Option auf größere Mengen.



Abbildung 1: Beeindruckende Bestände der kalabrischen Weißtanne am Monte Gariglione.
(Foto: J. Geiger, AWG)

Figure 1: Impressive Calabrian silver fir stand on Monte Gariglione. (Photo: J. Geiger, AWG)

3.2 Beschreibung französischer Samenplantagen

Im September 2022 wurde eine Bereisung der Region Massif central / Auvergne in Frankreich unternommen. Gemeinsam mit den französischen Kollegen der ONF und einem Vertreter der Firma Vilmorin konnten die bekannten Samenplantagen in La Luzette (250 ha, davon 50 ha Fichte, 46 ha Douglasie, 38 ha div. Lärchenarten und 9 ha Bornmüllertanne) ausführlich besichtigt und zwei laufende Ernten begutachtet werden.

Eine sofortige Rückmeldung an den BaySF PGS Laufen führte zu einem Ankauf von Saatgut der Bornmüllertanne.



Abbildung 2: Samenplantage der Bornmüllertanne bei La Luzette. (Foto: J. Geiger, AWG)

Figure 2: Seed orchard of Turkish fir (*Abies bornmuelleriana*) near La Luzette. (Photo: J. Geiger, AWG)

Beim deutlich tiefer liegenden (300 m ü. NN) Lavercantiere wurden Samenplantagen von Schwarzkiefer (*Pinus nigra laricio*, 32 ha), Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*, Darrington, 19 ha), Hybridlärche (*Larix x eurolepis*), Waldkiefer (*Pinus sylvestris*) und Robinie (*Robinia pseudoacacia*) sowie eine im Herbst 2021 angelegte Samenplantage der Atlaszeder (*Cedrus atlantica*) besichtigt.

Weitere Samenplantagen von Atlaszeder und Flaumeiche (*Quercus pubescens*) sind hier geplant. Bei der Rundreise im Südosten Frankreichs wurden die Samenplantagen der Spanischen Tanne (*Abies pinsapo*) und der Griechischen Tanne (*Abies cephalonica*). Allesamt stocken auf flachgründigen, skelettreichen, sommertrockenen Standorten. Auch die Vitalität und Qualität von Erntebeständen weiterer Baumarten wurden eingeschätzt. Erstaunlich war die gute Vitalität der südfranzösischen Weißtannenbestände. Beeindruckend verlief der Besuch der über 460 ha großen Erntebestände der Traubeneiche im Fôret de Tronçais hinsichtlich Qualität und Dimension der bis zu 350-jährigen Eichen, der im Beitrag zur Traubeneiche genauer beschrieben wird.

4. Bewertung von Anbauten außerhalb des natürlichen Verbreitungsgebiets am Beispiel der Baumhasel bei Würzburg

Für eine Bewertung der Anbauten von möglichen Alternativbaumarten außerhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebietes ist es wichtig, dass neben der Bewertung des Erscheinungsbilds sowie der Stammformen (Phänotyp) auch die genetische Ausstattung (Struktur, Vielfalt und Diversität) bewertet und mit Vielfaltsparametern aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet verglichen wird. Eine genetische Einengung kann in den Folgegenerationen zu deutlichen negativen Effekten führen.

Im Stadtwald Würzburg wurde vor etwa 70 Jahren mit der gruppen- und einzelbaumweisen Einbringung der Baumhasel begonnen. Nördlich der Stadt ist dadurch der Baumhaselbestand im Bismarckwäldchen und westlich von Würzburg der Mischwald mit Baumhasel am Nikolausberg entstanden. Die Jahresdurchschnittstemperatur für beide Standorte liegt bei 9,9 °C, der Jahresniederschlag bei 750 mm. In den Jahren 2018 bis 2020 lag der Jahresniederschlag jedoch nur bei 430 bis 530 mm. Der Bestand Bismarckwäldchen ist 0,6 ha groß, liegt auf 280 bis 300 m NN und geht vom Südhang in eine Kuppenlage über. Als Bodentyp liegt eine mäßig trockene bis trockene Rendzina vor. Der ca. 70-jährige Altbestand besteht aus Spitzahorn, Esche, Traubeneiche und Baumhasel. Beigemischt sind vereinzelt Schwarzkiefern, Zerreichen und Orientbuchen. Die einzeln vorhandenen Rotbuchen sind bereits abgestorben. Die 60 Baumhaseln weisen eine Höhe von ca. 22 Meter und einen BHD von 20 bis 30 cm auf. Sie waren lange im Zwischenstand unter den herrschenden Ahornen und Eschen gestanden und haben dadurch relativ kleine Kronen ausgebildet. Die Baumhaseln sind überwiegend geradschaftig, wipfelschäftig und oft 10 bis 15 m astfrei (Abbildung 1). In Anbetracht des langen Druckstandes und der geringen Niederschläge der letzten Jahre sind sie erstaunlich vital.



Abbildung 3: 70-jährige Baumhasel im Bismarckwäldchen. (Foto: M. Šeho, AWG)

Figure 3: 70-year-old Turkish hazel in the Bismarckwäldchen forest. (Photo: M. Šeho, AWG)

Der 100 bis 120-jährige Waldbestand am Nikolausberg besteht aus Rotbuche, Traubeneiche, Schwarzkiefer und Waldkiefer und ist insgesamt 40 ha groß. Am Nord- bis Nordosthang erstreckt sich die Fläche von 300 bis 350 m NN. Als Standort liegt eine mäßig trockene Rendzina vor. Die Baumhaseln wurden in den Jahren 1950 bis 1975 gepflanzt, so dass sich ca. 200 ältere und etwa ebenso viele jüngere Exemplare finden. Die Baumhaseln sind auf etwa 25 ha einzelbaumweise verstreut. Die Mischung ist einzeln bis truppweise, die Baumhaseln haben z.T. Jahrzehnte unter den herrschenden Bäumen ausgeharrt. Entsprechend klein sind die Kronen, einzelne scheinen sich jetzt nach Freistellung zu regenerieren. Die Baumhaseln sind überwiegend geradschaftig und wipfelschäftig (einzelne Zwiesel) und zeigen eine gute Astreinigung. Seit mehreren Jahren verjüngt sich die Baumhasel hier natürlich.

4.1 Genetische Analysen

Beide Baumhasel-Populationen im Stadtwald Würzburg wurden beprobt, genetisch analysiert und bewertet. Um die genetische Vielfalt und Struktur der Vorkommen zu vergleichen, wurden 36

Proben im Bestand Bismarckturm (Bis) und 42 Proben im Bestand Nikolausberg (Nik) für die genetische Untersuchung ausgewählt. Zusätzlich wurden sie mit 606 Proben (25 Populationen) der Baumhasel aus dem FNR-Projekt "CorCed" verglichen (ŠEHO et al. 2023). Die genetischen Analysen wurden im Labor von Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG) durchgeführt. Für die genetischen Analysen bei Baumhasel wurden folgende 15 SSR-Marker aus dem Kerngenom für die Routine-Analyse ausgewählt (KULJU et al. 2004; GÜRCAN et al. 2010; GÜRCAN and MEHLENBACHER 2010). Ein zusätzlicher Marker aus dem Chloroplasten-Genom (cpSSR) wurde für die Routine-Analyse ausgewählt (WEISING und GARDNER 1999). Ausgehend von den für die Einzelbäume bestimmten Multilocus-Genotypen wurden zuerst die Allelhäufigkeiten und daraus folgende Parameter berechnet, die die genetische Variation innerhalb der Vorkommen beschreiben. Es wurden die genetischen Vielfaltparameter (Anzahl der Allele pro Genort N_a ; als private Allele N_p (Allele, die nur in dieser Population vorkommen), Genetische Diversität – N_e , Genetische Vielfalt „Allelic richness“ (A_r), H_e - erwartete Heterozygotie (Programm GeneAlex Version 6.5 - PEAKALL UND SMOUSE 2012 und Fstat 2.9.3. - GOUDET 2001) sowie die genetischen Strukturen (Bayesian-Cluster-Ansatz Software STRUCTURE 2.3.3 - PRITCHARD et al., 2000; EVANNO et al., 2005, KOPELMAN et al. 2015) beurteilt, um dadurch einwerten zu können, ob die beiden Populationen der Baumhasel als Saatguterntebestände genutzt werden können und welchem genetischen Cluster aus dem Ursprungsgebiet diese zugeordnet werden können. Von ŠEHO et al. 2023 wurden die räumlich genetischen Strukturen sowie die Vielfaltparameter der Bestände aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet detailliert beschrieben. Die durchgeführten Laboranalysen zeigen bei den untersuchten Baumhasel-Vorkommen aus dem Stadtwald (Bis – Bismarckwäldchen und Nik – Nikolausberg) eine mittlere genetische Vielfalt (Abbildung 4) in Vergleich mit Vorkommen aus dem Balkan und der Türkei.

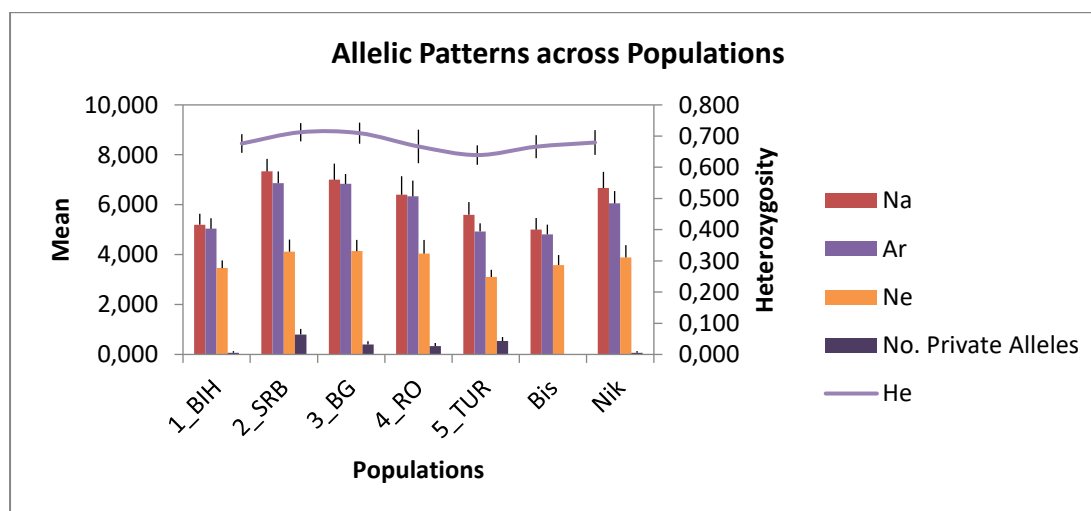


Abbildung 4: Verteilung der genetischen Variationsparameter auf die Vorkommen.

Figure 4: Distribution of the genetic variation parameters among the occurrences

Die Bayes'sche Clusteranalyse mit der Software STRUCTURE2.3.3 ergab eine mögliche Struktur von drei genetischen Clustern (Maximalwert Delta K = 369,685 bei K=3) innerhalb der untersuchten Baumhasel-Populationen (Abbildung 5).

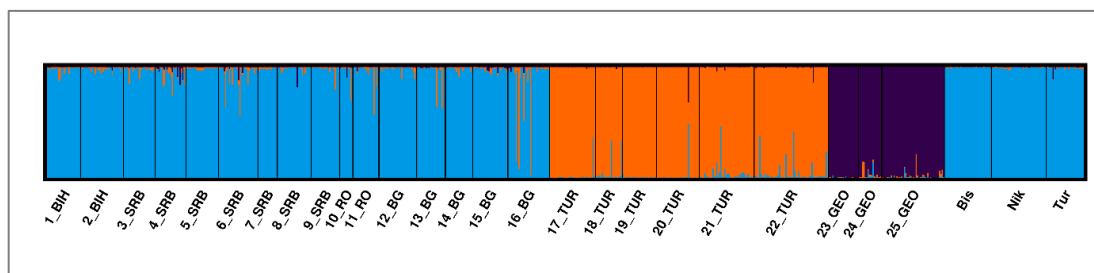


Abbildung 5: Histogramm der genetischen Strukturen der Baumhasel Vorkommen, ermittelt mit dem Programm STRUCTURE 2.3.3

Figure 5: Histogram of the genetic structures of the Turkish hazel populations, determined using the program STRUCTURE 2.3.3

Die genetische Vielfalt von Chloroplasten-DNA-Markern (5 Chloroplastenmikrosatelliten) analysiert. Insgesamt wurden fünf verschiedene Haplotypen gefunden (Haplo- 1, 2, 3, 4, 5).

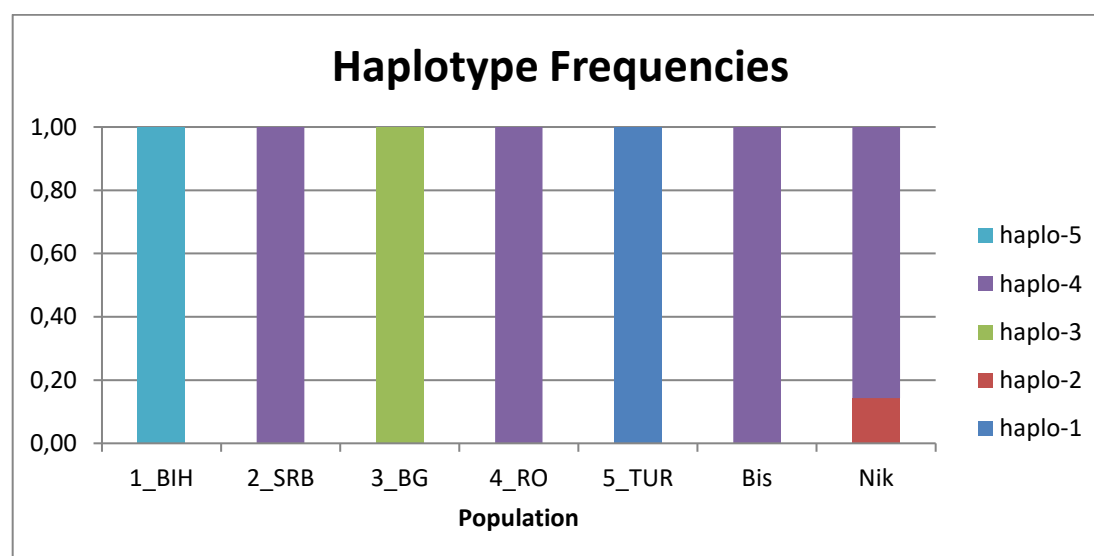


Abbildung 6: Haplotyp-Frequenzen in den untersuchten Baumhasel-Vorkommen (soft. HAPLOTYPE ANALYSIS1.05 (ELIADES und ELIADES, 2009).

Figure 6: Haplotype frequencies in the Turkish hazel populations studied (software HAPLOTYPE ANALYSIS1.05 (ELIADES and ELIADES, 2009).

Am häufigsten war Haplo-4 in vier Populationen vorhanden: 2_SRB, 4_RO, Bis und Nik (Abbildung 6). Ein interessantes Ergebnis der Chloroplasten-DNA-Analyse ist, dass jede Population durch einen einzigen Haplotyp vertreten war, mit Ausnahme der Population Nik, die eine Vermischung von zwei Haplotypen (Haplo-4 und Haplo-2) aufwies. Anhand der vorliegenden Ergebnisse kann gefolgert werden, dass die bayerischen Bestände bei Würzburg (Bis – Bismarckwäldchen und Nik – Nikolausberg) ihren Ursprung in Serbien und Rumänien haben. Beide Populationen konnten in den neuen HuV als Erntebestände für Praxisanbauversuche empfohlen werden. Ergebnisse der Untersuchungen zum Wachstum sowie der Reaktion der Baumhaseln auf die Trockenjahren können im Beitrag zur Baumhasel nachgelesen werden.

5. Durchführung von begleiteten Ernten

5.1 Saatguternten bei der Esskastanie in Rheinland-Pfalz

Bei der Esskastanie gibt es in Bayern nur drei zugelassene Erntebestände mit insgesamt 5,2 ha reduzierter Fläche. Die Versorgung mit herkunftssicherem Saatgut ist daher eine drängende Aufgabe. Die erste Ernte fand am Forstamt Annweiler im Erntebestand Kaltenbrunnquelle statt. Dieser 7,0 ha große Bestand liegt an einem mäßig geneigten Nordhang auf einer Meereshöhe von 350 bis 420 m ü. NN. Hier müssen die Edelkastanien mit 750 bis 800 mm Jahresniederschlag und einer Durchschnittstemperatur von etwa 9,5 °C zurechtkommen. Am benachbarten Forstamt Haardt wurde ein Saatguterntebestand im Gemeindewald Birkweiler ausgewählt. Dieser hat eine Fläche von 4,4 ha und liegt an einem Süd-Südosthang auf 420 bis 480 m ü. NN. Der dritte beerntete Erntebestand liegt im Gemeindewald Wintrich des Forstamts Traben-Trarbach. Auf 360 bis 380 m ü. NN sind 9,0 °C Jahresdurchschnittstemperatur und circa 800 mm Niederschlag zu verzeichnen. Im Oktober 2022 wurde in Mittelitalien Saatgut in zugelassenen Erntebeständen von Esskastanie gesammelt. Die Kontakte zu den Kollegen der staatlichen Samenklänge in Pieve San Stefano und zum Vincolo Forestale e Biodiversita in Garfagnana wurden aufgebaut und werden weiter hilfreich sein.

5.2 Probelauf einer ZüF-Ernte der Atlaszeder in Frankreich

Das natürliche Verbreitungsgebiet der Atlaszeder erstreckt sich über Algerien und Marokko. Seit Mitte des 19. Jahrhunderts wurde die Atlaszeder in Frankreich zur Wiederaufforstung verwendet. Neben den drei getesteten Beständen in Ménerbes, Mont-Ventoux und Saumon mit insgesamt 146 ha sind unter dem Namen CAT900 noch 55 ausgewählte Saatguterntebestände mit insgesamt 613 ha zugelassen. Ende Oktober 2021 konnte der Probelauf einer ZüF-Ernte nördlich von Carcassonne durchgeführt werden.

Ausgewählt wurde zunächst der zugelassene Atlaszedern-Erntebestand CAT900-055 Sabarthes. Dieser 5,84 ha große Privatwald liegt auf 660 bis 710 m ü. NN an einem mäßig geneigten Südwesthang. Die Jahresdurchschnittstemperatur beträgt 10,5 °C bei 1.048 mm Niederschlag. Der Probelauf der ZüF-Ernte wurde von der Firma Vilmorin organisiert und durch einen AWG-Mitarbeiter begleitet. Vor Beginn der Ernte erläuterte der AWG-Mitarbeiter den Zapfenpflückern das ZüF-Verfahren, um aufzuzeigen, warum die Bäume markiert und Zapfen aus verschiedenen Teilen der Krone gewonnen werden sollten. Auf diese Weise konnten in diesem Bestand insgesamt 47 Bäume in drei Tagen beerntet und beprobt werden.

Anschließend wurde die zweite ZüF-Ernte im zugelassenen Bestand CAT900-051 Carral de Lazarre durchgeführt. Dieser liegt auf 670 bis 700 m ü. NN an einem mäßig geneigten Südwesthang. Bei 10,7 °C fallen 1.050 mm Jahresniederschlag. Die gewonnenen Proben wurden per Spedition an das AWG verschickt und trafen in sehr gutem Zustand ein. Nach der Aufbereitung wurde ca. 80 kg Saatgut der Atlaszeder aus dem ZÜF-Probelauf in Bayern vermittelt.



Abbildung 7: Zapfenpflücker in der Krone einer Atlaszeder (Foto: R. Jenner, AWG)

Figure 7: Cone picker in the crown of an Atlas cedar (Photo: R. Jenner, AWG)

5.3 Begleitete Ernte bei der Libanonzeder in der Türkei

Die größten autochthonen Bestände von *Cedrus libani* finden sich noch im Taurus-Gebirge im Süden der Türkei. Auch unmittelbar vor der Ernte der Libanonzeder wurden intensive Gespräche mit den türkischen Forstbehörden, u.a. am Forstamt in Andirin, und mit dem Leiter der Forstdirektion in Gaziantep, Herrn Veli Topcu, geführt. Die Forstverwaltung in der Türkei wird zentral von Ankara gesteuert und koordiniert. Deshalb werden viele Entscheidungen erst nach mehrfacher Rücksprache mit verschiedenen Stellen getroffen. Dies erschwert oft ein schnelles und effizientes Handeln. Die Bereitschaft zur Zusammenarbeit mit der bayerischen Forstverwaltung ist grundsätzlich vorhanden.

Die Türkei verfolgt selbst große Aufforstungsprojekte, nicht nur auf den Waldbrandflächen von 2021. Sie will das Saatgut der Libanonzeder vorrangig für eigene Flächen verwenden. Ziel ist, die in historischer Zeit erheblich geschrumpfte Waldfläche bis 2025 auf einen Anteil von über 30 % zu erhöhen. In den Jahren 2000 bis 2019 konnte der Waldanteil immerhin von 26 auf 29 % gesteigert werden. Nachdem die Fruktifikation im Jahr 2021 nur mäßig war, blieben deshalb für den Export nur geringe Saatgutmengen.

Die begleitete Ernte wurde dann in dem ausgewählten Bestand Kahramanmaras-Andirin durchgeführt. Dieser ist 109 ha groß, besteht aus 70 % *Cedrus libani*, 20 % *Pinus nigra* und 10 % *Abies cilicica*. Der 80 bis 120-jährige Bestand erstreckt sich von 1.400 bis 1.580 m NN an einem 30 % geneigten Osthang. Die Qualität der Libanonzedern ist durchschnittlich bis gut; die meisten Bäume sind vital. Der Durchschnitts-BHD liegt bei 35 cm, die Mittelhöhe des Bestandes bei 25 Metern. Es herrscht ein kontinentales Klima mit heißen Sommern und kalten Wintern sowie 8,8 °C Jahres-

durchschnittstemperatur und 650 bis 700 mm Niederschlag, der überwiegend im Winterhalbjahr fällt. Die Extremwerte der Temperatur schwanken von -32 °C bis + 36,8 °C.



Abbildung 8: Libanonzeder im Erntebestand Andirin. (Foto: J. Geiger, AWG)

Figure 8: Lebanon cedar in the Andirin seed crop stand. (Photo: J. Geiger, AWG)

Im ausgewählten Bestand wurden 41 Bäume verteilt über die ganze Fläche beerntet. Erstaunlich ist die Erntetechnik: es wird ohne jede Sicherung in die Bäume geklettert. Dadurch können die astfreien Exemplare nicht beerntet werden. Mit langen Heppen werden die zapfentragenden Äste abgeschlagen, die frei zu Boden fallen. Dies führt bei den Erntebäumen zu einem spürbaren Verlust an Nadelmasse. Von jedem Baum haben wir genetische Proben genommen und am AWG charakterisiert. Konkret konnte Saatgut der Libanonzeder aus der selbst begleiteten Ernte in der Türkei an BaySF und EZG vermittelt werden.

6. Anlage von Saatgutzukunftsbeständen

Die Anlage von Saatgutzukunftsbeständen mit besonders hochwertigem und genetisch vielfältigem Vermehrungsgut (z.B. aus geprüften Erntebeständen und Samenplantagen) aus kontrollierten Saatguternten einer definierten Herkunft ist ein wichtiges Instrument, um die Erntebasis für die Zukunft zu erweitern. Ein Vorteil dieses Instruments ist, dass das Betriebsrisiko im Verhältnis zum Aufwand geringer ist. Auch eine spätere Holznutzung ist grundsätzlich möglich. Ab 2023 haben die BaySF und das AWG mit der Anlage von Saatgut-Zukunftsbeständen verschiedener Baumarten begonnen. Als erstes erfolgte die Anlage von Saatgut-Zukunftsbeständen der Esskastanie am Forstbetrieb Roding in der Oberpfalz. Das AWG stellte dazu das Saatgut bereit, welches dann im Pflanzgartenstützpunkt in Bindlach für die Pflanzung angezogen wurde.

Die verwendete Herkunft stammt aus den beschriebenen Saatguterntebeständen aus Rheinland-Pfalz und hat sich in Anbauversuchen durch überdurchschnittlich gute Form- und Wuchseigenschaften als besonders geeignet erwiesen.

Das Ziel dieser Saatgut-Zukunftsbestände ist die Erzeugung und Bereitstellung von Saatgut definierter und hochwertiger Herkünfte und die Sicherung forstlicher Genressourcen. Ihre Bewirtschaftung erfolgt – im Gegensatz zu sog. Generhaltungsbeständen – vergleichbar der von Samenplantagen. Aus den begleiteten Ernten in drei zugelassenen Erntebeständen der Edelkastanie in Rheinland-Pfalz wird eine große Bandbreite an genetischen Eigenschaften in Süddeutschland dauerhaft gesichert. Die Bestände sind einzigartig, da das Saatgut nachweislich einem definierten genetischen Cluster zugeordnet werden kann. Auch aus dem Saatguterntebestand in der Toskana wurde das Saatgut im Pflanzgarten der BaySF in Bindlach angezogen.

Bewirtschaftung und Pflege: Bei Saatgut-Zukunftsbeständen werden konsequent die vorherrschenden und herrschenden Bäume mit dem Ziel eines guten Kronenausbaus und starker Fruktifikation gefördert. Es sollte eine Entnahme aller hauptständigen Mischbaumarten erfolgen, welche den Kronenausbau der Saatgutreservebäume beeinträchtigen könnten. Die künftigen Erntebäume sollen Solitärcharakter mit möglichst tiefreichenden Kronen haben. Die Holzproduktion steht hier nicht im Vordergrund.



Abbildung 9: Saatguterntebestand der Esskastanie in Rheinland-Pfalz. (Foto: J. Geiger, AWG)

Figure 9: Sweet chestnut seed crop stand in Rhineland-Palatinate. (Photo: J. Geiger, AWG)

Für die Auswahl der zukünftigen Samenbäume gelten folgende Kriterien:

- zumindest durchschnittliche Qualität (sehr grobastige Bäume oder Bäume mit starken Stammkrümmungen scheiden aus)
- gute oder sehr gute Vitalität der Samenbäume

- gleichmäßige Verteilung im Bestand; auch im mittleren und höheren Alter sollen sich die Kronen der Samenbäume nicht berühren; Abstand: ca. 8 bis 12 m, im Mittel 10 m

Die Bereitstellung von Saatgut definierter und hochwertiger Herkünfte liegt – insbesondere bei Edelkastanie – im überbetrieblichen Interesse. Die Bestände werden daher zur Sicherstellung einer einheitlichen Behandlung, der versuchstechnischen Begleitung und einer dauerhaften Dokumentation im gegenseitigen Einvernehmen zwischen Forstverwaltung (AWG) und Forstbetrieben (BaySF) betreut und Pflegemaßnahmen eng miteinander abgesprochen. Die bayerischen Bestände sind Teil des Programms zur Sicherstellung hochwertigen Vermehrungsguts (Samenplantagenprogramm).

Literatur

- BAYERISCHES AMT FÜR WALDGENETIK (2023): Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen für forstliches Vermehrungsgut in Bayern (HuV). Hrsg. StMELF München; Stand: 1.7.2024; <https://www.awg.bayern.de/319397/index.php>
- BOCCACCI, P.; AKKAK, A.; BASSIL, N. V.; MEHLENBACHER, S. A.; BOTTA, R. (2005): Characterization and evaluation of microsatellite loci in European hazelnut (*Corylus avellana* L.) and their transferability to other *Corylus* species. *Molecular Ecology Notes*, 5(4), 934 - 937. doi 10.1007/s11032-010-9464-7.
- ELIADES, N.G.; ELIADES, D.G. (2009): HAPLOTYPE ANALYSIS: software for analysis of haplotypes data. Distributed by the authors. Forest Genetics and Forest Tree Breeding, Georg-August University Goettingen, Germany.
- EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. (2005): Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol. Ecol.* 14, S. 2611 - 2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
- GOUDET, J. (2001): FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3).
- GÜRCAN, K.; MEHLENBACHER, S.A. (2010): Development of microsatellite marker loci for European hazelnut (*Corylus avellana* L.) from ISSR fragments. *Mol Breeding* 26 (3): 551-559.
- GÜRCAN, K.; MEHLENBACHER, S.A.; BOTTA, R.; BOCCACCI, P. (2010): Development, characterization, segregation, and mapping of microsatellite markers for european hazelnut (*Corylus avellana* L.) from enriched genomic libraries and usefulness in genetic diversity studies. *Tree Genetics and Genomes* 6 (4): 513 – 531.
- KOPELMAN, N. M.; MAYZEL, J.; JAKOBSSON, M.; ROSENBERG, N. A.; MAYROSE, I. (2015): Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular ecology resources*, 15(5), S. 1179 – 1191.
- PEAKALL, R.; SMOUSE, P.E. (2012): GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28, S. 2537 – 2539.
- PRITCHARD, J.K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), S. 945 – 959.
- ŠEHO, M.; KAVALIAUSKAS, D.; AYAN, S.; ČOKEŠA, V.; PETKOVA, K.; FUSSI, B. (2023): First insights into genetic structure and diversity of *Corylus colurna* L. for conservation of its genetic resources and possible assisted migration. *Forest Ecology and Management* 549, 121480, <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2023.121480>
- WEISING, K.; GARDNER, R. C. (1999): A set of conserved PCR primers for the analysis of simple sequence repeat polymorphisms in chloroplast genomes of dicotyledonous angiosperms. *Genome*, 42(1), 9 - 19.

Probenentnahme aus der Luft: Wie Drohnengreifarme die Saaternteeinschätzung optimieren

Simon Ecke, Sebastian Kienlein, Hans-Joachim Klemmt, Joachim Hamberger

Zusammenfassung Wie können Drohnen die Effizienz und Präzision der Saatguternte in der Forstwirtschaft steigern? Unser Projekt UAV-SEE zeigt, wie unbesetzte Luftfahrzeuge zur Ernteprognose und Probenentnahme genutzt werden können, um die Qualität und Produktivität in Baumbeständen zu optimieren.

Schlüsselwörter Waldsamen-Ernteprognose, Drohne, Probenahme, forstliches Vermehrungsgut

Abstract How can drones increase the efficiency and precision of the seed harvest in forestry? Our UAV-SEE project shows how unmanned aerial vehicles can be used for harvest forecasting and sampling to optimize the quality and productivity in tree populations.

Keywords Forest seed harvest prognosis, drone, sampling, forest reproductive material

1. Einleitung

Die Einschätzung des Ertrags und der Qualität von Saatgut in Baumbeständen vor der Ernte ist entscheidend, um die Produktivität zu maximieren und Ressourcen effizient zu nutzen. Traditionelle Methoden der Erntebewertung sind oft zeitaufwendig und ressourcenintensiv. Drohnen bieten eine kostengünstige Plattform für die Erfassung hochauflösender Bilddaten und haben sich als wertvolle Werkzeuge in der Land- und Forstwirtschaft erwiesen. Im Projekt UAV-SEE arbeiten die Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft (LWF) und das Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG) zusammen, um Drohnen als Tool zur Erstellung von Luftbildern und zur Probenentnahme direkt aus den Baumkronen zu untersuchen.

2. Methode

2.1. Nicht-invasive Fernerkundung

Drohnenbilder und Orthophotos werden zur Ernteprognose und Bestandsaufnahme genutzt. Orthofotos bieten eine entzerrte, georeferenzierte und maßstabsgetreue Darstellung der Erdoberfläche, was präzise und konsistente Analysen ermöglicht. Die Datenaufnahme umfasst die Planung des Drohnenflugs und die Nachbearbeitung der Bilder mit spezieller Fotogrammetrie-Software, um ein nahtloses und genaues Orthofoto zu erstellen. Diese Methode ermöglicht das Zählen und Schätzen von Saatgut und die Zuordnung zu einzelnen Bäumen, was wertvolle Informationen zur Bewirtschaftung liefert.

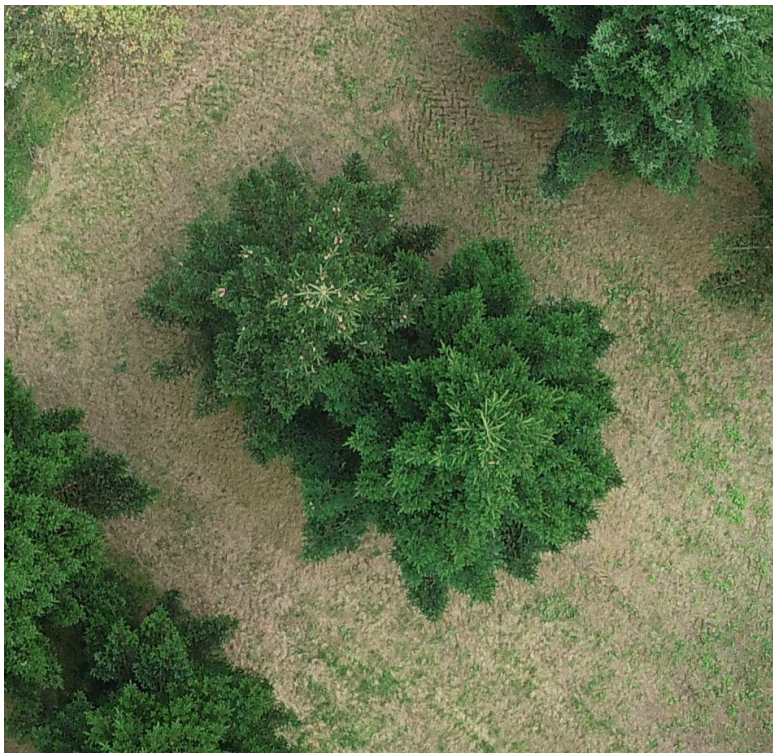


Abbildung 1: Ausschnitt eines Orthofotos der zwei Weißtannen zeigt. Eine mit deutlich sichtbaren Zapfen und eine bereits abgeerntete Tanne.

Figure 1: Section of an orthophoto showing two silver firs – one with clearly visible cones and one from which the cones have already been harvested

Durch die Verwendung von Methoden des maschinellen Lernens können Orthofotos automatisch analysiert werden, um produktive von weniger produktiven Bäumen zu unterscheiden. Dies liefert wertvolle Informationen zur Bewirtschaftung und Optimierung der Ernteprozesse.

Bei der Nutzung von drohnengetragenen Kameras zur Ernteprognose ist die Auflösung oft sehr hoch anzusetzen, insbesondere bei Bäumen mit kleinen Samen wie der Buche. Um zu niedrige Flughöhen zu vermeiden, sind demnach besonders hochauflösende Kameras erforderlich. Optimale Wetterbedingungen sind von Vorteil: Es sollte wenig bis kein Wind herrschen, und eine durchgehende Bewölkung sorgt für diffuses Licht und damit eine gleichmäßige Ausleuchtung der Baumkrone und vermindert gleichzeitig Schattenwurf.

Für optimale Orthofotos wird der Flug im Doublegrid-Muster empfohlen. Unter schwierigen Bedingungen sollte die Drohne für jedes Bild sogar kurz anhalten, um die Bildqualität zu maximieren. Diese Vorgehensweise führt jedoch zu langen Flugzeiten, wodurch nur kleinere Flächen pro Flug erfasst werden können. Zusätzlich sind für die Ernteprognose mit der Kamera viele und hochwertige Trainingsdaten von unterschiedlichen Baumarten und deren Samen notwendig, um Deep-Learning-Modelle effektiv zum Auszählen der Samen zu nutzen. Aufwändige manuelle Labelarbeiten sind erforderlich, um diese Trainingsdaten zu erstellen.

2.2. Aktive Beprobung

Für die direkte Probenentnahme verwenden wir einen drohnengetragenen Greifarm. Diese Technologie erlaubt die Entnahme von Astproben für DNA-Analysen und Samenproben zur Qualitätssicherung, die sonst nur aufwendig zu gewinnen sind. Der Greifarm wird an einer Trägerdrohne montiert. Er besteht aus einem Greifer und einer kleinen Kreissäge, die mit einem eigenen Akku betrieben wird. Die Steuerung erfolgt über eine separate Fernbedienung, die mit einem Display ausgestattet ist, das den Greifvorgang in Echtzeit visualisiert. Dies ermöglicht ein präzises Anfliegen, Greifen und Schneiden der Äste.



Abbildung 2: Quadkopter mit montiertem Greifarm inklusive Kamera und Drohnenpilot Simon Ecke (LWF).
(Foto: Andreas Müller, AWG)

Figure 2: Quadcopter with mounted gripper arm including camera; and drone pilot Simon Ecke (LWF).
(Photo: Andreas Müller, AWG)

Für den Betrieb des Greifarms wird eine DJI Matrice 210 RTK-Drohne inklusive Bodenstation verwendet. Hinzu kommen 14 Drohnen-Akkus, die für sieben Flüge von jeweils etwa 15-20 Minuten ausreichen. Oberhalb des Greifarms ist eine Kamera angebracht, die den Greifvorgang aufnimmt.

Der Ablauf der Probenahme beginnt mit der Festlegung der Ausrichtung des Greifarms (vertikal, horizontal oder eine Zwischenstellung), abhängig von der Wuchsrichtung der Äste. Die Drohne wird dann gestartet und auf eine sichere Höhe manövriert. Anschließend wird der Probbaum angesteuert und mithilfe der Kamera ein geeigneter Ast ausgewählt. Sobald der Ast in Reichweite des Greifarms ist, wird die Greifsequenz ausgelöst. Der Greifarm packt den Ast und drückt ihn an das rotierende Sägeblatt, bis der Ast durchtrennt ist. Der Greifarm bleibt geschlossen und der Ast kann sicher transportiert werden.



Abbildung 3: Anfliegen des gewünschten Probeastes und Auslösen der Greif- und Schneidsequenz.
(Foto: Andreas Müller, AWG)

Figure 3: Drone approaches a chosen sample branch and the gripping and cutting sequence is triggered. (Photo: Andreas Müller, AWG)



Abbildung 4: Sicherer Transport der Astprobe zum Piloten. (Foto: Andreas Müller, AWG)

Figure 4: Branch sample is transported safely to the pilot. (Photo: Andreas Müller, AWG)

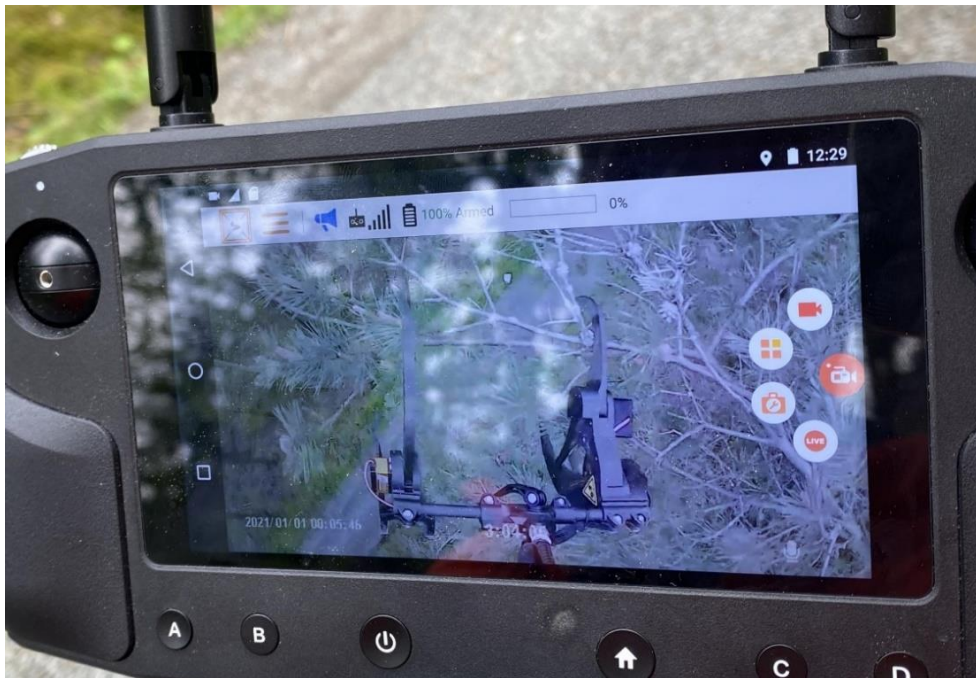


Abbildung 5: Perspektive der Greifarmkamera. Ein horizontal ausgerichteter Greifarm wird an den Probeast gesteuert. (Foto: Simon Ecke, LWF)

Figure 5: Perspective of the gripper camera. A horizontally aligned gripper arm is guided to the sample branch. (Photo: Simon Ecke, LWF)



Abbildung 6: Perspektive der Greifarmkamera. Die Greif- und Schneidsequenz wird ausgelöst. (Foto: Simon Ecke, LWF)

Figure 6: Perspective of the gripper arm camera. The gripping and cutting sequence is triggered. (Photo: Simon Ecke, LWF)

Diese Methode ermöglicht eine schonende, sichere und effiziente Probenahme, ohne aufwendige und gefährliche Kletteraktionen. Durch den Einsatz dieser Technologie konnten wertvolle

wissenschaftliche Daten zur Analyse von Baumkrankheiten und genetischen Informationen gewonnen werden.



Abbildung 7: Erfolgreich entnommene Astprobe einer Douglasie inklusive Zapfen. Foto: Andreas Müller (AWG).

Figure 7: Successfully removed branch sample from a Douglas fir including cones. Photo: Andreas Müller (AWG).



Abbildung 8: Schnittstelle einer Astprobe von einer Waldkiefer. (Foto: Simon Ecke, LWF)

Figure 8: Cross-section of a sample branch from a Scots pine. (Photo: Simon Ecke, LWF)

3. Herausforderungen und Limitierungen

Die Geschwindigkeit der Probenahme mit dem Greifarm hängt stark von der Komplexität der Waldbestände ab, wie etwa der Einsehbarkeit in die Baumkronen, eventuellen Hanglagen und der Baumart, die beprobt werden soll und natürlich der Erfahrung des Drohnenpiloten. Es ist wichtig, dass die Äste gut mit dem Greifarm zu packen sind. Knorrige und stark verästelte Zweige lassen sich nur schwer greifen und können die Dauer der Probenahme stark verlängern. Für den Einsatz sind mindestens zwei Personen notwendig: ein Pilot und ein Beobachter. Dies dient einerseits zur Sicherheit und andererseits, um die Probebäume optimal anzusteuern.

Die wichtigste Limitierung ist die Anzahl der verfügbaren Akkus. Pro Flug können Proben von etwa zwei bis vier unterschiedlichen Bäumen entnommen werden. Bei insgesamt sieben Flügen, in unserem Fall 14 Flugakkus, können Proben von 15 bis 30 Bäumen gesammelt werden. Mit Hilfe einer Powerbank oder zusätzlichen Akkus lässt sich die Anzahl der Probebäume pro Tag erhöhen. Ein erfahrenes Team kann bei unlimitierter Anzahl an Akkus schätzungsweise 40 bis 80 Bäume pro Tag beproben, wobei dies stark von der Baumart und der Komplexität des Waldbestandes abhängt. Bei einsetzendem Regen und zu starkem Wind muss der Drohnenflug jedoch unterbrochen werden.

4. Fazit

Die Einschätzung des Ertrags und der Qualität von Saatgut in Baumbeständen ist von entscheidender Bedeutung, um die Produktivität zu maximieren, Ressourcen effizient zu nutzen und die Versorgungssicherheit mit hochwertigem Saatgut zu gewährleisten. Traditionelle Methoden der Erntebewertung sind oft zeitaufwendig und ressourcenintensiv. Der Einsatz von Drohnen bietet eine kostengünstige Plattform für die Erfassung hochauflösender Bilddaten und die Entnahme von Proben direkt aus den Baumkronen. Unser Projekt UAV-SEE zeigt, wie innovative Drohnentechnologien zur Fernerkundung und Probenahme in der Forstwirtschaft eingesetzt werden können. Die gewonnenen Erkenntnisse tragen dazu bei, die Qualität der Saatguternte zu optimieren und die Gesundheit und Nachhaltigkeit der Wälder zu sichern.

Literatur

STOCK, J. (2024): Förster bringen Flugrobotern bei, wie sie Zapfen zählen.

<https://www.wirtschaft-in-sachsen.de/de/foerster-bringen-flugrobotern-bei-wie-sie-zapfen-zaehlen/>

Die Wildbirne [*Pyrus pyraster* (L.) Burgsd.]: Eine forstbotanische Rarität unter der genetischen Lupe

Aki M. Höltnen, Katharina B. Budde, Muhidin Šeho und Wilfried Steiner

Zusammenfassung Seltene Baumarten wie die Wildbirne (*Pyrus pyraster*) erfahren zunehmend Aufmerksamkeit, da sie vergleichsweise tolerant gegenüber Trockenperioden sind und gleichzeitig zur Erhaltung der Biodiversität unserer Wälder beitragen. Da die Wildbirne aber nicht dem Forstvermehrungsgutgesetz unterliegt, ist Saat- und Pflanzgut oft nicht in entsprechender Qualität verfügbar. Ihre Fähigkeit zur Hybridisierung mit Kultursorten und die teilweise starke räumliche Isolation kleiner Vorkommen können zur Verdrängung arttypischer Eigenschaften und zu einer Reduktion der genetischen Variation mit der Folge herabgesetzter Fitness in nachfolgenden Generationen führen.

Um die Eignung potenzieller Saatgutquellen in Bayern einschätzen zu können, wurden in dieser Studie DNA-basierte Methoden eingesetzt. Diese ermöglichen eine Differenzierung von Wild- und Kulturbirnen und die Berechnung genetischer Vielfaltsparameter. Als Referenzen diente ein DNA-Archiv bestehend aus bundesweit erfassten Wildbirnenbeständen sowie 97 Kulturbirnensorten.

Die bayerischen Bestände zeigten insgesamt einen geringen Einfluss der Kultursorten. In sechs Vorkommen konnte kein Kulturbirneneinfluss festgestellt werden, in den übrigen Beständen sowie in den Samenplantagen wurden nur vereinzelte Genotypen als Hybriden identifiziert. Die genetische Diversität der bayerischen Vorkommen fiel, im Vergleich zu bundesweit erfassten Referenzbeständen mit sehr heterogenen Werten, vergleichsweise hoch aus. Um künftig Herkunftsempfehlungen für Vermehrungsgut der Wildbirne ableiten zu können, wurden zusätzlich geographisch-genetische Strukturen analysiert. Diese erbrachten eine Aufteilung der bundesweiten Vorkommen in drei regionale Verbreitungsschwerpunkte jeweils im Nordosten, Südwesten und Südosten Deutschlands.

Schüsselwörter Wildbirne (*Pyrus pyraster*), Hybridisierung, vegetative Vermehrung, genetische Vielfalt, geographisch-genetische Strukturen

Abstract Rare tree species such as the wild pear are receiving increasing attention, as they are comparatively tolerant to drought periods and at the same time help to maintain the biodiversity of our forests. However, as wild pear is not subject to the Forest Reproductive Material Act, seed and planting material is often not available in the appropriate quality.

Its ability to hybridise with cultivated varieties and the sometimes pronounced spatial isolation of small populations can lead to the displacement of species-typical characteristics and a reduction in genetic variation, resulting in reduced fitness in following generations. In order to evaluate potential seed sources in Bavaria, DNA-based methods were applied in this study. These methods allow to differentiate between wild and cultivated pears and to calculate genetic diversity parameters. An DNA database consisting of a nationwide collection of wild pear populations and 97 cultivated pear varieties served as reference material.

The Bavarian stands showed an overall low influence of cultivars. No introgression of pear cultivars could be detected in six stands, in the remaining stands and the seed orchards only single genotypes could be identified as hybrids. The genetic diversity of the Bavarian stands was comparatively high compared to the reference populations recorded nationwide showing very heterogeneous values. In order to derive recommendations about provenance regions, geographical-genetic structures were analysed. These resulted in a separation of the nationwide occurrences into three groups with regional distributions in the north-east, south-west and south-east of Germany respectively.

Keywords Wild pear (*Pyrus pyraster*), hybridisation, clonal reproduction, genetic diversity, geographic genetic structures

Einleitung

Aufgrund prognostizierter Klimaveränderungen sind vermehrt auch diejenigen Baumarten in den Fokus des Interesses gerückt, die bislang nur geringe Flächenanteile am Wald einnehmen. Dazu zählen auch viele unserer Wildobstarten wie z.B. die Wild- oder Holzbirne (*Pyrus pyraeaster* L.).

Die Wildbirne ist als Relikt wärmezeitlicher Eichenwälder eine von Natur aus seltene Baumart und zählt zweifellos zu den botanischen Raritäten in unseren Wäldern. Aufgrund ihres hohen Licht- und Wärmebedarfs ist sie meist an Extremstandorte gebunden, wo die Konkurrenzkraft dominanter Baumarten deutlich nachlässt. Schwerpunktmäßig kommt die Wildbirne in wärmeliebenden Eichenwaldgesellschaften, in Gebüschgesellschaften (sonnige Hänge und Felsen) aber auch in regelmäßig überschwemmten, lichten Auwäldern vor (WINTERHOFF 1965; PASSARGE 1987; TÜRK 2000). Aufgrund dieser Eigenschaften stoßen Baumarten wie die Wildbirne auch in der Forstpraxis auf vermehrtes Interesse, insbesondere als Alternativbaumarten zur Schaffung stabiler und klimatoleranter Wälder. Obwohl die Wildbirne forstwirtschaftlich bislang kaum eine Rolle spielt, kann sie an entsprechenden Standorten zu interessanten waldbaulichen Bildern beitragen und wertvolles Holz produzieren. So berichten ABT et al. (2022) von vorwüchsigen Wildbirnen in einem 28- bis 35-jährigen Traubeneichenbestand auf trockenem Standort. Hier zeigte sich die Toleranz der Wildbirne gegenüber mangelnden Niederschlägen: Während die Trockenphasen der Jahre 2018-2021 den Traubeneichen durch frühe Verfärbung und Blattfall stark zusetzten, erwiesen sich die Wildbirnen bis in die Herbstmonate als äußerst vital und satt grün belaubt.

Die Wildbirne ist in unseren Wäldern nicht nur sehr selten, sie gehört in einigen Bundesländern auch zu den gefährdeten Baumarten (NLWKN 2021; ROMAHN 2021). Die Ursachen dafür sind vielfältig. Ein Grund ist die geringe Verfügbarkeit geeigneter, natürlicher Habitate. Diese Situation hat sich durch menschliche Eingriffe in Landschaftsstrukturen sowie durch Veränderungen forstwirtschaftlicher Betriebsformen in den letzten Jahrhunderten nochmals deutlich verschärft. Insbesondere die Umstellung von Nieder- und Mittelwäldern auf den Hochwaldbetrieb hat dazu beigetragen, dass diese lichtbedürftige und vergleichsweise konkurrenzschwache Baumart heute nur sehr vereinzelt oder in kleinen, stark fragmentierten Populationen vorzufinden ist (SCHULZE et al. 2013). Aus genetischer Sicht verringert die damit einhergehende Isolierung der Vorkommen die effektiven Populationsgrößen und fördert Drift- und Inzuchteffekte, die zu einer Reduktion der genetischen Variation und herabgesetzter Fitness führen können (KLEINSCHMIT 1998; KLEINSCHMIT et al. 1998). Neben den ökologisch-genetischen Ursachen besteht ein weiterer wesentlicher Gefährdungsgrund in der Hybridisierung mit den sehr viel häufigeren Kulturbirnen (*Pyrus communis*) (WOLF UND BUNDESLÄNDER-ARBEITSGRUPPE FORSTLICHE GENRESSOURCEN UND FORSTSAATGUTRECHT 2020). Dieses Problem ist auch schon für den Wildapfel belegt (WAGNER und WEEDEN 2000; WAGNER et al. 2004; HÖLTKEN et al. 2014, 2017). In verschiedenen Studien am Wildapfel zeigte sich, dass genetische Introgression aus Zuchtsorten zur Verdrängung bzw. zum Verlust arttypischer und anpassungsrelevanter Eigenschaften führen kann (FEURTEY et al. 2017; AHL et al. 2021).

Um die heimische genetische Vielfalt (Anpassungspotenzial) und damit bestehende Populationen von *P. pyrauster* auch langfristig in ihrer Existenz zu sichern, sind daher Maßnahmen zur Erhaltung der Wildform dringend geboten. In dem Zusammenhang sollte aber nicht ausschließlich der Gen-erhalt dieser Baumart im Vordergrund stehen. Auch die Bereitstellung hochwertigen Pflanzguts für die Forstpraxis und für naturschutzfachliche Aufgaben (Rekonstruktion natürlicher Vegetationsgesellschaften, Renaturierungsmaßnahmen) sollte gewährleistet werden. Denn Wildbirnen unterliegen nicht dem Forstvermehrungsgutgesetz, so dass Vermehrungsgut dieser Baumart meist nicht in entsprechender Qualität und Quantität verfügbar ist.

Von essenzieller Bedeutung ist zunächst eine möglichst eindeutige Unterscheidung von Wild- und Kulturformen. Eine rein morphologische Ansprache stellt sich als problematisch dar, da stets die Gesamtheit aller Merkmale (Früchte, Blätter, Blüten etc.) betrachtet werden sollte und diese nicht zeitgleich verfügbar sind. Ferner wird darauf hingewiesen, dass auch die Bäume, die allen genannten Merkmalsanforderungen entsprechen und phänotypisch wie die Wildform erscheinen, genotypisch nicht unbedingt reine Wildbirnen darstellen müssen (HOFMANN 1993). Deshalb sollten in Kombination mit morphologischen Merkmalen auch stets umweltunabhängige, genetische Merkmale genutzt werden.

Heute erlauben DNA-basierte Verfahren eine jahreszeitenunabhängige Untersuchung bei gleichzeitig höherem Probendurchsatz. Im Rahmen eines von der BLE (Bundesamt für Ernährung und Landwirtschaft) finanzierten Projekts zur »Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland« konnte in den Jahren 2010 bis 2013 nicht nur eine erste molekulargenetische Inventur über die tatsächlich im Wald vorhandenen Vorkommen der Wildbirne durchgeführt werden, es entstand auch ein wichtiges DNA-Archiv für weitere wissenschaftliche Arbeiten (BLE 2013). Auf der Basis dieser umfangreichen Materialsammlung sollen in dieser Studie folgende Themenbereiche näher untersucht werden:

- DNA-basierte Differenzierung des einheimischen Wildtyps *Pyrus pyrauster* von Kultursorten und deren Hybriden unter besonderer Berücksichtigung bayerischer Vorkommen
- Genetische Vielfalt von *In-situ*-Vorkommen unter Berücksichtigung des gemischten Reproduktionssystems der Wildbirne (generative und vegetative Ausbreitungsstrategien über Samen bzw. Wurzelbrut)
- Bedeutung von *In-situ*-Vorkommen und *Ex-situ*-Beständen (Samenplantagen) zur Erhaltung und Erzeugung genetischer Vielfalt heimischer genetischer Ressourcen der Wildbirne

Material und Methoden

Pflanzenmaterial

Im Rahmen eines von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) finanzierten Projektes wurden in den Jahren 2010 bis 2013 zehn seltene Baumarten, darunter die Wildbirne, bundesweit erfasst und dokumentiert (BLE 2013). Für die genetische Analyse wurden potenziell

„wildnahe“ Vorkommen ausgewählt. Aus dieser Referenzsammlung sind 712 Proben in diese Studie eingegangen. Weitere 232 potenzielle Wildbirnen wurden im Jahr 2023 vom Amt für Waldgenetik (AWG, Teisendorf) in Bayern erfasst und beprobt. Neben diesen *In-situ*-Vorkommen wurde auch *Ex-situ*-Material (17 Wildbirnen) aus zwei Erhaltungssamenplantagen des AWG genetisch analysiert. Eine Übersicht über die untersuchten Wildbirnenbestände ist in Tabelle 2 zu finden.

Um die heimische Wildform *P. pyraeaster* von den Kultursorten zu unterscheiden und mögliche Hybridisierung abzuschätzen, wurden auch Zuchtsorten der Birne (*P. communis*) in die Analysen aufgenommen, welche in verschiedenen Baumschulen und Birnensortengärten eingesammelt wurden. Neben wichtigen Anbausorten wie Conference, Abate Fetel, Williams Christ, Vereinsdechantbirne und Jules Guyot, die allein über 50% der Anbaufläche in Europa ausmachen, wurden noch 92 weitere Kultursorten der Birne genetisch untersucht (insgesamt 97 Kulturbirnen-Sorten). Eine vollständige Liste der untersuchten Kulturbirnen ist an der NW-FVA Hann. Münden (Abt. Waldgenressourcen) erhältlich.

Laboranalytik

Für die DNA-Extraktion wurde ausschließlich herbar-getrocknetes Blattmaterial verwendet. Im Anschluss an die DNA-Aufreinigung wurden zwölf Kern-Mikrosatelliten (nSSRs = nuclear simple sequence repeats) mit Hilfe der PCR-Technik amplifiziert (Details an der NW-FVA, Abteilung. Waldgenressourcen erhältlich). Die Auftrennung der nSSRs nach Fragmentlängen wurde mit Hilfe der Kapillar-Elektrophorese an einem Beckman-Sequenzierautomaten (8 Kapillaren) durchgeführt.

Populationsgenetik und Statistik

- **Natürliche Klonbildung über Wurzelbrut**

Die Genotypdaten wurden als genind Objekt in R (R Core Team 2021) geladen. Mit Hilfe der Funktion *mlg* des R-Paketes *poppr* v. 2.9.5 (KAMVAR et al. 2014, 2015) wurden die Multilocus-Genotypen identifiziert und somit vegetative Vermehrung in den verschiedenen Beständen quantifiziert. Danach wurden die Daten bereinigt, in dem pro Genotyp nur eine Probe im Datensatz behalten wurde.

- **Unterscheidung von Wildbirne und Kulturbirne, Populationsstrukturen**

Mithilfe des Programms STRUCTURE 2.3.4 (PRITCHARD et al. 2000) wurde eine Clusteranalyse durchgeführt, die sich nicht nur für die Gruppierung von Individuen in verschiedene taxonomische Einheiten (Arten, Hybridanteile etc.), sondern auch für die Analyse von Populationsstrukturen und Reproduktionsverhältnissen eignet. Das Programm ermöglicht eine Quantifizierung der genetischen Mischungsanteile jedes einzelnen Individuums und die individuelle Zuordnung zu verschiedenen genetischen Clustern (PRITCHARD et al. 2000; FALUSH et al. 2003). Basierend auf diesen STRUCTURE-Ergebnissen wurden dann alle Bäume identifiziert, welche eine Kulturbirnenzugehörigkeit von $\geq 25\%$ zeigten. Für die folgenden Analysen wurden alle Kulturbirnen, sowie Individuen mit einer Zugehörigkeit von $\geq 25\%$ zum Kulturbirnencluster

entfernt. Der bereinigte Datensatz wurde dann erneut mit STRUCTURE analysiert, um die bundesweiten geographisch-genetischen Strukturen zu charakterisieren.

- **Genetische Variationsparameter**

Zur Charakterisierung der genetischen Vielfalt wurden im bereinigten Datensatz (ausschließlich Wildformen) die Parameter *Allelic Richness* (= Allelreichtum A_R , für eine standardisierte Probengröße von 16 Allelkopien) und erwartete Heterozygotie (H_e) berechnet.

Ergebnisse und Diskussion

Klonbildung innerhalb von Wildbirnenbeständen

Da die Wildbirne, wie auch die anderen einheimischen Baumarten aus der Familie der Rosengewächse, zur vegetativen Verjüngung über Wurzelasläufer (Wurzelbrut) und Stockausschlag befähigt ist, stellt sich zunächst die Frage, aus wie vielen unterschiedlichen Genotypen die einzelnen Vorkommen überhaupt bestehen. Dies war für die meisten Bestände bereits bekannt (BLE 2013), so dass wir diese Analyse nur für die neuen Proben aus Bayerischen Beständen in dieser Studie durchgeführt haben (Tab. 1):

In allen Beständen außer in BY-6 wurden einzelne Genotypen mit mehreren Individuen identifiziert. Insbesondere in BY-9 wurden neun Genotypen mit mehreren Individuen, einer davon sogar mit 18 Rameten entdeckt. In einem Bestand (BY 10) zeigt sich, dass vegetative Vermehrung die Anzahl an Genotypen sehr deutlich reduzieren kann. Von neun gefundenen Bäumen bleiben nach der genetischen Analyse nur drei Genotypen übrig, von denen einer mit sieben Rameten deutlich überwiegt. In den anderen Beständen war die vegetative Vermehrung deutlich geringer ausgeprägt.

Der Anteil an genetisch identischen Individuen kann sowohl die genetische Vielfalt des Altbestandes als auch dessen reproduktive Eigenschaften beeinflussen. Denn (Wild-) Obstarten besitzen generell ein Selbstinkompatibilitätssystem, das eine Befruchtung durch Pollen klongleicher (genetisch identischer) Bäume vollständig ausschließt. Diese Eigenschaft dient nicht nur der Vermeidung von Inzucht, sondern indirekt auch einem sehr effizienten Genaustausch zwischen Vorkommen (vgl. auch Arbeiten zur Vogelkirsche (HÖLTGEN 2005)). Letzteres ist gerade für die Wildbirne im Hinblick auf ihr sehr zerstreutes Vorkommen für die Aufrechterhaltung genetischer Vielfalt von großer Bedeutung. Gleichzeitig sind räumlich isolierte, klongleiche Baumgruppen bei der generativen Vermehrung ausschließlich auf externe Pollenquellen angewiesen. Es kann deshalb vermutet werden, dass Bestände, die aus ehemaliger Nieder- und Mittelwaldwirtschaft hervorgegangen sind und damit einen erhöhten Anteil an Individuen aus vegetativer Vermehrung aufweisen, auch anfälliger gegenüber Pollenkontamination aus Kulturbirnenvorkommen sind. Wie groß der Anteil der Kulturbirne an den Bestäubungen tatsächlich ausfällt, muss durch genetische Analysen an Nachkommenschaften aber noch näher untersucht werden. Dieser Aspekt ist hinsichtlich der Eignung eines Vorkommens als Saatgutquelle von großer Bedeutung, da nur durch die Verwendung der reinen Wildform eine optimale Anpassung der Pflanzen an unsere Waldökosysteme gewährleistet werden kann.

Tabelle 1: Übersicht der Anzahl beprobter Wildbirnen in den Bayerischen Beständen

Table 1: Overview of the number of sampled wild pear specimens in the Bavarian stands

Bestand, Standort	Individuen gesamt	Genotypen gesamt	Genotypen Wildform	Anzahl Ramets pro Klon (min [≥ 2] - max)
BY-1 (Kitzingen)	30	29	29	2
BY-2 (Uffenheim)	30	29	29	2
BY-3 (Schlossberg Kallmünz)	48	46	43	2
BY-4 (NSG Brandlberg)	48	47	42	2
BY-5 (FFH-Teilgebiet Oberndorfer Hänge)	44	38	35	2-3
BY-6 (NSG Isaraltwasser & Brennenbereich bei Mamming)	5	5	5	keine Verklonung
BY-7 (NSG Isarauen bei Gobon)	12	11	11	2
BY-8 (Steinbruch Helmberg, Gemeinde Steinach)	18	7	7	4-5
BY-9 (NSG Bogenberg bei Bogen)	48	18	16	2-18
BY-10 (?)	9	3	3	7

Die beiden Samenplantagen haben wir in Tab. 1 nicht aufgeführt, da hier die einzelnen Genotypen immer in mehrfacher Kopie vorliegen, und zwar über Veredelung auf ausgewählte Unterlagen (z.B. Pyrodwarf). Eine randomisierte Anordnung der einzelnen Klone soll optimale reproduktive Verhältnisse innerhalb der Samenplantage gewährleisten (Bestäubung, Weitergabe genetischer Vielfalt an die Folgegeneration). Dennoch sollten auch Samenplantagen einer genetischen Qualitätskontrolle unterzogen werden, um den Fremdpolleneintrag (insb. Introgression der Kulturbirne) zu quantifizieren und damit einen möglichst hohen Anteil der Wildform im Saatgut garantieren zu können.

Unterscheidung der heimischen Wildbirne (*Pyrus pyraaster*) von Kulturbirnensorten (*Pyrus communis*)

Die Evaluierung wertvoller Bestände der Wildbirne zur Generhaltung bzw. für die künftige Nutzung als Saatgutquelle bedarf einer möglichst eindeutigen, genetischen Identifizierung der Wildform. In Abbildung 1 sind die Ergebnisse der STRUCTURE-Analyse dargestellt. Sowohl bei der Analyse aller Proben (bundesweite Sammlung von potenziellen Wildbirnen zuzüglich der Referenzsammlung von Kulturbirnen) als auch bei der Beschränkung auf die Proben aus bayerischen Vorkommen (zuzüglich der Kulturbirnen) hat sich gezeigt, dass sich die Probenkollektive in drei genetische Gruppen einteilen lassen, wobei die Kulturbirnen eine eigene Gruppe darstellen (Farbe Gelb in Abbildung 1) und die Wildbirnen sich in zwei Gruppen (Farben blau und grün in Abbildung 1) aufteilen lassen.

In Abbildung 1 sind die Kulturbirnen jeweils am rechten Rand der Abbildung angeordnet. Die Wildbirnen sind nach Vorkommen angeordnet, bei der bundesweiten Auswertung nach Bundesländern gruppiert. Jeder Genotyp ist durch eine senkrechte Linie dargestellt, wobei die Farbanteile die Wahrscheinlichkeiten für die Zugehörigkeit zur jeweiligen genetischen Gruppe darstellt. Insgesamt lässt sich feststellen, dass sich die meisten Kulturbirnensorten recht deutlich von den bundesweit erfassten, potenziellen Wildbirnen differenzieren (Farbanteile in Abbildung 1, oben). Insbesondere die am häufigsten angebauten, wirtschaftlich bedeutenden Sorten (Abate Fetel, Conference, Gute Luise, Gellerts Butterbirne, Clapps Liebling, Williams Christ, Vereinsdechant etc.) werden eindeutig

einem eigenen Cluster (gelb) zugeordnet. Es gibt aber auch einige (wenige) Kultivare, die größere genetische Mischungsanteile der potenziellen Wildbirnen enthalten (grün, blau). Dabei handelt es sich vielfach um Zufallssämlinge, wie z.B. die im Jahr 1860 in Trier entdeckte 'Sievenicher Mostbirne', die durch ihre kreisrunden, 4 bis 5 cm kleinen Früchte auffällt, oder aber auch seltene Kulturbirnen oder Landrassen wie z.B. die Leipziger Rettichbirne, die Petersbirne oder auch die Rote Bergamotte.

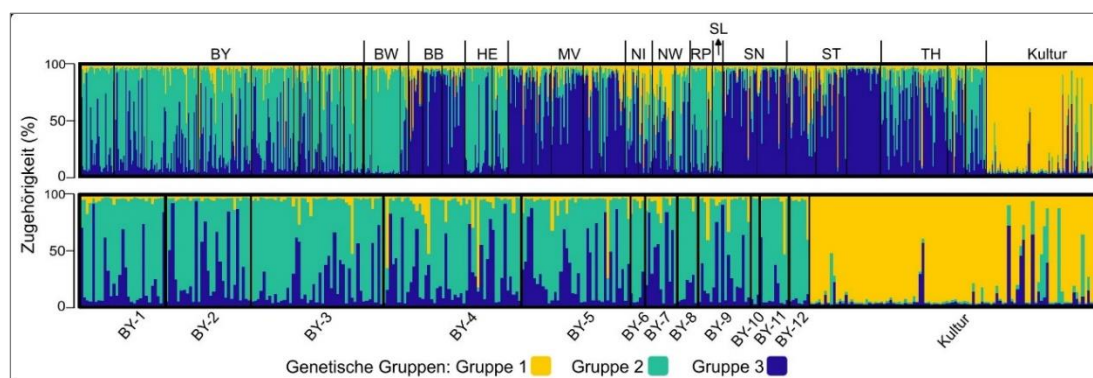


Abbildung 1: Graphische Darstellung der anteiligen Zugehörigkeit eines jeden Genotyps (senkrechte Linie) zu einer der drei genetischen Gruppen für den gesamten Datensatz (n= 797 oben) und für die bayerischen Proben (n=249, unten), jeweils zuzüglich der Kulturbirnen (n=97).

- ⇒ die anteiligen Farbkomponenten jedes Genotyps stellen die Zugehörigkeit zu den genetischen Gruppen dar (gelb: Kulturbirnen, grün, blau: Wildbirnen);
- ⇒ die potenziellen Wildbirnen der verschiedenen Bestände und die Kulturbirne sind durch schwarze Balken voneinander getrennt;
- ⇒ BY-11 und BY-12 sind die beiden Bayerischen Samenplantagen

Figure 1: Graphical representation of the proportion of each genotype (vertical line) belonging to each of the three genetic groups, for the entire data set (n= 797, top), and for the Bavarian samples (n=249, bottom), in each case plus the cultivated pears (n=97).

- ⇒ the proportional colour components of each genotype represent the genetic groups (yellow: cultivated pears; green and blue: wild pears);
- ⇒ the potential wild pears of the different stands and the cultivated pears are separated by black lines
- ⇒ BY-11 and BY-12 are the two Bavarian seed orchards

Insgesamt lässt sich schlussfolgern, dass die europäische Wildbirne an der Züchtung der vielen europäischen Kultursorten kaum eine entscheidende Rolle gespielt haben kann. Auch eine auf DNA-Markern basierende Studie von REIM et al. (2017) an sieben potenziellen Wildbirnen-Vorkommen Sachsens und 27 Kulturbirnensorten erbrachte eine hohe Trennschärfe. Diese Datenlage ist ein wichtiger Hinweis darauf, dass die meisten Kulturbirnensorten eher westasiatischen Ursprungs sind (Kaukasus, Kleinasien). Da allerdings keine Referenzen für die europäische „Ur-Wildbirne“ verfügbar sind und aus den erhobenen molekulargenetischen Daten nur Schätzungen des Art- bzw. Hybridstatus abgeleitet werden können, werden weitere Untersuchungen unter Einbeziehung der o.g. asiatischen Arten künftig erforderlich sein. HOFMANN (1993) nennt z.B. *Pyrus nivalis* JACQ., *P. salicifolia* PALL., *P. elaeagrifolia* PALL., *P. amygdaliformis* VILL. und *P. syriaca* BOISS als wesentliche Ausgangsarten für die heutigen Sorten von *P. communis*. Weitere asiatische Arten, wie z.B. *P.*

serotina REHD., *P. ussuriensis* MAXIM. und *P. bretschneideri* REHD. sollen zu einem späteren Zeitpunkt zur Erhöhung der Resistenz gegenüber verschiedenen Krankheiten eingekreuzt worden sein.

Damit stehen die mit DNA-Markernsystemen erzielten Ergebnisse in einem deutlichen Gegensatz zu den Aussagen von LUCKE et al. (1992), die die Abstammung unserer Birnen-Kultursorten hauptsächlich der heimischen Wildbirne zuschreiben. Verschiedene genetische Studien haben diese Hypothese zwar zunächst bestätigt, allerdings liegt die dort gefundene geringe Differenzierbarkeit zwischen Wild- und Kulturbirne eher in der allgemein geringeren Variabilität des gewählten Genmarkers (Isoenzyme in der Studie von WAGNER und BÜTTNER (2019)) oder aber in der zu geringen Anzahl an analysierten Genloci (BLE 2013) begründet.

Genetische Introgression in bayerischen Beständen

Genotypen mit einem Kulturbirnenanteil von $\geq 25\%$ wurden in dieser Arbeit als Kulturform bzw. Hybriden zwischen Wild- und Kulturform beschrieben und aus weiteren Analysen zur genetischen Vielfalt der Wildbirnenbestände ausgeschlossen. In Bayern zeigte sich, dass innerhalb der Bestände keine oder nur wenige Individuen in diese Kategorie fallen (Abbildung 1, unten). In den Beständen BY-1, BY-2, BY-6, BY-7, BY-8 und BY-10 wurden alle gefundenen Genotypen der Wildform zugeordnet. In den übrigen Beständen konnte bei ca. 6 bis 11% der Genotypen ein erhöhter Anteil der Kulturbirne festgestellt werden (siehe auch Tab. 1). In den Bayerischen Samenplantagen (BY-10 und BY-11) wurde ebenfalls jeweils ein Genotyp mit erhöhtem Kulturbirnenanteil ($>25\%$) identifiziert.

Genotypen mit erhöhtem Anteil der Kulturform sollten auf jeden Fall aus dem reproduktiven Geschehen entfernt werden, wenn ein Vorkommen als Saatgutbestand für die Produktion von Vermehrungsgut der Wildbirne dienen soll. Inwiefern Klonstrukturen die genetische Introgression durch Kulturbirnen beeinflussen und sich Hybridisierung negativ auf die ökologischen Eigenschaften unserer heimischen Wildbirne auswirkt, ist aber ebenfalls noch näher zu untersuchen (vgl. Studien zum Wildapfel von AHL et al. 2021).

Genetische Vielfalt innerhalb der Bestände

Die Berechnungen zur genetischen Vielfalt erfolgten ausschließlich an Genotypen, die zuvor als reine Wildbirnen ($\leq 25\%$ Kulturbirnenanteil) identifiziert wurden (siehe Tab. 2). Ferner wurden die genetischen Vielfaltsparameter erst ab Bestandsgrößen von mindestens 10 Genotypen kalkuliert, um Verfälschungen durch Stichprobeneffekte zu vermeiden.

Dabei ergab sich für die genetische Diversität der einzelnen Wildbirnenbestände ein recht inhomogenes Bild. Der größte Wert für die Allelic Richness (Allelreichtum) zeigte sich im Bestand BY-7 (NSG Isarauen bei Goben) mit einem Wert von $A_R = 5,44$, der niedrigste im Bestand ST-4 (Steckby) mit einem Wert von $A_R = 3,55$. Das gleiche gilt für Werte der erwarteten Heterozygotie H_e . Der höchste Heterozygotiewert wurde für den Bestand BW-2 (Küssaberg) mit $H_e = 0,74$, die niedrigsten für die Bestände MV-1 (Rügen) und ST-4 (Steckby) mit jeweils $H_e = 0,54$ berechnet. Dieser große Schwankungsbereich, der auch bei vielen anderen seltenen Baumarten beobachtet werden kann

(HÖLTKE et al. 2017), ist meist auf geringe effektive Populationsgrößen und damit auf stochastische Prozesse wie Gendrift und geringen Genfluss zwischen Beständen zurückzuführen.

Die bayerischen Bestände zeigten insgesamt konstant hohe, mitunter auch die höchsten genetischen Vielfaltswerte aller bundesweit untersuchten Bestände (A_R zwischen 4,53 und 5,44, H_e zwischen 0,63 und 0,68). Negative Ausreißer, wie z.B. in den Vorkommen MV-1, MV-7, SN-2 und ST 4 mit Werten für A_R zwischen 3,55 und 3,93 und H_e zwischen 0,54 und 0,57 konnten in Bayern nicht beobachtet werden. Dennoch sollte bei der Ernte von Vermehrungsgut künftig darauf geachtet werden, dass ausreichend genetische Vielfalt auch an die Folgegenerationen weitergegeben wird. Dies kann nur durch genetische Analysen an Nachkommenschaften erfolgen. Gegebenenfalls müssen alternative Möglichkeiten der Saatguternte bzw. -produktion in Betracht gezogen werden, z.B. Saatgutmischungen aus verschiedenen Beständen oder die Etablierung weiterer genetisch vielfältiger Samenplantagen. Samenplantagen bieten gerade für seltene Baumarten wie die Wildbirne sowohl ökologisch-genetische als auch ökonomische Vorteile (HÖLTKE und ARNDT 2018; PAUL et al. 2020), wie z.B. die Schaffung effektiv großer Reproduktionseinheiten (genetische Vielfalt), die Möglichkeit der Rekonstruktion der genetischen Ausstattung einer Region (Anpassungsmuster), die Sicherstellung der Artreinheit und - bei entsprechender Pflege - auch technisch einfachere Beernungsmöglichkeiten.

Für die bayerischen Samenplantagen sind aufgrund zu geringer Klonanzahlen keine genetischen Vielfaltsmaße berechnet worden. In beiden Samenplantagen sind nur neun (BY-11) bzw. sechs (BY-12) Genotypen der reinen Wildbirne vorhanden.

Tabelle 2: Übersicht der bundesweit beprobten Bestände der Wildbirne mit Angabe von Populationsnummer (Pop. Nr.), Ort, Quelle des Probenmaterials, Breiten- und Längengrad (BG, LG), Anzahl unterschiedlicher Genotypen (GT) sowie die genetischen Vielfaltsparameter *Allelic Richness* (= Allelreichtum, A_R) und *erwartete Heterozygotie* (H_e); x = Wert nicht ermittelt, da Mindestprobenzahl oder Anzahl an Allelkopien nicht erreicht

Table 2: Overview of the wild pear populations sampled nationwide, including population number (Pop. Nr.), location, source of sample material, latitude and longitude (BG, LG), number of different genotypes (GT), and the genetic diversity parameters allelic richness (A_R) and expected heterozygosity (H_e); x = value not determined, as minimum sample number or number of allele copies not reached

Pop. Nr.	Ort	Probenmaterial	BG	LG	GT	A_R	H_e
BY-1	Kitzingen	BLE-Projekt	49,65	10,36	29	4,53	0,63
BY-2	Uffenheim	BLE-Projekt	49,58	10,32	29	4,85	0,65
BY-3	Schlossberg Kallmünz	AWG 2023	49,15	11,96	43	4,96	0,64
BY-4	NSG Brandlberg	AWG 2023	49,04	12,14	42	5,24	0,65
BY-5	FFH-Teilgebiet Oberndorfer Hänge	AWG 2023	48,95	12,01	35	5,00	0,67
BY-6	NSG Isaraltwasser & Brennenbereich	AWG 2023	48,65	12,59	5	x	x
BY-7	NSG Isarauen bei Goben	AWG 2023	48,67	12,65	11	5,44	0,69
BY-8	Steinbruch Helmberg, Gem. Steinach	AWG 2023	48,95	12,58	7	x	x
BY-9	NSG Bogenberg bei Bogen	AWG 2023	48,90	12,70	16	5,08	0,68
BY-10	keine Angabe	AWG 2023	48,52	13,71	3	x	x
BY-11	Samenplantage Lehm bach	AWG 2023	48,40	12,53	9	x	x
BY-12	Samenplantage Laufen-Lebenau	AWG 2023	47,95	12,90	6	x	x
BW-1	k.A.	BLE-Projekt	48,02	8,44	6	x	x
BW-2	Küssaberg	BLE-Projekt	47,60	8,38	25	5,40	0,74
BW-3	Uttingshof	BLE-Projekt	49,48	9,71	5	x	x
BB-5	Dannewitz	BLE-Projekt	52,73	13,70	9	x	x
BB-6	Paulinenaue	BLE-Projekt	52,66	12,75	17	4,40	0,63
BB-7	Märkische Schweiz	BLE-Projekt	52,57	14,01	19	4,85	0,68
HE-1	NSG Kühkopf-Knoblochsau	BLE-Projekt	49,82	8,39	24	5,03	0,70
HE-2	NSG Weißehöll	BLE-Projekt	50,72	8,31	13	x	0,63
MV-1	Rügen	BLE-Projekt	54,29	13,66	20	3,87	0,54
MV-2	Feldberger	BLE-Projekt	53,37	13,50	15	4,26	0,60
MV-3	InselVilm	BLE-Projekt	54,44	12,66	27	4,32	0,62
MV-6	Nossentiner Heide	BLE-Projekt	53,62	12,49	14	4,22	0,63
MV-7	NP Müritz	BLE-Projekt	53,45	12,77	20	3,79	0,55
NI-1	Ölper Wald	BLE-Projekt	52,31	10,92	8	x	x
NI-2	Siebenbergen	BLE-Projekt	52,02	9,82	6	x	x
NW-1	Beckum	BLE-Projekt	51,72	8,01	9	x	x
NW-2	Mechernich	BLE-Projekt	50,55	6,64	12	5,14	0,70
RP-1	Hördt	BLE-Projekt	49,18	8,35	15	5,07	0,71
RP-2	NSG Virneburg	BLE-Projekt	50,34	7,10	2	x	x
SL-1	Tholey	BLE-Projekt	49,44	7,00	8	x	x
SN-1	NSG Voigts Busch	BLE-Projekt	51,54	13,08	27	4,43	0,62
SN-2	Seydewitz	BLE-Projekt	51,42	13,17	23	3,93	0,57
ST-1	Altmark	BLE-Projekt	52,77	11,96	20	4,53	0,64
ST-2	Hakel	BLE-Projekt	51,89	11,31	23	4,59	0,61
ST-4	Steckby	BLE-Projekt	51,91	11,98	30	3,55	0,54
TH-1	Marienquell	BLE-Projekt	51,32	10,97	29	4,83	0,65
TH-2	Filsberg	BLE-Projekt	51,34	10,95	28	4,86	0,68
TH-3	Hörselberg	BLE-Projekt	50,95	10,46	13	5,13	0,72
TH-5	Straufhain	BLE-Projekt	50,34	10,72	16	4,68	0,67

Geographisch-genetische Strukturen

Bei der Einteilung der reinen Wildbirnen in genetische Gruppen traten in Deutschland deutliche geographisch-genetische Strukturen hervor (Abbildung 2). Insgesamt lassen sich die Vorkommen in drei regionale Gruppen aufteilen: Eine Gruppe (violett) überwiegt im südwestlichen Teil Deutschlands, eine zweite Gruppe (graublau) ist schwerpunktmäßig im Südosten vertreten und eine weitere Gruppe (hellgrün) dominiert in Nordostdeutschland. Der Nordwesten (Hessen, Saarland, Rheinland-Pfalz, Nordrhein-Westfalen) stellt eher eine Mischung aus den verschiedenen genetischen Gruppen dar.

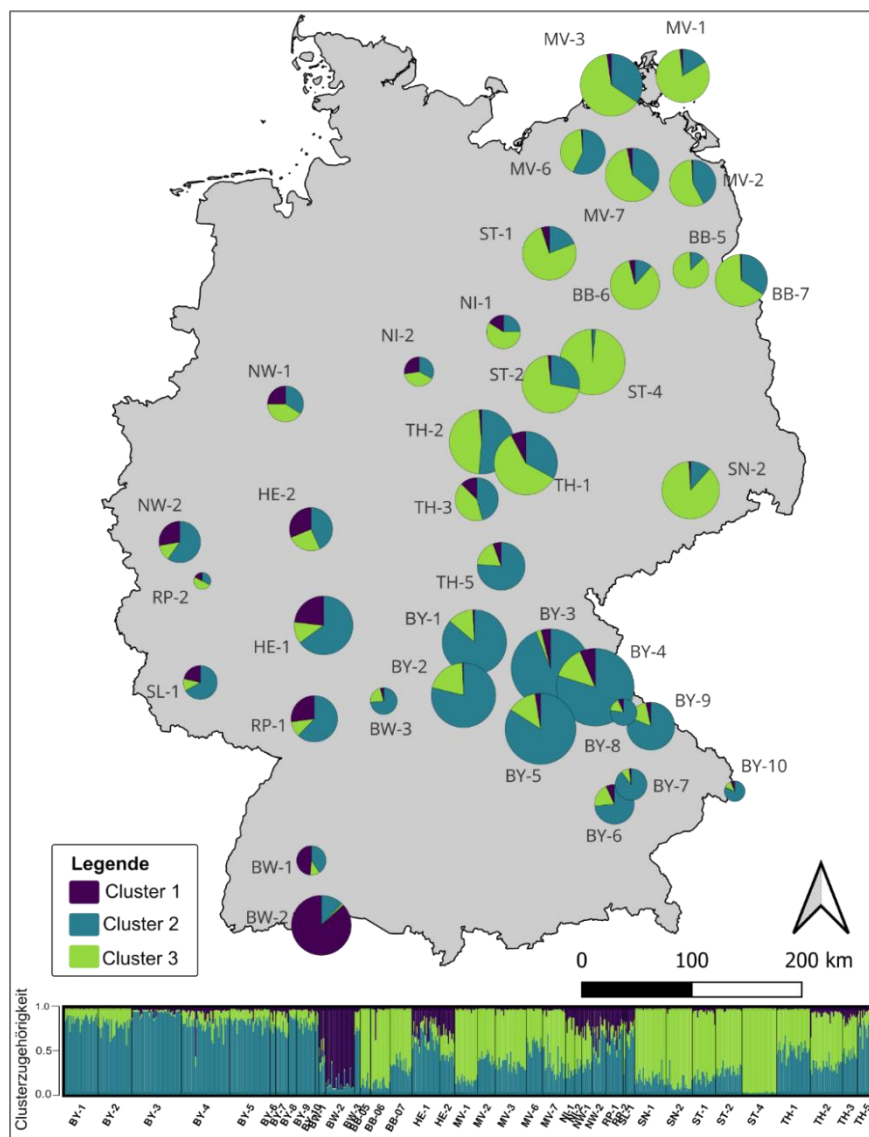


Abbildung 2: Die populationsgenetische Struktur der Wildbirne in Deutschland zeichnet sich durch drei genetische Gruppen aus. Gruppe 1 (violett) überwiegt in Südwestdeutschland, Gruppe 2 (grau-blau) ist schwerpunktmäßig in Südostdeutschland vorhanden und Gruppe 3 (hellgrün) überwiegt in Nordostdeutschland.

Figure 2: The population genetic structure of wild pear in Germany is characterised by three genetic groups. Group 1 (purple) predominates in south-western Germany, group 2 (greyish blue) is mainly found in south-eastern Germany and group 3 (light green) predominates in north-eastern Germany.

Insgesamt fällt diese genetische Struktur aber nicht so stark aus wie bei anderen seltenen Baumarten wie z.B. dem Wildapfel. Beim Wildapfel konnten in Deutschland klar mehrere genetische Gruppen identifiziert werden, deren geographische Gliederung auffallende Ähnlichkeit mit den Vorkommensgebieten im Naturschutzrecht aufweisen, die auf die Einteilung von SCHMIDT und KRAUSE 1997 zurückgehen. Die Studie am Wildapfel untermauerte die Bedeutung von Herkunftsgebieten für die Auswahl von Vermehrungsgut, auch bei wirtschaftlich nicht relevanten Baumarten (HÖLTKEN et al. 2014, 2017). Bei der Wildbirne ist zwar eine deutlich schwächere Struktur erkennbar, dennoch ist auch bei dieser Art die Verwendung regionaler Herkünfte empfehlenswert.

Innerhalb Bayerns sind mit den hier verwendeten genetischen Markern keine bedeutsamen Unterschiede zwischen den Vorkommen zu erkennen. Ein Transfer von Vermehrungsgut innerhalb Bayerns erscheint daher unkritisch, auf die Verwendung von Saat- und Pflanzgut aus anderen Regionen sollte eher verzichtet werden, um die möglichen regionalen Anpassungsmuster nicht zu beeinträchtigen.

Literatur

- ABT, A.; KIRSCHENLOHR, G.; GMEINER, W. et al (2022): Wildbirnen in einem jungen Traubeneichenbestand. *AFZ/Der Wald* 16:28–30.
- AHL, L.; AAS, G.; WALENTOWSKI, H. et al (2021): Niche differentiation between *Malus sylvestris* and its hybrid with *Malus domestica* indicated by plant community, soil and light. *J Vegetation Science* 32:e13078. <https://doi.org/10.1111/jvs.13078>
- BLE (2013): Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland. Endbericht Wildbirne (*Pyrus pyraaster*). Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BLE).
- FALUSH, D.; STEPHENS, M.; PRITCHARD, J.K. (2003): Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164:1567–1587. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01758.x>
- FEURTEY, A.; CORNILLE, A.; SHYKOFF, J.A. et al (2017): Crop-to-wild gene flow and its fitness consequences for a wild fruit tree: Towards a comprehensive conservation strategy of the wild apple in Europe. *Evolutionary Applications* 10:180–188. <https://doi.org/10.1111/eva.12441>
- HARDY, O.J.; VEKEMANS, X. (2002): spagedi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular Ecology Notes* 2:618–620. <https://doi.org/10.1046/j.1471-8286.2002.00305.x>
- HOFMANN, H. (1993): Zur Verbreitung und Ökologie der Wildbirne (*Pyrus communis* L.) in Südniedersachsen und Nordhessen sowie ihrer Abgrenzung von verwilderten Kulturbirnen (*Pyrus domestica* MED.). *Mitteilungen der Deutschen Dendrologischen Gesellschaft* 81:27–69
- HÖLTKEN, A.M. (2005): Genetische Untersuchungen zu Voraussetzungen und Konsequenzen einer rezedenten Lebensweise am Beispiel der Vogelkirsche (*Prunus avium* L.). Dissertation, Georg-August-Universität Göttingen, Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie.
- HÖLTKEN, A.M.; ARNDT, H.J. (2018): Erhaltung und Vermehrung seltener Baumarten. In: *Waldzustandsbericht 2018*. Hrsg.: HMKLV (Hessen) S. 43-46, MELV (Niedersachsen) S. 43-46, MULE (Sachsen-Anhalt) S. 43-46, MELUND (Schleswig-Holstein) S. 39-42.
- HÖLTKEN, A.M.; HENNIG, A.; KLEINSCHMIT, J. et al (2017): Erhaltung und Produktion gebietseigener genetischer Vielfalt in Ex-situ-Populationen: Umsetzung der Ergebnisse aus DNA-Studien am Wildapfel (*Malus sylvestris* (L.) MILL.). *Naturschutz und Landschaftsplanung* 49:126–134.

- HÖLTKE, A.M.; STEINER, W.; KLEINSCHMIT, J. (2014): Artintegrität und geographisch-genetische Strukturen des heimischen Wildapfels (*Malus sylvestris* (L.) Mill.). Allgemeine Forst- und Jagdzeitung 11/12:285–296.
- KAMVAR, Z.N.; BROOKS, J.C.; GRÜNWARD, N.J. (2015): Novel R tools for analysis of genome-wide population genetic data with emphasis on clonality. Front Genet 6: <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00208>
- KAMVAR, Z.N.; TABIMA, J.F.; GRÜNWARD, N.J. (2014): *Poppr*: an R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. PeerJ 2:e281. <https://doi.org/10.7717/peerj.281>
- KLEINSCHMIT, J. (1998): Die Wildbirne - Baum des Jahres 1998. Forst und Holz 53:35–39
- KLEINSCHMIT, J.; STEPHAN, R.; WAGNER, I. (1998): Wild fruit trees (*Prunus avium*, *Malus sylvestris* and *Pyrus pyraaster*) genetic resources conservation strategy.
- LUCKE, R.; SILBEREISEN, R.; HERZBERGER, E. (1992): Obstbäume in der Landschaft. Eugen Ulmer.
- NLWKN (2021): Arten-Referenzliste der Gefäßpflanzen (Tracheophyta) für Niedersachsen und Bremen, Stand 19.01.2021. www.nlwkn.niedersachsen.de/artenreferenzlisten
- PASSARGE, H. (1987): Wildobst-Gehölzgesellschaften. Tuexenia 7:381–410.
- PAUL, M.; STEINER, W.; SCHLEICH, S. et al (2020): Samenplantagen und Mutterquartiere als Beitrag zur Biologischen Vielfalt. In: Waldzustandsbericht. HMKLV (Hessen) S. 35-38, MELV (Niedersachsen) S. 31-34, MULE (Sachsen-Anhalt) S. 32-35, MELUND (Schleswig-Holstein).
- PRITCHARD, J.K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. (2000): Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. Genetics 155:945–959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>
- PUECHMAILLE, S.J. (2016): The program structure does not reliably recover the correct population structure when sampling is uneven: subsampling and new estimators alleviate the problem. Molecular Ecology Resources 16:608–627. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12512>
- R CORE TEAM (2021): R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- REIM, S.; LOCHSCHMIDT, F.; PROFT, A. et al (2017): Species delimitation, genetic diversity and structure of the European indigenous wild pear (*Pyrus pyraaster*) in Saxony, Germany. Genet Resour Crop Evol 64:1075–1085. <https://doi.org/10.1007/s10722-016-0426-8>
- ROMAHN, K.S. (2021): Rote Liste: (Datenstand: 12.2019) / Autorin: Dr. Katrin Romahn. Band 2: Die Farn- und Blütenpflanzen Schleswig-Holsteins, 5. Fassung. Landesamt für Landwirtschaft, Umwelt und ländliche Räume des Landes Schleswig-Holstein, Flintbek.
- SCHMIDT, P.A.; KRAUSE, A. (1997): Zur Abgrenzung von Herkunftsgebieten bei Baumschulgehölzen für die freie Landschaft. Natur und Landschaft 72:92–95.
- SCHULZE, T.; KÄTZEL, R.; SCHRÖDER, J. (2013): Die Wild-Birne (*Pyrus pyraaster*) in Deutschland - Ergebnisse einer bundesweiten Inventur. In: Archiv für Forstwesen und Landschaftsökologie. Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE) und Hochschule für nachhaltige Entwicklung Eberswalde (FH).
- TÜRK, W. (2000): Wildbirne (*Pyrus pyraaster*) und Wildapfel (*Malus sylvestris*) als Bestandteil einheimischer Gehölzgesellschaften. In: Beiträge zur Wildbirne. Bayrische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft
- WAGNER, I.; BÜTTNER, R. (2019): Hybridization in wild pear (*Pyrus pyraaster*) from various regions in Germany and from Luxembourg with respect to *Pyrus* × *communis*. Acta Hort 427–434. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2019.1242.61>
- WAGNER, I.; TABEL, U.; SCHMITT, H.P.; MAURER, W.D. (2004): Genetische Struktur von Wildäpfeln (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) aus Rheinland-Pfalz und Nordrhein-Westfalen im Vergleich zu Kulturäpfeln (*Malus* × *domestica* Borkh.). Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz 52/04:224–230.
- WAGNER, I.; WEEDEN, N.F. (2000): Isozymes in *Malus sylvestris*, *Malus domestica* and in related *Malus* species. Acta Hort 51–56. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2000.538.3>
- WINTERHOFF, W. (1965): Die Vegetation der Muschelkalkfelshänge im hessischen Werrabergland. Veröffentlichungen der Landesstelle Naturschutz Baden-Württemberg 33:

WOLF, H.; BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE FORSTLICHE GENRESSOURCEN UND FORSTSAATGUTRECHT (2020): Netzwerk Wildobst: Möglichkeiten und Grenzen der In-situ-Erhaltung von verwandten Wildarten am Beispiel von Wildobstarten in Wald und Forstwirtschaft. Julius-Kühn-Archiv Nr. 466:57-67 p.
<https://doi.org/10.5073/JKA.2020.466.005>

ZüF- erstes Zertifizierungssystem für forstliches Vermehrungsgut - von der Idee zur Umsetzung

Monika Konnert und Eva Cremer

Zusammenfassung Seit nunmehr 22 Jahren existiert das erste Zertifizierungssystem für die Verbesserung der Herkunftssicherheit von forstlichem Vermehrungsgut in Deutschland, heute allgemein als „ZüF“ bekannt. In engem Zusammenspiel von Forstverwaltungen, Baumschulbranche und Wissenschaft wurde in den Jahren 1998-2002 ein auf Rückstellproben, genetischen Vergleichen und Datenbank-Dokumentation basierendes Kontrollsystem etabliert, um die gesetzlichen Regelungen für forstliche Herkunftssicherheit zu ergänzen. Angefangen mit Isoenzym-Analysen werden die genetischen Untersuchungen an den Rückstellproben heute auf DNA-Basis in modernen Laboren durchgeführt. Vor dem Hintergrund des wachsenden Bedarfs an Forstpflanzen für einen klimagerechten Waldumbau leistet das Zertifizierungs-System mit der Bereitstellung von Vermehrungsgut überprüfbarer Herkunft jetzt und zukünftig einen wichtigen Beitrag. Daher wird die Baumartenpalette über die anfänglichen FoVG-Baumarten hinaus stetig erweitert und erste ZüF-Ernten im Ausland durchgeführt.

Schlüsselwörter Forstliche Herkunftssicherung, Zertifizierungsverfahren, überprüfbare Herkunft

Abstract The first certification system for improving the provenance security of forest reproductive material in Germany, commonly known as “ZüF”, has now been in existence for 22 years. In close cooperation between forest administrations, forest nurseries and the scientific community, a control system based on reserve samples, genetic comparisons and database documentation was developed between 1998 and 2002 to complement existing legal regulations ensuring the safety of forest provenances. Starting with isoenzyme analyses, the genetic investigations of the reserve samples are now carried out on the basis of DNA in modern laboratories. Given the growing demand for climate-adapted forest plants, the forest certification system is already playing and will continue to play a key role in the conversion to a climate-appropriate silviculture by providing forest reproductive material of verifiable and reliable provenance. The list of tree species is thus continually being expanded beyond the initial FoVG-tree-species, and the first ZüF-approved seed harvests are being carried out abroad.

Keywords Forest provenance security, certification system, verifiable origin, verifiable provenance

1. Einführung

Für die Waldverjüngung werden Jahr für Jahr große Mengen an herkunftsgesicherten Forstpflanzen benötigt. Im Rahmen einer standortgemäßen Baumartenwahl entscheidet bei der Verjüngung die Wahl der richtigen Herkunft über den Erfolg der Maßnahme. Unpassende Herkünfte können zu instabilen Beständen und damit zu nicht unerheblichen Verlusten für den Waldbesitzer führen. Das geltende Saatgutrecht bietet eine wichtige Grundlage zur Herkunftssicherheit von forstlichem Vermehrungsgut, eine absolute Identitätssicherung kann es aber nur bei unverhältnismäßig hohem Kontrollaufwand und damit verbundenen hohen Kosten gewährleisten. Deshalb kann trotz der gesetzlich vorgeschriebenen Kontrollen, nicht ausgeschlossen werden, dass Saat- und Pflanzgut zweifelhafter Herkunft auf den Markt gelangt (z. B. HOLZER 1983, GREGORIUS et al. 1983, HATTEMER und ZIEHE 1986, GEBUREK und MUHS 1986). Durch die Öffnung des europäischen Binnenmarktes mit unterschiedlichen Kontrollsystemen in den verschiedenen Mitgliedsländern, wurde die Kontrolle weiter erschwert (z.B. BEHM 2000). Die Situation hat sich bis heute nicht wesentlich geändert. Allerdings kommt mit dem Klimawandel und der damit verbundenen Einbringung nichtheimischer Baumarten eine weitere Dimension dazu. Denn auch bei diesen Baumarten entscheidet letztendlich die Herkunft des Saat- und Pflanzgutes über den Anbauerfolg. Allerdings gibt es für die meisten dieser Baumarten keine Kontrollsysteme in den Herkunftsländern.

Nachdem ab den 1990er Jahren Isoenzym-Analysen und später auch DNA-Marker zur genetischen Charakterisierung von Waldbaumarten etabliert worden sind, wurden immer mehr Kontrollfälle im Rahmen des Vertriebs von forstlichem Vermehrungsgut nach dem Gesetz über forstliches Saat- und Pflanzgut an die genetischen Labore herangetragen, weil man sich vom Vergleich der genetischen Strukturen von Saat- und Pflanzgut Rückschlüsse auf die Herkunft des Vermehrungsgutes erhoffte (z.B. HOSIUS et al. 1986, HOSIUS 1998, KONNERT 1994, 1999). Die Möglichkeiten und Grenzen solcher Vergleiche und der damit verbundenen Schlussfolgerungen wurden in mehreren Veröffentlichungen thematisiert (z.B. GREGORIUS et al. 1984, GEBUREK und MUHS 1986, HERTEL und DEGEN 1998, KONNERT 2005). Eingegangen wurde unter anderem auf die Prüfung der Abstammung aus einem Bestand oder aus einer Saatgutpartie bei generativem und vegetativem Vermehrungsgut, die Prüfung der Getrennthaltung von Saatgutpartien oder die Artbestimmung.

2. Der Weg zum privatrechtlichen Zertifizierungssystem ZüF

Auch am Bayerischen Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) in Teisendorf war Anfang der 1990er Jahre ein Isoenzymlabor für genetische Untersuchungen eingerichtet worden. Zwischen 1992 und 1999 waren an das ASP circa 50 Kontrollfälle für Forstvermehrungsgut von Forstämtern herangetragen worden, die Zweifel an der Herkunft des angekauften Pflanzenmaterials hatten. Die genetischen Untersuchungen führten in den meisten Fällen zu Wahrscheinlichkeitsaussagen (Verdachtserhärtung), die für die Praxis unbefriedigend, da nicht gerichtsfest waren (z.B. KONNERT 1994, 1999, 2005). Was fehlte, war passendes Vergleichs- oder Referenzmaterial. Der direkte Vergleich mit dem Erntebestand war keine sichere Grundlage für die Abstammungsüberprüfung, da

die Samenpopulation und das geerntete Saatgut aus einem Bestand wegen der Blüh- und Befruchtungsverhältnisse, der Witterungsbedingungen, der Anzahl und Lage der im Bestand beernteten Bäume und weiterer Faktoren von Jahr zu Jahr unterschiedlich sein kann (MÜLLER-STARCK 1985, GREGORIUS et al. 1986, KONNERT 1996, KONNERT und BEHM 1999, ZIEHE et al. 1998, JANSSEN, 2000). Die Bayerische Staatsforstverwaltung, die Landesforstverwaltung in Baden-Württemberg und die Erzeugergemeinschaft für Qualitätsforstpflanzen „Süddeutschland“ (EZG) haben deshalb 1999 gemeinsam eine Arbeitsgruppe (AG) gebildet, die sich mit diesem Thema befassen und letztendlich ein Verfahren entwickeln sollte, das die Herkunftssicherung deutlich verbessert (ANONYMUS 2001), indem es die genetischen Strukturen des geernteten Saatgutes mit denen der daraus angezogenen Pflanzen vergleicht. Im Prinzip ging es darum, zu schauen ob und wie die Entnahme repräsentativer Vergleichs- oder Referenzproben bei der Ernte und bei jedem Besitzerwechsel und deren stichprobenweise genetische Analyse nach genau ausgearbeiteten Verfahren möglich ist. Um die organisatorischen, technischen und finanziellen Aspekte zu klären, wurden 1998 bis 2000 von den drei Institutionen gemeinsame Probeläufe durchgeführt. Darauf aufbauend wurde ein möglicher Ablauf einer Herkunftskontrolle basierend auf Referenzproben schematisch entworfen (BEHM 2000, KONNERT und BEHM 2004, KONNERT et al. 2002). Die genetischen Arbeitsgruppen der FVA Freiburg und des ASP haben anschließend in einem vom Bund geförderten Forschungsprojekt Details zu den genetischen Analysen für wichtige Baumarten erarbeitet und die in den Probeläufen gezogenen Proben untersucht, um zu sehen, ob sich die genetischen Tests für die Herkunftskontrolle eignen (KONNERT und HUSSENDÖRFER 2002). Es ging um standardisierte Labormethoden, repräsentative Probenziehung und langfristige Lagerung der Proben.

Nachdem die dreijährigen Probeläufe erfolgreich waren, konnte die Initiative mit der Gründung des Vereins „Zertifizierungsring für überprüfbare forstliche Herkunft, ZüF“ am 15. Februar 2002 erfolgreich abgeschlossen werden. Bei der Gründungsversammlung in Ulm-Seligweiler, an der Grenze zwischen Baden-Württemberg und Bayern, waren 45 Teilnehmer anwesend, darunter viele Baumschulinhaber, die beiden Landesforstverwaltungen und die Waldbesitzerverbände (WEZEL, 2002). ZüF war das erste private Zertifizierungssystem für forstliches Vermehrungsgut weltweit.

3. Grundlagen des ZüF-Systems

Das ZüF-Verfahren für Forstpflanzen mit überprüfbarer forstlicher Herkunft beruht im Wesentlichen auf drei Säulen:

1. Gewinnung und Hinterlegung von Referenzproben bei der Saatguternte und an anderen entscheidenden Stellen des Produktionsprozesses nach genau festgelegten Handlungsanweisungen,
2. lückenlose Dokumentation aller Schritte von der Saatguternte bis zur Pflanzenauslieferung in einer Internet-Datenbank und
3. stichprobenartiger Vergleich von den bei der Ernte hinterlegten Saatgutproben mit den Pflanzenproben, die bei der Auslieferung der Pflanzen an den Waldbesitzer gezogen werden.

Solange auf dem Weg zur fertigen Forstpflanze alle Voraussetzungen des Verfahrens eingehalten werden (z.B. ordnungsgemäße Probenhinterlegung, Getrennthaltung der Partien, Dokumentation in der Datenbank), erhält das Produkt den Status „überprüfbar“. Der Endabnehmer erhält „überprüfbare Forstpflanzen“ mit einem ZüF-Zertifikat (z.B. HUSSENDÖRFER 2005).

ZüF ist als Verein organisiert, mit genau festgelegter Aufgabenteilung zwischen Vereinsvorstand, erweitertem Vereinsvorstand, der Mitgliederversammlung und dem Fachbeirat (vgl. Abbildung 1) (Wezel 2008). Für die Probenaufbereitung und Lagerung sowie die Durchführung der genetischen Analysen beauftragt der ZüF-Verein unabhängige, externe Dienstleister. Auch die Zertifizierungsstelle ist ein externer Dienstleister für ZüF.

4. Weiterentwicklungen im ZüF-System

Genetische Analysen

Angefangen mit Isoenzymanalysen werden die genetischen Untersuchungen an den Forstsamen und Pflanzen heute mittels PCR-basierter Methoden anhand sogenannter Kern-Mikrosatelliten durchgeführt und entsprechend statistisch ausgewertet. Dafür stehen international tätige Labore zur Verfügung, die auf dem neuesten Stand der Technik arbeiten und von ZüF mit der Analyse-durchführung beauftragt werden. Bisher wurden im ZüF-Verfahren über 50.000 Einzelproben genetisch für eine Identitätsprüfung analysiert; dies entspricht mehr als 400 Partievergleichen „Samen – Pflanzen“ (vgl. Abbildung 2). Nicht nur die genetische Methodik wurde über die Zeit angepasst, auch die Anzahl der zu untersuchenden Proben pro Partie konnte mit Verwendung der hochauflösenden DNA-Marker bei gleicher Aussagekraft reduziert und damit die Identitätsprüfungen noch effizienter gestaltet werden (Abbildung 3).

Neben den routinemäßig durchgeführten Identitätsvergleichen in ZüF kommt seit einiger Zeit zusätzlich das Instrument der Nachkontrolle von ZüF-Ernten vermehrt zum Einsatz. Dabei werden beerntete und markierte Bäume gesucht, nachbeprobt, genetisch analysiert und mit den eingelagerten ZüF-Rückstellproben verglichen. In der Saison 2023 wurde dies an einem Weißtannenbestand im Allgäu durchgeführt, der ein Jahr zuvor beerntet worden ist (Abbildung 4). Das Ergebnis war positiv, d.h. alle angegebenen Bäume konnten gefunden werden und passten auf Basis der genetischen Identitätsprüfung zu den eingelagerten Saatgutproben.

Räumliche Ausweitung

Zu Anfang war das ZüF-Verfahren auf Süddeutschland begrenzt, wenige Jahre später wurde es zu einem bundesweiten System. Heute wird das Zertifizierungsverfahren über Deutschland hinaus angewendet. Ca. 5 % der 200 ZüF-Teilnehmer haben ihren Sitz im europäischen Ausland. Deswegen stehen ZüF-Protokolle und erforderliche Handlungsanweisungen inzwischen auch in den Sprachen Englisch und Französisch zur Verfügung.

Erweiterung der Baumartenpalette

Vor dem Hintergrund des wachsenden Bedarfs an Forstpflanzen für einen klimagerechten Waldumbau liefert das ZüF-System mit der Bereitstellung von Vermehrungsgut überprüfbarer Herkunft einen wichtigen Beitrag, z.B. auch im Hinblick auf Praxisanbauversuche. Daher wurde in den letzten Jahren die Baumartenpalette über die FoVG-Baumarten hinaus stetig erweitert mit Arten, die im Klimawandel interessant sein dürften (z.B. Elsbeere, Atlaszeder) sowie erste ZüF-Ernten im Ausland durchgeführt (z.B. in Frankreich und in Ungarn). Letztere finden i.d.R. ZüF-begleitet statt, um Erfahrungen im Hinblick auf logistische und organisatorische Aspekte (u.a. Kontrollvorschriften zum Forstvermehrungsgutgesetz im jeweiligen Land) für ein auch im Ausland funktionierendes Zertifizierungsverfahren zu gewinnen.

5. Derzeitiger Stand und Ausblick

Die Entwicklung und Erfolgsgeschichte von ZüF lassen sich u.a. an der gestiegenen Nachfrage sowie der Produktion von ZüF-Pflanzen erkennen. So sind momentan ca. 235 Mio. „im ZüF-Verfahren produzierte Pflanzen“ in der ZüF-Datenbank dokumentiert. Das Niveau ist damit bedeutend höher als noch vor 10 Jahren (vgl. Abbildung 5).

Nachdem der Pflanzung als Instrument zur Walderneuerung in den letzten Jahren in vielen Bundesländern nur noch geringe Bedeutung beigemessen wurde, werden die Folgen des Klimawandels die künstliche Waldverjüngung wieder mehr in den Vordergrund stellen und damit die Nachfrage nach Saat- und Pflanzgut steigern (WEZEL 2020). Durch großflächige Kalamitäten wird sich der Pflanzenbedarf deutschlandweit voraussichtlich erhöhen. Hinzu kommt die Notwendigkeit zur Beschaffung alternativer Baumarten und/oder Ersatzherkünfte heimischer Baumarten; darunter beispielsweise trockentolerante Baumarten, die noch nicht im Zertifizierungsverfahren integriert sind. Deswegen wird die Baumartenpalette im ZüF-Verfahren nach Bedarf in der Forstpraxis weiterhin Zug um Zug erweitert werden. Vor allem bei nicht-heimischen Baumarten, die weder dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) unterliegen noch in der EU-Richtlinie 1999/105/EG geführt sind (z.B. Baumhasel), ist es besonders wichtig, eine wirksame Möglichkeit der Herkunftssicherung über privatrechtliche Zertifizierung zu schaffen. Denn Vermehrungsgut dieser Baumarten kann derzeit ohne amtliche Kontrollen und ohne entsprechende Begleitpapiere gehandelt werden. So wird auch in den „Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen für forstliches Vermehrungsgut in Bayern“ (Huv 2023) darauf hingewiesen, möglichst Vermehrungsgut zu verwenden, dessen Herkunft überprüfbar ist, insbesondere für den Vertrieb von Forstvermehrungsgut der Baumarten, die nicht dem FoVG unterliegen. In einem ZüF-Probelauf befinden sich seit Herbst 2023 die Baumarten Schwarznuss und Baumhasel. Voraussetzung zur Aufnahme einer Baumart in das Zertifizierungsverfahren ZüF ist ein Testlauf, bei dem die Ziehung der Rückstellproben und Probenaufbereitung sowie die genetischen Analyseverfahren festgelegt werden.

Die Herkunftssicherheit bei der Verwendung von forstlichem Vermehrungsgut ist eine Schlüsselanforderung zur Begründung stabiler Waldbestände. Der Forstpraxis, d.h. dem Waldbesitzer, ist

deshalb vor dem aktuellen Hintergrund zu empfehlen, zertifizierte Forstpflanzen mit höchstmöglichen Standards bzgl. Herkunftssicherheit zu bestellen (KNICKREHM et al. 2022). Aktuelle Schätzungen zufolge sind die Zertifizierungssysteme von forstlichem Vermehrungsgut in Deutschland grundsätzlich gut etabliert und die Marktpräsenz zeigt eine zunehmende Tendenz zur Verwendung von Forstpflanzen, deren Herkunft über rechtliche Vorgaben hinaus überprüfbar ist (GÖMÖRY et al. 2021). Den endgültigen Nutzen aus einer verbesserten Herkunftssicherheit bei Forstpflanzen hat der Waldbesitzer, oder im übertragenen Sinne, der Wald.

Literatur

- ANONYMUS (2001): Zertifiziertes Forstpflanzgut? Auf dem Weg zu mehr Herkunftssicherheit bei forstlichem Vermehrungsgut. AFZ-Der Wald 5, 227.
- BEHM, A. (2000): Referenzproben zur Ergänzung des deutschen Forstsaatgutrechts. Mariabrunner Waldbautage 2000, 91-102.
- BEHM, A.; Konnert, M. (2002): Proposal for a Seed Certification Scheme. Dendrobiology 47, 105 -108.
- GÖMÖRY, D.; HIMANEN, K.; TOLLEFSRUD, M.M.; UGGLA, C.; KRAIGHER, H.; BORDÁCS, S.; ALIZOTI, P.; A'HARA, S.; FRANK, A.; PROSCHOWSKY, G. F.; FRYDL, J.; GEBUREK, T.; GUIBERT, M.; IVANKOVIĆ, M.; JURŠE, A.; KENNEDY, S.; KOWALCZYK, J.; LIESEBACH, H.; MAATEN, T.; PILIPOVIĆ, A.; PROIETTI, R.; SCHNECK, V.; SERVAIS, A.; SKÚLASON, B.; SPERISEN, C.; WOLTER, F.; YÜKSEL, T.; BOZZANO, M. (2021): Genetic aspects in production and use of forest reproductive material: Collecting scientific evidence to support the development of guidelines and decision support tools. European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN), European Forest Institute. 216 S.
- GEBUREK, T.; MUHS, H.-J. (1986): Über die Identifikation von forstlichem Vermehrungsgut. AFZ Der Wald 51/52, 1309-1986.
- GREGORIUS, H.-R.; HATTEMER, H.H.; BERGMANN, F. (1983): Über Erreichtes und kaum Erreichbares bei der „Identifikation“ forstlichen Vermehrungsguts. Allg. Forst- u. J.-Ztg., 155 (9), 201-241.
- GREGORIUS, H.-R.; KRAUHAUSEN, J.; MÜLLER-STARCK, G. (1986): Spatial and temporal genetic differentiation among the seed in a stand of *Fagus sylvatica* L. Heredity 37, 255-262.
- HATTEMER, H.H.; ZIEHE, M. (1984): Probleme der Überwachung des Forstsaatgutgesetzes. Internes Papier des Instituts für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der Georg-August Universität Göttingen.
- HERTEL, H.; DEGEN, B. (1998): Stieleiche von Traubeneiche mit Hilfe von Isoenzymanalysen unterscheiden. AFZ/Der Wald 53, 264-247.
- HOLZER, K. (1983): Zur Entwicklung der forstlichen Saatgut-Gesetzgebung in Zusammenhang mit der Herkunftsfrage. In: Verh. Arbeitstagung Forum Genetik-Wald-Forstwirtschaft 1982, Göttingen, 77-80.
- HOSIUS, B.; HENKEL, W.; BERGMANN, F.; HATTEMER, H.H. (1996): Erkennung von Verstößen gegen das Gesetz über forstliches Saat- und Pflanzgut. AFZ-Der Wald 51, 1450-1451.
- HOSIUS, B. (1998): Zur Feststellung der Herkunft von Blutbuchen. Interner Projektbericht. Instituts für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der Georg-August-Universität Göttingen. 16 S.
- HUSSENDÖRFER, E. (2005): ZüF - eine erste Bewertung aus Sicht der Zertifizierungsstelle. AFZ-Der Wald 5, 226-227
- Huv (2023): Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen für forstliches Vermehrungsgut in Bayern, Herausgeber: Bayerisches Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten, 234 S.
- JANSSEN, A. (2000): Der Einfluss von Ernteverfahren auf die genetische Struktur eines Buchenbestandes. HLFWW, Forschungsbericht Band 27, 142 S.
- KNICKREHM, U.; Paul, A.; ZIEGLER, M.; SCHAEFER, C.; HEWICKER, H.A. (2022): Herkunftsgerechte Pflanzen sind nicht ausreichend verfügbar. AFZ-Der Wald 14, 16-19.
- KONNERT, M. (1994): Überprüfung der Anzucht von Pflanzgut mit Hilfe der Isoenzymanalyse. AFZ-Der Wald 5, 225 – 227.

- KONNERT, M. (1996): Genetische Variation der Weißtanne (*Abies alba* Mill.) in Bayern. Mitteilungen der Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, Gotha, Heft 11, 71-83.
- KONNERT, M. (1999): Herkunftsüberprüfung mit biochemisch-genetischen Methoden. Der Weihnachtsbaum, Heft 5, 4-9.
- KONNERT, M.; BEHM, A. (1999): Genetische Strukturen einer Saatgutpartie. Einflussfaktoren und Einflussmöglichkeiten. Beitr. Forstwirtschaft und Landschaftsökologie 4, 152-157.
- KONNERT, M. (2005): Erfolge (und Grenzen) bei dem Herkunftsnachweis mittels Isoenzym- und DNA-Analysen. Tagungsband zur 26. Arbeitstagung der ArGe Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung 2005 in Fulda, 49-57.
- KONNERT, M.; HUSSENDÖRFER E. (2002): Herkunftssicherung bei forstlichem Vermehrungsgut durch Referenzproben. Allgemeine Forst- und Jagdztg. 6, 97-104.
- KONNERT, M., FROMM, M., HUSSENDÖRFER, E. (2002): Referenzproben zur Identitätssicherung von forstlichem Vermehrungsgut. AFZ-Der Wald 5, 214 – 215.
- MÜLLER-STARCK, G. (1985): Reproductive succes of genotypes of *Pinus sylvestris* L. in different environments. In: Gregorius, H. R. (ed.) Population Genetics in Forestry. Lecture Notes in Biomathematics, 60, 118-133.
- PAUL, M. (1997): Zu: Vom Sinn und Unsinn des Forstlichen Saatgutgesetzes. AFZ-Der Wald 25, 1383-1384.
- WEZEL, G. (2002): Forstpflanzen mit überprüfbarer Herkunft: Zertifizierungsring für Süddeutschland gegründet. Der Waldwirt 5/6, 21-22.
- WEZEL, G. (2008): Sechs Jahre ZüF-Verfahren. AFZ-Der Wald, 12, 660-663.
- WEZEL, G. (2020): Forstliches Vermehrungsgut im Klimawandel. Holz-Zentralblatt 48, 890-891.
- ZIEHE, M.; STARKE, R.; HATTEMER, H.H., TUROK, J. (1998): Genotypische Strukturen in Buchen Altbeständen und ihren Samen. Allg. Forst- u. J-Ztg. 169 (5), 91-99.

Abbildungen

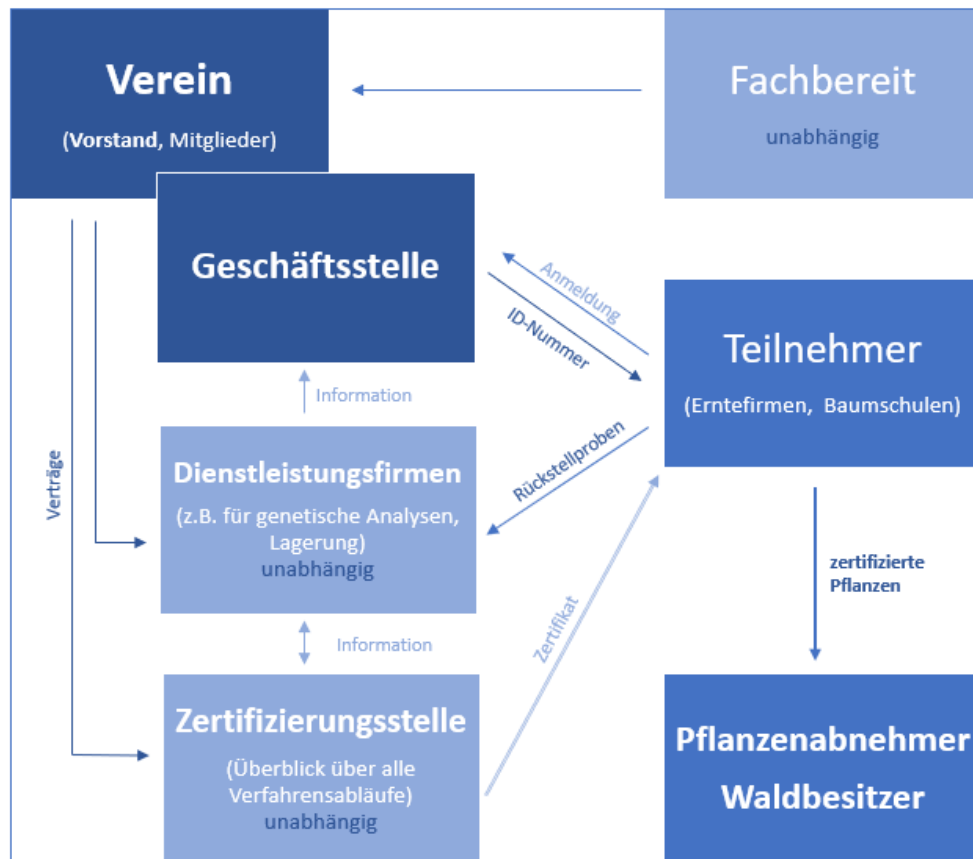


Abbildung 1: Ablaufschema der Zertifizierung mit beteiligten Akteuren (verändert nach BEHM und KONNERT, 2002)

Figure 1: Certification flow chart with the stakeholders involved (modified, according to BEHM und KONNERT, 2002)

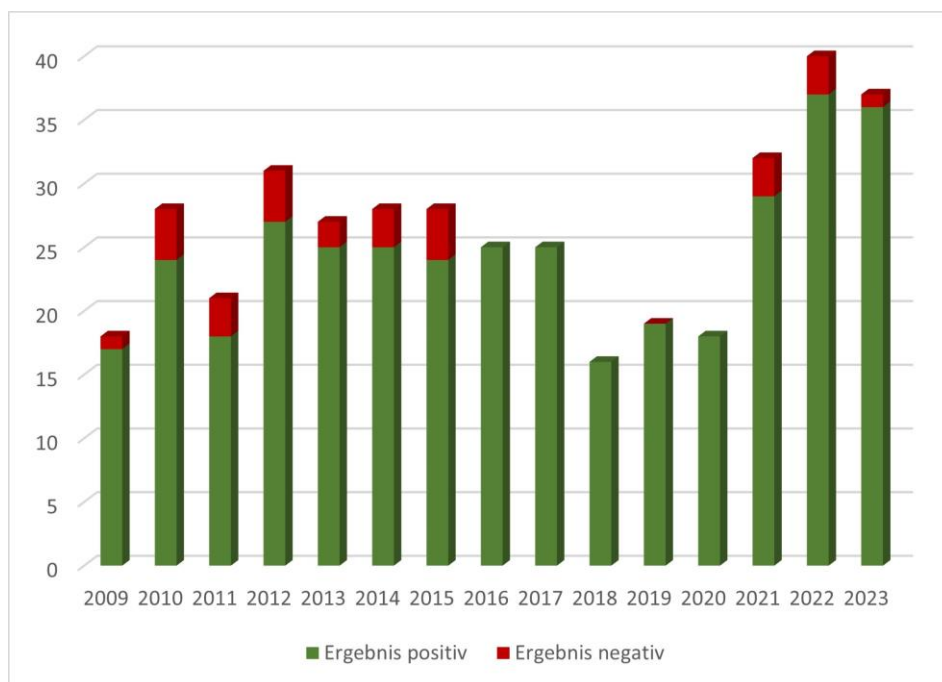


Abbildung 2: Anzahl der genetischen Vergleichsanalysen in den vergangenen 15 Jahren. Grün = Anzahl der Vergleichspartien, die im Sinne des ZüF-Verfahrens positiv sind. Rot = Anzahl der Vergleichspartien, die im Sinne des ZüF-Verfahrens negativ sind.

Figure 2: Number of genetic comparative analyses in the past 15 years. Green = number of comparative lots that are positive according to the ZüF-procedure. Red = number of comparative lots that are negative according to the ZüF-procedure.

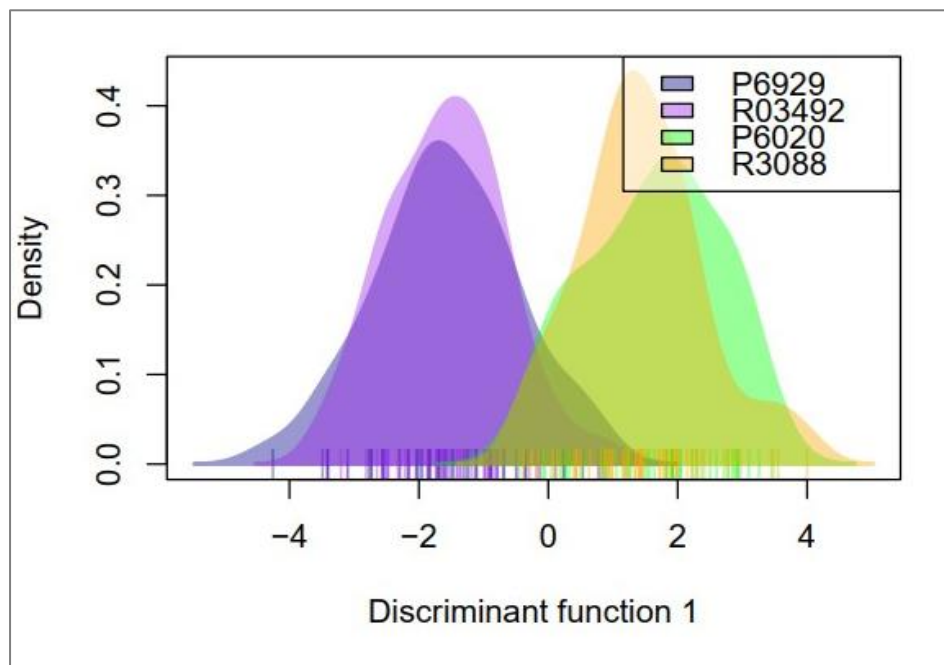


Abbildung 3: Ergebnis einer Diskriminanzanalyse an genetischen Daten von vier Partien im ZüF-Verfahren, berechnet mit dem R-Paket adegenet (analysiert von Microsynth-Ecogenics, 2023). Je Partievergleich (Samen - Pflanzen) wurden dafür 96 Einzelproben an 12 nSSR-Orten untersucht. Beide Partievergleiche sind im Sinne des ZüF-Verfahrens positiv.

Figure 3: Result of a discriminant analysis of genetic data from four lots in the ZüF-procedure, calculated with the R package adegenet (analysed by Microsynth-Ecogenics, 2023). For each lot comparison (seeds – plants), 96 individual samples were analysed at 12 nSSR loci. Both lot comparisons are positive according to the ZüF procedure.



Abbildung 4: Nachbeprobung der grün markierten Erntebäume einer ZüF-Ernte in einem Weißtannenbestand durch Baumkletterer

Figure 4: Repeat samples are taken by tree climbers from trees marked green for harvest in a silver fir stand in a ZüF-harvest

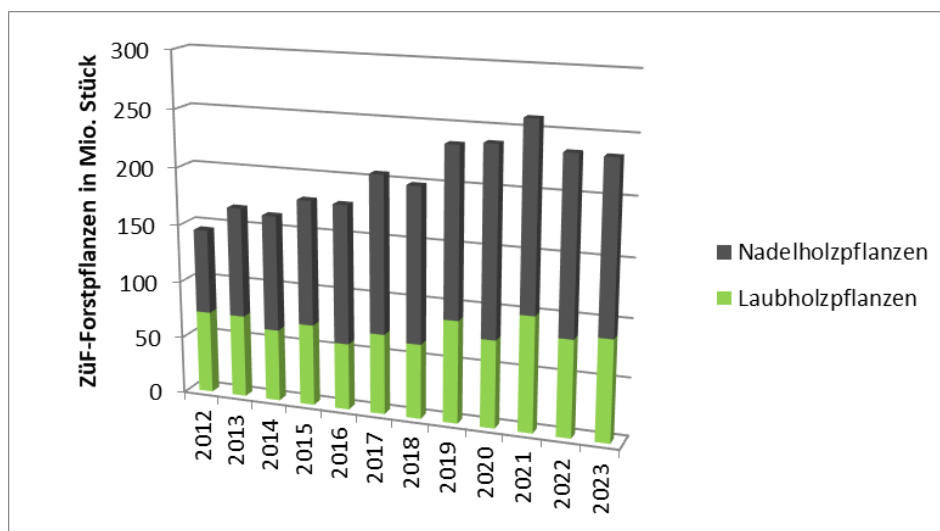


Abbildung 5: Im ZüF-Verfahren jährlich dokumentierte Pflanzenzahlen der letzten 12 Jahre (alle Alterstufen)

Figure 5: Plant numbers documented annually in the ZüF procedure for the last 12 years (all ages)

Der BaySF-Pflanzgarten, Stützpunkt Laufen

Ein Traditionsbetrieb im Unternehmen Bayerische Staatsforsten AöR

Andreas Ludwig

Zusammenfassung Ende des 19. Jahrhunderts stieg der Bedarf an Forstpflanzen auch in Bayern stark an. Baumschulen gab es praktisch nur in Norddeutschland. 1906 wurde in Laufen-Lebenau ein Versuchsgarten angelegt, der 1913 eine Maximalausdehnung von über 57 ha erreichte. Die Pflanzenproduktion verlangte nach einer eigenständigen Saatgutversorgung. Im Mastjahr 1914 wurden daher die Zapfenhalle und 1915 die Klänge errichtet. Mit Gründung der Bayerischen Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht 1964 (heute AWG) wurde der Stützpunkt dieser Forschungseinrichtung zugeordnet. Dadurch konnten viele wissenschaftliche Erkenntnisse in die forstliche Praxis umgesetzt werden. Beispielgebend seien die Kleinballenproduktion für schwierige Standorte in der Schutzwaldsanierung, das Nachzuchtprogramm seltener Baumarten und Sträucher, die umfangreichen Nachzuchten für verschiedenste Herkunfts- und Anbauversuche, aber auch für das umfangreiche Samenplantagenprogramm, sowie die praktische Umsetzbarkeit eines genetischen Nachweisverfahrens für forstliches Vermehrungsgut (ZüF) genannt. 2005 kam der Stützpunkt zu dem neu gegründeten Unternehmen Bayerische Staatsforsten (BaySF). Nicht nur als Pflanzen- und Saatgutproduzent, sondern auch als Servicestelle für viele Fragen rund um forstliches Vermehrungsgut steht der Stützpunkt den Forstbetrieben und der Zentrale zur Verfügung. Zudem ist er für viele private Forsts Saatgutproduzenten ein wichtiger Dienstleister für Saatgutaufbereitung, -stratifikation und -lagerung.

Schlüsselwörter Forstgeschichte, Forstpflanzen, Forsts Saatgut, Baumschule, Klänge, Saatgutaufbereitung, BaySF

Abstract At the end of the 19th century, the demand for forest plants increased in Bavaria as in the rest of Germany. Tree nurseries only really existed in northern Germany. In 1906, an experimental nursery was established in Laufen-Lebenau, growing to reach its maximum size of over 57 hectares by 1913. An independent seed supply was required for the production of plants. The cone store was thus built in the mast year of 1914 and the cone kiln and seed extractory in 1915. When the Bavarian State Institute for Forest Seed and Plant Breeding (ASP, now AWG) was founded in 1964, the nursery was assigned to this research institution. It was a propitious decision: many scientific findings could as a result be implemented in forestry in the field.

Examples include the production of small root balls for use on difficult sites in the restoration of protection forests, the breeding programme for rare tree species and shrubs, the extensive breeding of plants for all sorts of different provenance and cultivation trials on the one hand, but also for the extensive seed orchard programme, and the development of a practically feasible genetic verification procedure for forest reproductive material (ZüF). In 2005 the nursery became part of the newly founded state forestry company Bayerische Staatsforsten - BaySF. It serves the whole BaySF, not only as a plant and seed producer, but also as a support centre for all sorts of issues relating to forest reproductive material. It is also an important service provider offering seed processing, stratification and storage for many private forest seed producers.

Keywords History, forest plants, forest seeds, tree nursery, cone kiln, seed extractory, seed processing, BaySF

Im Jahr 1906, also vor fast 120 Jahren, wurde der Pflanzgarten - Stützpunkt Laufen gegründet. Eine große, ereignisreiche Zeitspanne vom Königreich Bayern, über die Wirren der Weimarer Republik, die Katastrophe des Dritten Reiches und schließlich die Wiederaufbauphase und die Einbindung Deutschlands in einem vereinten Europa.

Auch der Pflanzgarten, Stützpunkt Laufen hat sich über die Jahrzehnte gewandelt: Zur Forstpflanzenproduktion kam die Saatgutaufbereitung. Anfänglich der Gefangenenanstalt in Laufen unterstellt, war er ab den 1960er Jahren als Bestandteil der Bayerischen Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (LASP) - das spätere Amt für Waldgenetik (AWG) eng mit Lehre und Forschung verbunden. Seit 2005 ist er Teil des Unternehmens Bayerische Staatsforsten. Über die gesamte Zeitspanne ist der Stützpunkt dabei seiner Produktionsphilosophie treu geblieben: „Alles aus einer Hand – vom Samen bis zur Pflanze“ – die höchste Garantie bei der Verwendung gesicherter Herkünfte und damit Grundlage für multifunktionale und leistungsstarke Wälder in Bayern.

Ende des 19. Jahrhunderts stieg der Bedarf an Forstpflanzen erheblich an. In Norddeutschland entstanden große Privatbaumschulen, die rasch einen ungeahnten Aufschwung erlebten. In Bayern fehlten derartige Forstbaumschulen. Am 18. Januar 1900 wurde deshalb die Gefangenenanstalt Laufen und das Königliche Forstamt in Teisendorf, von den Staatsministerien der Justiz und Finanzen, mit der Planung eines Forstpflanzgartens beauftragt.

Im Frühjahr 1906 wurde im Königlichen Wald „Lebenau“ ein kleiner Versuchsgarten angelegt. In den folgenden Jahren nahm die Produktion stark zu. Von ursprünglich 3,20 ha Produktionsfläche erreichte der Betrieb bereits 1913 mit einer Gesamtfläche von 57,34 ha seine maximale Ausdehnung.

Mit der zunehmenden Pflanzenproduktion trat aber immer mehr ein Problem in den Vordergrund, welches die Errichtung einer eigenständigen Saatgutversorgung notwendig machte. Das angekaufte Saatgut war häufig alt und von schlechter Keimkraft oder es stammte vor allem bei Kiefer, nachweislich aus leicht beerntbaren Krüppelbeständen. Bayerisches und standortangepasstes Saatgut stand überhaupt nicht zur Verfügung.

Eine reiche Zapfenernte im Jahre 1914 zwang dann den Entschluss herbei, sofort mit dem Bau einer Zapfenhalle zu beginnen. Ein Jahr später erfolgten schließlich die Bauarbeiten für die nach damalig modernsten Gesichtspunkten ausgestaltete Klänge. Die Kapazität dieser Klänge war so bemessen, dass hier der gesamte Saatgutbedarf für alle Waldbesitzarten im Königreich Bayern gedeckt werden konnte.

Nur durch den 2. Weltkrieg unterbrochen, wurden jährlich weit über eine Million Pflanzen an private Waldbesitzer und staatliche Forstämter ausgeliefert. Durch die eigene Saatgutgewinnung und -bevorratung konnte man für die unterschiedlichen Standortsbedingungen in den Bayerischen Wäldern optimal angepasste Herkünfte anbieten.

Als 1964 der Vorläufer des heutigen Amtes für Waldgenetik (AWG), die Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht gegründet wurde, gliederte man dieser den Pflanzgarten, Stützpunkt

Laufen an. Ein erfolgreiches Zusammenwirken begann, bei der viele wissenschaftliche Erkenntnisse in die Baumschulpraxis überführt werden konnten.

Beispielgebend seien die umfangreichen Nachzuchten an Pflanzen verschiedenster Herkünfte für eine Vielzahl an Versuchs- und Vergleichsanbauten genannt. Ebenso die Bereitstellung von Pflanzlingen für das Samenplantagenprogramm der bayerischen Forstverwaltung. Federführend wurde hier für die Schutzwaldsanierung in den Bayerischen Alpen die Produktion von Kleinballenpflanzen für schwierigste Standorte entwickelt.

Einen wichtigen Beitrag leistete und leistet der Stützpunkt noch heute bei der Erhaltung und Förderung seltener heimischer Baumarten und Sträucher. So wurde über die Jahre Saatgut von über 100 heimischen Baum- und Straucharten gewonnen, kontrollierte Stratifikationsmethoden entwickelt und ein umfangreiches Sortiment heimischer Gehölzarten nachgezogen. Besonderheiten wie nur noch regional vorkommende Mehlbeerarten (z.B. *Sorbus danubialis*), aber auch seltene Weißdorne (z.B. *Crataegus rhipidophylla* var. *lindmanii*) oder Wildrosenraritäten (z.B. *Rosa sherardii*) konnten vermehrt und wieder ausgepflanzt werden. Bei den Baumarten sind u.a. Eibe, Elsbeere sowie diverse Wildobstarten zu nennen.

Diese enge Verzahnung von Wissenschaft und Baumschulpraxis führte ab 1999 zur Entwicklung eines lückenlosen genetischen Nachweisverfahrens für forstliches Vermehrungsgut. In Zusammenarbeit verschiedener staatlicher Forsteinrichtungen aus Baden-Württemberg und Bayern sowie süddeutscher Baumschulen entstand der Zertifizierungsring für überprüfbare Forstliche Herkünfte Süddeutschland e.V. (ZüF).

Mit Gründung des Unternehmens Bayerische Staatsforsten wurde der Stützpunkt vom heutigen AWG getrennt und in die BaySF eingebunden. Hier kann der Stützpunkt seine über Jahrzehnte erworbenen Kenntnisse betriebswirtschaftlich optimiert umsetzen, aber auch das tradierte Know-How in vielen Bereichen weiter ausbauen. Nicht nur als Saatgut- und Pflanzenproduzent, sondern besonders auch als Servicestelle bei Fragen im Zusammenhang mit forstlichem Vermehrungsgut steht er mit seinem Kollegialbetrieb in Bindlach den Forstbetrieben und der Zentrale der Bayerischen Staatsforsten als kompetenter Ansprechpartner zur Verfügung.

Aber auch mit privaten Baumschulen und Saatgutbetrieben bestehen intensive Kontakte. Besonders als Dienstleister zur Saatgutaufbereitung und -lagerung hat der Stützpunkt Fachkompetenz aufgebaut und Renommee erworben.

Auf einer Fläche von 12,50 ha werden heute jährlich über eine Million wurzelnackte Pflanzen und rd. 200.000 Kleinballenpflanzen überwiegend für die BaySF-Forstbetriebe produziert.

Mit einer motivierten Mannschaft, modernen und leistungsstarken Maschinen und Geräten sowie einer funktionalen Gebäudeausstattung blickt der Stützpunkt optimistisch in die Zukunft. Denn neben der Produktionsphilosophie „alles aus einer Hand – vom Samen bis zur Pflanze“ gewinnt der Gesichtspunkt „Vermehrungsgut klimaplastischer Herkunft – anpassungsfähig für den Wald von morgen“ zusehends an Bedeutung.

Dem AWG steht der Stützpunkt nicht nur räumlich weiterhin sehr nahe. Der enge fachliche Austausch, aber auch die praktische Unterstützung der umfangreichen Nachzuchten im AWG-eigenen Versuchsgarten und bei der Aufbereitung, -stratifikation und -lagerung wertvollster Versuchssämereien sind eine kollegiale Selbstverständlichkeit. Hervorzuheben ist die stetige Unterstützung seitens des AWG zur Optimierung der Erntebasis, sodass der Stützpunkt ein breit aufgestelltes und klimaresilientes Baumarten- und Herkunftsspektrum für den Wald im Klimawandel vorhalten kann. Auch in vielen anderen Themenbereichen werden laufend wissenschaftliche und praktische Erkenntnisse untereinander ausgetauscht. So wünscht der BaySF-Pflanzgarten Laufen dem AWG mindestens weitere 60 erfolgreiche Jahre in diesem außerordentlich wichtigen Aufgabenfeld und bedankt sich für die enge Verbundenheit.

Literatur

- BEHM, A. (2010): Laufen-Lebenau, ein besonderer Pflanzgarten 1906-2006. Salzfass Heft 1 u. 2 / 2020
- DIMPFLEMEIER, R. (1965): 50 Jahre Samenklänge Laufen. Zentralblatt für Forstpflanzen und Forstsamen, Heft 1 - 1965
- GRAMM, K. (1917): Die Waldpflanzenzucht der k. Gefangenanstalt Laufen. (Archiv des Pflanzgartens Laufen-Lebenau)
- LEHLE, L. (1946): Der Waldpflanzgarten Laufen-Lebenau. (Archiv des Pflanzgartens Laufen-Lebenau)
- LOBMAYR, H. (1956): Doppeljubiläum in der Jugendanstalt der Bayer. Justiz Laufen/Lebenau; 50 Jahre Waldpflanzgarten, 10 Jahre Jugendanstalt. (Archiv des Pflanzgartens Laufen-Lebenau)

Abbildungen



Abbildung 1: Kluge Laufen (undatierte Aufnahme – Archiv Pflanzgarten Laufen)

Figure 1: Kluge Laufen (undated photo – archive Pflanzgarten Laufen)



Abbildung 2: Pflanzgarten Laufen (undatierte Aufnahme – Archiv Pflanzgarten Laufen)

Figure 2: Pflanzgarten Laufen (undated photo – archive Pflanzgarten Laufen)

Themenpfad „Unser Wald im Wandel“

Michael Luckas und Joachim Hamberger

Zusammenfassung Der Wald ist ein sich permanent veränderndes System. Im Klimawandel gilt das besonders. Das Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG) hat zur Anpassungsfähigkeit des Waldes vor 15 Jahren einen Themenpfad in Oasing bei Laufen an der Salzach entwickelt, um einer breiteren Öffentlichkeit den Auftrag des AWG für die Zukunft unserer Wälder zugänglich zu machen. Das Wie und das Warum des steten Wandels wird dort gezeigt. Die Besucher sollen die Chancen der Veränderung erkennen und als Waldbesitzer aktiv nutzen.

Schlüsselwörter Themenpfad, Aufgaben des AWG, Klimawandel, Baumarten und Herkünfte, Achtsamkeit

Abstract The forest is a constantly changing system – even more so in times of climate change. Fifteen years ago, the AWG established an educational trail on the adaptability of the forest, in Oasing near Laufen an der Salzach, in order to make our forests more accessible in future to a broader public. It shows how and why the forest is in a constant state of change. Visitors are encouraged to recognise the opportunities offered by change and ideally also to make active use of them.

Keywords Educational path, tasks of the AWG, climate change, tree species and provenance, mindfulness

„Hohe Bildung kann man dadurch beweisen, dass man die kompliziertesten Dinge auf einfache Art zu erläutern versteht.“

Dieses Zitat von George Bernard Shaw war nicht die einzige, aber wichtigste Motivation für die Anlage des Waldthemenpfades „Unser Wald im Wandel“. Dieser wurde vor 15 Jahren im „Osinger Wald“ nordwestlich von Laufen im Berchtesgadener Land als erster Waldlehrpfad seiner Art durch das AWG eingerichtet und durch den Forstbetrieb Berchtesgaden der Bayerischen Staatsforsten unterstützt. Er bietet die Gelegenheit, die vielfältigen Aufgaben des AWG für den Wald der Zukunft leicht verständlich darzustellen.

Mit Blick auf den Klimawandel und den damit verbundenen Änderungen der Standortverhältnisse und Schädlingsdispositionen werden Themen wie Herkunft und Baumarten als neue Möglichkeiten und Alternativen für die Zukunft unserer Wälder anschaulich aufbereitet. Viele Beispiele erläutern die Durchführung und Dringlichkeit von Feldversuchen. Dabei geht es weniger um die Auffälligkeit, sondern vielmehr um die gelungene Integration in den bestehenden Wirtschaftswald.



Abbildung 1: Station 1 mit Interaktion zum Thema Niederschlagsmengen (Foto: Michael Luckas)

Figure 1: Station 1 with interactive activity on precipitation levels (Photo: Michael Luckas)



Abbildung 2: Eröffnung des Themenpfades 2009 (v.l.n.r. Dr. Daniel Müller, Leiter Forstbetrieb Berchtesgaden, Günter Biermayer, StMELF, Hans Feil, 1. Bürgermeister der Stadt Laufen, Dr. Monika Konnert, Leiterin des ASP, Georg Grabner, Landrat Berchtesgadener Land und Roland Richter, MdL (Foto: Michael Luckas)

Figure 2 Opening of the educational theme path in 2009 (left to right: Dr. Daniel Müller, Head of Berchtesgaden Forest Enterprise, Günter Biermayer, [Bavarian] State Ministry for Food, Agriculture, Forestry and Tourism, Hans Feil, 1. Mayor of Laufen, Dr. Monika Konnert, Head of the ASP, Georg Grabner, District Administrator of Berchtesgaden and Roland Richter, Member of [Bavarian] Parliament (Photo: Michael Luckas)

„Nichts ist so beständig wie der Wandel“

Unsere Wälder sind ständigen Veränderungen unterworfen oder wie Ministerialrat Günter Biermayer bei der feierlichen Eröffnung am 21. September 2009 zitierte „Nichts ist so beständig wie der Wandel“. In besonderer Weise trifft dies auf den ehemals von Fichten dominierten Staatswald nahe Laufen zu. Kalamitäten wie der starke Befall mit Borkenkäfer und Fichtenblattwespe oder Stürme haben ihm schwer zugesetzt. Aber auch Bestrebungen, ihn naturnäher zu bewirtschaften, beschleunigen seine Wandlung. So wird sein Erscheinungsbild heute zunehmend von Laubhölzern wie Buche, Eiche und Bergahorn bestimmt. Auch die Weißtanne spielt nun eine größere Rolle. Zusätzlich geht es nämlich auch darum den Menschen zu zeigen, wie und warum sich der Wald wandelt und auch um ihnen ein bisschen die lähmende Angst vor dem Klimawandel zu nehmen. Der Themenpfad soll dazu beitragen, dass Besucher nicht nur die Gefahren des Klimawandels im Wald sehen, sondern auch Chancen im Wandel erkennen. Denn die Auswirkungen des Klimawandels bringen deutliche Veränderungen mit sich und stellen die Waldwirtschaft vor große Aufgaben. Sie bieten aber auch die Möglichkeit, die Notwendigkeit aufzuzeigen, der Natur ihre eigenen Wege und Anpassungen abzulauschen und diese Erkenntnisse in einen naturnahen und klimaangepassten Waldbau einzubringen.



Abbildung 3: Der rot markierte Metallstab bei Station 4 (obere Aufnahme vom 27.04.2009, untere Aufnahme vom 11.05.2024) dient der Orientierung und ermöglicht es dem Betrachter die Veränderung des Waldes zu erkennen (Fotos: Michael Luckas)

Figure 3: The red metal pole at Station 4 (top picture taken 27.04.2009, bottom picture taken 11.05.2024) is for orientation purposes and allows the observer to register changes in the forest (Photos: Michael Luckas)

Alte Versuchsanpflanzungen als Ausgangslage

Die besondere forstliche Geschichte hat das betreffende Waldstück geradezu prädestiniert für einen Lehrpfad. Allzu viele Neuanpflanzungen waren gar nicht nötig, weil bereits knapp 100-jährige Zöglinge eines ehemaligen Forstpflanzgartens – dem Vorläufer des heutigen Pflanzgartenstützpunkts Laufen-Lebenau - vorhanden waren. Zusätzlich wurden seit dem Jahr 1973 vom AWG in

Absprache mit dem damaligen staatlichen Forstamt Traunstein wiederholt kleine Versuchsflächen angelegt sowie exotische und fremdländische Baumarten mosaikartig eingebracht. Heute spricht man von alternativen Baumarten.

Unterschiedliche Zielgruppen

Der Osinger Themenpfad soll kein klassischer Lehrpfad sein. Das bedeutet, dass er weniger die jüngeren Schulkinder, sondern vielmehr Waldbesitzer, Forstleute und forstlich interessierte Bürger ansprechen will. Ferner eignet er sich auch für Forststudierende und ältere Schülerinnen und Schüler im Zuge waldpädagogischer Aktionen und Projekte. Die Schautafeln sind selbsterklärend und viele Stationen interaktiv konzipiert. Darüber hinaus bietet ein Faltblatt Erläuterungen zu den einzelnen Stationen an. Der Pfad kann somit von Besuchern mit oder ohne forstliche Vorkenntnisse begangen werden. Auch die angebotene Bandbreite hinsichtlich der fachlichen Tiefe ist sehr flexibel.

Botschaften der Stationen

Etwas mehr als zwei Kilometer schlängelt sich der Pfad durch das ca. 160 ha große Waldstück zwischen der Bundesstraße B20 und der Salzach; meist auf einem gut zu begehenden Hackschnitzelbelag mitten durch den Wald. Als Wegweiser dient ein Piktogramm mit einem Douglasienzapfen auf blau weißem Hintergrund, den Farben des Bayerischen Himmels mit einer Diagonale getrennt, als Symbol für die Veränderung. Der sichtbare **Wandel und Wechsel** im Osinger Wald wird durch eigens ausgewählte Waldbilder, Waldschneisen und Bodenprofile deutlich gemacht. Dabei wird auch auf das Werden und Vergehen, die unterschiedlichen ökologischen Einflussgrößen und die kleinräumige Vielfalt eingegangen. An verschiedenen Stellen des Rundweges wird auf die **Änderung des Klimas** und dessen Auswirkungen hingewiesen. Im Mittelpunkt steht die zur Verfügung stehende Wassermenge. Der Besucher wird zum Beispiel eingeladen, sich den Jahresniederschlag mit Hilfe eines Turms aus Baumscheiben, der selbst zu bauen ist, zu veranschaulichen. An anderer Stelle werden die Unterschiede der Wasserspeicherfähigkeit unserer Böden gezeigt.

Die breite Baumartenpalette ist das Kern-Thema im Lehrpfad. Bekanntlich ist gerade ein gemischter Wald gut für Veränderungen der Standortbedingungen gerüstet. Die Frage nach der **geeigneten Baumart und Herkunft** rückt zunehmend in den Fokus. Nur an die Eignung unserer altbekannten Bäume zu denken, wäre da zu wenig. So werden deshalb heimische Arten aus wärmeren Herkunftsregionen, wie z.B. die Weißtanne aus dem niederschlagsarmen Wallis, vorgestellt. Ferner wird gezeigt, wie ganz neue Baumarten, wie die Baumhasel oder verschiedene nordamerikanische und japanische Nadelhölzer das Reaktionsvermögen und die Anpassungsfähigkeit unserer Waldökosysteme erweitern können. Imposant sind da die Beispiele der fast 50 m hohen und mit über 90 cm BHD* (Brusthöhendurchmesser = Baumdurchmesser in einer Höhe von 1,30 m) besonders dicken Douglasien. Auf andere Art beeindruckend heimische, aber seltene Wäldchen aus Eibe und Stechpalme. Insgesamt beherbergt der Pfad inzwischen mehr als 60 verschiedene Baumarten.

Nicht fehlen darf die **Ästhetik**, die **mit allen Sinnen** erlebt werden soll. Dazu animieren die vielen kleinen Fernrohre aus Edelstahl, die als Blickfänger aufgestellt wurden, oder der Tastpfad, der die unterschiedlichen Rindenstrukturen erfühlen lässt. Auch der **Achtsamkeit** ist eine Station gewidmet. Dabei werden Denkanstöße gegeben, um über die positiven Wirkungen des Waldes für den Menschen nachzudenken. Vor allem aber soll die Station inspirieren, mehr auf die Natur zu hören, mit der Natur und nicht gegen sie zu handeln.



Abbildung 4 und 5: Den Wald mit den Händen „sehen“ an Station 8 (Fotos: Michael Luckas)
Figure 4 and 5: Seeing the forest with your hands at Station 8 (Photos: Michael Luckas)

Ergänzungspflanzungen, Aktionen und Führungen sorgen für Lebendigkeit

Von Anfang an war beabsichtigt, den Themenpfad mit weiteren Baumarten zu ergänzen und mit Aktionen und Führungen lebendig zu halten. In den 15 Jahren des Bestehens wurden zahlreiche Pflanzaktionen vorwiegend mit dem Waldkindergarten Laufen durchgeführt. Bei der regelmäßigen Wiederherstellung des Hackschnitzelbelages war meist die JVA-Laufen-Lebenau im Einsatz; aber auch die Pfadfinder Laufen konnten dafür gewonnen werden. Spektakulär war sicher der pressewirksame Start eines Wetterballons des Deutschen Wetterdienstes (DWD) oder die Skulpturen-Schnitzaktion der Schnitzschule Berchtesgaden. Einige dieser hölzernen Kunstobjekte zieren seitdem den Pfad und erfreuen die Waldbesucher. Eine Bereicherung stellt auch der sogenannte Klimaholzwürfel dar, der als Mahnmal symbolisch für das Gegensteuern im Klimawandel steht. Mit einem Kubikmeter Inhalt zeigt er die Menge Holz auf, die pro Sekunde in Bayerns Wäldern nachwächst. Dabei werden etwa eine Tonne Kohlendioxid gebunden und 300 Kubikmeter Sauerstoff produziert. Gestiftet und gebaut wurde er vom Bauhof Laufen.



Abbildung 6: Pflanzung einer Alaskazeder durch FWM Ferdl Fürmann, Dr. Wolf Ruetz und Michael Luckas (v.l.n.r.) (Foto: Hannes Höfer)

Figure 6: Forester Ferdl Fürmann plants an Alaskan cedar with Dr. Wolf Ruetz and Michael Luckas (left to right) (Photo: Hannes Höfer)



Abbildung 7: Luchsskulptur der Schnitzschule Berchtesgaden (Foto Mark Walter, AWG)

Figure 7: *Lynx sculpture by the Berchtesgaden School of Carving (photo: Mark Walter, AWG)*

Der Pfad wird gerne von Erholungssuchenden genutzt. Zur guten Frequentierung kommen die zahlreichen Führungen von Waldbesitzern, Waldbesitzervereinigungen, Forststudierenden, Ämtern, Verbänden und Vereinen, Stadt- und Gemeinderatsgremien und interessierten Naturliebhabern hinzu. Die Attraktivität wird dadurch bestätigt, dass der Themenpfad mittlerweile in zahlreichen Veröffentlichungen Einzug gefunden hat, darunter Tourismusführer wie dem ADAC-Kinder-Naturführer-Chiemgau- und Berchtesgadener Land oder einem Führer für die Region Salzburg. Auch im Buch von Christian RAUCH (2018) „Wissenschaft und Technik erleben rund um München“ des Rotter Verlages wird ihm ein Kapitel gewidmet.

Nur durch Kooperationen erfolgreich

Das Projekt der Pfadentwicklung konnte auf die Anpflanzungen von Dr. W. Ruetz bauen, der seit den 1970er Jahren Versuchsflächen im Osinger Wald eingebracht hatte. Die Konzipierung und Umsetzung erfolgte durch Michael Luckas, intensiv unterstützt von Harald Siegler. Mitarbeiter des Forstbetriebs Berchtesgaden der BaySF haben von Anfang bei der Verwirklichung des Projekts mitgeholfen. Daneben waren das Wetteramt München des DWD, das sich an zwei Stationen beteiligte, der Waldkindergarten Laufen und die Stadt Laufen eingebunden. Sehr wertvoll war auch die Expertise von Dirk Schmechel, Referat F5 am Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten, sowie von Thomas Dankemeyer vom Bergwallerlebniszentrum Ruhpolding.

Träger ist der Forstbetrieb Berchtesgaden der Bayerischen Staatsforsten AöR mit fachlicher und finanzieller Federführung durch das AWG und die Bayerische Forstverwaltung.

Tabelle 1: Steckbrief Themenpfad „Unser Wald im Wandel“

Table 1: Profile of the educational path “Our forest in transition”

Lage	3 km nordwestlich von Laufen, Distrikt Lebenau
Länge	2 km
Stationen	15
Schautafeln	23
Baumarten	60 verschiedene
Eigentümer	Freistaat Bayern BaySF Forstbetrieb Berchtesgaden
Eröffnung	21.09.2009

Tabelle 2: Stationen des Themenpfades „Unser Wald im Wandel“

Table 2: Stations along the educational path “Our forest in transition”

Station 1	Weißtannen im Vergleich – Manche mögens trocken
Station 2	Unser Boden – Existenzgrundlage aller Lebewesen
Station 3	Stechpalme und Eibe – Selten aber doch heimisch
Station 4	Fichtenblattwespe – Kleine Ursache, große Wirkung
Station 5	Spuren eines Pflanzgartens – Relikte einer anderen Zeit
Station 6	Sichtbare Zeichen des Wandels – Alles im Fluss
Station 7	Neue Baumarten – Warum eigentlich nicht?
Station 8	Tastpfad – Mit den Händen sehen
Station 9	Douglasienanbau – Auch auf die Herkunft kommt es an
Station 10	Japanische Sichelanne – Der Brotbaum aus Fernost
Station 11	Entwurzelte Fichte – Beliebter Baum am falschen Ort
Station 12	Klimawandel – Niemand kommt ihm aus
Station 13	Waldästhetik – Wunderwerk Wald
Station 14	Wildwechsel – Auch wir sind hier daheim
Station 15	Douglasie – der „Rekordbaum“ – keiner wächst so gut wie ich

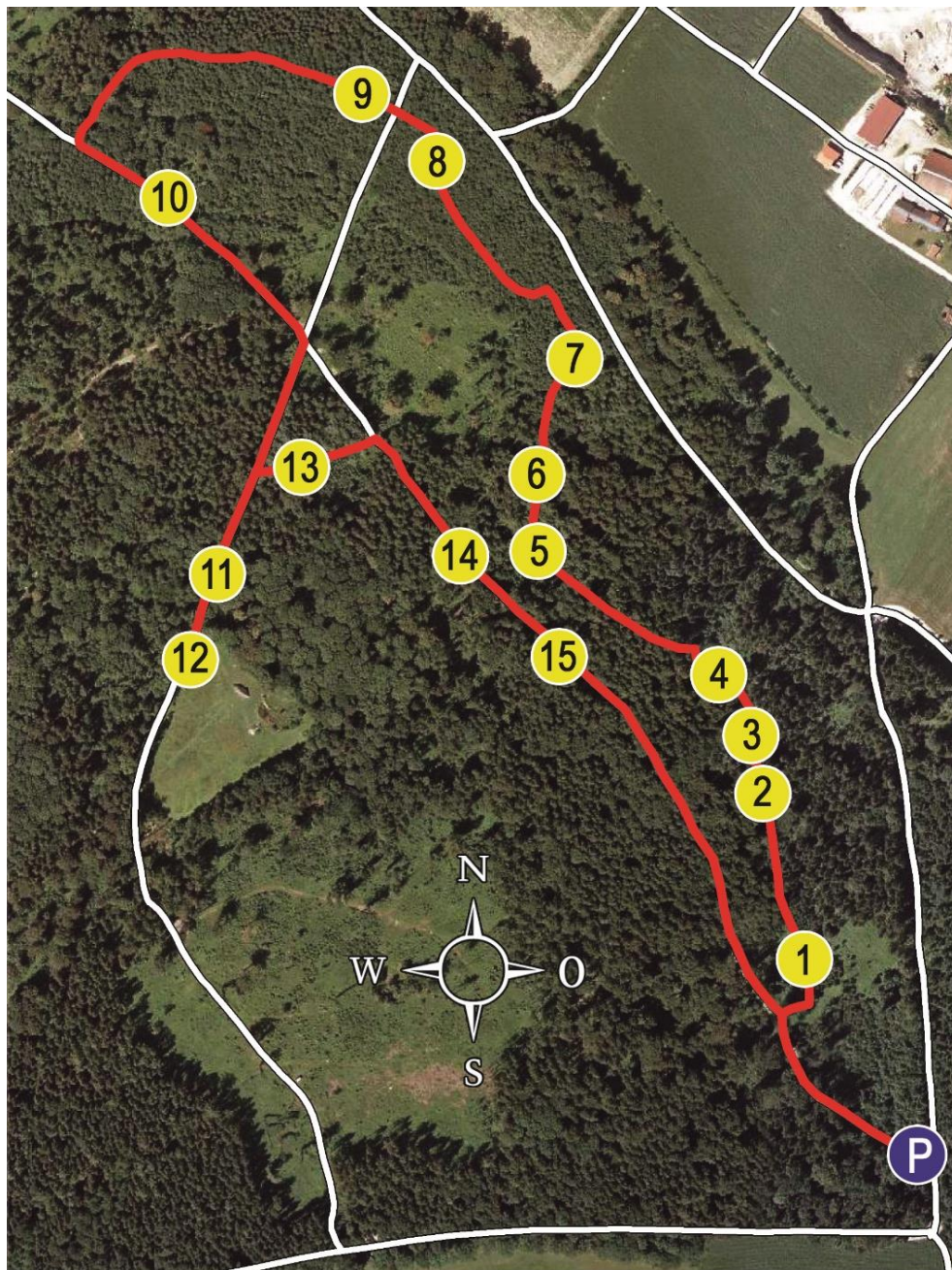


Abbildung 8: Karte mit Stationen entlang des Lehrpfads (AWG)

Figure 8: Map showing stations along the educational path (AWG)

Fazit und Ausblick

Der Themenpfad macht die Arbeit des AWG erlebbar. Die stetige Veränderung im Wald wird interaktiv erklärt, die Bedeutung klimaresilienter Baumarten und Herkünfte veranschaulicht. Zahlreiche Führungen bieten die Möglichkeit, den Waldumbau unterschiedlichsten Besuchergruppen nahe zu bringen. Für die Bevölkerung ist hier die Einheit von Bildung und Erholung verwirklicht.

Das AWG wird im kommenden Jahr auf Basis dieses erfolgreichen und bewährten Konzepts den Lehrpfad überarbeiten und ergänzen.

Die neuen Tafeln bieten dann neben Kurzinformationen zu den Bäumen auch einen QR-Code, mit dem sich besonders Interessierte mit dem Handy über weitere Details zu den Baumarten informieren können.



Abbildung 9: Als Beispiel für die künftige Beschilderung das Baumarten-Schild für Rotahorn (Grafik: Karin Gruber, AWG)

Figure 9: As an example of future signage, the tree species sign for red maple (graphic: Karin Gruber, AWG)

Literatur

- RAUCH, Chr. (2018): Wissenschaft und Technik erleben Rund um München. Bergverlag Rother, ISBN-10: 3763331875
- EBERS, S.; LAUX, L.; KOCHANÉK, H.M. (1998): Vom Lehrpfad zum Erlebnispfad. NZH Verlag, Wetzlar, ISBN 9783926871336
- LANDESANSTALT FÜR UMWELT, MESSUNGEN UND NATURSCHUTZ BADEN-WÜRTTEMBERG (LUBW) (2008): Lehrpfade und Lehrgärten. Hrsg. LUBW

Der Weltwald Freising in Zeiten des Klimawandels

Herbert Rudolf

Zusammenfassung Der Weltwald in Freising dient der Erholung und der Wissenschaft. Mit Unterstützung des Bayerischen Amtes für Waldgenetik (AWG) wurde seltenes Saat- und Pflanzgut verschiedener Baumarten und Herkünfte aus vielen Regionen der Welt beschafft und im Landesarboretum ausgepflanzt. Inzwischen umfasst die Sammlung mehr als 400 Baum- und Straucharten. Eingebettet ist das 100 ha große Landesarboretum in das Forstrevier Freising der BaySF, das naturnah bewirtschaftet wird und arten- und strukturreiche Bestände aufweist.

Schlüsselwörter Arboretum, naturnahe Forstwirtschaft, alternative Baumarten, Erholungswald

Abstract The World Forest in Freising is used for recreation and scientific research. With the support of the Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), rare seeds and plant material of different tree species and provenances from many parts of the world have been procured and planted here in the state arboretum. The collection now comprises more than 400 different species of tree and shrub. The 100-hectare state arboretum is part of the Freising forest district of the state forest company BaySF. The district is managed using close-to-nature silvicultural methods and it has stands rich in species and structures

Keywords arboretum, close-to-nature forestry, alternative tree species, recreational forest

Einleitung

In der vergangenen 15 Jahren hat sich das Bayerische Landesarboretum unter dem Namen Weltwald zu einem überregional bekannten Erholungs- und Bildungsschwerpunkt entwickelt. Erhebliche Investitionen in Pflanzungen und deren Präsentation, in Info-Pavillons, attraktive Erlebnis- und Spieleinrichtungen (Abbildung 1) haben diese besondere Baumsammlung zum Besuchermagneten gemacht. Seit einer Erhebung im Jahr 2015 hat sich die Anzahl der Gäste geschätzt auf 100.000 pro Jahr verdoppelt. Eine App erleichtert die Navigation durch das weitläufige Areal.

Neben den täglichen Kontakten im Gelände ergeben sich bei gut 50 Führungen und Veranstaltungen im Jahr vielfältige Gelegenheiten, um mit den Besuchern ins Gespräch zu kommen (Abbildung 2). Dabei ist eine neue Sensibilität für die Themen Wald und Klimawandel zu spüren.

Der Weltwald wird in diesem Zusammenhang oft als starkes Zeichen für die globale Bedeutung der Wälder gesehen. Besonders bei Gruppen der Naturschutzverbände findet diese Ausrichtung regen Zuspruch. Ausgelöst durch Medienberichte über Waldschäden durch Sturm, Hitze, Trockenheit und Borkenkäfer gibt es natürlich immer auch Fragen nach der aktuellen Situation vor Ort. Im Folgenden werden einige, häufig wiederkehrende, Gesprächsinhalte zusammengefasst.



Abbildung 1: Asien-Garten, Eröffnung 2020

Figure 1: Asia garden, opened in 2020



Abbildung 2: Herbert Rudolf bei einer Führung

Figure 2: Herbert Rudolf in the course of a tour

Wie stark ist der Weltwald bzw. der Freisinger Forst vom Klimawandel betroffen?

Der Weltwald ist Teil des Forstreviers Freising (Abbildung 3) und liegt im Oberbayerischen Tertiärhügelland. An der unmittelbar angrenzenden Waldklimastation wurden zwischen 1998 und 2009, bei einer Jahresmitteltemperatur von 8,3 °C, 844 mm Jahresniederschlag gemessen. Zehn Jahre später kann man die Durchschnittstemperatur vermutlich um 1 °C höher ansetzen.



Abbildung 3: Weltwald umgeben vom Forstrevier Freising (BaySF Forstbetrieb Freising)

Figure 3: The World Forest surrounded by the Freising Forest District (BaySF Forestry Enterprise Freising)

Die meisten Standorte sind durch speicherfähige Lößlehme geprägt und zählen zu den leistungsfähigsten in ganz Bayern. Wir befinden uns damit im Buchenoptimum. Genaue Messungen (Abbildung 4) bestätigen die erst einmal beruhigende Beobachtung, dass selbst in den Trockenjahren 2018 und 2019, der verfügbare Wasservorrat im Boden für ein gedeihliches Waldwachstum genügt.

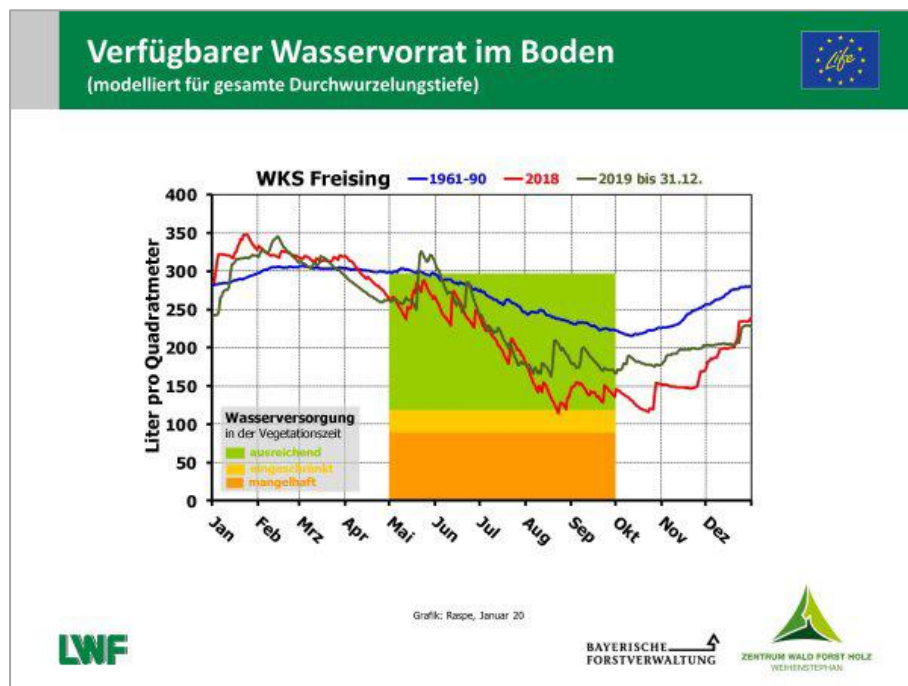


Abbildung 4: LWF-Waldklimastation Freising: verfügbarer Wasservorrat im Boden

Figure 4: LWF forest climate station in Freising: water supply available in the soil

Bei nicht standortsheimischen Fichtenforsten sind periodische Schäden durch Stürme und Borkenkäfer seit jeher ein Problem. Durch den Klimawandel ist die Fichte zur Risikobaumart geworden. Im Weltwald ist der Fichtenanteil jedoch überschaubar und im gesamten Forstrevier sind die einstigen Monokulturen bereits in strukturreiche Mischwälder umgebaut.

Wegen günstiger Standorte gelingen im Weltwald die meisten Pflanzmaßnahmen, auch in Jahren mit Hitze- und Trockenperioden. Ein weiterer Grund liegt vermutlich darin, dass die gängige Pflanzmethode mit Lochbohrung, Humuszugabe und Wässerung eher aufwändigen, gärtnerischen und weniger den einfachen, forstüblichen Standards entspricht. Deshalb können Befunde über die Wüchsigkeit oder Trockenheitsresistenz einzelner Arten nur mit Vorsicht in den Wirtschaftswald oder gar in andere Regionen übertragen werden.

Welche Ziele verfolgt das Weltwald-Projekt?

Das Landesarboretum ist eine wissenschaftliche Baumsammlung. Dabei werden alle Arten berücksichtigt, die in Mitteleuropa wachsen können, ganz unabhängig davon, ob sie für einen forstlichen

Anbau geeignet erscheinen oder nicht. Zur Sammlung, die mittlerweile über 400 Gehölze umfasst, gehören deshalb auch viele konkurrenzschwache Baumarten zweiter und dritter Größe.

Im Landesarboretum geht es primär nicht um eine Testung der Bäume. Vielmehr wird versucht, durch die räumliche Anordnung der Pflanzungen die wichtigsten Waldformationen der borealen und gemäßigten Breiten „en miniature“ nachzubauen. Das 100 ha große Areal hat deshalb eine Grobgliederung in Kontinente (Amerika, Europa, Asien), innerhalb derer jeweils mehrere Naturräume mit differenzierter Höhenzonierung unterschieden werden.

Spezialsammlungen (Botanikum, Salicetum, Populetum und Rosaceum), die nach botanischer Systematik gegliedert sind, runden das Angebot ab und machen die Anlage zum geschätzten Lernobjekt für den Wissenschafts- und Forschungscampus Weißenstephan. Im Fokus steht dabei das vegetationsgeografische und systematische Design des Arboretums, erst in zweiter Linie die Erforschung des Wachstumsverhaltens einzelner Arten.

Wer ist Träger des Bayerischen Landesarboretums?

Das Landesarboretum ist ein Gemeinschaftsprojekt der Bayerischen Staatsforsten AöR und der Bayerischen Forstverwaltung. Bei der Beschaffung der Baumarten aus aller Welt hat das Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG) eine Schlüsselrolle. In der „Vereinbarung zum Landesarboretum im Kranzberger Forst“ zwischen den Bayerischen Staatsforsten und der Bayerischen Forstverwaltung (2011) heißt es:

„Das Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG) stellt auf Anfrage Pflanzen verschiedener Herkünfte zur Verfügung. Für die Nachzucht weiterer Arten arbeitet das Amt für Waldgenetik mit dem Pflanzgarten und der Samenklinge, Stützpunkt Laufen, der Bayerischen Staatsforsten zusammen.“

Klimawandel – welche Baumarten eignen sich?

Wer im Weltwald Baumarten sehen möchte, die besonders gut mit Hitze und Sommertrockenheit zurechtkommen, gleichzeitig aber auch Winterfröste überstehen, für den lohnt sich ein Spaziergang durch die Abteilungen „Südosteuropa“ und „Vorderasien“. Hier findet man frohwüchsige Kulturen von Zerreiche, Ungarischer Eiche, Esskastanie, Baumhasel, Silberlinde, Orientbuche oder Blumenesche. Aber auch die Freunde von Nadelbäumen kommen auf ihre Kosten, wenn sie die Pflanzungen submediterraner Tannen- (Griechische Tanne, König-Boris-Tanne, Bornmüllers Tanne, Troja-Tanne) oder Kiefern- und Zedernarten (Schwarzkiefer, Rumelische Kiefer, Panzerkiefer, Libanonzeder) in Augenschein nehmen. In den kommenden Jahrzehnten werden immer mehr Baumarten dieser benachbarten Vegetationszonen günstige Bedingungen in heimischen Wäldern finden.

Im 19. Jahrhundert wurden Forstleute auf der Suche nach wuchskräftigen Baumarten in Amerika, vor allem in den nordwestlichen Küstengebirgen, der Heimat der Douglasie, fündig. Vor dem Hintergrund der Klimaerwärmung lohnt sich heute auch der Blick in den Süden dieser Region, der ein

mediterranes Klima hat. Arten wie Gelbkiefer, Kalifornische Flusszeder oder Sierratanne prägen dort das Waldbild.

Diese Bäume finden sich in der Weltwald-Abteilung „Pazifikküste Süd“. Selbst der bei uns eigentlich nicht winterharte Küstenmammutbaum macht hier erstaunliche Jahrestriebe.

Bei aller Euphorie über die Vielfalt der Sammlung sei darauf hingewiesen, dass beim Anbau alternativer Baumarten immer auch Wechselwirkungen mit den heimischen Waldlebensgemeinschaften zu bedenken sind.

Klimawandel – wie können unsere Wälder fit für die Zukunft gemacht werden?

Das Landesarboretum ist ein botanischer Garten mit Bäumen und kein Wirtschaftswald.

Deshalb machen wir bei Exkursionen stets einen Abstecher ins umgebende Forstrevier Freising, um auch die Arbeit und Wuchsdynamik im Wirtschaftswald zu zeigen. Nach jahrzehntelanger Umbautätigkeit entwickeln sich hier aus den einstigen Fichtenforsten bunte, dauerwaldartige Mischbestände. Seit den 1980er Jahren wurde der Fichtenanteil in den Altbeständen von damals 75 % auf heute 40 % abgesenkt. In der Folgegeneration drängen sich bereits so viele Buchen, Tannen, Ahorne, Linden, Eichen etc., dass die Fichte hier nur noch eine unter vielen ist (Abbildung 5).

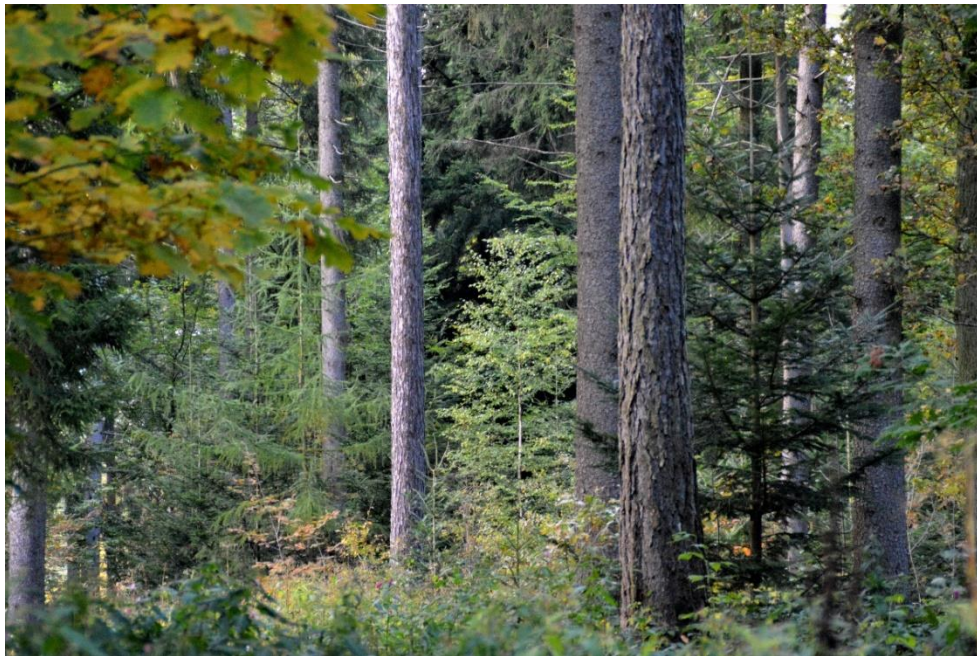


Abbildung 5: Dauerwald im Forstrevier Freising: Aspekt mit heimischen Baumarten

Figure 5: Permanent forest in Freising Forest District: a forest scene with native tree species

Bereits vor mehr als 100 Jahren wurde im Freisinger Forst mit Baumarten aus fernen Ländern experimentiert. Allerdings haben sich nur wenige davon bewährt und sind alt geworden. Das sind vor allem Douglasie und Roteiche, gelegentlich auch Esskastanie, Westliche Hemlocktanne,

Riesenlebensbaum sowie Nordmantanne und Küstentanne. Auch sie verbreiten sich heute natürlich und gedeihen im Halbschatten des Waldinnenraums (Abbildung 6).



Abbildung 6: Dauerwald im Forstrevier Freising: Aspekt mit heimischen Baumarten

Figure 6: Permanent forest in Freising Forest District: a forest scene with native tree species

Durch diese über Jahrzehnte gewachsene Verzahnung von Jungwald und Altbestand entsteht ein struktureicher Waldaufbau. Beim Durchstreifen der artenreichen, neuen Waldgeneration unter Schirm spürt man das kühl-feuchte Innenklima. In heißen Sommern dämpft das das Borkenkäfer-Risiko für die überschirmenden Altfichten. Bei Erntemaßnahmen werden solche Bäume nicht flächig, sondern stets einzeln genutzt. In die dadurch entstehenden Lücken wachsen Nachbarbäume sowie Nachkommen aus den unteren Waldstockwerken hinein. Auch Störungen im Kronendach, verursacht durch Borkenkäferbefall oder Sturmwurf, werden auf ähnliche Weise abgepuffert. Durch ein fließendes Gleichgewicht zwischen Waldwachstum und Holznutzung bleibt der Wald als organisches Ganzes nahezu ungestört.

So können Schlüsselmerkmale eines klimaangepassten Waldes wie Biodiversität, Innenraumklima, Elastizität und Resilienz beim Spaziergang durch das Forstrevier Freising unmittelbar nachvollzogen und erlebt werden. Eine Ausstellung im Zentralpavillon des Weltwaldes thematisiert diese Zusammenhänge in ihrer ganzen Breite (Abbildung 7).



Abbildung 7: Weltwald: Ausstellung im Zentralpavillon mit dem Titel „Klimawandel Forstrevier Freising“

Figure 7: *The World Forest: exhibition in the central pavilion with the title “Climate change in Freising Forest District”*

Literatur

BAYERISCHE STAATSFORSTEN AÖR (2024): Weltwald entdecken – Webseite unter <https://www.weltwald.de/weltwald-entdecken/info-pavillions.html>

BAYERISCHE STAATSFORSTEN AÖR (2022): Weltwald Konzept, 140 S. https://www.weltwald.de/fileadmin/user_upload/14-weltwald/Konzept_Weltwald_Freising.pdf

RUDOLF, H. (2014): Der Weltwald in Freising. Im Kranzberger Forst entsteht ein Arboretum für die Wissenschaft und ein Erholungswald für die Bevölkerung. *Waldforschung aktuell* 59/2014. In *LWFaktuell* 100/2014

RUDOLF, H. (2023): Exkursionsführer: Klimawald Forstrevier Freising https://www.weltwald.de/fileadmin/user_upload/KLIMAWALD.pdf

Internationale forstgenetische Forschung im Gebirgswald

Gerhard Müller-Starck und Monika Konnert

Zusammenfassung Das Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG, vormals ASP) beteiligte sich schon früh an der Erfassung genetischer Diversität in Waldökosystemen im Rahmen von Verbundprojekten. Ein herausragendes Beispiel ist die Mitwirkung im EU-Projekt „Biodiversity in Alpine Forest Ecosystems: Analysis, Protection and Management“ (BAFE) im Zeitraum 1998 - 2001. Diese bisher umfangreichste genetische Inventur im Gebirgswald der Alpen wurde im Verbund von 10 Forschergruppen aus Deutschland, Frankreich, Italien, Österreich und der Schweiz unter der Leitung Münchener Universitäten durchgeführt (LMU/TUM, Koordinator: G. Müller-Starck, FG Forstgenetik, ASP-Projektleitung: M. Konnert). Beteiligt waren auch die Universitäten Neuchâtel, Udine und Wien sowie BFH Hamburg, FVA Wien und INRA Avignon. Als 11. Projektpartner war die Firma LIECO-Forstpflanzen GmbH, Kalwang in das Projekt integriert.

Schlüsselwörter Waldgenetik, genetische Vielfalt, Biodiversität, Waldökosysteme, genetische Inventur, gemeinsame Projekte, Verbundforschung

Abstract The Bavarian Office of Forest Genetics (AWG, formerly ASP) became involved in the recording of genetic diversity in forest ecosystems at an early stage, within the framework of joint research projects. One outstanding example is its involvement in the EU project on “Biodiversity in Alpine Forest Ecosystems: Analysis, Protection and Management” (BAFE) from 1998 to 2001. This is the most comprehensive genetic inventory of mountain forests in the Alps to date, and it was carried out by 10 research groups from Germany, France, Italy, Austria and Switzerland, under the leadership of Munich universities (LMU/TUM, coordinator: G. Müller-Starck, Department of Forest Genetics; ASP project leader: M. Konnert). The universities of Neuchâtel, Udine and Vienna were also involved, as well as the Federal Research Centre for Forestry and Forest Products BFH Hamburg, the fundraising association FVA Vienna, and the INRA Avignon research centre. The company LIECO-Forstpflanzen GmbH from Kalwang was integrated in the project as an 11th project partner.

Keywords forest genetics, genetic diversity, biodiversity, forest ecosystems, genetic inventory, joint projects, collaborative research

1. Material und Methoden

Die genetischen Erhebungen erfassten Altbestände und Naturverjüngung von fünf Nadelbaumarten auf 13 Transekten mit je drei Höhenstufen (ca. 800 m ü. NN bis in die subalpine Vegetationsstufe, Abbildung 1): *Abies alba*, *Larix europaea*, *Picea abies*, *Pinus cembra*, *Pinus mugo* (22.000 Individuen). Die Beschaffung des Probenmaterials aller Baumarten übernahmen die geografisch jeweils zuständigen Gruppen und stellten es den anderen zur Verfügung. In Kooperation mit anderen Gruppen war das AWG Teisendorf maßgeblich für *Abies alba* und *Picea abies* zuständig, FG Forstgenetik für *Larix europaea* und *Pinus mugo*.

Die Arbeitsteilung im BAFE-Projekt erstreckte sich auch auf die Entwicklung genetischer Marker, auf Modellierungen und diverse praktische Tätigkeiten von der Anzucht des Versuchsmaterials bis zur Anlage von Versuchsflächen. Je nach Baumart wurden Genotypen an 16 - 18 enzymkodierenden Genorten ermittelt und Voruntersuchungen zum Einsatz von DNA-Markern durchgeführt.

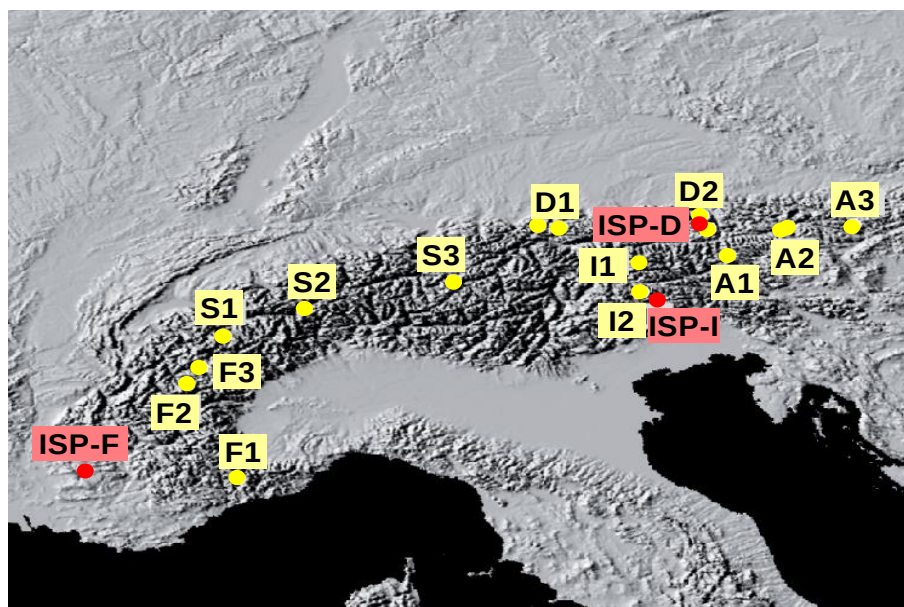


Abbildung 1: Lage der im EU-Projekt BAFE untersuchten Transekte in Frankreich (F), Schweiz (S), Deutschland (D), Italien (I) und Österreich (A). ISP: Dauerbeobachtungsflächen (Intensively Studied Plots). Die Transekte D1 und D2 sind jeweils unterteilt (Bild: F. Gugerli/BAFE).

Figure 1: Location of the transects studied in the course of the EU project BAFE in France (F), Switzerland (S), Germany (D), Italy (I) and Austria (A). ISP: intensively studied plots. The transects D1 and D2 are subdivided (Image: F. Gugerli/BAFE).

In Ergänzung zu den Erhebungen im Gebirgswald wurden mit *Larix europaea*, *Picea abies*, *Pinus cembra* und *P. mugo* Translokationsexperimente über einen Höhengradienten von 1.000 m durchgeführt (R. Klumpp, BOKU Wien und Fa. LIECO Kalwang). Im Transekt „Koralm“/Österreich wurden pro Baumart 2 - 3 Herkunftsstichproben (jeweils sortierte und nicht-sortierte Pflanzenkollektive) aus mittleren Lagen in den Höhenstufen 800, 1.200, 1.600 m ü. NN ausgepflanzt (9.600 Stück plus Aussaaten). Zielsetzung: Prüfung von Auswirkungen der Verfrachtung hangabwärts und auch hangaufwärts, d.h. in wärmere bzw. kältere Habitate.

DNA-Extrakte des Ausgangsmaterials und der Restpopulationen im Freiland sind im Forschungszentrum Seibersdorf (Wien) dauerhaft eingelagert. Die Untersuchungen auf drei Dauerbeobachtungsflächen (ISP, s. Abbildung) dauern noch an, ebenso die im Bereich der Koralm.

2. Ergebnisse der Untersuchungen in Teisendorf und Freising im Überblick

Bestände

Insgesamt zeigte sich eine bemerkenswert große geographische Differenzierung innerhalb der Baumarten über den gesamten Alpenbereich, die für eine detailliertere Ausscheidung von Herkunftsgebieten für forstliches Vermehrungsgut genutzt werden kann. Aus den Ergebnissen lassen sich auch Rückschlüsse auf die nacheiszeitliche Rückwanderung ziehen. Die Notwendigkeit der Verwendung geographisch differenzierter Herkunftsstichproben wird damit veranschaulicht.

Beim Vergleich der genetischen Zusammensetzung von Altbeständen und ihrer natürlichen Verjüngung treten vor allem Fälle auf, in denen die Folgegeneration den Altbestand genetisch unzureichend repräsentiert. Dennoch sind Genverarmung und Inzuchtbelastungen nur vereinzelt nachweisbar.

Abies alba, *Picea abies*

- Bei beiden Baumarten sind die genetischen Unterschiede zwischen den Transsekten höher als die Unterschiede zwischen den Höhenlagen einzelner Transekte. *Abies alba* weist insgesamt eine geringere genetische Diversität auf.
- Ein statistisch signifikanter Einfluss der Höhenlage auf die genetische Variation kann innerhalb der Transekte nicht nachgewiesen werden.
- Die genetischen Unterschiede zwischen Altbeständen und Naturverjüngung, insbesondere hinsichtlich der genetischen Vielfalt, sind gering. Dies gilt für *Abies alba* und *Picea abies* gleichermaßen.
- *Picea abies* zeigt eine geringere geographische Variation als *Abies alba*. Deutliche Differenzierungen zeigen sich erst bei großräumigen Vergleichen (Westalpen vs. Ostalpen).

Larix europaea, *Pinus mugo*

- Die untersuchten Altbestände sind geographisch deutlich differenziert, lassen aber eine nur geringe Reduzierung ihrer genetischen Variation mit zunehmender Höhe erkennen.
- Die Variationsparameter zeigen artspezifische Unterschiede, wobei *Pinus mugo* die weitaus höchsten (auch im Vergleich zu den anderen Arten) und *Larix europaea* die niedrigsten Werte aufweist.
- Naturverjüngungen repräsentieren die jeweiligen Altbestände unzureichend und zeigen im Fall von *Larix europaea* Genverarmung.
- Insgesamt fallen bei *Larix* die nicht nur im Vergleich zu *Pinus mugo* ungewöhnlich niedrige genetische Variation, Diversität und Variabilität auf. Dies gilt auch, wenn Referenzdaten der

wichtigsten bestandsbildenden Baumarten im Gebirgswald herangezogen werden. Diese Besonderheit von Beständen von *Larix europaea* im Alpenraum verdient besondere Beachtung.

Translokationsversuch Koralm

Nach 10-jähriger Exposition fand der erste genetische Vergleich zwischen dem Ausgangsmaterial und den jeweiligen Restpopulationen statt: *Larix europaea*, *Picea abies* und *Pinus mugo* mit je zwei Stichproben aus verschiedenen Herkunftsstichproben.

- Mit wenigen Ausnahmen lassen sich hinsichtlich verschiedener genetischer Variationsparameter höhenlagenspezifische Trends nachweisen, die bei *Picea* geringer als bei den anderen Arten ausgeprägt sind.
- Unabhängig von der Höhenlage unterscheiden sich die drei Arten signifikant hinsichtlich ihrer Präsenz von genetischer Vielfalt und genetischer Diversität: *Larix* weist in allen Kollektiven die geringsten Werte auf, *Pinus mugo* immer Höchstwerte, *Picea* liegt intermediär.
- Die Überprüfung der genotypischen Viabilität erbringt signifikante Unterschiede. Es gibt Genotypen, deren Trägerindividuen bevorzugt überleben bzw. häufiger als andere absterben. Die sich darin dokumentierende genetische Selektion kann an mehreren Genorten nachgewiesen werden (z.B. *Larix* AAT-C, *Picea* MNR-A und 6PGDH-C, *Pinus mugo* MDH-B).
- Diese genotypsabhängigen Überlebenswahrscheinlichkeiten lassen deutliche höhen spezifische Trends erkennen. *Pinus mugo* zeigt höchste Viabilität in mittleren und oberen Höhenlagen, *Larix* eher in den mittleren und unteren Bereichen. Bei *Picea* bewirkt Translokation die geringsten Effekte und offenbart damit größere höhen spezifische Toleranz.
- Die einzige Stichprobe aus einer Samenplantage (*Larix*) zeigt keine geringeren Variationswerte als die beiden aus Bestandesabsaaten stammenden Kollektive.
- Beim Vergleich der Überlebenswahrscheinlichkeiten von sortierten und nicht-sortierten Jungpflanzen sind bei keiner Baumart statistisch signifikante Unterschiede feststellbar.

Die hier nachgewiesenen Reaktionen auf die Translokation innerhalb eines Bereiches von 1.000 Höhenmetern könnten für die Simulation der Auswirkungen von Klimaänderungen hilfreich sein.

3. Schlussfolgerungen

Die Ergebnisse des EU-Projekts „Biodiversity in Alpine Forest Ecosystems: Analysis, Protection and Management“ können hier nur in Ausschnitten wiedergegeben werden. Dennoch sind Aussagen hinsichtlich Diversität, Schutz und Management von Gebirgswäldern möglich. Die untersuchten Trägerarten von Waldökosystemen zeigen bemerkenswert große artspezifische Unterschiede hinsichtlich ihrer genetischen Diversität und Variabilität (*Larix europaea* und vereinzelt auch *Abies alba* im Minimum, *Pinus mugo* mit Höchstwerten). Dies gilt auch für Naturverjüngungen, die in einzelnen Fällen die jeweiligen Altbestände nur unzureichend repräsentieren. Für Schutzmaßnahmen sind Mindestgrößen von Populationen zur Vermeidung von Generosion und Inzuchtbelastungen ebenso wie zur Stärkung des Resilienzpoteziels gegenüber Änderungen der Umweltverhältnisse unverzichtbar.

Die Translokationsversuche offenbaren besonders bei *Picea abies* ein bemerkenswert großes Puffervermögen. Bei *Larix* zeigt sich dies in vermindertem Umfang nur im unteren und mittleren Höhenbereich, bei *Pinus mugo* besonders im oberen Bereich. Das gute Abschneiden einer Stichprobe aus einer *Larix*-Samenplantage unterstreicht die Bedeutung der Anzahl der an der Fruktifikation beteiligten Paarungspartner. Im Falle einer synchron und intensiv blühenden Samenplantage kann sie größer sein kann als in einem nur vereinzelt fruktifizierenden Altbestand.

Die Beteiligung einer Vielzahl von Individuen an der Fruktifikation hat für den Gebirgswald besonders hohe Priorität, zumal die Windbestäubung durch orografische Besonderheiten ohnehin nur eingeschränkt wirksam ist. Für die Deklaration von genetisch wertvollen Schutzwäldern sind dies wichtige Kriterien.

Literatur (Auszug)

- KONNERT, M.; HUSSENDÖRFER, E.; MÜLLER-STARCK, G. (2003): Genetische Variation und Differenzierung bei Weißtanne und Lärche. AFZ/Der Wald 17, 864–866.
- MÜLLER-STARCK, G.; KONNERT, M.; HUSSENDÖRFER, E. (2000): Empfehlungen zur genetisch nachhaltigen Waldbewirtschaftung – Beispiele aus dem Gebirgswald. For Snow Landsc Res 75 (1/2), 29–50.
- MÜLLER-STARCK, G.; FELBER, F. (2010): Genetische Variation in Altbeständen der Lärche und ihrer natürlichen Verjüngung im Alpenraum. Schweiz Z Forstwes 161 (6), 223–230.
- MÜLLER-STARCK, G.; KONNERT, M.; ZIEHE, M.; KLUMPP, R. (2012): Das Translokationsexperiment Koralm: Untersuchungen über den Einfluss der Höhenlage auf die genetischen Strukturen von Lärche, Latsche und Fichte. Forstarchiv 83 (3), 126-135.

Provenienzversuche im Wald: Kontinuität, Innovation und Perspektiven

Astor Torano Caicoya, Gerhard Schmied, Frank Johannes, Leonhard Steinacker, Enno Uhl, Hans Pretzsch

Zusammenfassung Die langfristige Perspektive waldwachstumskundlicher Versuche ist entscheidend, um langfristige Tendenzen zu verstehen und zu gestalten, die die komplexen Interaktionen und Anpassungen von Bäumen an ihre Umgebung adäquat erfassen können. Dies ist besonders wichtig, wenn ältere und neuere Versuche in einem sich rasch verändernden Kontext, wie dem Klimawandel, integriert werden müssen. Traditionelle Wachstumsversuche, die eine Kontinuität über mehrere Forschergenerationen erfordern, stehen im Kontrast zu modernen genetischen Versuchen, die oft auf kurzlebigen Organismen basieren. Die besonderen Herausforderungen bei der Untersuchung langlebiger Organismen wie Bäumen, die sich über Jahrzehnte oder sogar Jahrhunderte an veränderte Bedingungen anpassen müssen, erfordern ein robustes methodisches Rahmenwerk.

In Bayern laufen langfristige waldwachstumskundliche Versuche seit den 1870er Jahren, die wertvolle Einblicke in die Wachstumsleistung, Qualität und Widerstandsfähigkeit verschiedener Baumherkünfte unter unterschiedlichen Standortbedingungen bieten. Diese Versuche setzen im Abstand von 3 bis 15 Jahren Behandlungsprogramme um und beinhalten systematische Messungen wichtiger Baumdimensionen und Bestandsstrukturen. Solche Forschungen sind entscheidend, um Unterschiede in Wachstumsleistung, Qualität und Resilienz zwischen verschiedenen Herkünften, insbesondere im mittleren bis fortgeschrittenen Alter der Bäume, aufzudecken. Ohne diese langfristigen Beobachtungen würden kritische Unterschiede, die sich im mittleren bis fortgeschrittenen Wachstumsstadium ergeben, oft übersehen.

Darüber hinaus bietet die Integration epigenetischer Forschung in die Forstgenetik vielversprechende Möglichkeiten, die Anpassungsfähigkeit von Baumpopulationen an Umweltstressoren wie Trockenheit besser zu verstehen. Epigenetische Mechanismen, die die Genexpression unabhängig von DNA-Sequenzänderungen regulieren, könnten eine bedeutende Rolle bei der langfristigen Anpassung und Resilienz von Wäldern spielen. Die Kombination traditioneller langfristiger Versuchsdesigns mit modernen genetischen und epigenetischen Analysemethoden bietet einen umfassenden Ansatz zum Verständnis der Dynamik von Wäldern und zur Bewirtschaftung von Waldressourcen im Angesicht des Klimawandels.

Schlüsselwörter Langfristige Versuchsfläche, Epigenetik, Genetische Vielfalt, Resilienz, Klimawandel

Abstract The long-term perspective of forest growth experiments is crucial for understanding and designing long-term trials that can adequately address the complex interactions and adaptations of trees to their environments. This is particularly important when older and newer experiments must be integrated within a rapidly changing context, such as climate change. Traditional growth experiments, which require continuity over multiple generations of researchers, are contrasted with modern genetic experiments often based on short-lived organisms. The unique challenges of studying long-lived organisms like trees, which must adapt to changing conditions over decades or even centuries, demand a robust methodological framework.

In Bavaria, long-term forest growth experiments have been ongoing since the 1870s, offering invaluable insights into the growth performance, quality, and resistance of various tree provenances under different site conditions. These experimental plots implement treatment programs at intervals of 3 to 15 years and involve systematic measurements of key tree dimensions and stand structures. Such research is critical in revealing differences in growth performance, quality, and resilience between different provenances, especially as trees mature. Without these long-term observations, critical differences that emerge in middle to advanced stages of growth would often be overlooked.

Furthermore, the integration of epigenetic research into forest genetics offers a promising avenue for understanding the adaptability of tree populations to environmental stressors, such as drought. Epigenetic mechanisms, which regulate gene expression independently of DNA sequence changes, could play a significant role in the long-term adaptation and resilience of forests. The combination of traditional long-term experimental designs with modern genetic and epigenetic analysis methodologies provides a comprehensive approach to understanding forest dynamics and managing forest resources in the face of climate change.

Keywords Long-term experimental plots, epigenetics, genetic diversity, resilience, climate change

1. Die langfristige Perspektive waldwachstumskundlicher Versuche

Das Verständnis der langfristigen Dimension von Wäldern ist entscheidend, um die Einrichtung von Langzeitexperimenten zu erfassen und ihre Gestaltung sowie die notwendigen Analysen zu planen. Dies gewinnt besonders an Bedeutung, wenn ältere und neuere Experimente in einem Kontext rascher Veränderungen kombiniert werden müssen. Trotz der Schnelligkeit neuartiger genetischer Experimente, die in der Regel auf kurzlebigen Organismen basieren, müssen die besonderen Herausforderungen bei der Untersuchung langlebiger Organismen, die sich über viele Jahre an sich ändernde Bedingungen anpassen, berücksichtigt werden.

Experimente zum Wachstum von Bakterien, Insekten, Getreidearten, Kräutern und Säugetieren, die in Stunden, Tagen, Monaten oder wenigen Jahren abgeschlossen werden können, kontrastieren deutlich mit Langzeitexperimenten mit Bäumen. Letztere erfordern Kontinuität über mehrere Forschergenerationen, wie beispielsweise die ältesten Durchforstungsexperimente im langfristigen Versuchswesen in Bayern, die seit den Jahren 1870 bis 1880 gemäß einem fest definierten Versuchsplan durchgeführt werden. Die Betonung dieser Zeitspanne verdeutlicht die Herausforderungen und die Notwendigkeit von Langzeitstudien, um die komplexen Interaktionen und Anpassungen von Bäumen an ihre Umgebung angemessen zu erfassen.

Langfristige Versuchsflächen setzen in Intervallen von etwa 3 bis 15 Jahren bestimmte Behandlungsprogramme um und erfassen die wichtigsten Baumdimensionen des verbleibenden und ausscheidenden Bestandes. Im Vergleich zu anderen Informationsgewinnungskonzepten weisen langfristige Versuchsflächen essenzielle Merkmale auf, darunter standardisierte Anlagen, Messungen und Auswertungen, langfristige Versuchsführung und Messreihen, räumlich explizite Vermessung von Baum- und Bestandesstruktur sowie Versuchssteuerung auf quantitativer Grundlage (einschließlich Extremvarianten) (PRETZSCH et al., 2019). Sie werden normalerweise von unbehandelten oder nur schwach durchforsteten Referenzflächen begleitet und heben sich durch Behandlung unter ceteris paribus-Bedingungen, Versuchswiederholungen unter unterschiedlichen Standortbedingungen, Messungen von Vor- und Folgebeständen am selben Standort, Integration der Organisationsebenen Baum, Bestand und Baumorgane sowie standardisierte Datenverwaltung und Austauschformate für den Datentransfer zwischen Forschungseinrichtungen ab. Es sei betont, wie relevant langfristige Waldwachstumsexperimente sind und wie sie mit Herkunftsexperimenten und genetischen Ressourcen verbunden werden können.

Bei nur kurzer Beobachtungszeit würden Unterschiede zwischen verschiedenen Arten und Provenienzen im mittleren oder fortgeschrittenen Alter, nachlassende Durchforstungs- und Düngereaktionen, sowie langfristige Auswirkungen in Mischbeständen oft übersehen. Beispielhaft zeigt Abbildung 1 die langfristige Entwicklung der

(a) Gesamtwuchsleistung, (b) des mittleren periodischen Volumenzuwachses und (c) des stehenden Vorrates im Provenienzversuch zur Douglasie Kösching 95. Die Analyse verdeutlicht, dass anfangs keine signifikanten Unterschiede in der Gesamtwuchsleistung bestehen, aber die Provenienz *Darrington* später eine Überlegenheit von etwa $500 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1}$ gegenüber *Salmon Arm* zeigt.

Die langfristige Beobachtung zeigt zudem, dass viele Provenienzen in der Jugendphase den Erwartungswerten der Ertragstafel entsprechen, sich jedoch mit fortschreitender Bestandesentwicklung deutlich darüber hinaus entwickeln können. Beispielsweise übersteigt der mittlere periodische Volumenzuwachs von *Darrington* und *Vader* im Alter von 60 Jahren die Erwartungswerte der Ertragstafel um etwa 100% (Abbildung 1).

Die Unterschiede zwischen den verschiedenen Provenienzen in der Wuchsleistung, Qualität und Resistenz und auch das Abschneiden im Vergleich zur Fichte werden erst durch langfristige Untersuchungen aufgedeckt. Eine Beschränkung von Untersuchungen auf Sämling oder das Jugendstadium hätte ein unvollständiges Bild und Fehleinschätzungen des Entwicklungspotenzials der Provenienzen und Arten erbracht. Dieses Beispiel veranschaulicht somit den einzigartigen Informationsgehalt von langfristigen Versuchsflächen.

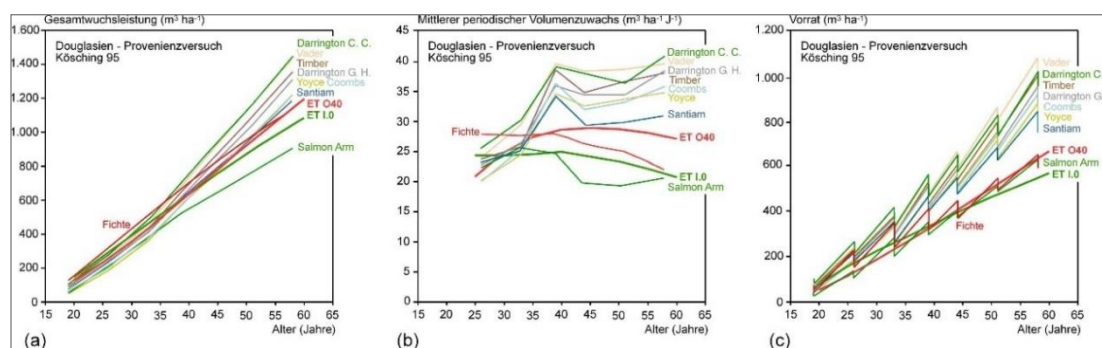


Abbildung 1: Langfristige Überlegenheit von Douglasien unterschiedlicher Provenienzen im Vergleich zur Fichte auf dem Provenienzversuch Kösching 95. Dargestellt sind Gesamtwuchsleistung, mittlerer periodischer Volumenzuwachs und Vorrat von Douglasien verschiedener Provenienzen und der Fichte im Vergleich zu den Ertragstafeln für die Douglasie von BERGEL (1985) (ET I.0, grün) und Fichte von ASSMANN UND FRANZ (1963) (ET O40, rot).

Figure 1: Long-term superiority of different Douglas fir provenances compared to spruce in the Kösching 95 provenance trial. Displayed are the total growth performance, average periodic volume increment, and standing stock of various Douglas fir provenances and spruce, compared to yield tables for Douglas fir by BERGEL (1985) (ET I.0 green) and spruce by ASSMANN and FRANZ (1963) (ET O40 red).

2. Klassische Konzepte und Ergebnisse

2.1 Zielsetzung und Zweck traditioneller, ertragskundlicher Herkunftsversuche

Für den forstlichen Praktiker waren anfangs waldbauliche Eignung und betriebswirtschaftlicher Erfolg von entscheidender Bedeutung. Der wirtschaftliche Erfolg in der Forstwirtschaft hing nicht allein von der Massenleistung, sondern auch maßgeblich von der Wertleistung ab, also der Qualität des produzierten Holzes. Bereits Ende des 19. und Anfang des 20. Jahrhunderts führte die Verwendung nicht angepasster, oft preiswerter Herkunftsmaterialien bei der Begründung von Kulturen, insbesondere bei Kiefern, zu massiven Ausfällen und unbefriedigenden Wuchsleistungen und -formen. Daher nahm unter diesen Gesichtspunkten die Auswahl der geeigneten Provenienz bei der Etablierung von Waldbeständen eine grundlegende Rolle ein. Bei der Bewertung der Eignung von Provenienzen flossen weitere Kriterien wie Bodenpfleglichkeit, Kohlenstoffbindung und Invasionspotential mit ein. Zur Unterstützung der Auswahlentscheidung wurden verschiedene Herkunftsver-

suche der betreffenden Baumarten mit internationalen, nationalen und regionalen Provenienzen angelegt, um entsprechende Informationen über die Entwicklung und Zuwachsdynamik von verschiedenen Herkünften auf heimischen Standorten zu erhalten.

Die klassischen waldwachstumskundlichen Provenienzversuche dienten deshalb dazu, das langfristige Wachstum, die Qualität und die Widerstandsfähigkeit verschiedener Provenienzen unter unterschiedlichen Standortbedingungen zu quantifizieren. Sie geben Antwort auf die Frage, welche Provenienzen angesichts des Klimawandels über das gesamte Spektrum der Standorte hinweg einen stabilen quantitativen und qualitativen Ertrag versprechen (PRETZSCH et al., 2002). Diese Provenienzversuche stellen eine erste Annäherung an das Verständnis des Zusammenhangs zwischen genotypischer Ausprägung und Ertrag, sowie Widerstandsfähigkeit von Waldbeständen, dar.

Initiativen zur Erweiterung des Wissens über Herkünfte erfolgten sowohl auf Landes- als auch auf internationaler Ebene. Zur Untersuchung des Wuchsverhaltens landestypischer Kiefernprovenienzen wurden beispielsweise in Baden-Württemberg der Versuch von DIETRICH 1927 angelegt und in Bayern der Versuch von ROHMEDER 1950/51 (BAYSTMINELF, 1948). Ähnliche Herkunftsversuche wurden auch für die Baumarten Lärche und Douglasie durchgeführt. Die Eignung verschiedener Douglasienherkünfte in Deutschland wurde in mehreren Herkunftsversuchen überprüft, darunter die ersten Versuchsanlagen von SCHWAPPACH (1910). Eine zweite Serie von Versuchsanlagen erfolgte im Zeitraum 1920-1940 und nach 1950 wurde die Provenienzfrage erneut aufgegriffen. Der Versuch Kösching 095 (NICKEL et al., 2011) im Bayerischen Ertragskundlichen Versuchswesen gehört dazu und ist Teil einer Flächenserie, die Ende der 1950er Jahre in Deutschland angelegt wurde. Die Ergebnisse flossen in die Erarbeitung von Herkunftsempfehlungen für den Douglasienanbau in den einzelnen Bundesländern ein, wobei RUETZ und FOERST (1984) in Bayern Grundsätze für den Anbau der Douglasie zusammenfassten.

Auf internationaler Ebene wurden u.a. durch Prof. SCHÖBER 1958/1959 Provenienzversuche zur Lärche angestoßen und konzipiert (II. Internationaler Lärchenprovenienzversuch). Diese wurden in 14 europäischen Ländern und den USA mit insgesamt 67 Provenienzen umgesetzt.

2.2 Versuchsanlagen im Bayerischen Ertragskundlichen Versuchswesens

Innerhalb des Bayerischen Ertragskundlichen Versuchswesens werden im Laufe der Zeit, sieben z.T. sehr umfangreiche Provenienzversuche mit den Baumarten Kiefer, Lärche, Douglasie und Fichte betreut. Über alle Baumarten hinweg handelt es sich dabei um 90 verschiedene Provenienzen mit einer Fläche von 18,58 ha auf 183 Parzellen. Auf diesen Flächen sind alle Bäume nummeriert und es finden z.T. seit mehr als 95 Jahren (in Schwabach 304 seit 1927) neben regelmäßigen Erhebungen von Durchmesser und Höhe spezifische Messungen der Qualitätsunterschiede, wie Geradschaftigkeit, Abholzigkeit und Aststärke statt.

Eine dieser Versuchsanlagen von 1958/59 (ROT334) befindet sich in Rothenbuch (STEINACKER UND PRETZSCH, 2022a). Dabei wurden sechs Alpen-, zwei Karpaten (Tatra)-, eine Polen- und vier Sudetenherkünfte sowie eine Japanlärchen-Herkunft auf jeweils drei Parzellen mit einer Größe von

1.000 qm im Verband 2 m * 2 m ausgepflanzt (Abbildung 2, Tabelle 1). Die Erkenntnisse aus diesem internationalen Versuch trugen wesentlich zur umfassenden Bewertung verschiedener Lärchenprovenienzen in unterschiedlichen geografischen Regionen bei.

Tabelle 1: Geographische und klimatische Charakterisierung der 14 Lärchen-Herkünfte im Versuch ROT334. Wo **HerkGeb**: Das Herkunftsgebiet, also das geografische Gebiet, aus dem die Lärchen-Herkunft stammt. **Name**: Der Name der jeweiligen Lärchen-Herkunft. **ö.L.**: Die östliche Länge (Longitude), der Längengrad, an dem die Herkunft lokalisiert ist. **n.B.**: Die nördliche Breite (Latitude), der Breitengrad, an dem die Herkunft lokalisiert ist. **HüNN**: Die Höhe über Normalnull, die Höhe der Herkunfts-region in Metern über dem Meeresspiegel. **Ta/Tv/ΔT**: Die mittlere Jahrestemperatur (Ta), die Vegetationsperiode (Tv) und die Temperaturamplitude (ΔT), also die durchschnittlichen Temperaturverhältnisse in der Herkunftsregion. **Na/Nv**: Der Jahresniederschlag (Na) und der Niederschlag während der Vegetationsperiode (Nv), also die durchschnittlichen Niederschlagsmengen in der Herkunftsregion.

Table 1: *Geographical and climatic characterization of the 14 larch provenances in the ROT334 trial. Where **HerkGeb**: The origin region, i.e., the geographical area from which the larch provenance originates. **Name**: The name of the respective larch provenance. **ö.L.**: The eastern longitude (longitude), the longitudinal coordinate where the provenance is located. **n.B.**: The northern latitude (latitude), the latitudinal coordinate where the provenance is located. **HüNN**: The elevation above sea level, the height of the origin region in meters above sea level. **Ta/Tv/ΔT**: The mean annual temperature (Ta), the growing season (Tv), and the temperature amplitude (ΔT), i.e., the average temperature conditions in the origin region. **Na/Nv**: The annual precipitation (Na) and the precipitation during the growing season (Nv), i.e., the average precipitation amounts in the origin region.*

Nr	Name	Herkunftsgebiet	ö.L. [° ']	n.B. [° ']	H ü. NN [m]	Ta/Tv/ΔT [°C]	Na/Nv [mm]
23	<u>Embrun</u>	Franz. Südwestalpen, Hautes Alpes	6° 54'	44° 47'	1.560	4,5/11,9/19,7	990/459
3	<u>Mühldorf</u>	Inneralpen, Kärnten	13° 21'	46° 52'	900	7/14,2/19,2	1.104/582
8	Semmering	Nördl. Alpenzw.zone	15° 46'	47° 38'	1.200	5,1/11,7/17,4	983/552
47	<u>Blühnbachtal Einzelbaum-Absaat</u>	Nördl. Alpenzw.zone, Salzburger Kalkalpen	13° 6'	47° 28'	825	5,9/13,7/21,4	1.151/653
16	Cavalese	Südl. Alpenrand, Dolomiten	11° 27'	46° 19'	1.200	6,4/12,9/17,9	796/448
18	Tenna	Südl. Alpenrand, Venet. Alpen	11° 19'	46° 4'	600	9,7/17,3/21,5	1.012/485
36	Ina	Japan. Alpen, Hondo	138° 12'	35° 44'	1.200	4,8//25	1900/
53	<u>Smokovec (EBA)</u>	Hohe Tatra	20° 11'	49° 8'	1.200	3,6/10,9/19,1	944/535
66	<u>Cierny Vah (EBA)</u>	Niedere Tatra	19° 53'	49° 0'	750	5,1/12,8/21	754/417
44	<u>Mala Wies</u>	Warschauer Ebene	20° 45'	51° 50'	180	7,4/15,5/21,8	509/313
30	Dobris (nicht autochton)	Mittelböhm. Waldgebirge	14° 11'	49° 47'	500	//20,6	590/332
39	Zabreh-Dubieko	Ost-Sudeten	16° 58'	49° 50'	400	6,9/14,5/20,5	668/346
40	Ruda nad Moravou	Ost-Sudeten	16° 54'	49° 59'	480	7,1/14,7/21,5	673/349
50	<u>Jägerndorf (EBA)</u>	Ost-Sudeten	17° 34'	50° 6'	450	6,9/14,2/18,7	588/362

In den Jahren 1950/51 wurde in Bayern an fünf Anbauorten in Zusammenarbeit zwischen der Bayerischen Ministerialforstabteilung und dem Institut für Forstsamenkunde und Pflanzenzüchtung ein

umfangreicher Kiefern-Provenienzversuch eingerichtet. Dieser umfasste insgesamt 41 bayerische Kiefernherkünfte und erweiterte das Wissen über geeignete Provenienzen (STEINACKER und PRETZSCH, 2022b). Aus diesem Versuch stehen heute noch 111 Parzellen mit 38 verschiedenen Herkunftstypen unter Dauerbeobachtung des Lehrstuhls für Waldwachstumskunde (TU München). In den Jahren 1996 und 2002 erfolgten umfangreiche Messaufnahmen dieser 111 Parzellen auf den drei verbliebenen gut erhaltenen Versuchsanlagen in Bodenwöhr, Geisenfeld und Nürnberg. Regelmäßige Messungen von Durchmesser und Höhe erfolgten ca. alle 10 Jahre in den Jahren 1996, 2002, 2013 und 2023. Die drei Versuche bewegen sich in einem weiten Standortsspektrum: der trockene, nährstoffarme Boden in Bodenwöhr deckt das untere Standortsspektrum ab, während der frische, deutlich besser mit Nährstoffen versorgte Boden in Geisenfeld das obere Spektrum für das Kiefernwachstum in Bayern darstellt. Die Versuchsanlage in Nürnberg bewegt sich im mittleren Bereich. Die großflächigen Versuchsflächen – hier am Beispiel in Bodenwöhr mit einer Flächengröße von ca. 6,7 ha - bergen die Gefahr standörtlicher Inhomogenität in sich. Mit Hilfe einer gleichbleibenden umgürtenden Standardprovenienz lassen sich kleinräumige Standortunterschiede aufzeigen und das Höhenwachstum des Standardstreifens für die Adjustierung der Provenienz-spezifischen Befunde auf jeder Versuchsfläche herangezogen werden.

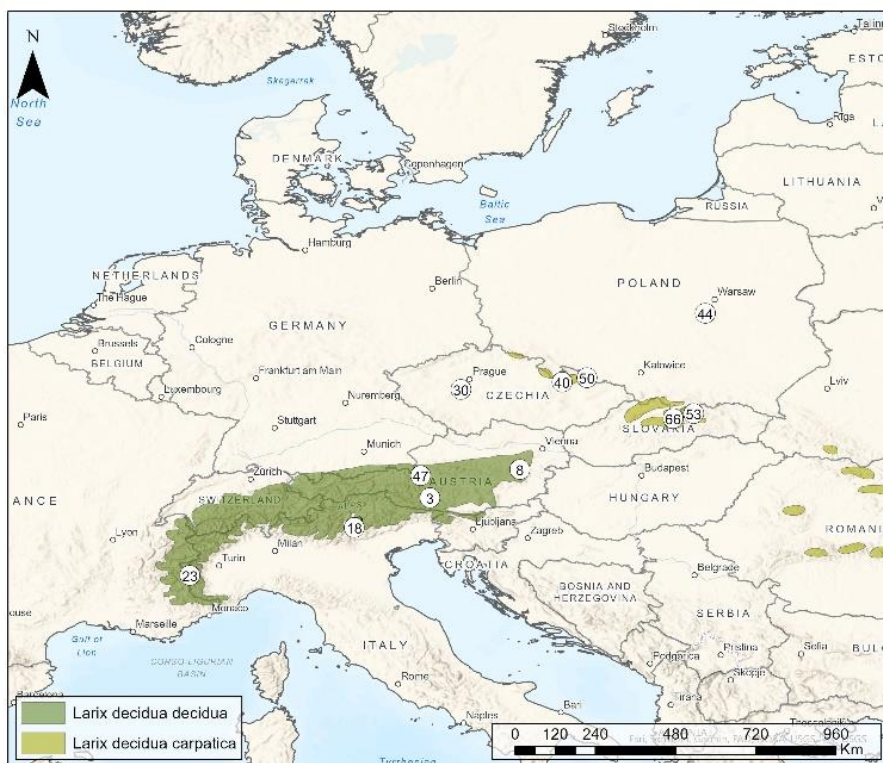


Abbildung 2: Die Lage aller verwendeten Herkünfte des II. Internationalen Lärchen-Provenienzversuches 1958/59.

Figure 2: The location of all provenances used in the II. International Larch Provenance Trial 1958/59.

2.3 Aufnahmekonzept

Ein zentraler Bestandteil der Provenienzversuche ist ihre Standardisierung, da dadurch eine Extrapolation und Vergleichbarkeit zwischen Standorten ermöglicht wird. Ein konsistentes und vergleichbares Aufnahmekonzept ist somit entscheidend.

Gemäß den Vorgaben von SCHÖBER (1985) werden bei den Aufnahmen des Provenienzversuches insbesondere die folgenden Parameter untersucht:

- a) Mortalität (Höhe des Pflanzenabgangs auf der Kulturfläche)
- b) Wuchsleistung (Höhe, Durchmesser, Volumen)
- c) Wuchsform (Schaftform, Kronenbildung, Astigkeit)
- d) Resistenz gegenüber Schäden organischer und anorganischer Natur (wie Lärchenkrebs, Blasenfuß, Miniermotte, Frost, Hitze, Trockenheit).

Die Aufnahmekonzepte der Provenienzversuche im Bayerischen Ertragskundlichen Versuchswesen sind dabei kongruent mit den Zielen von SCHÖBER, indem die quantitative Zuwachsleistung, Schaftform und Resistenz im Vordergrund der Untersuchungen stehen.

Die Unterteilung in drei Aufnahmeebenen führt zu folgendem Aufnahmekonzept: Ebene eins umfasst eine Vollaufnahme aller Brusthöhendurchmesser für jede Parzelle. Ebene zwei beinhaltet eine stichprobenweise Erfassung von Höhen-, Kronen- und Schaftqualitätsmerkmalen an 25 bis 40 Individuen pro Parzelle. Ebene drei schließt detaillierte Stammanalysen (Stammscheiben in definierten Höhen) an je drei gefälltten, dominanten, qualitativ gut veranlagten Probestäumen inklusive ihrer Wuchskonstellationen ein. Kriterien für die Wuchsform umfassen beispielsweise Abholzigkeit, Stammkrümmung, Säbelwuchs, Querschnittsform, Astwinkel, Aststärke und -winkel.

Diese klare Struktur und systematische Herangehensweise ermöglichen nicht nur die präzise Charakterisierung von Provenienzen, sondern auch eine effektive Vergleichbarkeit zwischen verschiedenen Standorten und Bedingungen, was letztendlich zu einer tieferen Erkenntnis über die phänotypischen Ausprägungen von Provenienzen führt.

2.4 Ergebnisse

Neuere Ergebnisse aus Provenienzversuchen verdeutlichen, dass die Wahl geeigneter Herkünfte oft effektiver ist als behandlungsbedingte Eingriffe für Zuwachs, Qualität und Resistenz (IFJU und BURKHART, 1995). Im Folgenden stellen wir einige Beispiele aus den Herkunftsversuchen des Bayerischen Ertragskundlichen Versuchswesens vor.

Die Stärken und Schwächen von Provenienzen und verschiedenen Baumarten wurden erst nach langfristiger Betrachtung deutlich, wie im bereits erwähnten Kiefernprovenienzversuch Schwabach (SWA 304). Dieser zeigte nach 70 Jahren Beobachtungsdauer, dass eine anfänglich weniger produktive Provenienz schließlich alle anderen im Wachstum überholte. Das Wissen über die ertragskundliche Eignung unterschiedlicher Provenienzen war entscheidend für den nachfolgenden Anbau

von Standraum und Durchforstungsversuchen sowie für den Anbau dieser Provenienz im Mischbestand mit anderen Baumarten.

Im Herkunftsversuch Schwabach 304 zeigt sich eine bemerkenswerte Rangverschiebung in der Gesamtwuchsleistung (GWL; Abbildung 3). Anfangs sind die GWL-Werte ähnlich, entwickeln sich dann aber über die Ertragstafel hinaus, wobei alle Herkünfte ab einem Alter von 70 Jahren über den Erwartungswerten liegen. Die Unterschiede zwischen den Herkünften nehmen mit dem Alter zu. Die Bamberger Herkunft, welche zu Beginn eine niedrigere Leistung zeigt, übertrifft die der anderen Herkünfte schließlich mit 1003 VfmD/ha im Jahr 2021, während beispielsweise die Schwabacher Herkunft nur 889 VfmD/ha erreicht. Aufgrund ihrer langsameren Jugendentwicklung und höheren Feinastigkeit besitzt sie zudem eine bessere Qualität.

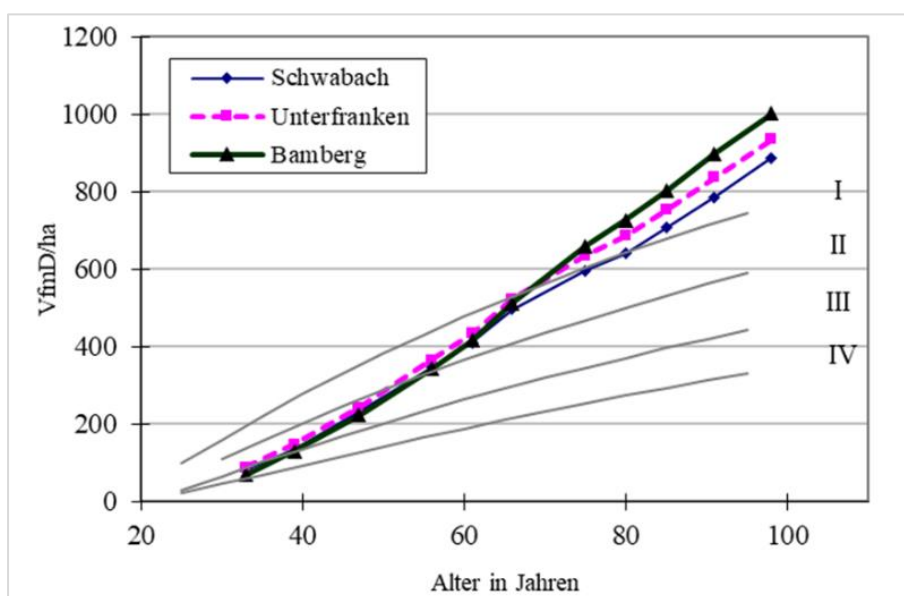


Abbildung 3: Gesamtwuchsleistung in VfmD/ha der drei Kiefernherkünfte Schwabach, Unterfranken und Bamberg. Zum Vergleich sind die Ertragstafelwerte von WIEDEMANN (1943, mäßige Durchforstung) I.-IV. Ertragsklasse als durchgezogene Linie eingezeichnet. Die Herkunft Bamberg (schwarze Linie) erreicht nach anfänglichen niederen Werten die höchste Gesamtwuchsleistung

Figure 3: Total growth performance in VfmD/ha of the three pine provenances Schwabach, Unterfranken, and Bamberg. For comparison, the yield table values from WIEDEMANN (1943 moderate thinning) I.-IV. yield class are shown as a continuous line. The Bamberg provenance (black line) reaches the highest total growth performance after initially lower values.

Im Bayerischen Kiefern-Provenienzversuch von 1950/51 zeigt sich, dass Kiefern aus dem Alpenvorland abholziger sind als diejenigen aus den Nordostbayerischen Mittelgebirgen. Das Herkunftsgebiet Nordostbayerische Mittelgebirge in Geisenfeld und Nürnberg hat den höchsten Anteil gerader Schäfte (36 % bzw. 69 %), während die Provenienzen aus dem Alpenvorland mit 11 % bzw. 29 % die geringsten Anteile aufweisen. Eine Verbindung von quantitativer und qualitativer Leistung zeigt, dass bestimmte Provenienzen wie „Falkenberg“, „Bamberg-O.“, „Selb-P.“ und „Selb-R.“ eine deutlich bessere Gesamtbilanz in Bezug auf Produktivität und Qualität aufweisen, während andere wie „Altdorf“, „Altötting“, „Berchtesgaden“, „Schrobenhausen“ und „Welden“ unterdurchschnittlich sind.

3. Wandel des Informationsbedarfs

3.1 Genetische Diversität und Management auf Bestandesebene

Funktionale Merkmale, wie Baumdimensionen (Durchmesser, Höhe) oder Knospenphänologie, wurden als Indikatoren für die Fitness verwendet (ALBERTO et al., 2013; LANGLET, 1971), während allometrische und strukturelle Informationen (z.B. Schaftform, Abholzigkeit) genutzt wurden, um die Qualität für die Holzverwendung einzuschätzen. Doch vor dem Hintergrund des Klimawandels ergeben sich zusätzliche, vorrangige Ansprüche an die Auswahl von Herkünften, welche eine andere Perspektive erfordern. Schwerwiegende Trockenheiten (IPCC, 2021), häufigere Spätfrostereignisse (ZOHNER et al., 2020), erhöhte Risiken von Feuerereignissen (PECHONY und SHINDELL, 2010), oder ansteigende Schäden durch beispielsweise Insekten und Pathogene (KAUTZ et al., 2017) sorgen für eine Zunahme von Störungsdynamiken in Wäldern (SEIDL et al., 2017). Heimische Baumarten zeigen dabei deutliche Anzeichen von Stress, insbesondere bedingt durch die intensiveren Hitzewellen und länger anhaltenden Dürreperioden (SCHMIED et al., 2023; SCHULDT et al., 2020; ZANG et al., 2014). Deshalb wird unter anderem die Stresstoleranz immer mehr bei der Herkunftswahl in den Vordergrund rücken. Hierbei ist die phänotypische Plastizität von Populationen einer Baumart entscheidend, denn diese ermöglicht eine Anpassung an sich verändernde Umweltbedingungen im Kontext des Klimawandels, sei es durch genetische Prozesse oder durch das Immigrieren in neue Gebiete mit geeignetem Klima (AITKEN et al., 2008; ALBERTO et al., 2013).

Die genetische Vielfalt einer Baumpopulation wird durch ein komplexes Zusammenspiel von vier evolutionären Kräften bestimmt: Mutation, Genaustausch, genetische Drift und Selektion, von denen die letzten drei stark durch Waldbewirtschaftung beeinflusst werden. Ausreichend hohe Niveaus genetischer Vielfalt sind entscheidend für die kontinuierliche Anpassung von Wäldern an sich verändernde Umweltbedingungen und letztendlich für ihre Beständigkeit (KOSKELA et al., 2013). Genetisch vielfältige Wälder (einschließlich inter- und intraspezifischer Vielfalt) sind im Allgemeinen widerstandsfähiger und erholen sich schneller von biotischen und abiotischen Störungen, da verschiedene Genotypen oder Arten in ihrer Empfindlichkeit gegenüber verschiedenen Störungen variieren (JACTEL et al., 2017).

Darüber hinaus beherbergen vielfältigere Wälder eine größere Vielfalt von Organismen, die dazu beitragen, Störungen abzufedern (z. B. natürliche Feinde von Schädlingen, (STAAB und SCHULDT, 2020)). Außerdem führt das Mischen von komplementären Baumarten zu einer höheren globalen Produktivität (PRETZSCH et al., 2015). Es wurde kürzlich gezeigt, dass eine Mischung phänotypisch differenzierter Herkünfte innerhalb einer einzigen Art das gleiche Maß an Produktivitätssteigerung und Reduzierung des zwischenindividuellen Wettbewerbs bieten kann wie Mischungen aus mehreren Arten (PRETZSCH, 2021a). Langfristige Überwachung oder retrospektive Analysen, die klimatische Daten mit Forstinventar- oder dendrochronologischen Daten verknüpfen, sind notwendig, um den Einfluss der genetischen Vielfalt von Wäldern auf deren Widerstandsfähigkeit zu untersuchen (DEL RÍO et al., 2022).

Waldbewirtschaftung kann die genetische Vielfalt von Wäldern erhöhen oder verringern (LEFÈVRE, 2004). Auf Landschaftsebene gestalten forstliche Planungsentscheidungen die räumliche Verteilung der genetischen Vielfalt von Bäumen mit direkten Auswirkungen auf die genetische Konnektivität und möglicherweise auf Krankheitserreger, wie es in Anbausystemen beobachtet wird (PAPAIX et al., 2018). Auf Bestandsebene erzeugen forstwirtschaftliche Eingriffe wie selektive Durchforstung eine Form von anthropogener Selektion, die qualitativ charakterisiert wurde, aber noch quantifiziert werden muss (LEFÈVRE et al., 2014). Der Einfluss des Forstmanagements auf forstliche Genressourcen (FGR) ist auch kontextabhängig; zum Beispiel erfordern natürliche Regenerationssysteme weniger Investitionen zur Biomasseerzeugung, sind aber durch lokale genetische Vielfalt eingeschränkt, während Verjüngungssysteme genetische Vielfalt verstärken können, aber teurer sind und begrenzte Möglichkeiten für natürliche Selektion bieten (LEFÈVRE, 2004). Die größten Auswirkungen des Forstmanagements auf die genetische Vielfalt und Struktur werden während der Regenerationsphase erwartet. Tatsächlich können sowohl bei natürlicher als auch bei künstlicher Regeneration die Anzahl der Samenbäume, der Genaustausch und mütterliche Effekte die genetische Zusammensetzung der nächsten Generation verändern. Diese Phase wird jedoch selten in prädiktiven Modellen berücksichtigt, die darauf abzielen, Anpassung an den Klimawandel zu unterstützen, einschließlich unterstütztem Genaustausch und Migration (BENITO GARZÓN et al., 2019).

4. Integration neuer Analyseansätze in forstliche Provenienzversuche

4.1 Experimentelle Ansätze

Durch den simultanen Anbau von verschiedenen Herkunftstypen unter homogenen Standortbedingungen bieten ertragskundliche Provenienzversuche und sogenannte *common gardens*, bei denen eine Vielzahl von Herkunftstypen einer und/oder mehrere Arten in kleinen Gruppen ausgepflanzt werden, ideale experimentelle Rahmenbedingungen zur Untersuchung lokaler Anpassung und Eignung von Populationen unter künftigen Klimaszenarien (AITKEN und BEMMELS, 2016; MATYAS, 1994). Darüber hinaus können groß angelegte Experimente, bei denen Saatgut aus kälteren und feuchteren Regionen in wärmere und trockenere Gebiete und umgekehrt gebracht werden, genutzt werden, um zu beurteilen, wie sich Populationen unter anderen Bedingungen verhalten, oder wie sich mögliche Maßnahmen der „*assisted migration*“ (d.h. die Einbringung von Saatgut in Klimaregionen wo sie voraussichtlich in Zukunft gut angepasst sein werden) auswirken (AITKEN und BEMMELS, 2016; ISAAC-RENTON et al., 2018).

4.2 Analytische Ansätze

Bedeutende Fortschritte bei genetischen Sequenzierungsmethoden und bei der Beschreibung des Genoms von Baumarten der gemäßigten Zone im letzten Jahrzehnt, z.B. der Fichte (NYSTEDT et al., 2013) oder der Buche (MISHRA et al., 2018), ermöglichen tiefgreifendere und umfangreichere Analysen. Zum Beispiel können mithilfe von genomweiten Assoziationsstudien (GWAS = *genome-wide association study*) komplette Genomsequenzen von einer großen Anzahl an Individuen verwendet werden, um Beziehungen zwischen einzelnen Genorten und bestimmten Phänotypen

offenzulegen, wodurch sich ein umfassenderes Bild von genetisch bedingten Ausprägungsmerkmalen ergibt (KORTE UND FARLOW, 2013). So zeigten beispielsweise PARCHMAN et al. (2012) für die Küsten-Kiefer (*Pinus contorta*) auf, dass deren Anpassung an Feuerereignisse (bei manchen Populationen wird die Öffnung der Zapfen erst durch Feuer ausgelöst) mit einem Satz von elf Genorten assoziiert war. Jüngste GWAS- Studien enthüllten unter anderem die genetischen Hintergründe der Trockentoleranz von Mammutbäumen (DE LA TORRE et al., 2022) und trockenheitsbedingten Absterbeerscheinungen bei Buchen (PFENNINGER et al., 2021). Statt breit angelegten GWAS-Studien können Kandidatengenansätze, bei welchen Genorte aufgrund von Vorkenntnissen über deren Funktion vorausgewählt werden, wichtige Einblicke in zugrunde liegende genetische Mechanismen von Merkmalsausprägungen liefern, indem die Variationen in diesen Genen (z.B. SNP = *single nucleotide polymorphism*) im Zusammenhang mit dem Merkmal untersucht werden. Kürzlich nutzen HOUSSET et al. (2018) und DEPARDIEU et al. (2020) bestehende Provenienzversuche im Osten von Kanada, um Einblicke in die Trockentoleranz und Anpassungsfähigkeit der Weiß-Fichte (*Picea glauca*; DEPARDIEU et al., 2021), beziehungsweise der Weymouth-Kiefer (*Pinus strobus*; HOUSSET et al. 2018), zu erlangen, indem sie SNPs und Jahrringmuster für Genotyp-Phänotyp Assoziationsanalysen nutzten. Dies ermöglichte es aufzuzeigen, dass die genetische Variation zwischen Populationen eine bedeutende Rolle für die Widerstandsfähigkeit gegenüber Trockenstress besitzt. Die Anwendung solch innovativer Analyseansätze in bestehenden Provenienzversuchen ermöglicht es, moderne Methodiken mit traditionellen und langfristigen Forschungsdesigns zu verknüpfen.

Neben neuen Möglichkeiten im Bereich der Genetik bieten etablierte und neuartige Methoden der Dendroökologie retrospektive Einblicke in die Anpassungsfähigkeit und Stresstoleranz von Populationen. Jahrringdaten sind als eine Art integriertes Archiv zur Widerspiegelung von Umweltbedingungen zu sehen (SCHWEINGRUBER et al., 1989) und sind somit ein geeignetes Instrument, um die Resilienz von Bäumen gegenüber klimatischen Extremen, wie anhaltender Dürre zu beschreiben (LLORET et al., 2011). Neben jährlichen Wuchsentwicklungen können anhand von Jahrringen wertvolle Einblicke in ökophysiologische Prozesse von Bäumen gewonnen werden, wie z.B. der Wasser- und Kohlenstoffdynamik. Holzanatomische Analysen des Holzes ermöglichen unter anderem die Ermittlung von Unterschieden im Zelllumen oder der Zellwandbreite, was auf die Widerstandsfähigkeit gegen trockenheits- oder frostbedingte Kavitation hinweisen kann (EILMANN et al., 2014). Weiter geben Analysen von stabilen Isotopenverhältnissen von $\delta^{18}\text{O}$, $\delta^{13}\text{C}$ und $\delta^2\text{H}$ Aufschluss darüber, wie Bäume auf Umweltbedingungen reagieren und den Wasserverbrauch effizient steuern (GESSLER et al., 2014; VITALI et al., 2022). Jahrringe bieten daher eine ideale Grundlage, um die phänotypische Plastizität von Populationen zu ergründen. Etliche Studien zu Provenienzversuchen haben deshalb auf Zuwachsinformationen (DEPARDIEU et al., 2020; PRETZSCH, 2021b), holzanatomische Merkmale (EILMANN et al., 2014; MONTWÉ et al., 2018) oder Isotopenverhältnisse (ISAAC-RENTON et al., 2018) zurückgegriffen, um die Stresstoleranz gegenüber Trockenheit und Frösten zu erfassen. Besonders die interdisziplinäre Kombination aus genetischen Analysen und dendroökologischen Informationen scheint vielversprechend zu sein, was in bisher wenigen,

innovativen Studien bereits aufgezeigt wurde (DEPARDIEU et al., 2020; HEER et al., 2018; HOUSSET et al., 2018; ZACHARIAS et al., 2022).

Die Extraktion weiterer interessanter Informationen erlauben jüngste Fortschritte im terrestrischen Laserscanning (TLS), was nun eine detailliertere und objektivere Quantifizierung des Phänotyps der Krone von Bäumen erlaubt (CALDERS et al., 2020). Bisherige Erhebungen waren sehr zeitaufwendig (Fällungen und Rekonstruktionen) oder durch visuelle Ansprache subjektiv vom Betrachter beeinflusst. Erhebungen mit TLS-Systemen erlauben eine Vielzahl an neuen Erhebungen, darunter auch die Quantifizierung der Auswirkungen von biotischem und abiotischem Stress (JACOBS et al., 2022, 2021). Studien zu Provenienzversuchen könnten insbesondere von Analysen mit TLS-Systemen profitieren, da die detaillierte Beschreibung von Unterschieden im Kronenphänotyp zwischen Populationen einer Baumart neue Perspektiven ermöglicht.

Aktuelle Studien zeigen, dass die Diversifizierung von Baumarten und Bestandsstrukturen das Wachstum, die Stabilität und die Funktionalität von Wäldern verbessert und ihre Widerstandsfähigkeit gegenüber Störungen erhöht (LIANG et al., 2016; SEIDL et al., 2011; UHL et al., 2021). Bisherige Forschungen konzentrierten sich jedoch hauptsächlich auf die Vielfalt der Baumarten und die Mischung von Bestandsstrukturen, wobei das Potenzial der intraspezifischen genetischen Diversifizierung durch Herkunftsvermischung weitgehend unbeachtet blieb.

Kombinierte Provenienz- und genetische Versuche bieten eine wertvolle Gelegenheit, genetische Forschung mit Erkenntnissen über Waldwachstum zu verbinden, indem sie die genetische Variation innerhalb und zwischen Baumpopulationen untersuchen. In Einzelbaumstudien zur Ertragskunde spielt die Konkurrenzsituation benachbarter Bäume eine wesentliche Rolle, insbesondere wenn Methoden aus Artenmischungsstudien auf Provenienz- und genetische Experimente übertragen werden. Dabei wird der Wettbewerb zwischen verschiedenen Herkünften an den Rändern benachbarter Herkunftspartzellen analysiert, während im Zentrum der Partzellen die intraspezifischen Bedingungen auf Bäume derselben Herkunft fokussieren.

Eine zentrale Herausforderung besteht jedoch darin, die Dynamik von Rein- und Mischbeständen angesichts der großen Vielfalt benachbarter Herkünfte (typischerweise etwa 20) zu vergleichen. Diese Vielfalt führt dazu, dass Mischbestände eine weitaus größere Bandbreite an unterschiedlichen Bedingungen aufweisen können, was den Vergleich erschwert.

Die Untersuchung der komplexen Interaktionen zwischen vielen Provenienzen, erfordert präzise Methoden. Hierbei kann die Analyse von Baum- und Bestandsdynamiken mithilfe eines beweglichen Fensters hilfreich sein. Sofern die Positionen der Bäume (bzw. Stammfußkoordinaten) seit der Pflanzung bekannt sind, ermöglicht ein virtueller Kreis um jeden Baum die detaillierte Quantifizierung lokaler Interaktionen wie Wettbewerb und Fazilitation (Abbildung 4). Ein Suchradius kann beispielsweise auf die Hälfte der Höhe des jeweiligen zentralen Baums festgelegt werden. Dies führt im Vergleich zu anderen Suchradien zu besseren Korrelationen zwischen dem Wachstum des zentralen Baums und der Anzahl der Entitäten in diesem Radius führt. Durch die Auswahl des Suchradius basierend auf der Baumhöhe wird berücksichtigt, dass in gleichaltrigen Situationen die

Einflusszone um einen Fokuspunkt mit fortschreitender Größenentwicklung zunimmt (PRETZSCH, 2009, pp. 295–296). Alle Entitäten innerhalb des erstellten Kreises werden berücksichtigt, um lokale Interaktionen wie Wettbewerb und Fazilitation zu quantifizieren.

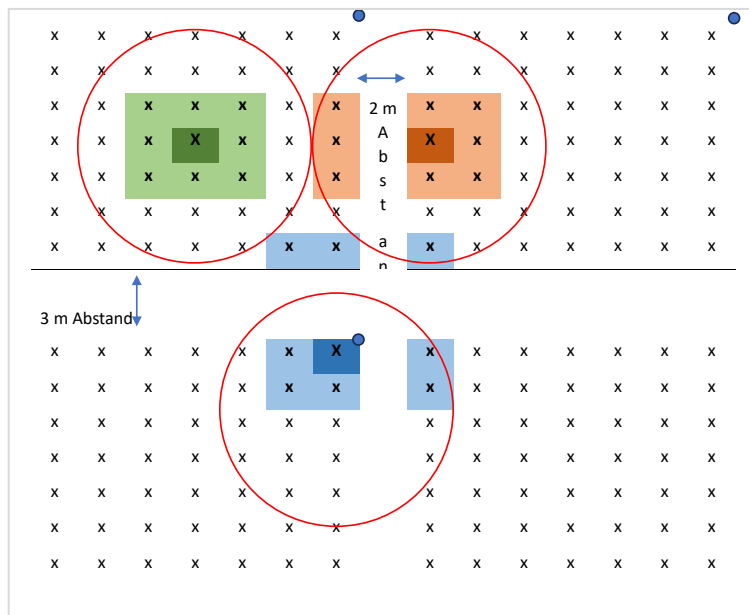


Abbildung 4: Skizze zu den möglichen Nachbarschaftsverhältnissen zwischen Bäumen und Parzellen an einem Beispiel im Süddeutschen (AWG) Tannenprovenienzversuch Kelheim im Maßstab 1:200

Figure 4: Ongoing periodic increment of stem volume per stand in relation to (a) stand density and (b) the number of different provenances per plot.

Allerdings wird es ohne Informationen zur Entwicklung der Konkurrenzverhältnisse des entnommenen Baums im Laufe der Zeit herausfordernd. Der relevanteste Wert der Waldwachstumsexperimente, insbesondere mit Baumkoordinaten, liegt auch in den wiederholten Langzeitinventuren. Leider wurden Analysen zur langfristigen Resilienz und zum Klimawandel sowie *common gardens* für genetische Experimente erst in den letzten beiden Jahrzehnten durchgeführt bzw. eingerichtet, sodass wiederholte Inventuren in der Regel fehlen oder nach einigen Jahren eingestellt werden. Eine Möglichkeit, in die Vergangenheit zu schauen, besteht darin, Zuwachskerne zu entnehmen. Mit Bohrkernen können dendroklimatische Zuwachs-Serien extrahiert werden, um die Auswirkungen des Klimas auf das Wachstum zu untersuchen.

4.3 Das Potenzial der epigenetischen Forschung bei Waldbäumen

Neben der Genetik besteht ein wachsendes Interesse daran, die Rolle epigenetischer Mechanismen bei der Akklimationierung und Anpassung von Waldbäumen zu verstehen, insbesondere im Hinblick auf die Anpassung an Trockenheit (BRÄUTIGAM et al., 2013; SOW et al., 2018).

Epigenetik bezieht sich auf vererbare Veränderungen der Genexpression, die unabhängig von Veränderungen der DNA-Sequenz auftreten. Zu den molekularen Mechanismen gehören posttranslationale Modifikationen von Histonproteinen, Histonvarianten und DNA-Methylierung, die zusammen zur DNA-Verpackung im Zellkern beitragen. Epigenetische Modifikationen passen die

Genexpressionsprogramme als Reaktion auf Umweltsignale flexibel an und sorgen dafür, dass die Geneexpressionsmuster durch Zellteilungen stabilisiert werden. Gelegentlich können somatisch erworbene epigenetische Veränderungen über Generationen hinweg vererbt werden und in Form von "Epiallelen" in Populationen segregieren, ähnlich wie bei DNA-Sequenzmutationen (WEIGEL und COLOT, 2012). Epigenetische Mechanismen sind daher nicht nur für die Regulierung der kurzfristigen phänotypischen Plastizität als Reaktion auf Umwelteinflüsse wie biotischen und abiotischen Stress wichtig, sondern können auch zur langfristigen Anpassung durch natürliche oder künstliche Selektion beitragen.

Die Einbindung von Epigenetik in Forstherkunftsversuche bietet großes Potenzial, um die Anpassungsfähigkeit von Baumpopulationen an unterschiedliche Umweltbedingungen zu vertiefen. Insbesondere in Forstherkunftsversuchen, in denen Bäume aus verschiedenen Regionen an verschiedenen Standorten getestet werden, könnte die Analyse von epigenetischen Variationen helfen, die Reaktion auf Umweltstress, wie Trockenheit oder Temperaturschwankungen, besser zu verstehen. Die potenzielle Einbeziehung von Epigenetik ermöglicht somit eine umfassendere Beurteilung der Anpassungsfähigkeit von Baumarten und trägt zur Entwicklung nachhaltiger Forstwirtschaftsstrategien bei.

- **Epigenetische Grundlagen der phänotypischen Plastizität und des Primings**

Ein epigenetischer Mechanismus, der für die Stressakklimatisierung bei Bäumen vielleicht am wichtigsten ist, ist das *Priming*, bei dem die Exposition gegenüber einem frühen Stressor zu effektiveren transkriptionellen und phänotypischen Reaktionen bei zukünftigen Stressereignissen führt (LÄMKE UND BÄURLE, 2017). Bei der Fichte, beispielsweise, führt eine frühe hormonelle Exposition der Sämlinge zu einem *Priming*-Zustand, der im späteren Leben zu einer wirksameren Resistenz gegen Insektenbefall führt (MAGEROY et al., 2020). Auf molekularer Ebene beinhaltet das Priming die Bildung eines "Stressgedächtnisses", das epigenetisch kodiert ist. Dieses Gedächtnis besteht aus Veränderungen der Histone und der DNA-Methylierung, die Gene, die auf Stress reagieren, in einem semi-aktiven Transkriptionszustand halten, um eine rasche Aktivierung zu erleichtern, wenn derselbe Stressor erneut auftritt (LÄMKE UND BÄURLE, 2017). Experimentelle Arbeiten mit epigenetischen Mutanten zeigen, dass die Fähigkeit, Stressgedächtnisse zu bilden und/oder aufrechtzuerhalten, stark beeinträchtigt ist (LUNA et al., 2014; SOW et al., 2021).

Eine wichtige Frage ist, wie lange das Stressgedächtnis während der Ontogenese eines Baumes aufrechterhalten werden kann. Das Hindernis für die experimentelle Untersuchung dieser Frage ist die lange Lebensdauer der meisten Baumarten. Zahlreiche Studien an Pappel, Mangroven, Eiche, Birke usw. haben Stressbedingungen mit einer unterschiedlichen DNA-Methylierung bei mehrjährigen Bäumen in Verbindung gebracht (JACINTO PEREIRA et al., 2020; LAFON-PLACETTE et al., 2018; LE GAC et al., 2018; LIANG et al., 2014; MIRYEGANEH et al., 2022; RUBIO et al., 2023; SOW et al., 2018; SU et al., 2018; WANG und CHIN, 2011; ZHOU et al., 2023), aber nicht die Stabilität der Methylierung nach Beseitigung des Stressors untersucht oder die

Bäume nur für einen begrenzten Zeitraum (z.B. bis zu 6 Monate) beobachtet. Bei annualen Pflanzen kann das Stressgedächtnis während der gesamten Lebenszeit der Pflanze aufrecht gehalten werden; wird jedoch in der Regel mit dem Übergang in die nächste Generation gelöscht, insbesondere während der sexuellen Fortpflanzung aufgrund einer umfassenden epigenomischen Umprogrammierung in den Keimzellen. Bei Baumarten, die sich klonal fortpflanzen (oder fortgepflanzt werden), kann das Stressgedächtnis viel länger erhalten bleiben. DNA-Methylierungsanalysen von Pappelklonen, zum Beispiel, die in ganz Europa gesammelt und in einem *common garden* über zwei Generationen angebaut wurden, zeigen, dass einige epigenetische Signaturen mit ihrer geografischen Herkunft übereinstimmen (VANDEN BROECK et al., 2024). Es ist jedoch unklar, ob diese DNA-Methylierungsmuster die Signaturen eines *primed state* widerspiegeln oder ob sie andere stressbedingte epigenetische Veränderungen darstellen, die phänotypisch weniger relevant sind.

Die Tatsache, dass die Aufrechterhaltung umweltbedingter epigenetischer Effekte in der Regel auf die Lebenszeit eines Baumes beschränkt ist, bedeutet, dass sie für die langfristige evolutionäre Anpassung keine Rolle spielen. Angesichts der langen Lebensspanne der meisten Baumarten (d.h. Jahrzehnte bis Jahrhunderte) sind die ökologischen Folgen dieser vorübergehenden Effekte jedoch aus anthropologischer Sicht von großer Bedeutung, insbesondere im Hinblick auf den Klimawandel. Das Verständnis der phänotypischen und molekularen Aspekte des *Primings* bei Bäumen ist ein vielversprechender Forschungszweig. Es könnte als Instrument in der Waldbewirtschaftung eingesetzt werden, um Bäume auf künftige Klimaextreme "vorzubereiten", zukünftige Reaktionen auf Grundlage vergangener Umweltbedingungen vorherzusagen, oder als molekulares/phänotypisches Ziel in Zuchtprogrammen zu dienen.

- **Somatische Epimutationen und epigenetische Heterogenität innerhalb eines Baumes**

Neben vorübergehenden epigenetischen Effekten, die als Teil einer Stressreaktion oder eines Stressgedächtnisses fungieren, gibt es auch stabilere epigenetische Veränderungen, die stochastisch während der Baumentwicklung und -alterung auftreten (GARDNER et al., 2023; HOFMEISTER et al., 2020; LI et al., 2023, 2023; SHAHRYARY et al., 2020). Diese stochastischen Ereignisse resultieren aus der unvollkommenen Aufrechterhaltung des epigenetischen Zustands während der Zellteilung. Eine gut charakterisierte Form sind zufällige Gewinne und Verluste von DNA-Cytosin-Methylierung, ein Phänomen, das als "spontane Epimutation" bezeichnet wird (JOHANNES und SCHMITZ, 2019). Einmal erworben, können spontane Epimutationen mitotisch und sogar meiotisch vererbt werden und akkumulieren sich so im Laufe der Entwicklung und Evolution in Pflanzengenomen. Es wurden erhebliche Anstrengungen unternommen, um die molekularen Grundlagen, sowie die genetischen und umweltbedingten Determinanten von Epimutationsprozessen in Pflanzen zu verstehen. Waldbäume erweisen sich dabei als leistungsfähige "Modellsysteme" (YAO et al., 2021). Aufgrund ihrer außergewöhnlichen Langlebigkeit und ihres modularen Aufbaus können sie als natürliche (Epi-)Mutationsakkumulationssysteme betrachtet werden. In Verbindung mit retrospektiven Daten über

Wachstum oder Klimabedingungen können Bäume einzigartige Einblicke in Epimutationsprozesse über Zeiträume hinweg liefern, die mit prospektiven Studien nicht leicht zugänglich sind. Ein solcher integrierter Ansatz wird derzeit an der europäischen Buche anhand von Material aus dem FAB15-Standort in Fabrikschleibnach entwickelt (ZHOU et al., 2024).

Spontane Epimutationen, die im Sprossapikalmeristem (SAM), einer kleinen Population von Stammzellen an der Sprossspitze, entstehen, werden oft in Seitenästen durch einen Prozess fixiert, der als somatische epigenetische "Drift" bezeichnet wird (CHEN et al., 2024). Dieses Phänomen erklärt die Existenz epigenetischer Mosaik, bei denen einige Sprossabschnitte oder ganze Organe die somatische Epimutation tragen, andere jedoch nicht (FRANK UND CHITWOOD, 2016). Jüngste Schätzungen bei der Pappel und Buche zeigen, dass sich feste somatische Epimutationen mit einer Rate von rund 8×10^{-6} pro Cytosin-Guanin pro haploidem Genom und Jahr ansammeln (HOFMEISTER et al., 2020; SHAHRYARY et al., 2020). Diese Rate ist etwa vier Größenordnungen höher als die somatischen genetischen Mutationsraten (HOFMEISTER et al., 2020; SCHMID-SIEGERT et al., 2017).

Die Anhäufung somatischer (Epi-)Mutationen kann zu phänotypischer Divergenz zwischen vegetativen Linien innerhalb desselben Individuums führen. Bei Eukalyptus, beispielsweise, wurde gezeigt, dass sich verschiedene Zweige in ihrer Reaktion auf Schädlingsbefall, Trockenheit und Nährstoffverfügbarkeit unterscheiden (LIANG et al., 2014). Bei modularen Arten könnten solche somatischen Veränderungen zu einer Quelle der Selektion innerhalb des Organismus werden, da jeder Zweig auf semi-autonome Weise funktionieren kann (REUSCH et al., 2021; WHITHAM und SLOBODCHIKOFF, 1981). Obwohl es in der Natur nur wenige Beobachtungen dieser Selektion gibt, werden feste somatische Veränderungen in Form von phänotypisch unterschiedlichen Trieben (d. h. *budsports*) bei Obstbäumen seit Jahrhunderten künstlich selektiert (FOSTER und ARANZANA, 2018). Es gibt Bestrebungen, wenn auch hauptsächlich bei Obstbäumen, die molekulargenetischen und epigenetischen Ursachen für diese phänotypischen Unterschiede mithilfe von (epi)genomischen Sequenzierungsansätzen zu ermitteln z.B. (BAN et al., 2022; SUN et al., 2023; ZHAO et al., 2019). Die Ausweitung dieser Art von Analyse auf Waldbäume ist ein vielversprechendes Forschungsprogramm.

○ **Epigenetische Vielfalt auf Populationsebene und Assoziationen mit Merkmalen**

Da die Keimbahn spät in der Entwicklung aus SAM-Vorläuferzellen hervorgeht, können viele somatisch erworbene Epimutationen auch an die nächste Generation weitergegeben werden. Dies ist möglich, solange sie in Genomregionen auftreten, die nicht für eine epigenomische Umprogrammierung vorgesehen sind. Viele spontane Epimutationen sind äußerst stabil und werden als vererbte Epiallele auf Populationsebene segregiert. Da die Epimutationsrate pro Generation etwa fünf Größenordnungen höher ist als die genetische Mutationsrate (VAN DER GRAAF et al., 2015), ist die epigenetische Vielfalt in natürlichen Populationen wesentlich größer als die genetische Vielfalt. Belege auf Populationsebene von Modell- und Nutzpflanzen deuten darauf hin, dass die epigenetische Vielfalt unabhängig von der DNA-Sequenzvariation zur

Vererbbarkeit und Evolvierbarkeit komplexer Merkmale beitragen und somit die molekulare Grundlage der Anpassung durch Selektion bilden könnte. Arbeiten mit Sojabohnen haben beispielsweise Signaturen epigenetischer Selektion während der Domestizierung gezeigt, die sich nicht auf genetischer Ebene widerspiegeln (SHEN et al., 2018). Ergänzend zu GWAS sind Ansätze wie *epigenome-wide association mapping* (EWAS) oder epigenetische Selektionsscans neue Instrumente für die Suche nach Merkmalsassoziationen. Die kausale Interpretation solcher Assoziationen bleibt jedoch eine Herausforderung, da die phänotypischen Auswirkungen segregierender Epiallele zumindest teilweise mit koregrierten genetischen Varianten zusammen auftreten (TAUDT et al., 2016). Unabhängig von der Kausalität können jedoch genetische und epigenetische Varianten als "Biomarker" in statistischen Modellen zur phänotypischen Vorhersage verwendet werden (BROWNE et al., 2021). Ein solcher Ansatz wird in Forstbaumzuchtprogrammen vielversprechend sein, sobald genomische Ressourcen weiter ausgebaut werden (FENG et al., 2010).

5. Beispiele aktueller Studien zur Integration neuer Analysemethoden: genetische Diversität, Produktivität, Resilienz, Epigenetik

5.1 Untersuchungen zu Klon-Mischungen

Ein erstes Beispiel für die innovative Analyse genetischer Experimente aus der Perspektive der Waldwachstumskunde liefert PRETZSCH (2021a), der ein Klonmisch-Experiment mit der Fichte in Bayern ausgewertet hat, um die Produktivität von Bäumen und Beständen auf der Grundlage genetischer Vielfalt zu bewerten.

Vohenstrauß 622 (VOH 622) ist Teil einer transregionalen Studie, die Versuche mit verschiedenen Herkünften der Fichte (*Picea abies*) an verschiedenen Standorten in Deutschland etabliert hat, um die Leistung verschiedener Herkünfte in Bezug auf Wachstum, Qualität und Resistenz zu analysieren. Insgesamt wurden 427 verschiedene Klone aus 21 verschiedenen Herkünften verwendet. Die verschiedenen Herkünfte wurden so gepflanzt, dass gleiche Herkünfte auf einer Parzelle nicht in direkter Nachbarschaft zueinander etabliert wurden (Abbildung 5). Jeweils 3 Parzellen wurden mit unterschiedlicher Ausgangsstammzahl begründet (1,25 × 2,50 m, 2,50 × 2,50 m, 2,50 × 5,00 m und 5,00 × 5,00 m). Eine Wiederholung blieb im späteren Versuchsverlauf unbehandelt und dient als Referenzfläche.



Abbildung 5: Design des Fichtenherkunftsmischexperiment Vohenstrauß 622. (a) Auf insgesamt neun Parzellen wird der Effekt von 21 Herkunft und fünf Pflanzabstandvarianten auf das Wachstum der Fichte getestet. (b) Für Parzelle 4 (5m x 5m) wird das Grunddesign mit den Nummern der Klone präsentiert. Jede der einzelnen Parzellen enthält Klone aus verschiedenen Herkunft mit jeweils drei Wiederholungen, z. B. werden Klone mit den Nummern 361, 2696 usw. dreimal auf Parzelle 4 (b) repliziert.

Figure 5: Design of the spruce provenance mixing experiment Vohenstrauß 622. (a) The effect of 21 provenances and five planting spacing variants on the growth of spruce is tested on a total of nine plots. (b) For plot 4 (5m x 5m), the basic design with the clone numbers is presented. Each of the individual plots contains clones from different provenances, with three repetitions each.

Die Erkenntnis von PRETZSCH (2021a) dass Mischungen zwischen unterschiedlichen Herkunft das Baumwachstum und die Bestandsproduktivität (Abbildung 6) ähnlich steigern können wie Mischungen von Baumarten basiert lediglich auf einem recht einzigartigen Herkunftsmischungs-experiment. Die vielversprechenden Ergebnisse legen eine weitere Klärung der Auswirkungen von Herkunftsmischungen nahe, da die Ergebnisse für die Forstwirtschaft von großer Bedeutung sind. Die naturnahe Forstwirtschaft, obwohl derzeit sehr vorteilhaft in Bezug auf die Minderung des Klimawandels und die Anpassung an Störungen, könnte langfristig die genetische Vielfalt einschränken, da sie die Förderung dominanter Herkunft begünstigt. Eine Kombination aus natürlicher Regeneration, die lokale Herkunft erhält, und der Anpflanzung derselben Art zur Erweiterung der genetischen Vielfalt könnte vorteilhaft sein. Die nächsten Schritte zur Verbesserung der jeweiligen Wissensbasis könnten die Bewertung weiterer bestehender Herkunftsmischungsexperimente und die Einrichtung neuer Experimente sein.

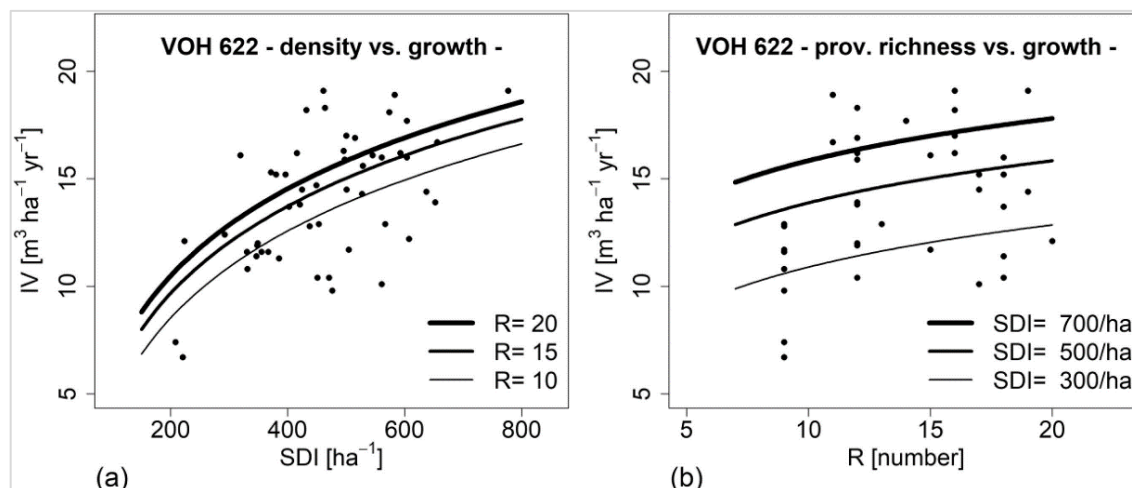


Abbildung 6: Laufender periodisches Zuwachs des Stammvolumens pro Bestand in Abhängigkeit von (a) der Bestandesdichte und (b) Anzahl der verschiedenen Herkünfte pro Parzelle. R ist die Anzahl von Provenienzen.

Figure 6: Ongoing periodic increment of stem volume per stand in relation to (a) stand density and (b) the number of different provenances per plot, where R is the number of provenances.

5.2 Analyse von Mischungseffekten auf Produktivität und Resilienz

Die Weißtannenprovenienzversuche in Kelheim und Zwiesel wurden als Teil einer eigenen Versuchsserie nach einem ähnlichen Prinzip (wie im VOH 622) angelegt (Abbildung 7). Demnach werden verschiedene genetische Herkünfte in drei Wiederholungen innerhalb eines Versuches beobachtet, jedoch bestehen zwischen Kelheim und Zwiesel Unterschiede in der Anzahl und der Auswahl der Herkünfte.

Durch Zusammenarbeit des Lehrstuhls für Forstpflanzenzüchtung und Immissionsforschung der Universität München, der Bayerischen Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht in Teisendorf (das heutige Amt für Waldgenetik) und dem Arbeitsbereich Forstpflanzenzüchtung Freiburg der forstlichen Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg entstand ein Versuchsnetz mit 42 Herkünften aus den wichtigsten Weißtannen-Gebieten Süddeutschlands.

Die vorliegende Studie untersucht den Einfluss der genetischen Vielfalt auf die Produktivität von Waldbeständen, wobei sie neben der Nachbarschaftsdiversität auch Einzelbaumgrößen und Konkurrenz (in Form der Bestandsgrundfläche) als Einflussgrößen betrachtete. Diese Arbeit widmet sich der Untersuchung der Produktivität und des Zuwachses von *Abies alba* (Mill.) auf Baumebene, wobei der Fokus auf der genetischen Diversität in Form von Mischung und dem Einfluss des Standorts. Darüber hinaus werden die Fragen nach der Resistenz und Resilienz auf Baumebene im Kontext genetischer Diversität und Standortvariabilität erörtert. Ein möglicher Erweiterungsschritt besteht in der Hochskalierung dieser Erkenntnisse von der Baumebene auf die Bestandesebene.

Dank der bekannten Position aller Bäume und der randomisierten Herkunftsverteilung (Abbildung 7) konnte die oben beschriebene Methodik (Kap. 4-2, PRETZSCH, 2021a) angewendet werden, um lokale Bestandsparameter, lokale genetische Vielfalt und Konkurrenz zu schätzen. Mit Hilfe von Bohrkernen wurden die Einflüsse des Umfeldes auf das Zuwachsverhalten der jeweiligen

Provenienzen untersucht. Innerhalb einer Parzelle wurden drei zu bohrende Bäume definiert: einen Zentralstamm, der ausschließlich unter dem Einfluss seiner eigenen Provenienz stand, einen Randbaum, der zusätzlich zur eigenen Provenienz auch an eine Nachbarprovenienz angrenzte, und einen Eckbaum, der neben seiner eigenen Provenienz auch durch drei weitere Herkunftseinflüsse beeinflusst wurde.

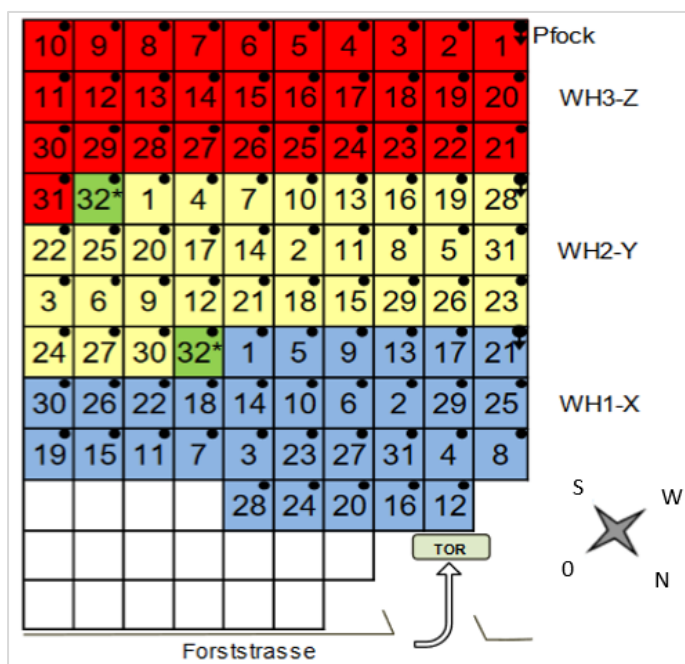


Abbildung 7: Versuchsplan des Weißtannenprovenienzversuches in Kelheim mit korrigierter Himmelsrichtung. Hinweis: die grün dargestellten Parzellen mit *Abies grandis* wurden bei den Aufnahmen nicht berücksichtigt

Figure 7: Experimental design of the white fir provenance trial in Kelheim with corrected orientation. Note: The plots with *Abies grandis* shown in green were not considered in the recordings.

Die Kombination der Variablen führte zu interessanten Ergebnissen. Die Diversität der Herkunftseinflüsse zeigte abhängig von der Summe der Grundflächen im Umkreis unterschiedliche Effekte auf die Resistenz. Bei niedriger Grundfläche (geringe Konkurrenz) steigerte eine geringe Vielfalt an Herkunftseinflüssen die Resistenz, während bei höherer Grundfläche eine hohe Anzahl an Provenienzen den besten Resistenzwert erzielte (Abbildung 8). Dies deutet darauf hin, dass die Diversität der Herkunftseinflüsse bei erhöhter Konkurrenz einen positiveren Effekt auf die Resistenz hatte. Dieser Einfluss wurde über das Bestandsalter relevanter, insbesondere wenn die Grundfläche des Bestandes zunahm. Die Diversität der Herkunftseinflüsse trug wahrscheinlich dazu bei, dass Resistenzniveau im Verlauf der Bestandsentwicklung aufrechtzuerhalten, auch wenn der Zeitpunkt, an dem Konkurrenz und ungleiche Durchmesserverteilung diese positiven Effekte aufwogen, weiterhin eine offene Frage blieb.

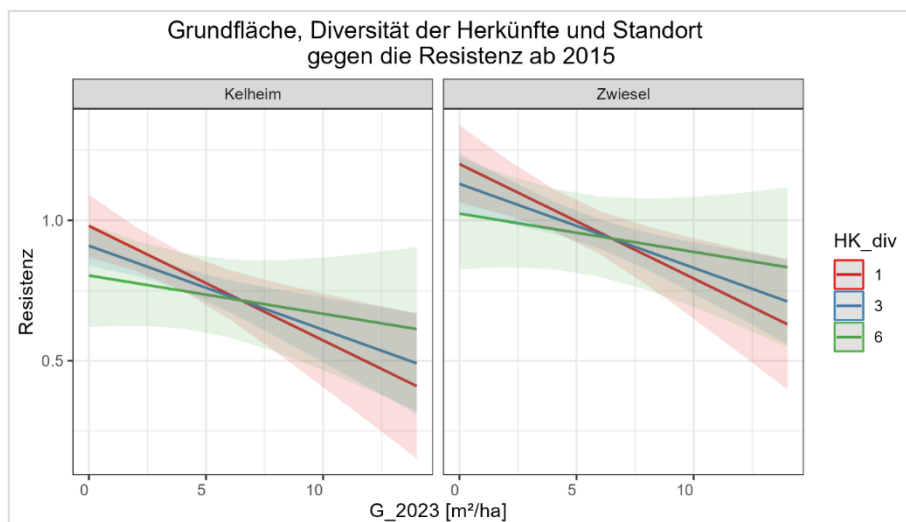


Abbildung 8: Resistenz von Bäumen auf den Versuchsflächen Kelheim und Zwiesel in Abhängigkeit von der Konkurrenzsituation (berücksichtigt durch die Grundfläche im Jahr 2023 G_{2023}) und die Diversität des Nachbarhauses (HK_{div}).

Figure 8: Resistance of trees on the test plots in Kelheim and Zwiesel depending on the competition situation (considered by the basal area in the year 2023, G_{2023}) and the diversity of the neighboring stand (HK_{div}).

5.3 Epigenetische Analysen

Die Integration von langfristigen, waldwachstumskundlichen Informationen in epigenetische Analysen erscheint vielversprechend, aber erfolgte bisher kaum. Allerdings konnte kürzlich für die Buche gezeigt werden, dass durchforstungsbedingtes, beschleunigtes Wachstum zu einer Erhöhung der somatischen Epimutationsraten führt (ZHOU et al., 2024). Ein schnelleres Wachstum scheint also die Wahrscheinlichkeit von Methylierungsfehlern bei der DNA-Replikation zu erhöhen. Da somatische Epimutationen bei Pflanzen auf nachfolgende Generationen vererbt werden können, hat dies direkte ökologische und evolutionäre Konsequenzen. Die genannte Studie erfolgte auf einer der ältesten forstlichen Versuchsflächen der Welt, FAB15, welche seit 1870 kontinuierlich gemessen wird und deren Parzellen unterschiedlich stark durchforstet werden. Das langfristige Design der Versuchsfläche in Kombination mit bewährten dendroökologischen Analysen zum Wachstum und der Zellanatomie ermöglichte eine wertvolle Datenbasis für tiefgreifende epigenetische Analysen. Provenienzversuche werden hierbei in Zukunft eine entscheidende Rolle spielen können, da sie eine langfristige Ausrichtung mit der genetischen Variabilität einer Baumart auf einem Standort verknüpfen.

6. Perspektiven, Anlagen und Konzepte

Die gegenwärtigen Erkenntnisse über die Reaktionen von Baumpopulationen auf den Klimawandel beziehen sich größtenteils auf adulte Bäume und einzelne Herkünfte bzw. Arten, die in der Regel auf ihr Wachstum hin bewertet werden. Dabei wird jedoch oft übersehen, dass die Fitness von Bäumen größtenteils während ihrer frühen Entwicklungsstadien bestimmt wird. Darüber hinaus darf das Wachstum nicht isoliert als einzige, wenn auch wichtige Komponente für die Fitness betrachtet

werden (VERDÚ und TRAVESET, 2005). Um die assistierte Genausbreitung und Migrationsmodelle zu optimieren, sind Untersuchungen zu Baumsensitivität gegenüber dem Klima über alle Entwicklungsstadien notwendig. Um das Verständnis über den Zusammenhang zwischen Baumeigenschaften sowie über die Wechselwirkungen zwischen Herkünften und Arten zu verbessern sind langfristige Beobachtungsreihen erforderlich. Die Untersuchung sollte eine möglichst große Palette an Baumarten und Herkünften heimischer, seltener heimischer und nicht heimischer Baumarten integrieren. Durch die Einführung einer neuen Generation von Versuchsanlagen (z.B. Mischbestandsversuche, *common gardens*) wie sie gerade im ertragskundlichen Versuchswesen in Bayern und auf europäischer Ebene im Rahmen des EU-geförderten Projekts OptFORESTS (GA 101081774) umgesetzt werden, wird eine einmalige Gelegenheit geschaffen, diese Herausforderungen anzugehen. Diese Versuchsanlagen können als umfassende Forschungsplattformen dienen, die nicht nur die langfristigen Reaktionsmuster von Bäumen einschließen, sondern auch Untersuchung verschiedener Fitnesskomponenten und anderer ökosystemarer Aspekte im Zusammenhang mit Standortbedingungen und Klimaänderungen erlauben. Indem wir uns auf eine breite Diversifikation von Baumarten, Herkünften und forstlichem Vermehrungsgut konzentrieren, können diese Versuchsanlagen einen entscheidenden Beitrag dazu leisten, wie effektive Modelle für assistierte Genausbreitung und Migration entwickelt werden können. Durch die Einbeziehung marginaler und peripherer Populationen, die oft als natürliche Labors fungieren, sowie die Identifizierung einzigartiger Abstammungslinien und ihre Einbindung in genetische Erhaltungseinheiten (GCUs) kann diese Initiative nicht nur die Wissenslücken füllen, sondern auch eine robuste Grundlage für eine nachhaltige Bewirtschaftung und Anpassung der Wälder an den Klimawandel schaffen.

Literatur

- AITKEN, S.N., BEMMELS, J.B. (2016.): Time to get moving: assisted gene flow of forest trees. *Evol. Appl.* 9, 271–290. <https://doi.org/10.1111/eva.12293>
- AITKEN, S.N., YEAMAN, S., HOLLIDAY, J.A., WANG, T., CURTIS-MCLANE, S. (2008): Adaptation, migration or extinction: climate change outcomes for tree populations. *Evol. Appl.* 1, 95–111. <https://doi.org/10.1111/j.1752-4571.2007.00013.x>
- ALBERTO, F.J., AITKEN, S.N., ALÍA, R., GONZÁLEZ-MARTÍNEZ, S.C., HÄNNINEN, H., KREMER, A., LEFÈVRE, F., LENORMAND, T., YEAMAN, S., WHETTEN, R., SAVOLAINEN, O. (2013): Potential for evolutionary responses to climate change – evidence from tree populations. *Glob. Change Biol.* 19, 1645–1661. <https://doi.org/10.1111/gcb.12181>
- ASSMANN, E., FRANZ, F. (1963): Vorläufige Fichten-Ertragstafel für Bayern. Mitteilungen der Forstlichen Versuchs- und Forschungsanstalt München, Institut für Ertragskunde. München
- BAN, S., EL-SHARKAWY, I., ZHAO, J., FEI, Z., XU, K. (2022): An apple somatic mutation of delayed fruit maturation date is primarily caused by a retrotransposon insertion-associated large deletion. *Plant J* 111, 1609–1625. <https://doi.org/10.1111/tpj.15911>
- BAYSTMINELF (1948): Unveröffentlichte Konzeption zum Bayerischen Kiefern-Herkunftsversuch.
- BENITO GARZÓN, M., ROBSON, T.M., HAMPE, A. (2019): Δ TraitSDMs: species distribution models that account for local adaptation and phenotypic plasticity. *New Phytol.* 222, 1757–1765. <https://doi.org/10.1111/nph.15716>

- BERGEL, D. (1985): Douglasien-Ertragstafel für Nordwestdeutschland. Niedersächs Forstl Versuchsanst, Abt Waldwachstum.
- BRÄUTIGAM, K., VINING, K.J., LAFON-PLACETTE, C., FOSSDAL, C.G., MIROUZE, M., MARCOS, J.G., FLUCH, S., FRAGA, M.F., GUEVARA, M.Á., ABARCA, D., JOHNSEN, O., MAURY, S., STRAUSS, S.H., CAMPBELL, M.M., ROHDE, A., DÍAZ-SALA, C., CERVERA, M.-T. (2013): Epigenetic regulation of adaptive responses of forest tree species to the environment. *Ecol Evol* 3, 399–415. <https://doi.org/10.1002/ece3.461>
- BROWNE, L., MACDONALD, B., FITZ-GIBBON, S., WRIGHT, J.W., SORK, V.L. (2021): Genome-wide variation in DNA methylation predicts variation in leaf traits in an ecosystem-foundational oak species. *Trees Livelihoods* 12, 569. <https://doi.org/10.3390/f12050569>
- CALDER, K., ADAMS, J., ARMSTRONG, J., BARTHOLOMEUS, H., BAUWENS, S., BENTLEY, L.P., CHAVE, J., DANSON, F.M., DEMOL, M., DISNEY, M., GAULTON, R., KRISHNA MOORTHY, S.M., LEVICK, S.R., SAARINEN, N., SCHAAF, C., STOVALL, A., TERRY, L., WILKES, P., VERBEECK, H. (2020): Terrestrial laser scanning in forest ecology: Expanding the horizon. *Remote Sens. Environ.* 251, 112102. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2020.112102>
- CHEN, Y., BURIAN, A., JOHANNES, F. (2024): Somatic epigenetic drift during shoot branching: a cell lineage-based model. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2024.01.24.577071>
- DE LA TORRE, A.R., SEKHAWAL, M.K., PUIU, D., SALZBERG, S.L., SCOTT, A.D., ALLEN, B., NEALE, D.B., CHIN, A.R.O., BUCKLEY, T.N. (2022): Genome-wide association identifies candidate genes for drought tolerance in coast redwood and giant sequoia. *Plant J.* 109, 7–22. <https://doi.org/10.1111/tpj.15592>
- DEL RÍO, M., PRETZSCH, H., RUIZ-PEINADO, R., JACTEL, H., COLL, L., LÖF, M., ALDEA, J., AMMER, C., AVDAGIĆ, A., BARBEITO, I., BIELAK, K., BRAVO, F., BRAZAITIS, G., CERNÝ, J., COLLET, C., CONDÉS, S., DRÖSSLER, L., FABRIKA, M., HEYM, M., HOLM, S.-O., HYLEN, G., JANSON, A., KURYLYAK, V., LOMBARDI, F., MATOVIĆ, B., METSLAID, M., MOTTA, R., NORD-LARSEN, T., NOTHDURFT, A., DEN OUDEN, J., PACH, M., PARDOS, M., POEYDEBAT, C., PONETTE, Q., PÉROT, T., REVENTLOW, D.O.J., SITKO, R., SRAMEK, V., STECKEL, M., SVOBODA, M., VERHEYEN, K., VOSPERNIK, S., WOLFF, B., ZLATANOV, T., BRAVO-OVIEDO, A. (2022): Emerging stability of forest productivity by mixing two species buffers temperature destabilizing effect. *J. Appl. Ecol.* 59, 2730–2741. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.14267>
- DEPARDIEU, C., GIRARDIN, M.P., NADEAU, S., LENZ, P., BOUSQUET, J., ISABEL, N. (2020): Adaptive genetic variation to drought in a widely distributed conifer suggests a potential for increasing forest resilience in a drying climate. *New Phytol.* 227, 427–439. <https://doi.org/10.1111/nph.16551>
- EILMANN, B., STERCK, F., WEGNER, L., DE VRIES, S.M.G., VON ARX, G., MOHREN, G.M.J., DEN OUDEN, J., SASS-KLAASSEN, U. (2014): Wood structural differences between northern and southern beech provenances growing at a moderate site. *Tree Physiol.* 34, 882–893. <https://doi.org/10.1093/treephys/tpu069>
- FENG, S., JACOBSEN, S.E., REIK, W. (2010): Epigenetic Reprogramming in Plant and Animal Development. *Science* 330, 622–627. <https://doi.org/10.1126/science.1190614>
- FOSTER, T.M., ARANZANA, M.J. (2018): Attention sports fans! The far-reaching contributions of bud sport mutants to horticulture and plant biology. *Hortic Res* 5, 44. <https://doi.org/10.1038/s41438-018-0062-x>
- FRANK, M.H., CHITWOOD, D.H. (2016): Plant chimeras: The good, the bad, and the “Bizzaria.” *Dev Biol* 419, 41–53. <https://doi.org/10.1016/j.ydbio.2016.07.003>
- GARDNER, S.T., BERTUCCI, E.M., SUTTON, R., HORCHER, A., AUBREY, D., PARROTT, B.B. (2023): Development of DNA methylation-based epigenetic age predictors in loblolly pine (*Pinus taeda*). *Mol Ecol Resour* 23, 131–144. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13698>
- GESSLER, A., FERRIO, J.P., HOMMEL, R., TREYDTE, K., WERNER, R.A., MONSON, R.K. (2014): Stable isotopes in tree rings: towards a mechanistic understanding of isotope fractionation and mixing processes from the leaves to the wood. *Tree Physiol.* 34, 796–818. <https://doi.org/10.1093/treephys/tpu040>
- HEER, K., BEHRINGER, D., PIERMATTEI, A., BÄSSLER, C., BRANDL, R., FADY, B., JEHL, H., LIEPELT, S., LORCH, S., PIOTTI, A., VENDRAMIN, G.G., WELLER, M., ZIEGENHAGEN, B., BÜNTGEN, U., OPGENOORTH, L. (2018): Linking dendroecology and association genetics in natural populations: Stress responses archived in tree rings associate with SNP genotypes in silver fir (*Abies alba* Mill.). *Mol. Ecol.* 27, 1428–1438. <https://doi.org/10.1111/mec.14538>

- HOFMEISTER, B.T., DENKENA, J., COLOMÉ-TATCHÉ, M., SHAHRYARY, Y., HAZARIKA, R., GRIMWOOD, J., MAMIDI, S., JENKINS, J., GRABOWSKI, P.P., SREEDASYAM, A., SHU, S., BARRY, K., LAIL, K., ADAM, C., LIPZEN, A., SOREK, R., KUDRNA, D., TALAG, J., WING, R., HALL, D.W., JACOBSEN, D., TUSKAN, G.A., SCHMUTZ, J., JOHANNES, F., SCHMITZ, R.J. (2020): A genome assembly and the somatic genetic and epigenetic mutation rate in a wild long-lived perennial *Populus trichocarpa*. *Genome Biol* 21, 259. <https://doi.org/10.1186/s13059-020-02162-5>
- HOUSSET, J.M., NADEAU, S., ISABEL, N., DEPARDIEU, C., DUCHESNE, I., LENZ, P., GIRARDIN, M.P. (2018): Tree rings provide a new class of phenotypes for genetic associations that foster insights into adaptation of conifers to climate change. *New Phytol.* 218, 630–645. <https://doi.org/10.1111/nph.14968>
- IFJU, G., BURKHART, H.E. (1995): Potential of Forest Tree Improvements – A Wood Science Point of View. *Proc. IUFRO World Congr. Tamp. Finl.*
- ISAAC-RENTON, M., MONTWÉ, D., HAMANN, A., SPIECKER, H., CHERUBINI, P., TREYDTE, K. (2018): Northern forest tree populations are physiologically maladapted to drought. *Nat. Commun.* 9, 5254. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07701-0>
- JACINTO PEREIRA, W., DE CASTRO RODRIGUES PAPPAS, M., CAMARGO CAMPOE, O., STAPE, J.L., GRATTAPAGLIA, D., JOANNIS PAPPAS, G., JR (2020): Patterns of DNA methylation changes in elite *Eucalyptus* clones across contrasting environments. *Ecol Manage* 474, 118319. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2020.118319>
- JACOBS, M., HILMERS, T., LEROY, B.M.L., LEMME, H., KIENLEIN, S., MÜLLER, J., WEISSER, W.W., PRETZSCH, H. (2022): Assessment of defoliation and subsequent growth losses caused by *Lymantria dispar* using terrestrial laser scanning (TLS). *Trees* 36, 819–834. <https://doi.org/10.1007/s00468-021-02255-z>
- JACOBS, M., RAIS, A., PRETZSCH, H. (2021): How drought stress becomes visible upon detecting tree shape using terrestrial laser scanning (TLS). *For. Ecol. Manag.* 489, 118975. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2021.118975>
- JACTEL, H., BAUHHUS, J., BOBERG, J., BONAL, D., CASTAGNEYROL, B., GARDINER, B., GONZALEZ-OLABARRIA, J.R., KORICHEVA, J., MEURISSE, N., BROCKERHOFF, E.G. (2017): Tree Diversity Drives Forest Stand Resistance to Natural Disturbances. *Curr. For. Rep.* 3, 223–243. <https://doi.org/10.1007/s40725-017-0064-1>
- JOHANNES, F., SCHMITZ, R.J. (2019): Spontaneous epimutations in plants. *New Phytol* 221, 1253–1259. <https://doi.org/10.1111/nph.15434>
- KAUTZ, M., MEDDENS, A.J.H., HALL, R.J., ARNETH, A. (2017): Biotic disturbances in Northern Hemisphere forests – a synthesis of recent data, uncertainties and implications for forest monitoring and modelling. *Glob. Ecol. Biogeogr.* 26, 533–552. <https://doi.org/10.1111/geb.12558>
- KORTE, A., FARLOW, A. (2013): The advantages and limitations of trait analysis with GWAS: a review. *Plant Methods* 9, 29. <https://doi.org/10.1186/1746-4811-9-29>
- KOSKELA, J., LEFÈVRE, F., SCHUELER, S., KRAIGHER, H., OLRİK, D.C., HUBERT, J., LONGAUER, R., BOZZANO, M., YRJÄNÄ, L., ALIZOTI, P., ROTACH, P., VIETTO, L., BORDÁCS, S., MYKING, T., EYSTEINSSON, T., SOUVANNAVONG, O., FADY, B., DE CUYPER, B., HEINZE, B., VON WÜHLISCH, G., DUCOUSSO, A., DITLEVSEN, B. (2013): Translating conservation genetics into management: Pan-European minimum requirements for dynamic conservation units of forest tree genetic diversity. *Biol. Conserv.* 157, 39–49. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2012.07.023>
- LAFON-PLACETTE, C., LE GAC, A.-L., CHAUVÉAU, D., SEGURA, V., DELAUNAY, A., LESAGE-DESCAUSES, M.-C., HUMMEL, I., COHEN, D., JESSON, B., LE THIEC, D., BOGEAT-TRIBOULOT, M.-B., BRIGNOLAS, F., MAURY, S. (2018): Changes in the epigenome and transcriptome of the poplar shoot apical meristem in response to water availability affect preferentially hormone pathways. *J Exp Bot* 69, 537–551. <https://doi.org/10.1093/jxb/erx409>
- LÄMKE, J., BÄURLE, I. (2017): Epigenetic and chromatin-based mechanisms in environmental stress adaptation and stress memory in plants. *Genome Biol* 18, 124. <https://doi.org/10.1186/s13059-017-1263-6>
- LANGLET, O. (1971): Two Hundred Years Genecology. *Taxon* 20, 653–721. <https://doi.org/10.2307/1218596>

- LE GAC, A.-L., LAFON-PLACETTE, C., CHAUVEAU, D., SEGURA, V., DELAUNAY, A., FICHOT, R., MARRON, N., LE JAN, I., BERTHELOT, A., BODINEAU, G., BASTIEN, J.-C., BRIGNOLAS, F., MAURY, S. (2018): Winter-dormant shoot apical meristem in poplar trees shows environmental epigenetic memory. *J Exp Bot* 69, 4821–4837. <https://doi.org/10.1093/jxb/ery271>
- LEFÈVRE, F. (2004): Human impacts on forest genetic resources in the temperate zone: an updated review. *For. Ecol. Manag., Dynamics and Conservation of Genetic Diversity in Forest Ecology*. 197, 257–271. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2004.05.017>
- LEFÈVRE, F., BOIVIN, T., BONTEMPS, A., COURBET, F., DAVI, H., DURAND-GILLMANN, M., FADY, B., GAUZERE, J., GIDOIN, C., KARAM, M.-J., LALAGÜE, H., ODDOU-MURATORIO, S., PICHOT, C. (2014): Considering evolutionary processes in adaptive forestry. *Ann. For. Sci.* 71, 723–739. <https://doi.org/10.1007/s13595-013-0272-1>
- LI, J., HAN, F., YUAN, T., LI, W., LI, Y., WU, H.X., WEI, H., NIU, S. (2023): The methylation landscape of giga-genome and the epigenetic timer of age in Chinese pine. *Nat Commun* 14, 1947. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-37684-6>
- LIANG, D., ZHANG, Z., WU, H., HUANG, C., SHUAI, P., YE, C.-Y., TANG, S., WANG, Y., YANG, L., WANG, J., YIN, W., XIA, X. (2014): Single-base-resolution methylomes of *Populus trichocarpa* reveal the association between DNA methylation and drought stress. *BMC Genet* 15 Suppl 1, S9. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-15-S1-S9>
- LIANG, J., CROWTHER, T.W., PICARD, N., WISER, S., ZHOU, M., ALBERTI, G., SCHULZE, E.-D., MCGUIRE, A.D., BOZ-ZATO, F., PRETZSCH, H., DE-MIGUEL, S., PAQUETTE, A., HÉRAULT, B., SCHERER-LORENZEN, M., BARRETT, C.B., GLICK, H.B., HENGVELD, G.M., NABUURS, G.-J., PFAUTSCH, S., VIANA, H., VIBRANS, A.C., AMMER, C., SCHALL, P., VERBYLA, D., TCHERBAKOVA, N., FISCHER, M., WATSON, J.V., CHEN, H.Y.H., LEI, X., SCHEL-HAAS, M.-J., LU, H., GIANELLE, D., PARFENOVA, E.I., SALAS, C., LEE, E., LEE, B., KIM, H.S., BRUELHEIDE, H., COOMES, D.A., PIOTTO, D., SUNDERLAND, T., SCHMID, B., GOURLET-FLEURY, S., SONKÉ, B., TAVANI, R., ZHU, J., BRANDL, S., VAYREDA, J., KITAHARA, F., SEARLE, E.B., NELDNER, V.J., NGUGI, M.R., BARALOTO, C., FRIZZERA, L., BAŁAZY, R., OLEKSYN, J., ZAWIŁA-NIEDŹWIECKI, T., BOURIAUD, O., BUSSOTTI, F., FINÉR, L., JAROSZEWICZ, B., JUCKER, T., VALLADARES, F., JAGODZINSKI, A.M., PERI, P.L., GONMADJE, C., MARTHY, W., O'BRIEN, T., MARTIN, E.H., MARSHALL, A.R., ROVERO, F., BITARIHO, R., NIKLAUS, P.A., ALVAREZ-LOAYZA, P., CHAMUYA, N., VALENCIA, R., MORTIER, F., WORTEL, V., ENGONE-OBIANG, N.L., FERREIRA, L.V., ODEKE, D.E., VASQUEZ, R.M., LEWIS, S.L., REICH, P.B. (2016): Positive biodiversity-productivity relationship pre-dominant in global forests. *Science* 354, aaf8957. <https://doi.org/10.1126/science.aaf8957>
- LLORET, F., KEELING, E.G., SALA, A. (2011): Components of tree resilience: effects of successive low-growth episodes in old ponderosa pine forests. *Oikos* 120, 1909–1920. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0706.2011.19372.x>
- LUNA, E., LÓPEZ, A., KOOIMAN, J., TON, J. (2014): Role of NPR1 and KYP in long-lasting induced resistance by β -aminobutyric acid. *Front Plant Sci* 5, 184. <https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00184>
- MAGEROY, M.H., CHRISTIANSEN, E., LÄNGSTRÖM, B., BORG-KARLSON, A.-K., SOLHEIM, H., BJÖRKLUND, N., ZHAO, T., SCHMIDT, A., FOSSDAL, C.G., KROKENE, P. (2020): Priming of inducible defenses protects Norway spruce against tree-killing bark beetles. *Plant Cell Env.* 43, 420–430. <https://doi.org/10.1111/pce.13661>
- MATYAS, C. (1994): Modeling climate change effects with provenance test data. *Tree Physiol.* 14, 797–804. <https://doi.org/10.1093/treephys/14.7-8-9.797>
- MIRYEGANEH, M., MARLÉTAZ, F., GAVRIOUCHKINA, D., SAZE, H. (2022): De novo genome assembly and in natura epigenomics reveal salinity-induced DNA methylation in the mangrove tree *Bruguiera gymnorhiza*. *New Phytol* 233, 2094–2110. <https://doi.org/10.1111/nph.17738>
- MISHRA, B., GUPTA, D.K., PFENNINGER, M., HICKLER, T., LANGER, E., NAM, B., PAULE, J., SHARMA, R., ULASZEWSKI, B., WARMBIER, J., BURCZYK, J., THINES, M. (2018): A reference genome of the European beech (*Fagus sylvatica* L.). *GigaScience* 7. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giy063>
- MONTWÉ, D., ISAAC-RENTON, M., HAMANN, A., SPIECKER, H. (2018): Cold adaptation recorded in tree rings highlights risks associated with climate change and assisted migration. *Nat. Commun.* 9, 1574. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-04039-5>
- NICKEL, M., KLEMMT, H.J., PRETZSCH, H. (2011): Douglas fir-provenance trial Köschin 095. Exkursionsführer MWW-EF 615 Lehrstuhl Für Waldwachstumskunde Tech. Univ. Münch. Freis.

- NYSTEDT, B., STREET, N.R., WETTERBOM, A., ZUCCOLO, A., LIN, Y.-C., SCOFIELD, D.G., VEZZI, F., DELHOMME, N., GIACOMELLO, S., ALEXEYENKO, A., VICEDOMINI, R., SAHLIN, K., SHERWOOD, E., ELFSTRAND, M., GRAMZOW, L., HOLMBERG, K., HÄLLMAN, J., KEECH, O., KLASSON, L., KORIABINE, M., KUCUKOGLU, M., KÄLLER, M., LUTHMANN, J., LYSHOLM, F., NIITTYLÄ, T., OLSON, Å., RILAKOVIC, N., RITLAND, C., ROSSELLÓ, J.A., SENA, J., SVENSSON, T., TALAVERA-LÓPEZ, C., THEIßEN, G., TUOMINEN, H., VANNESTE, K., WU, Z.-Q., ZHANG, B., ZERBE, P., ARVESTAD, L., BHALERAO, R., BOHLMANN, J., BOUSQUET, J., GARCIA GIL, R., HVIDSTEN, T.R., DE JONG, P., MACKAY, J., MORGANTE, M., RITLAND, K., SUNDBERG, B., LEE THOMPSON, S., VAN DE PEER, Y., ANDERSSON, B., NILSSON, O., INGVARSSON, P.K., LUNDEBERG, J., JANSSEN, S. (2013): The Norway spruce genome sequence and conifer genome evolution. *Nature* 497, 579–584. <https://doi.org/10.1038/nature12211>
- PAPAÏX, J., RIMBAUD, L., BURDON, J.J., ZHAN, J., THRALL, P.H. (2018): Differential impact of landscape-scale strategies for crop cultivar deployment on disease dynamics, resistance durability and long-term evolutionary control. *Evol. Appl.* 11, 705–717. <https://doi.org/10.1111/eva.12570>
- PARCHMAN, T.L., GOMPERT, Z., MUDGE, J., SCHILKEY, F.D., BENKMAN, C.W., BUERKLE, C.A. (2012): Genome-wide association genetics of an adaptive trait in lodgepole pine. *Mol. Ecol.* 21, 2991–3005. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2012.05513.x>
- PECHONY, O., SHINDELL, D.T. (2010): Driving forces of global wildfires over the past millennium and the forthcoming century. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 107, 19167–19170. <https://doi.org/10.1073/pnas.1003669107>
- PFENNINGER, M., REUSS, F., KIEBLER, A., SCHÖNNENBECK, P., CALIENDO, C., GERBER, S., COCCHIARARO, B., REUTER, S., BLÜTHGEN, N., MODY, K., MISHRA, B., BÁLINT, M., THINES, M., FELDMEYER, B. (2021): Genomic basis for drought resistance in European beech forests threatened by climate change. *eLife* 10, e65532. <https://doi.org/10.7554/eLife.65532>
- PRETZSCH, H. (2009): Forest Dynamics, Growth, and Yield, in: *Forest Dynamics, Growth and Yield*. Springer Berlin Heidelberg, pp. 1–39.
- PRETZSCH, H. (2021a): Genetic diversity reduces competition and increases tree growth on a Norway spruce (*Picea abies* [L.] Karst.) provenance mixing experiment. *For. Ecol. Manag.* 497, 119498. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2021.119498>
- PRETZSCH, H. (2021b): Trees grow modulated by the ecological memory of their past growth. Consequences for monitoring, modelling, and silvicultural treatment. *For. Ecol. Manag.* 487, 118982. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2021.118982>
- PRETZSCH, H., BIBER, P., ĎURSKÝ, J., VON GADOW, K., HASENAUER, H., KÄNDLER, G., KENK, G., KUBLIN, E., NAGEL, J., PUKKALA, T., SKOVSGAARD, J.P., SODTKE, R., STERBA, H. (2002): Recommendations for Standardized Documentation and Further Development of Forest Growth Simulators. *Forstwiss. Cent. Ver. Mit Tharandter Forstl. Jahrb.* 121, 138–151. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0337.2002.00138.x>
- PRETZSCH, H., DEL RÍO, M., AMMER, CH., AVDAGIC, A., BARBEITO, I., BIELAK, K., BRAZAITIS, G., COLL, L., DIRNBERGER, G., DRÖSSLER, L., FABRIKA, M., FORRESTER, D.I., GODVOD, K., HEYM, M., HURT, V., KURYLYAK, V., LÖF, M., LOMBARDI, F., MATOVIĆ, B., MOHREN, F., MOTTA, R., DEN OUDEN, J., PACH, M., PONETTE, Q., SCHÜTZE, G., SCHWEIG, J., SKRZYSZEWSKI, J., SRAMEK, V., STERBA, H., STOJANOVIĆ, D., SVOBODA, M., VANHELLEMONT, M., VERHEYEN, K., WELLHAUSEN, K., ZLATANOV, T., BRAVO-OVIEDO, A. (2015): Growth and yield of mixed versus pure stands of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) and European beech (*Fagus sylvatica* L.) analysed along a productivity gradient through Europe. *Eur. J. For. Res.* 134, 927–947. <https://doi.org/10.1007/s10342-015-0900-4>
- PRETZSCH, H., DEL RÍO, M., BIBER, P., ARCANGELI, C., BIELAK, K., BRANG, P., DUDZINSKA, M., FORRESTER, D.I., KLÄDTKE, J., KOHNLE, U., LEDERMANN, T., MATTHEWS, R., NAGEL, J., NAGEL, R., NILSSON, U., NINGRE, F., NORD-LARSEN, T., WERNSDÖRFER, H., SYCHEVA, E. (2019): Maintenance of long-term experiments for unique insights into forest growth dynamics and trends: review and perspectives. *Eur. J. For. Res.* 138, 165–185. <https://doi.org/10.1007/s10342-018-1151-y>
- REUSCH, T.B.H., BAUMS, I.B., WERNER, B. (2021): Evolution via somatic genetic variation in modular species. *Trends Ecol Evol* 36, 1083–1092. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2021.08.011>
- RUBIO, B., LE PROVOST, G., BRACHI, B., GERARDIN, T., BRENDL, O., TOST, J., DAVIAUD, C., GALLUSCI, P. (2023): Species-specific epigenetic responses to drought stress of two sympatric oak species reflect their ecological preferences. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2023.09.26.559529>

- RUETZ, W.F., FOERST, K. (1984): Grundsätze für den Anbau der Douglasie in Bayern. Bayerisches Staatsministerium. Für Ernähr. Landwirtsch. Forsten 1–11.
- SCHMID-SIEGERT, E., SARKAR, N., ISEL, C., CALDERON, S., GOUHIER-DARIMONT, C., CHRAST, J., CATTANEO, P., SCHÜTZ, F., FARINELLI, L., PAGNI, M., SCHNEIDER, M., VOUMARD, J., JABOYEDOFF, M., FANKHAUSER, C., HARDTKE, C.S., KELLER, L., PANNELL, J.R., REYMOND, A., ROBINSON-RECHAVI, M., XENARIOS, I., REYMOND, P. (2017): Low number of fixed somatic mutations in a long-lived oak tree. *Nat. Plants* 3, 926. <https://doi.org/10.1038/s41477-017-0066-9>
- SCHMIED, G., PRETZSCH, H., AMBS, D., UHL, E., SCHMUCKER, J., FÄTH, J., BIBER, P., HOFFMANN, Y.-D., ŠEHO, M., MELLERT, K.H., HILMERS, T. (2023): Rapid beech decline under recurrent drought stress: Individual neighborhood structure and soil properties matter. *For. Ecol. Manag.* 545, 121305. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2023.121305>
- SCHOBER, R. (1985): Neue Ergebnisse des II. Internationalen Lärchenprovenienzversuches von 1958/59 nach Aufnahme von Teilversuchen in 11 europäischen Ländern und den U.S.A. Sauerländer's Verlag, Frankfurt am Main.
- SCHULD, B., BURAS, A., AREND, M., VITASSE, Y., BEIERKUHNLEIN, C., DAMM, A., GHARUN, M., GRAMS, T.E.E., HAUCK, M., HAJEK, P., HARTMANN, H., HILTBRUNNER, E., HOCH, G., HOLLOWAY-PHILLIPS, M., KÖRNER, C., LARYSCH, E., LÜBBE, T., NELSON, D.B., RAMMIG, A., RIGLING, A., ROSE, L., RUEHR, N.K., SCHUMANN, K., WEISER, F., WERNER, C., WOHLGEMUTH, T., ZANG, C.S., KAHMEN, A. (2020): A first assessment of the impact of the extreme 2018 summer drought on Central European forests. *Basic Appl. Ecol.* 45, 86–103. <https://doi.org/10.1016/j.baae.2020.04.003>
- SCHWAPPACH, A. (1910): Keimprüfung der Koniferensamen. *Zentralblatt für Angewandte Botanik.* 260–263.
- SCHWEINGRUBER, F.H. (1989): Tree rings: basics and applications of dendrochronology, Repr. ed. Kluwer, Dordrecht.
- SEIDL, R., SCHELHAAS, M.-J., LEXER, M.J. (2011): Unraveling the drivers of intensifying forest disturbance regimes in Europe. *Glob. Change Biol.* 17, 2842–2852. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2011.02452.x>
- SEIDL, R., THOM, D., KAUTZ, M., MARTIN-BENITO, D., PELTONIEMI, M., VACCHIANO, G., WILD, J., ASCOLI, D., PETR, M., HONKANENIEMI, J., LEXER, M.J., TROTSIUK, V., MAIROTA, P., SVOBODA, M., FABRIKA, M., NAGEL, T.A., REYER, C.P.O. (2017): Forest disturbances under climate change. *Nat. Clim. Change* 7, 395–402. <https://doi.org/10.1038/nclimate3303>
- SHAHRYARY, Y., SYMEONIDI, A., HAZARIKA, R.R., DENKENA, J., MUBEEN, T., HOFMEISTER, B., VAN GURP, T., COLOMÉ-TATCHÉ, M., VERHOEVEN, K.J.F., TUSKAN, G., SCHMITZ, R.J., JOHANNES, F. (2020): AlphaBeta: computational inference of epimutation rates and spectra from high-throughput DNA methylation data in plants. *Genome Biol* 21, 1–22. <https://doi.org/10.1186/s13059-020-02161-6>
- SHEN, Y., ZHANG, J., LIU, Y., LIU, S., LIU, Z., DUAN, Z., WANG, Z., ZHU, B., GUO, Y.-L., TIAN, Z. (2018): DNA methylation footprints during soybean domestication and improvement. *Genome Biol* 19, 128. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1516-z>
- SOW, M.D., ALLONA, I., AMBROISE, C., CONDE, D., FICHOT, R., GRIBKOVA, S., JORGE, V., LE-PROVOST, G., PÂQUES, L., PLOMION, C., SALSE, J., SANCHEZ-RODRIGUEZ, L., SEGURA, V., TOST, J., MAURY, S. (2018): Chapter Twelve - Epigenetics in Forest Trees: State of the Art and Potential Implications for Breeding and Management in a Context of Climate Change, in: Mirouze, M., Bucher, E., Gallusci, P. (Eds.), *Advances in Botanical Research*. Academic Press, pp. 387–453. <https://doi.org/10.1016/bs.abr.2018.09.003>
- SOW, M.D., LE GAC, A.-L., FICHOT, R., LANCIANO, S., DELAUNAY, A., LE JAN, I., LESAGE-DESCAUSES, M.-C., CITERNE, S., CAIUS, J., BRUNAUD, V., SOUBIGOU-TACONNAT, L., COCHARD, H., SEGURA, V., CHAPARRO, C., GRUNAU, C., DAVIAUD, C., TOST, J., BRIGNOLAS, F., STRAUSS, S.H., MIROUZE, M., MAURY, S. (2021): RNAi suppression of DNA methylation affects the drought stress response and genome integrity in transgenic poplar. *New Phytol* 232, 80–97. <https://doi.org/10.1111/nph.17555>
- STAAB, M., SCHULD, A. (2020): The Influence of Tree Diversity on Natural Enemies—a Review of the “Enemies” Hypothesis in Forests. *Curr. For. Rep.* 6, 243–259. <https://doi.org/10.1007/s40725-020-00123-6>
- STEINACKER, L., PRETZSCH, H. (2022a): Exkursionsführer – Lärchenprovenienzversuch ROT334. Exkursionsführer MWW-EF 1492 Lehrstuhl Für Waldwachstumskunde Tech. Univ. Münch. Freis.

- STEINACKER, L., PRETZSCH, H. (2022b): Exkursionsführer – Bayerischer Kiefern-Provenienzversuch BOD 333. Exkursionsführer MWW-EF 1212 Lehrstuhl Für Waldwachstumskunde Tech. Univ. Münch. Freis.
- SU, Y., BAI, X., YANG, W., WANG, W., CHEN, Z., MA, J., MA, T. (2018): Single-base-resolution methylomes of *Populus euphratica* reveal the association between DNA methylation and salt stress. *Tree Genet Genomes* 14, 86. <https://doi.org/10.1007/s11295-018-1298-1>
- SUN, H., ABELI, P., CAMPOY, J.A., RÜTJES, T., KRAUSE, K., JIAO, W.-B., VON KORFF, M., BEAUDRY, R., SCHNEEBERGER, K. (2023): The identification and analysis of meristematic mutations within the apple tree that developed the RubyMac sport mutation. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2023.01.10.523380>
- TAUDT, A., COLOMÉ-TATCHÉ, M., JOHANNES, F. (2016): Genetic sources of population epigenomic variation. *Nat Rev Genet* 17, 319–332. <https://doi.org/10.1038/nrg.2016.45>
- UHL, E., HILMERS, T., PRETZSCH, H. (2021): From Acid Rain to Low Precipitation: The Role Reversal of Norway Spruce, Silver Fir, and European Beech in a Selection Mountain Forest and Its Implications for Forest Management. *Forests* 12, 894. <https://doi.org/10.3390/f12070894>
- VAN DER GRAAF, A., WARDENAAR, R., NEUMANN, D.A., TAUDT, A., SHAW, R.G., JANSEN, R.C., SCHMITZ, R.J., COLOMÉ-TATCHÉ, M., JOHANNES, F. (2015): Rate, spectrum, and evolutionary dynamics of spontaneous epimutations. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 112, 6676–6681. <https://doi.org/10.1073/pnas.1424254112>
- VANDEN BROECK, A., MEESE, T., VERSHELDE, P., COX, K., HEINZE, B., DEFORCE, D., DE MEESTER, E., VAN NIEUWERBURGH, F. (2024): Genome-wide methylome stability and parental effects in the worldwide distributed Lombardy poplar. *BMC Biol* 22, 30. <https://doi.org/10.1186/s12915-024-01816-1>
- VERDÚ, M., TRAVESET, A. (2005): Early Emergence Enhances Plant Fitness: A Phylogenetically Controlled Meta-Analysis. *Ecology* 86, 1385–1394. <https://doi.org/10.1890/04-1647>
- VITALI, V., MARTÍNEZ-SANCHO, E., TREYDTE, K., ANDREU-HAYLES, L., DORADO-LIÑÁN, I., GUTIERREZ, E., HELLE, G., LEUENBERGER, M., LOADER, N.J., RINNE-GARMSTON, K.T., SCHLESER, G.H., ALLEN, S., WATERHOUSE, J.S., SAURER, M., LEHMANN, M.M. (2022): The unknown third – Hydrogen isotopes in tree-ring cellulose across Europe. *Sci. Total Environ.* 813, 152281. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.152281>
- WANG, Y.-M., CHIN, K.-S. (2011): Fuzzy analytic hierarchy process: A logarithmic fuzzy preference programming methodology. *Int. J. Approx. Reason.* 52, 541–553. <https://doi.org/10.1016/j.ijar.2010.12.004>
- WEIGEL, D., COLLOT, V. (2012): Epialleles in plant evolution. *Genome Biol* 13, 249. <https://doi.org/10.1186/gb-2012-13-10-249>
- WHITHAM, T.G., SLOBODCHIKOFF, C.N. (1981): Evolution by individuals, plant-herbivore interactions, and mosaics of genetic variability: The adaptive significance of somatic mutations in plants. *Oecologia* 49, 287–292. <https://doi.org/10.1007/BF00347587>
- YAO, N., SCHMITZ, R.J., JOHANNES, F. (2021): Epimutations define a fast-ticking molecular clock in plants. *Trends Genet.* <https://doi.org/10.1016/j.tig.2021.04.010>
- ZACHARIAS, M., PAMPUCH, T., DAUPHIN, B., OPGENOORTH, L., ROLAND, C., SCHNITTLER, M., WILMKING, M., BOG, M., HEER, K. (2022): Genetic basis of growth reaction to drought stress differs in contrasting high-latitude treeline ecotones of a widespread conifer. *Mol. Ecol.* 31, 5165–5181. <https://doi.org/10.1111/mec.16648>
- ZANG, C., HARTL-MEIER, C., DITTMAR, C., ROTHE, A., MENZEL, A. (2014): Patterns of drought tolerance in major European temperate forest trees: climatic drivers and levels of variability. *Glob. Change Biol.* 20, 3767–3779. <https://doi.org/10.1111/gcb.12637>
- ZHAO, J., SHEN, F., GAO, Y., WANG, D., WANG, K. (2019): Parallel Bud Mutation Sequencing Reveals that Fruit Sugar and Acid Metabolism Potentially Influence Stress in *Malus*. *Int J Mol Sci* 20. <https://doi.org/10.3390/ijms20235988>
- ZHOU, J., XIAO, L., HUANG, R., SONG, F., LI, L., LI, P., FANG, Y., LU, W., LV, C., QUAN, M., ZHANG, D., DU, Q. (2023): Local diversity of drought resistance and resilience in *Populus tomentosa* correlates with the variation of DNA methylation. *Plant Cell Env.* 46, 479–497. <https://doi.org/10.1111/pce.14490>
- ZHOU, M., SCHMIED, G., BRADATSCH, M., HAZARIKA, R., KAKOULIDOU, I., COSTA, SERRA, M., UHL, E., SCHMITZ, R., HILMERS, T., TORAÑO CAICOYA, A., JOHANNES, F. (2024): Accelerated growth increases the somatic epimutation rate in trees. *Prog.*

ZOHNER, C.M., MO, L., RENNER, S.S., SVENNING, J.-C., VITASSE, Y., BENITO, B.M., ORDONEZ, A., BAUMGARTEN, F., BASTIN, J.-F., SEBALD, V., REICH, P.B., LIANG, J., NABUURS, G.-J., DE-MIGUEL, S., ALBERTI, G., ANTÓN-FERNÁNDEZ, C., BALAZY, R., BRÄNDLI, U.-B., CHEN, H.Y.H., CHISHOLM, C., CIENCIALA, E., DAYANANDAN, S., FAYLE, T.M., FRIZZERA, L., GIANELLE, D., JAGODZINSKI, A.M., JAROSZEWICZ, B., JUCKER, T., KEPFER-ROJAS, S., KHAN, M.L., KIM, H.S., KORJUS, H., JOHANNSEN, V.K., LAARMANN, D., LANG, M., ZAWILA-NIEDZWIECKI, T., NIKLAUS, P.A., PAQUETTE, A., PRETZSCH, H., SAIKIA, P., SCHALL, P., ŠEBEŇ, V., SVOBODA, M., TIKHONOVA, E., VIANA, H., ZHANG, C., ZHAO, X., CROWTHER, T.W. (2020): Late-spring frost risk between 1959 and 2017 decreased in North America but increased in Europe and Asia. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 117, 12192–12200. <https://doi.org/10.1073/pnas.1920816117>

Autorenverzeichnis

Annighöfer, Peter; peter.annighoefer@tum.de

Technische Universität München

Budde, Katharina B.; katharina.budde@nw-fva.de

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt

Cremer, Eva; zuef-forstpflanzen@t-online.de

Zertifizierungsring für überprüfbare forstliche Herkunft Süddeutschland e.V.

Ecke, Simon; simon.ecke@lwf.bayern.de

Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft

Fussi, Barbara; barbara.fussi@awg.bayern.de

Bayerisches Amt für Waldgenetik

Geiger, Johann; johann.geiger@lwf.bayern.de

Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft

Hamberger, Joachim; joachim.hamberger@awg.bayern.de

Bayerisches Amt für Waldgenetik

Höltken, Aki M.; aki.hoeltken@nw-fva.de

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Sachgebiet Forstgenetische Analysen

Janßen, Alwin; poststelle@awg.bayern.de

Ehemaliger Leiter des AWG

Johannes, Frank; f.johannes@tum.de

Technische Universität München, Professur für Pflanzenepigenomik

Kavaliauskas, Darius; darius.kavaliauskas@vdu.lt

Vytautas-Magnus-Universität

Kienlein, Sebastian; sebastian.kienlein@awg.bayern.de

Bayerisches Amt für Waldgenetik

Klemmt, Hans-Joachim; hans-joachim.klemmt@lwf.bayern.de

Bayerische Landesanstalt für Wald- und Forstwirtschaft

Kölling, Christian; christian.koelling@aelf-fu.bayern.de

Amt für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten Fürth-Uffenheim

Konnert, Monika; poststelle@awg.bayern.de

Ehemalige Leiterin des AWG

Luckas, Michael; michael.luckas@aelf-ro.bayern.de

Amt für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten Rosenheim

Ludwig, Andreas; andreas.ludwig@baysf.de
Pflanzgarten Stützpunkt Laufen der Bayerischen Staatsforsten AöR

Mellert, Karl-Heinz; karl-heinz.mellert@awg.bayern.de
Bayerisches Amt für Waldgenetik

Müller-Starck, Gerhard; gerhard@mueller-starck.de
Emeritierter Professor der Forstgenetik

Pretzsch, Hans; hans.pretzsch@tum.de
Technische Universität München, Lehrstuhl für Waldwachstumskunde

Rudolf, Herbert; herbert.rudolf@baysf.de
Landesarboretum Freising der Bayerischen Staatsforsten AöR

Ruetz, Wolfhard F.; poststelle@awg.bayern.de
Ehemaliger Mitarbeiter des AWG

Sandholz, Sabine; sabine.sandholz@aelf-ke.bayern.de
Amt für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten Kempten

Schirmer, Randolph; randolf.schirmer@awg.bayern.de
Bayerisches Amt für Waldgenetik

Schmidt-Vogt, Dietrich; dietrich.schmidt-vogt@waldbau.uni-freiburg.de
Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, Fakultät für Umwelt und Naturressourcen

Schmied, Gerhard; gerhard.schmied@tum.de
Technische Universität München, Lehrstuhl für Waldwachstumskunde

Šeho, Muhidin; muhidin.seho@awg.bayern.de
Bayerisches Amt für Waldgenetik

Seidel, Hannes; hannes.seidel@awg.bayern.de
Bayerisches Amt für Waldgenetik

Semizer-Cuming, Devrim; devrim.semizer-cuming@awg.bayern.de
Bayerisches Amt für Waldgenetik

Steinacker, Leonhard; leonhard.steinacker@lwf.bayern.de
Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, Abteilung Waldbau und Bergwald

Steiner, Wilfried; wilfried.steiner@nw-fva.de
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt

Torano Caicoya, Astor; astor.torano-caicoya@tum.de
Technische Universität München, Lehrstuhl für Waldwachstumskunde

Tubes, Martin; martin.tubes@awg.bayern.de
Bayerisches Amt für Waldgenetik

Uhl, Enno; enno.uhl@lwf.bayern.de
Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, Abteilung Biodiversität und Naturschutz
Technische Universität München, Lehrstuhl für Waldwachstumskunde



Das Team des AWG 2024 mit dem Leiter der Forstabteilung des StMELFT, Ministerialdirigent Hubertus Wörner (Bildmitte sitzend), rechts dahinter stehend der Bayerische Waldbaureferent Ministerialrat Franz Paulus.

Forstliche Forschungsberichte München

Schriftenreihe des Zentrums Wald Forst Holz Weihenstephan

Stand: 30.09.2024

Nr.	Jahr	Autoren	Titel	Preis €
224	2023	W. Weis, B. Ahrends, J. Böhner, W. Falk, S. Fleck, R. Habel, H.-J. Klemmt, H. Meesenburg, A.-Ch. Müller, H. Puhlmann, J.-A. Wehberg, A. Wellpott, T. Wolf	Standortsfaktor Wasserhaushalt im Klimawandel (WHH-KW), 190 S.	30,00
223	2022	J. Ewald, H. Schäfer	Die Stechpalme im Gebiet der Bayerischen Voralpen: Vorkommen und Genetik; 89 S.	20,00
222	2022	J. Fäth	Vergleichende Betrachtung konventioneller und alternativer Schrotmaterialien hinsichtlich ihrer Wirkung in der Umwelt sowie ihrer zielballistischen Eigenschaften anhand standardisierter Verfahren; 96 S.	20,00
221	2021	K. Stimm (Hrsgb.)	Die Eiche - Facetten zu Ökologie, Naturschutz, Wachstum und waldbaulichen Perspektiven; 306 S.	30,00
220	2020	J. Ewald, A. Göttlein, J. Prietzel, M. Kohlpaintner, B. Reger, M. Olleck	Alpenhumus als klimasensitiver C-Speicher und entscheidender Standortfaktor im Bergwald; 154 S.	25,00
219	2021	B. Felbermeier, B. Stimm R. Seidl (Hrsgb.)	Waldbau weltweit 2.0 - Festschrift anlässlich der Verabschiedung von Prof. Dr. Dr. Reinhard Mosandl, 282 S.	30,00
218	2020	J. Hamberger (Hrsgb.)	Beiträge zur Forstgeschichte: Festschrift zur Ruhestandsversetzung von LWF-Präsident Olaf Schmidt, 214 S.	30,00
217	2017	E. Thurm	Mixed stands of Douglas-fir and European beech compared to pure stands: Patterns and growth analyses in dependence of site conditions	25,00
216	2017	J. Hamberger (Hrsgb.)	Forum Forstgeschichte - Festschrift zum 25-jährigen Bestehen des Arbeitskreises Forstgeschichte; 162 S.	25,00
215	2016	A. König, M. Scheingraber, J. Mitschke	Energiegehalt und Qualität der Nahrung von Rehen (Capreolus capreolus) im Jahresvergleich in zwei unterschiedlich geprägten Habitaten	25,00
214	2015	A. Wallner, R. Seitz (Hrsgb.)	Der gepixelte Wald – Reloaded, 148 S.	25,00
213	2015	A. Schubert, W. Falk, U. Stetter (Hrsgb.)	Waldböden in Bayern – Ergebnisse der BZE II, 144 S.	25,00

212	2014	A. Göttlein, K. Katzensteiner, A. Rothe	Standortsicherung im Kalkalpin - SicALP; Abschlussbericht zum Forschungsprojekt INTERREG BY/Ö J00183	18,00
211	2012	S. Korten, J. Hamberger, R. Pausch	Beiträge zur Forstlichen Arbeitswissenschaft und Angewandten Informatik - Festschrift zur Emeritierung von Prof. Dr. Walter Warkotsch	15,00
210	2011	B. Michler, A. Fischer	Arzneipflanzen in Bayerischen Wäldern: Analyse des natürlichen, nachhaltig nutzbaren Potenzials	15,00
209	2010	O. Schmidt, R. Seitz	Der gepixelte Wald - Forstliche Fernerkundung vor dem Hintergrund aktueller Entwicklungen in Umwelt und Technik	15,00
208	2010	B. Beinhofer	Zur Anwendung der Portfoliotheorie in der Forstwissenschaft	20,00
207	2009	S. Höllerl	Auswirkung von waldbaulichen Maßnahmen auf die Stabilität von Fichtenreinbeständen in der Bergmischwaldstufe der Bayerischen Alpen	25,00
206	2009	J. Hamberger	Forum Forstgeschichte Festschrift zum 65. Geburtstag von Prof. Dr. Egon Gundermann	25,00
205	2007	E. Gundermann, O. Schmidt	Forum Forstgeschichte: Ergebnisse des Arbeitskreises Forstgeschichte in Bayern 2005 – 2007	15,00
204	2007	S. Korten	Holzernteschäden an Fichten-Buchen-Verjüngung Ausmaß, Verteilung, Prognose und Bewertungsansätze	41,00
203	2007	R. Schmidt	Forstgeschichte des Hochstifts Eichstätt von den Anfängen bis zur Säkularisation	vergriff.
202	2006	M. Heurich	Evaluierung und Entwicklung von Methoden zur automatisierten Erfassung von Waldstrukturen aus Daten flugzeuggetragener Fernerkundungssensoren	43,00
201	2006	F. Schönfeld et al.	Einfluss des Häutungshemmers Diflubenzuron auf die Fauna von Waldlebensgemeinschaften	20,00
200	2005	S. Wittkopf	Zur Bereitstellung von Hackgut zur thermischen Verwertung durch Forstbetriebe in Bayern	18,00
199	2005	R. Pausch	Ein System-Ansatz zur Darstellung des Zusammenhangs zwischen Waldstruktur, Arbeitsvolumen und Kosten in naturnahen Wäldern Bayerns	38,00
198	2005	E. Gundermann, O. Schmidt, R. Beck	Forum Forstgeschichte Ergebnisse des Arbeitskreises Forstgeschichte in Bayern 2003/2004	15,00
197	2004	A. Fischer, U. Wotschikowsky	Wald und Schalenwild in den Isaraue Waldökologisch-wildbiologisches Gutachten für das Rotwildgebiet Isaraue	18,00
196	2003	R. Blaschke, B. Felbermeier	Satellitendaten für die Forstwirtschaft - Nutzeranforderungen der forstlichen Praxis und Potential der optischen Satellitenfernerkundung	23,00