

7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung

„Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen“

Ahrensburg

12. bis 14. September 2022

Abstract-Band und Exkursionsführer

Ausrichter der Tagung:



Inhalt

	Seite
Programm	3
Zusammenfassungen der Präsentationen	9
Methoden	10
Resistenz	17
Gehölzphysiologie	24
Rot-Buche	34
Züchtung	39
Differenzierung	45
Alternative Baumarten	51
Rot-Eiche	60
Forstliches Vermehrungsgut	65
Autorenindex	71
Exkursion	72

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

vom **12. bis 14. September 2022** in Ahrensburg.

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

„Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen“.

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

Die Vortragsveranstaltung beginnt am Montagmittag und endet am Mittwochmittag. Am Mittwochnachmittag wird eine Exkursion angeboten.

LIESEBACH M, TRÖBER U (Hrsg.): Abstract-Band und Exkursionsführer zur 7. Tagung der Sektion Forstgenetik / Forstpflanzenzüchtung „Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen“ in Ahrensburg, 12.-14.09.2022. Großhansdorf und Graupa, 78 S.

7. Sektionstagung Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung

„Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen“

Ahrensburg, 12.-14.09.2022

Programm (Änderungen vorbehalten)

Montag, 12.Sept. 2022			
Ab 12:00	Registrierung		
<i>Mittagsimbiss</i>			
EG		OG	
13:00-14:20	Methoden	13:00-14:20	Gehölzphysiologie I
14:20-15:00	<i>Kaffeepause</i>		
15:00-16:30	Resistenz	15:00-16:30	Gehölzphysiologie II
16:45-17:30	Geschäftssitzung		
Dienstag, 13. Sept. 2022 EG			
9:00-10:25	Rot-Buche		
10:25-11:05	<i>Kaffeepause</i>		
11:05-12:30	Züchtung		
12:30-14:00	<i>Mittagsimbiss</i>		
14:00-15:15	Differenzierung		
<i>Kaffeepause</i>			
16:00-17:30	Alternative Baumarten		
Mittwoch, 14. Sept. 2022 EG			
9:00-10:00	Rot-Eiche		
10:00-10:30	<i>Kaffeepause</i>		
10:30-12:00	Forstliches Vermehrungsgut		
12:00-13:30	<i>Mittagsimbiss</i>		
13:30-17:00	Exkursion		

Montag, 12. September 2022

Tagungsraum EG	
13:00	Begrüßung, Organisatorisches
Methoden	
13:05	BRÜGMANN T, ZAHN V, FENDEL A, ZEBBEDIES S, SIEVERS A-J, BECKER D, FLADUNG M Neue biotechnologische Methoden für Gehölze
13:25	ZAHN V, SIEVERS A-J, FLADUNG M, BRUEGMANN T Etablierung einer stabilen <i>in vitro</i> Kultur für <i>Fagus sylvatica</i> – Ein erster Schritt hin zur Genom-Editierung in Buchen
13:35	REICHE B, BRÜCKNER M, WEBER B, TRÖBER U, HEITKAM T, WOLF H, KRABEL D Identifizierung von Inter-SINE Amplified Polymorphism Markern in der Filial-Generation gelenkter Kreuzungen von <i>Populus tremula</i>
13:45	MORGENSTERN K, POLSTER J-U, KRABEL D Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP): Eine einfache und kostengünstige Methode zum DNA-basierten Nachweis von phytopathogenen Pilzen in forstlichem Pflanzenmaterial
13:55	IRAUSCHEK F, TRUJILLO-MOYA C, GOLESCH G, WEIßENBACHER L, GEORGE J-P, VAN LOO M Verbesserung der genetischen Ressourcen der Fichte (<i>Picea abies</i> Karst.) durch Plusbaumselektion in Schadflächen zur langfristigen Steigerung der Stressresilienz
14:05	POLSTER J-U, MORGENSTERN K, REICHE B, SCHÜTZEL P, HUTTER I, KRABEL D Strukturelle Analyse des pilzlichen Mikrobioms von <i>Pseudotsuga menziesii</i> (MIRB.) FRANCO und <i>Pseudotsuga sinensis</i> DODE (Poster)
14:10	Diskussion
14:20	Pause
Resistenz	
15:00	SEIDEL H, ŠEHO M, FUSSI B Teilresistente Eschen zeigen nach Jahren hohen Infektionsdrucks kaum Symptome des Eschentriebsterbens
15:15	FLADUNG M, SINGEWAR K Mit RNA-Interferenz (RNAi) gegen Krankheitserreger und Schadinsekten?
15:30	ORGEL F, KERSTEN B, SCHRÖDER H Unterscheidet die Eiche zwischen Spezialisten und Generalisten? Genexpression ausgewählter Kandidatengene in S- und T-Eichen
15:45	SCHRÖDER H, MADER M, NOSENKO T, SCHNITZLER J-P, KERSTEN B Anpassung von Eichen an biotischen und abiotischen Stress im Rahmen des Klimawandels
16:00	SCHILDBACH M, HOFMANN M Hybridpappeln im Klimawandel – Ergebnisse der Pappelklonprüfungen des Projekts FastWOOD unter besonderer Betrachtung der Trockenheit der letzten Jahre
16:15	Diskussion
16:45	Geschäftssitzung

Tagungsraum OG	
13:00	Begrüßung, Organisatorisches
Gehölzphysiologie (I)	
13:05	EILZER F, WINKLER L, WOLF H Untersuchungen zur Trockentoleranz von Erntebeständen der Baumarten Rot-Buche, Gemeine Fichte und Weiß-Tanne sowie deren Nachkommenschaften mit unterschiedlichen Methoden im Projekt sensFORclim
13:20	JANSEN S, PELIN AP, ARAVANOPOULOS FA, ÇIFTÇI A, DEĞIRMENCI FÖ, DUYAR K, İDMAN ÖM, KANSU C, KAYA Z, KLEINSCHMIT J, LEIGH DM, LYROU FG, RELLSTAB C, SEMIZER-CUMING D, TOURVAS N, NEOPHYTOU C Genetische Anpassung von drei heimischen Eichenarten an Trockenstress. Erste Ergebnisse aus dem BiodivERsA Projekt ACORN
13:35	MEYER M, MORGENSTERN K, KOVAČ B, KRABEL D Charakterisierung des frühen Wurzel- und Sprosswachstums von Pappelsorten für das EU Innovations-Projekt der Bio-Ökonomie Dendromass4Europe
13:50	LIESEBACH H, BÄUCKER C Phenotyping mit Chlorophyll-Fluoreszenzmessung
14:05	Diskussion
14:20	Pause
Gehölzphysiologie (II)	
15:00	KÄTZEL R, LIESEBACH M, BECKER F, LÖFFLER S Zur physiologischen Differenzierung der Rot-Buche am Beispiel einer Fläche des “Internationalen Herkunftsversuches 1996/98“ im Fläming
15:15	HOHENWARTER L, LÖFFLER S, KÄTZEL R Biochemische Stressreaktionen und differenzielle Transkriptionsanalysen bei Lindenklonen unter Trockenwassermangel
15:30	TRUJILLO-MOYA C, OLSSON S, MOTTINGER-KROUPA S, HALMSCHLAGER E, ERTL R, GAILING O, VORNAM B, GEORGE J-P, VAN LOO M Das Transkriptom von <i>Pinus nigra</i> unter dem Einfluss von <i>Sphaeropsis sapinea</i>
15:45	FENDEL A, FLADUNG M, BRÜGMANN T Steigerung der Trockenstresstoleranz in Bäumen durch genetische Modifikationen
16:00	SCHRÖDER J, DÜMATZ C, KÄTZEL R, KÖRNER M Site matters: Differences in tree-species adaptability as a function of climate, soil and genetics (Poster)
16:05	WOLF H, LANGE C, OTT B Reaktion ausgewählter Vogelkirschen-Klone aus In-vitro-Vermehrung auf Trockenheit (Poster)
16:10	Diskussion

Dienstag, 13. September 2022 (Tagungsraum EG)

Rot-Buche	
9:00	WOLF H, BUBNER B Das Verbundvorhaben „Genetik und Züchtung (FraxGen)“ im Demonstrationsvorhaben "Erhalt der Gemeinen Esche (FraxForFuture)“
9:15	LIEPE K, LIESEBACH M Innerartliche Variation in Wachstum und Qualität der Rot-Buche in einem 25 Jahre alten Herkunftsversuch
9:30	MÜLLER M, LEUSCHNER C, WEITHMANN G, WEIGEL R, BANZRAGCH B-E, STEINER W, HOFMANN M, SCHMIDT D, GAILING O Analyse der Umwelanpassung der Rotbuche basierend auf genomweiter genetischer Variation
9:45	DEGEN B, MÜLLER N Produktion von höherwertigem Saatgut in Buchenbeständen mit Hilfe von Genomanalysen
10:00	THIESEN F, BUBNER B Projektvorstellung: Produktion in-vitro vermehrter Klone als Werkzeuge für Züchtungsprogramme und Resistenzforschung mit Buchen (<i>Fagus sylvatica</i> L.) (Poster)
10:05	Diskussion
10:25	Pause

Züchtung	
11:00	HÖLTKEN A M, FEHRENS S Hybridisierung und genetische Introgression: Bedeutung für Waldbau, Forstpflanzenzüchtung und Naturschutz
11:20	SCHNECK V 40 Jahre Nachkommenschaftsprüfungen bei Wald-Kiefer
11:40	EISOLD A-M E, BÄUCKER C, LIESEBACH H, SCHNECK V Vermehrung und genetische Charakterisierung von Werthölzern
11:50	VOLMER K, MÜHLBAUER M, HOFMANN M Trauben-Eichensaatgut für den Wald von morgen – OakZones eine Projektvorstellung
12:00	WOLF H Ergebnisse der Hybridlärchen-Züchtung der letzten 10 Jahren – von der Petrischale in das Sägewerk
12:10	Diskussion
12:30	Mittagsimbiss

Differenzierung

- 14:00 BLANC-JOLIVET C, DEGEN B
Genetische Identifizierung von ortsfremden Fichten- und Buchenbeständen
- 14:20 DEGEN B, BLANC-JOLIVET C, SCHRÖDER H, MADER M
Genetische Identifizierung von ortsfremden Stiel- und Traubeneichen
- 14:30 NEOPHYTOU C, SEMIZER-CUMING D, FUSSI B, MICHIELS H-G
Reliktstandorte als Saatgutquellen für klimaresistente Eichenwälder der Zukunft
- 14:40 BUDE K B, MÜLLER M, HÖTZEL S, GAILING O
Hybridisierung und anpassungsrelevante Differenzierung von *Fagus sylvatica* und *Fagus orientalis*
- 14:50 KONRAD H, LAZIC D
Populationsdifferenzierung beim Spitzahorn (*Acer platanoides* L.) auf der regionalen Ebene als Basis für Generhaltungsmaßnahmen in Österreich (Poster)
- 14:55 Diskussion
- 15:15 Pause

Alternative Baumarten

- 16:00 SCHIRMER R, TUBES M, HUBER G
Schwarzkiefer – Alternativbaumart im Klimawandel: Entwicklung des süddeutschen Herkunftsversuchs nach 12 Jahren
- 16:10 HARDTKE A, CARÉ O, RUBIN S, STEINER W, LEINEMANN L, GAILING O
Wuchsleistung und genetische Variation unterschiedlicher Küstentannenherkünfte
- 16:20 QUEGWER J, TRÖBER U, PROFT A, REIM S, HÖFER M
Sämlingssamenplantagen als Beitrag zur Erhaltung des Wild-Apfels (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) im Osterzgebirge
- 16:30 BÄUCKER C, LIESEBACH H, LIESEBACH M
Das Potential des Spitz-Ahorns besser nutzen: Einblicke in die Pflanzenanzucht für die Anlage von Feldversuchen
- 16:40 BECK W, CARÉ O, ZANDER M, METTENDORF M, VOTH W, ULRICHS C
Neue Juglans-Hybriden für die Forstwirtschaft, erste Ergebnisse
- 16:50 MITTELBERG H, LIEPE K, LIESEBACH M, LIESEBACH H
Hainbuche – eine Alternativbaumart im Klimawandel?
- 17:00 ŠEHO M, KAVALIAUSKAS D, RAU B, JANŔEN A, FUSSI B
Bewertung der Anpassungsfähigkeit und Verbesserung der Erntebasis für die Baumarten Spitzahorn, Hainbuche und Sommerlinde auf genetischer Grundlage (Poster)
- 17:05 Diskussion

Mittwoch, 14. September 2022 (Tagungsraum EG)

Rot-Eiche	
9:00	ARDAO RIVERA E, CAO H, NEOPHYTOU C, GAILING O, LAMPRECHT N, FEUSSNER I, Kätzel R, Liesebach M, Töppe M, Tröber U Roteiche im Klimawandel: Grundlagen zur Züchtung unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz
9:15	KORMANN J, LIEPE K, LIESEBACH M Analyse von Genotyp-Umwelt-Interaktionen der Roteiche (<i>Quercus rubra</i> L.) in einer Herkunftsversuchsserie in Deutschland
9:30	SAADAIN S, KLUMPP R, NEOPHYTOU C Genetisches Anpassungspotential der Roteiche (<i>Quercus rubra</i>) in Europa
9:45	TÖPPE M, HOFMANN M, WATERMEIER M Einleitung eines Züchtungsprogramms für die Roteiche (<i>Quercus rubra</i> L.) (Poster)
9:50	Diskussion
10:00	Pause
Forstliches Vermehrungsgut	
10:30	LIESEBACH H, LIEPE K, BÄUCKER C Neue Samenplantagen für Deutschland – Empfehlungen auf Basis internationaler Erkenntnisse
10:50	ŠEHO M, JANĚN A Von der Vergangenheit in die Zukunft: Verwendungsempfehlungen Bayern
11:05	KAVALIAUSKAS D, FUSSI B, RAU B, JANĚN A, ŠEHO M Erarbeitung von Herkunftsempfehlungen und Verbesserung der Erntebasis für die seltenen Baumarten Feldahorn, Flatterulme, Speierling und Eibe in Bayern auf genetischer Grundlage (Poster)
11:10	CREMER E, KONNERT M, LUDWIG A, WEZEL G Forstgenetik trifft Forstpraxis: Erfahrungen und Ausblick aus „20 Jahre ZüF“
11:25	LIESEBACH M, SCHNECK D Herkunftsangaben bei alternativen Baumarten im Klimawandel möglich!
11:40	Diskussion
12:00	Mittagsimbiss
Exkursion	
13:30	Abfahrt mit dem Bus 60-jähriger Bestand (ehemaliger Herkunftsversuch) mit <i>Betula maximowicziana</i> Fahrt Streifenförmige Kurzumtriebsplantage (Nachkommenschaftsprüfung mit Pappeln der Sektion <i>Populus</i>), die in ein silvopastorales Nutzungssystem (mit Hühnern und Kälbern) überführt wird
17:00	Ankunft in Ahrensburg

Zusammenfassungen der Präsentationen

Methoden

Neue biotechnologische Methoden für Gehölze

TOBIAS BRÜGMANN¹, VIRGINIA ZAHN¹, ALEXANDER FENDEL¹, STEFAN ZEBBEDIES¹, ALICE-JEANNINE SIEVERS¹, DIRK BECKER², MATTHIAS FLADUNG¹

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

²Universität Hamburg, Molekulare Pflanzengenetik, Ohnhorststraße 18, 22609 Hamburg

Die im Jahr 2020 mit dem Chemie-Nobelpreis ausgezeichnete Technologie zur Genomeditierung *CRISPR/Cas* bietet der Pflanzenforschung vielversprechende neue Perspektiven. Im Gegensatz zu einjährigen Kulturpflanzen ist die Forschung an Bäumen aufgrund ihrer häufig langsamen Regeneration von kompletten Pflanzen aus Einzelzellen besonders herausfordernd.

Am Thünen-Institut für Forstgenetik in Großhansdorf werden Genomeditierungstechniken an Baumarten angepasst, wobei vor allem Pappelhybriden, für die eine *in vitro*-Pflanzenregeneration aus Einzelzellen bereits etabliert ist, als Modellbäume verwendet werden. In diesen Pappellinien wurden am Institut bereits sehr effizient *CRISPR/Cas*-vermittelte Gen-Knockouts ausgelöst. Weitergehende, darauf aufbauende Techniken werden zunehmend wichtiger, darunter DNA-freie Genomeditierungstechniken, Nickase-vermittelte Editierungen oder Methoden zum präzisen Einbau bzw. Austausch von Sequenzen durch Homologie-abhängige Reparaturmechanismen.

Für die meisten Waldbaumarten wurden die Genomeditierungstechniken bislang noch nicht angepasst. Erstmals werden nun Forschungen zur Editierung der Rotbuche (*Fagus sylvatica*) angestrengt. Dabei sind drei, zur Etablierung grundlegende Schritte vorgesehen: *in vitro*-Kultivierung, genetische Transformation und *CRISPR/Cas*-Editierung.

Drängende Herausforderungen wie der Klimawandel sind durch die extreme Trockenheit, wie 2018, in der Landschaft unübersehbar. Die Übertragung der neuen Genomeditierungstechniken auf Waldbäume bietet großes Potenzial, um gezielt genetische Veränderungen bei anpassungsrelevanten Genen vorzunehmen. So kann beispielsweise schnell und kostengünstig ein Beitrag zur Charakterisierung von physiologischen Prozessen wie der Trockenstresstoleranz geleistet werden.

Etablierung einer stabilen *in vitro* Kultur für *Fagus sylvatica* – Ein erster Schritt hin zur Genom-Editierung in Buchen

VIRGINIA ZAHN, ALICE-JEANNINE SIEVERS, MATTHIAS FLADUNG, TOBIAS BRÜGMANN

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

Als häufigste Laubbaumart in Mitteleuropa ist die Rotbuche (*Fagus sylvatica*) ein wichtiger Bestandteil des Ökosystems Wald und stellt damit einen treibenden wirtschaftlichen Faktor dar. Aufgrund der besonders seit 2018 zunehmenden Dürreperioden leidet *F. sylvatica* in deutschen Wäldern unter der zunehmenden Trockenheit: in Konsequenz sterben zahlreiche Buchenbestände ab ("Buchensterben"). Mit Hilfe moderner biotechnologischer Verfahren wie Genomeditierung können die genetischen Grundlagen von Toleranzen gegen abiotische Stressoren untersucht und so die Selektion von trockenoleranten Buchen unterstützt werden. Für die Anwendung dieser Methoden und die spätere Vermehrung selektierter Genotypen ist ein effizientes *in vitro* System eine wesentliche Voraussetzung.

Um eine mögliche genetische Veranlagung für die *in-vitro*-Kultur-Eignung zu prüfen, wurden Zweige von verschiedenen Buchengenotypen aus dem gesamten europäischen Verbreitungsgebiet (Herkunftsversuche von M. Forstreuter und M. Liesebach) geerntet. Austreibende Knospen wurden sterilisiert und in die Gewebekultur übertragen. Darüber hinaus wurden aus Bucheckern gezogene Sämlinge sterilisiert und auf Kulturmedien mit unterschiedlichen Phytohormonenzusätzen überführt. Zur weiteren Optimierung der Gewebekultur wird eine Zusammenarbeit mit dem *in vitro*-Teilprojekt des vom BMEL/FNR-geförderten Projekts BuchenTIG angestrebt.

Die Genomeditierung der Buche wird unter Verwendung von Agrobakterien und der Partikelkanone an sterilem somatischem Blatt- und Sprossgewebe mittels optischer Markergene getestet. Diese Markergene sollen auch nach PEG-Behandlung in Protoplasten überführt werden, wofür die Protoplastenisolierung aus Blättern optimiert wurde. Um weitere Ausgangsmaterialien für die Genomeditierung zu generieren, wurden verschiedene Gewebe von Keimlingen für die Kallusinduktion verwendet. Schließlich ist auch eine *in planta*-Editierung von Sämlingen geplant, was die Gewebekultur überflüssig machen würde. Im Anschluss kann in der Buche der Einfluss von Kandidatengenomen getestet werden, die zuvor in der Pappel in Hinblick auf Trockenstresstoleranz geprüft wurden.

Identifizierung von Inter-SINE Amplified Polymorphism Markern in der Filial-Generation gelenkter Kreuzungen von *Populus tremula*

BIRGIT REICHE¹, MARIE BRÜCKNER², BEATRICE WEBER³, UTE TRÖBER², TONY HEITKAM³, HEINO WOLF², DORIS KRABEL¹

¹TU Dresden, AG molekulare Gehölzphysiologie, Pienner Straße 19, 01737 Tharandt, birgit.reiche@tu-dresden.de

²Staatsbetrieb Sachsenforst, Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Graupa

³TU Dresden, Professur für Zell- und Molekularbiologie der Pflanzen, Zellscher Weg 20b, 01062 Dresden

Die eindeutige Identifizierung von Pflanzenmaterial bildet die Grundlage für eine erfolgreiche Züchtungs- und Forschungsarbeit an krautigen und holzigen Pflanzen. Hierfür reichen die morphologischen Merkmale häufig nicht aus, und eine umfassende Charakterisierung und Identifizierung des Ausgangsmaterials sowie des erzeugten Vermehrungsguts kann ausschließlich auf molekularer Ebene erfolgen. Durch ihre disperse Verbreitung im Genom und ihre hohe Kopienanzahl sind Short interspersed nuclear elements (SINEs) besonders geeignet für die Ableitung von genomischen Markern. In zwei Verbundprojekten wurde die Übertragbarkeit des an der Kartoffel etablierten Inter-SINE Amplified Polymorphism- (ISAP-) Markersystems auf Baumarten der Familien Salicaceae und Pinaceae untersucht. Dabei konnten die Praktikabilität, die Reproduzierbarkeit sowie die Eignung zur Differenzierung von Genotypen und zur Erfassung der genetischen Variabilität von Populationen auf Grundlage der erzeugten Fingerprints belegt werden.

Durch die Untersuchung einer gelenkten Kreuzung von *Populus tremula* soll nun die Weitergabe von SINE-Kopien an die Filialgeneration und somit die Eignung der ISAP-Marker zum Erkennen von Verwandtschaftsbeziehungen und Stammbaumanalysen untersucht werden. Die molekulare Charakterisierung des Ausgangsmaterials für generatives und vegetatives Vermehrungsgut trägt maßgeblich zur Bestimmung des Hybridstatus sowie zur systematischen Zuordnung von unbekanntem Pflanzenmaterial und somit zur Verifizierung von Forstvermehrungsgut bei.

Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP): Eine einfache und kostengünstige Methode zum DNA-basierten Nachweis von phytopathogenen Pilzen in forstlichem Pflanzenmaterial

KRISTIN MORGENSTERN, JENS-ULRICH POLSTER, DORIS KRABEL

Technische Universität Dresden/Fakultät Umweltwissenschaften/Institut für Forstbotanik und Forstzoologie/
Arbeitsgruppe Molekulare Gehölzphysiologie, Piener Straße 7, 01737 Tharandt, Kristin.Morgenstern@tu-dresden.de

Phytopathogene Pilze führen weltweit zu erheblichen Ertrags- und Qualitätsverlusten in der Forstpflanzenproduktion und neue, invasive Arten gewinnen in Folge von Klimawandel und Globalisierung zunehmend an Bedeutung. Eine wesentliche Voraussetzung für die Entwicklung von Behandlungskonzepten und die Umsetzung von Pflanzenschutzmaßnahmen ist das Erkennen und Identifizieren von Pflanzenpathogenen. Von besonderem Interesse ist dabei der frühzeitige Nachweis in Saatguterntebeständen, Samen und Jungpflanzen. Hierfür werden effiziente und praxistaugliche Diagnoseverfahren benötigt, um zukünftig das Infektionsrisiko zu verringern und die Ausbreitung von Krankheitserregern beim Handel mit forstlichem Pflanzenmaterial zu reduzieren.

Vorgestellt wird die Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP)-Technik, eine sensitive und vor allem kostengünstige Alternative zur klassischen Polymerase-Kettenreaktion (PCR). Die Amplifikation der DNA-Abschnitte erfolgt bei konstanter Temperatur und kann in einem einfachen Heizblock oder Wasserbad durchgeführt werden. Basis hierfür ist die Verwendung einer thermostabilen DNA-Polymerase mit hoher Strangverdrängungsaktivität sowie vier bis sechs LAMP-Primern, die an sechs bis acht Regionen der Ziel-DNA binden. Ein weiterer Vorteil der LAMP-Technik ist die einfache Auswertung. Amplifikationsprodukte können beispielsweise mit Fluoreszenzfarbstoffen angefärbt werden und sind so nach der Reaktion direkt unter UV-Licht auswertbar. Das LAMP-Verfahren eignet sich daher besonders für die molekulare Point-of-Care-Diagnostik und Labore ohne PCR-Einrichtung.

Die Anwendung des LAMP-Verfahrens wird am Beispiel verschiedener Pathogene, wie *Sphaeropsis sapinea* (Diplodia-Triebsterben), *Lophodermium seditiosum* (Kieferschütte) und *Nothophaeocryptopus gaeumannii* (Rußige Douglasienschütte) demonstriert.

Verbesserung der genetischen Ressourcen der Fichte (*Picea abies* Karst.) durch Plusbaumselektion in Schadflächen zur langfristigen Steigerung der Stressresilienz

FLORIAN IRAUSCHEK¹, CARLOS TRUJILLO-MOYA¹, GERALD GOLESCH¹, LAMBERT WEIBENBACHER¹, JAN-PETER GEORGE², MARCELA VAN LOO¹

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

² Universität Tartu, Fakultät für Wissenschaft und Technik, Tartu Observatory, Estland

Die Fichte (*Picea abies* Karst.) ist, durch die steigenden Temperaturen im Klimawandel, in tieferen Anbaugebieten stark durch Massenvermehrungen von Borkenkäfern gefährdet. Jedoch wird die Fichte auch bei zukünftigem Klima, auf etwa 60% ihrer derzeitigen Verbreitungsfläche in Österreich, ein Teil der natürlichen potentiellen Waldgesellschaft sein und einen wesentlichen wirtschaftlichen Faktor darstellen. Die Fichte besitzt in Österreich eine hohe genetische Vielfalt, die einerseits das Resultat mehrerer Ausbreitungsfronten nach der letzten Eiszeit ist, andererseits die Langzeitanpassung an verschiedene klimatische und geomorphologische Bedingungen widerspiegelt. Ebenso zeigen Forschungsergebnisse, dass Variationen im Trockenstressverhalten der Fichte genetisch bedingt sind und deshalb Resistenzen an die nächste Generation vererbt werden können. Auf dieser Grundlage ist es möglich mit gezielten Züchtungsprogrammen die Trockenheitsresistenz der Fichte zu erhöhen. Ausgangspunkt für die Selektion der Plusbäume können dafür die regional auftretenden Kalamitäten durch Fichtenborkenkäfer sein. Durch zahlreiche Begehungen von Schadflächen konnten österreichweit 312 Fichten selektiert werden, die einzeln überlebt haben und vital weiterwachsen (sog. Plus-Fichten). In einem Nachkommenschaftstest mit kontrollierter Bewässerung wurden 4500 Fichtenpflanzen (Nachkommen von 85 Plus-Fichten und 5 Referenzherkünften) über 2 Austriebsperioden phänotypisch verglichen. Als zweite Teststrategie wurden die Genexpression (RNA-Seq) analysiert und Phenol-Konzentrationen in den Nadeln quantifiziert. Erste Ergebnisse zeigen eine hohe Variabilität der Plusbaum-Nachkommen beim Triebwachstum unter Kontrollbedingungen und in der Reaktion auf die Trockenheit. Fünf der 85 Plus-Fichten zeigen im Test im 1. Austriebsjahr signifikant besseres Wachstumsverhalten als die Vergleichsherkünfte. Erste Ergebnisse der RNA-Expressions-Tests zeigen, dass bei den besten Plusbaum-Nachkommen unter trockenen Bedingungen Signalwege im Zusammenhang mit Stressreaktionen geringer exprimiert werden.

Strukturelle Analyse des pilzlichen Mikrobioms von *Pseudotsuga menziesii* (MIRB.) FRANCO und *Pseudotsuga sinensis* DODE

JENS-ULRICH POLSTER¹, KRISTIN MORGENSTERN¹, BIRGIT REICHE¹, PATRICK SCHÜTZEL², IMKE HUTTER³, DORIS KRABEL¹

¹ Technische Universität Dresden/Fakultät Umweltwissenschaften/Institut für Forstbotanik und Forstzoologie/Arbeitsgruppe Molekulare Gehölzphysiologie, Piener Straße 7, 01737 Tharandt, jens-ulrich.polster@tu-dresden.de

² Biomasse Schraden e.V., Straße zum Stützpunkt 15, 04932 Großthiemig

³ Institut für Pflanzenkultur e.K., Solkau 2, 29465 Schnega

Pflanzen werden von einer komplexen mikrobiellen Lebensgemeinschaft besiedelt, die einen nicht unerheblichen Einfluss auf die Pflanzenentwicklung, Vitalität und Toleranz gegenüber biotischen und abiotischen Schadereignissen haben kann. Dennoch ist über die Zusammensetzung und Bedeutung der Wechselwirkungen zwischen Pflanzen und Mikroorganismen bei Forstgehölzen bisher wenig bekannt.

Im Projekt „TreeLAMP“ wurden 27 Nordamerikanischen Douglasien (*Pseudotsuga menziesii* [MIRB.] FRANCO) und 10 Chinesischen Douglasien (*Pseudotsuga sinensis* DODE) beprobt und die Zusammensetzung endophytischer Pilze im Nadelgewebe in einer explorativen Studie mit sequenzbasierten Methoden charakterisiert. Über alle Proben wurden ca. 9,2 Millionen Pilzsequenzen (ITS1) mittels Illumina MiSeq-Sequenzierung generiert. Die taxonomische Klassifizierung erfolgte mit den R-Paketen „DADA2“ und „DECIPHER“ gegen die UNITE/SILVA-Datenbank. Insgesamt wurden 473 Pilz-Arten identifiziert. Die Diversität und Abundanz der Pilze innerhalb sowie zwischen den Arten stellte sich relativ komplex dar. Erwartungsgemäß konnten Unterschiede vor allem zwischen *P. menziesii* und *P. sinensis* beobachtet werden. So wies *P. sinensis* mit durchschnittlich 53.916 ITS-Sequenzen eine deutlich geringere pilzliche Besiedlung auf als *P. menziesii* mit durchschnittlich 95.414 ITS-Sequenzen. Darüber hinaus wurden Unterschiede in der endophytischen Besiedlung in Abhängigkeit von der Vitalität der Wirtspflanze beobachtet. Diese Ergebnisse bieten einen vielversprechenden Ansatz für weitere Untersuchungen der Pflanzen-Mikrobiom-Interaktion und können damit langfristig zu einem verbesserten Pflanzenschutz sowie einer optimierten Pflanzenanzucht beitragen.

Resistenz

Das Verbundvorhaben „Genetik und Züchtung (FraxGen)“ im Demonstrationsvorhaben "Erhalt der Gemeinen Esche (FraxForFuture)“

HEINO WOLF¹, BEN BUBNER²

¹Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Referat Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna, Heino.Wolf@smekul.sachsen.de

²Thünen-Institut für Forstgenetik, Arbeitsbereich Resistenzforschung, Eberswalder Chaussee 3A, 15377 Waldsiedersdorf/Germany

Um dem Verlust der Esche als Waldbaumart durch das Eschentriebsterben vorzubeugen, fördern das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz über den Waldklimafonds (WKF) seit Juli 2020 das Demonstrationsvorhaben "Erhalt der Gemeinen Esche (FraxForFuture)". Das Demonstrationsvorhaben ist in fünf Verbundvorhaben untergliedert. Ein Vorhaben befasst sich mit den Fragestellungen zur Genetik und Züchtung der Gewöhnlichen Esche (*Fraxinus excelsior* L.), die sich aus dem Eschentriebsterben ergeben. In dem Vorhaben arbeiten unter der Koordination des Thünen-Institutes für Forstgenetik das Bayerische Amt für Waldgenetik, die Abteilung Waldnaturschutz der Forstlichen Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, die Abteilung Waldgenressourcen der Nordwestdeutschen Forstliche Versuchsanstalt, die Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der Georg-August-Universität Göttingen, die Arbeitsgruppe Systematische Botanik und Biodiversität der Humboldt-Universität zu Berlin und das Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung des Staatsbetriebes Sachsenforst zusammen.

Auf den gemeinsamen Intensiv-Beobachtungs-Flächen des Gesamtvorhabens werden ebenso wie in Gebieten mit hohem Befallsdruck augenscheinlich vitale Eschen ausgewählt. Die selektierten Bäume werden vegetativ vermehrt und in Klonsammlungen gesichert. Grundsätzlich werden alle in Deutschland erfassten Eschen unter Anwendung des zur Verfügung stehenden Methodenkatalogs mit standardisierten Verfahren phäno- und genotypisiert. Es werden Nachkommenschaftsprüfungen angelegt, um die genetischen Ursachen einer möglichen Resistenz zu ermitteln. Ebenfalls werden die molekular-genetischen Ursachen von Anfälligkeit und Resistenz untersucht. Weiterhin werden Biomarker und Möglichkeiten der vegetativen Vermehrung durch Gewebekulturtechniken analysiert. Die erhaltenen, umfangreichen Informationen werden für die Entwicklung zielgerichteter molekular-genetischer Markersysteme verwendet.

Teilresistente Eschen zeigen nach Jahren hohen Infektionsdrucks kaum Symptome des Eschentriebsterbens

HANNES SEIDEL, MUHIDIN ŠEHO, BARBARA FUSSI

Bayerisches Amt für Waldgenetik, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, Hannes.Seidel@awg.bayern.de

Die gemeine Esche wurde in der Vergangenheit als Ersatzbaumart im Zuge des Klimawandels auf basengesättigten Standorten gehandelt. Allerdings schränkt das Auftreten des Eschentriebsterbens ihre Verwendung vor allem auf feuchten Standorten größtenteils ein. Hingegen werden immer wieder gesunde Eschen beobachtet. Diese Einzelbäume können in Selektionsprogrammen genutzt werden, um die Grundlage für resistentes Vermehrungsgut zu schaffen. Hierbei ist die langfristige Überprüfung und Vererbbarkeit der Resistenz von großer Bedeutung.

Ein erster Schritt wurde in Bayern zwischen 2014 und 2016 mit dem Anlegen einer Klonsammlung und einer Sämlingsversuchsfläche in einem Gebiet mit hohem Infektionsdruck gegangen. In der Klonsammlung wurden 35 Klone von teilresistent erscheinenden Eschen gesichert. Auf der Sämlingsversuchsfläche wurden die Nachkommen von 19 augenscheinlich gesunden und elf erkrankten Mutterbäumen gepflanzt. Der Schädigungsgrad durch das Eschentriebsterben und das Wachstum wird seit der Pflanzung jährlich erfasst.

Es konnten teilweise hohe Ausfallraten, aber auch deutlich gesündere Klone und Absaaten beobachtet werden. Es gab keinen zu 100 % resistenten Klon. Die Gesamtmortalität lag auf der Klonfläche wie auf der Sämlingsversuchsfläche bei ca. 30 %. Die Differenzierung in verschiedene Schädigungsklassen erfolgte innerhalb der ersten drei bis vier Jahre nach der Pflanzung und blieb danach relativ stabil. Von den überlebenden Individuen zeigten ca. 6 % der Sämlinge und ca. 50 % der Rameten in den letzten drei Jahren keine bis nur sehr geringe Symptome. Einzelne Bäume konnten sich nach einem starken Befall wieder erholen. Es werden Ergebnisse zur Mortalität, zur Variabilität und Vererbbarkeit der Resistenz sowie zum Zusammenhang zwischen Schädigungsgrad und Wachstum präsentiert.

Die Ergebnisse zeigen, dass unter hohem Befallsdruck anfällige Jungeschen schnell selektiert werden. Der Gesundheitszustand des Mutterbaums schien oft nur eine Momentaufnahme zu sein (v. a. bei nur einmaliger Beobachtung) und ist damit kein Garant für dessen Resistenz und die der Nachkommen. Bäume, die Teilresistenzen aufzeigen, sollten in den Beständen belassen werden. Durch Ex-Situ Erhaltungsmaßnahmen sollten die teilresistenten Eschen gesichert werden und als Grundlage für die Versorgung mit hochwertigem Vermehrungsgut genutzt werden.

Mit RNA-Interferenz (RNAi) gegen Krankheitserreger und Schadinsekten?

MATTHIAS FLADUNG, KIRAN SINGEWAR

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf, matthias.fladung@thuenen.de

Die Regulation von Genen stellt einen fundamentalen Prozess in allen pro- und eukaryotischen Lebewesen dar. Während die Genregulation in den prokaryotischen Bakterien zu großen Teilen „nur“ der Anpassung an eine wechselnde Umgebung dient, steuert sie in den eukaryotischen, mehrzelligen Organismen die vegetative und generative Entwicklung. Hierbei muss sichergestellt werden, dass die notwendigen Gene in den jeweiligen Zellen und Geweben zum richtigen Zeitpunkt aktiviert bzw. inaktiviert werden.

Ein wichtiger Mechanismus der Genregulation ist die ausschließlich in eukaryotischen Lebewesen vorkommende RNA-Interferenz (kurz RNAi), was auf einen phylogenetisch sehr alten Prozess hinweist. Interessanterweise ähnelt RNAi dem bereits besser bekannten CRISPR-Mechanismus der Prokaryoten zur Abwehr von Viren. Die bereits im Jahr 2006 mit dem Nobelpreis für Physiologie oder Medizin ausgezeichnete RNAi-Technologie dient beispielsweise bei Pflanzen der Abwehr von RNA-Viren und der Kontrolle der Aktivität endogener Transposons.

Die RNAi hat sich in den letzten Jahren in der genetischen Grundlagenforschung als eine neue Möglichkeit zur Stilllegung von Genen etabliert. Auch sind seit 2018 einige RNAi-basierte Therapeutika klinisch zugelassen. Der Mechanismus der RNAi wird durch Anwesenheit von doppelsträngiger RNA (dsRNA) ausgelöst. Da RNAi nicht nur gegen Viren einsetzbar ist, sondern ein Schutz auch gegen Pilze und Insekten denkbar ist, kam die Idee auf, bei Pflanzen RNAi für den biotechnologischen Pflanzenschutz einzusetzen. Kann eine Pflanze dazu gebracht werden, ein bestimmtes dsRNA-Fragment zu bilden, das genau zu der RNA eines Schädling passt, wird diese Sequenz „neutralisiert“. Die Folge wäre, dass für das betroffene Gen das entsprechende Protein nicht gebildet wird. Ist das Protein für den Schädling lebensnotwendig, stirbt dieser oder kann sich nicht mehr vermehren. Bildet die Pflanze das dsRNA-Fragment selbst, würde diese rechtlich unter die Gentechnikgesetzgebung fallen und wäre damit in Europa nicht verwendbar. Wird dagegen die dsRNA exogen auf schädlingbefallene Pflanzen appliziert, z.B. Spraysen auf Blätter, wäre das System gentechnikfrei.

Vorteile der RNAi gegenüber herkömmlichen (chemischen) Pflanzenschutzmitteln ist die hohe Spezifität, da nur diejenigen Schädlinge bekämpft werden, die mRNA mit der dieselben Sequenz wie die applizierte dsRNA aufweisen. Zufälliges Besprühen von anderen Schädlingen oder von Nützlingen bleibt ohne Folgen, solange sie nicht an den Pflanzen fressen. Auch würden keine Rückstände verbleiben, da dsRNA-Moleküle sehr schnell abgebaut werden. Im Gegensatz zu chemischen Pflanzenschutzmitteln reichern sie sich nicht in der Umwelt an. Und schließlich wären auch keine Resistenzbildungen festzustellen, denn nur wenn sich in den Schädlingen die Sequenz der Zielgene durch spontane Mutationen verändern würde, würde RNAi nicht mehr funktionieren.

Allerdings sind noch Probleme wie die geringe Stabilität der dsRNA oder die effektive Aufnahme der dsRNA durch die Insekten zu lösen. Auch sind noch Fragen zur biologischen Sicherheit zu klären, da exogen applizierte dsRNA nicht nur auf die Pflanzen, sondern auch auf im Boden lebende Bodenorganismen treffen kann.

Unterscheidet die Eiche zwischen Spezialisten und Generalisten? Genexpression ausgewählter Kandidatengene in S- und T-Eichen

FRANZISKA ORGEL, BIRGIT KERSTEN, HILKE SCHRÖDER

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf, hilke.schroeder@thuenen.de

Die Stieleiche (*Quercus robur*) ist mit einer Flächendeckung von ca. 10% einer der häufigsten Laubbäume in zentraleuropäischen Wäldern. Neben ihrer großen Bedeutung für die Holzwirtschaft ist sie auch ökologisch von großem Interesse. Sie beheimatet ca. 300 auf Eiche spezialisierte Insektenarten. Von der gleichen Anzahl an Tierarten wird die Eiche fakultativ genutzt. Während einer Kalamität des Eichenwicklers (*Tortrix viridana*) von 2003 bis 2006 wurden in Nordrhein-Westfalen 500 Stieleichen aufgrund ihres Entlaubungsgrades als T-Eichen (tolerant gegenüber Eichenwicklerfraß) und S-Eichen (sensitiv bzw. anfällig gegenüber Eichenwicklerfraß) klassifiziert. Vorangegangene biochemische und genetische Untersuchungen haben gezeigt, dass die Abwehrstrategien der T- und S-Eichen unterschiedlichen Mustern folgen.

In Performanceversuchen mit dem Eichenwickler, der ein Spezialist an Eiche ist, und dem Schwammspinner (*Lymantria dispar*) als Generalist, wurden zusätzlich Unterschiede in den Entwicklungszeiten, der gefressenen Blattmenge und die Mortalität betreffend festgestellt. Grundsätzlich scheinen T-Eichen eine schlechtere Ernährungs- bzw. Entwicklungsgrundlage für beide Arten von blattfressenden Insekten zu bieten. Darüber hinaus wurden mittels RNA-Seq differentiell exprimierte Gene (DEGs) sowohl im Vergleich zwischen S- und T-Eichen als auch zwischen Eichen mit und ohne Eichenwicklerfraß identifiziert.

Mittels qPCR wurde die Expressionskinetik ausgewählter DEGs in S- und T-Eichen im Zeitverlauf des Befraßes mit den beiden Herbivoren genauer untersucht. Speziell eine Terpensynthase (*Germacradienol synthase*) aber auch zum Beispiel die *Gibberellin 2-beta-dioxygenase 1* zeigen deutliche Unterschiede der Expression in S- und T-Eichen. Zusätzlich liegt eine Abweichung des Expressionsmusters nach Befraß der unterschiedlichen Insekten vor. Hieraus ergibt sich die Frage, ob die Eiche unterscheidet, ob ein Generalist oder ein Spezialist an ihr frisst.

Das Verständnis für pflanzliche Abwehrmechanismen ist zunehmend relevant, da durch den Klimawandel vor allem wärmeliebende Insekten als neuartige Schädlinge auftreten können. Für die Forstwirtschaft ist daher eine gute Durchmischung von S- und T-Eichen in einem Bestand sinnvoll. Durch die Entwicklung von Biomarkern lassen sich schädlingstolerante Eichen sicher und möglichst frühzeitig identifizieren.

Anpassung von Eichen an biotischen und abiotischen Stress im Rahmen des Klimawandels.

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

¹Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstrasse 2, 22927 Großhansdorf, hilke.schroeder@thuenen.de

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

Die Auswirkungen des Klimawandels auf den Wald sind besonders gravierend, da Bäume langlebig und ortsfest und damit den raschen Klimaveränderungen nicht gewachsen sind. Können sich unsere Wälder an diese Umweltänderungen nicht anpassen, wird nicht nur der einzelne Baum geschwächt, sondern das gesamte Waldökosystem gestört. Die Stieleiche (*Quercus robur*) zeigt – insbesondere aufgrund ihrer Temperatur- und Trockentoleranz - ein vergleichsweise hohes Anpassungsvermögen an Umweltveränderungen und ist damit ein Hoffnungsträger in Zeiten verstärkten Klimawandels. Deshalb setzt sich das Projekt „Survivor-Oaks“ zum Ziel, für den Wald der Zukunft Klima-angepasste Stieleichen zur Verfügung zu stellen, die sich durch erhöhte Toleranz gegen Klimawandel-relevante biotische und abiotische Stressoren auszeichnen, wobei insbesondere Herbivorie-, Pilz- und Trockentoleranz berücksichtigt werden. Die Ergebnisse aus neuen molekularen Untersuchungen zur Herbivorietoleranz von Eichen gegenüber einem Generalisten sollen mit Wissen aus vorangegangenen Projekten zur Herbivorietoleranz gegenüber einem Spezialisten kombiniert werden, um mit Hilfe von „Next Generation Sequencing“ (NGS) genetische Marker für Herbivorietoleranz zu entwickeln. Des Weiteren werden adaptive genetische Marker für Trockentoleranz in einer Genotyp-Umwelt-Assoziationsstudie entwickelt.

Der bereits bestehende Bestand an selektierbarem Pflanzenmaterial aus verschiedenen Klimazonen Deutschlands wird erweitert und phänotypisch und/oder genotypisch auf Toleranz gegen Insektenbefall (Herbivorie), Mehltau (Pilzerkrankung) und Trockenheit getestet und daraus ausgewählte Plusbäume in Plantagen angebaut. Damit soll nicht nur dazu beigetragen werden, zukünftige waldbauliche Empfehlungen zu erarbeiten, sondern auch geeignetes Pflanzenmaterial für die Züchtung zur Verfügung zu stellen.

Hybridpappeln im Klimawandel – Ergebnisse der Pappelklonprüfungen des Projekts FastWOOD unter besonderer Betrachtung der Trockenheit der letzten Jahre

MAREK SCHILDBACH¹, MARTIN HOFMANN²

¹Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Referat Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna, Marek.Schildbach@smekul.sachsen.de

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

Schnellwachsende Baumarten wie z. B. Hybridpappeln können einen Beitrag zur Sicherung der Versorgung mit holziger Biomasse leisten. Mit dem vom BMEL geförderten Züchtungsprojekt „FastWOOD“ sollten in den Jahren 2008 bis 2018 die Voraussetzungen für einen großflächigen, betriebssicheren und wirtschaftlichen Anbau von Pappeln, Weiden und Robinien zur Produktion von Biomasse im Kurzumtrieb geschaffen werden. Auch für die Wiederbewaldung von Kalamitätsflächen kann der Anbau schnellwachsender Baumarten eine Option darstellen.

Im Rahmen des Projekts FastWOOD wurden durch die NW-FVA unter Beteiligung von Sachsenforst und des Bayrischen Amtes für Waldgenetik mehrere Serien von Pappelklonprüfungen angelegt. Deren Ergebnisse führten unter anderem zur Zulassung der Klone „Fastwood 1“ und „Fastwood 2“ als geprüftes Vermehrungsgut nach FoVG.

Untersuchungen zur Wuchsleistung und Experimente zur Trockenheitsresistenz zeigten bereits in den ersten Jahren unterschiedliche Reaktionsmuster der Pappelklone auf Trockenheit in Abhängigkeit von Klon und Wuchsphase. Die lang anhaltende Dürre der Jahre 2018 bis 2020 führte auf einigen Flächen noch einmal zu einer deutlichen Verschiebung in der Rangfolge der Klone. Diese Ergebnisse werden im Vortrag präsentiert und es wird ein aktueller Vergleich der Versuchsflächen gezogen.

Gehölzphysiologie (I und II)

Untersuchungen zur Trockentoleranz von Erntebeständen der Baumarten Rot-Buche, Gemeine Fichte und Weiß-Tanne sowie deren Nachkommenschaften mit unterschiedlichen Methoden im Projekt sensFORclim

FRANK EILZER, LINA WINKLER, HEINO WOLF

Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Referat
Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna, Frank.Eilzer@smekul.sachsen.de

Ziel des Verbundprojektes sensFORclim ist die Identifizierung von Erntebeständen der genannten Hauptbaumarten des Bergmischwaldes, die in der Lage sind, klimatolerantes, heimisches Vermehrungsgut zu produzieren. Über deren Ausweisung soll dieses Vermehrungsgut zukünftig der Praxis zur Verfügung gestellt werden.

Im Projekt wird ein bisher einmaliger interdisziplinärer Ansatz verfolgt. Ausgehend von der Anwendung ökologischer Nischenmodelle werden ausgewählte Erntebestände mit Methoden der Resilienzforschung, Populationsgenetik und Ökophysiologie untersucht. Der Staatsbetrieb Sachsenforst führt die ökophysiologischen Untersuchungen durch. Diese finden auf den Ebenen Altbestand, Herkunftsversuch und Baumschulpflanze bzw. Wildling statt.

Die Untersuchungen auf Ebene der Erntebestände und Herkunftsversuche umfassen blatt- bzw. nadelmorphologische und -anatomische Untersuchungen wie zum Beispiel die Blattfläche, das Blattflächengewicht, die Stomatalänge und -dichte. Weiter werden physiologische Untersuchungen wie die Xylemleitfähigkeit und der Leitfähigkeitsverlust nach Erzeugung künstlicher Embolien sowie die Schnellwiegemethode angewandt. Auf Ebene der Jungpflanzen werden Trockenstressexperimente im Gewächshaus durchgeführt. Die Aufnahmen umfassen wachstumskundliche und physiologische Parameter wie die Chlorophyllfluoreszenz und eine Bonitur der Vitalität.

Die Untersuchungen sollen einen umfassenden Überblick des Verhaltens der Baumarten auf Trockenstress auf Bestandes- und Individualebene liefern. Dies ermöglicht eine Einschätzung zur künftigen Eignung von forstlichem Vermehrungsgut.

Genetische Anpassung von drei heimischen Eichenarten an Trockenstress. Erste Ergebnisse aus dem BiodivERSA Projekt ACORN

SIMON JANSEN*¹, PELIN ACAR², FILIPPOS A. ARAVANOPOULOS³, ASIYE ÇİFTÇİ⁴, FUNDA ÖZDEMİR DEĞİRMENÇİ⁴, KÜRŞAT DUYAR², ÖZLEM MAVI İDMAN², ÇİĞDEM KANSU⁵, ZEKI KAYA⁴, JÖRG KLEINSCHMIT⁶, DEBORAH MARIE LEIGH⁷, FANI G. LYROU³, CHRISTIAN RELLSTAB⁷, DEVRİM SEMİZER-CUMING⁶, NIKOS TOURVAS³, CHARALAMBOS NEOPHYTOU¹

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

²Türkischer Nationaler Botanischer Garten Ankara (TAGEM), Türkei

³Aristoteles Universität Thessaloniki (AUTH), Griechenland

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

⁵Tekirdağ Namık Kemal Universität, Türkei

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

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

Angesichts des Klimawandels stehen die europäischen Wälder vor großen Herausforderungen. Trockenereignisse verursachen zunehmend großflächige Waldschäden und werfen die Frage auf, ob lokale Baumpopulationen sich schnell genug an die ändernden Klimabedingungen anpassen können. Aus diesem Grund wird vermehrt der Transfer von forstlichem Vermehrungsgut diskutiert. Durch die Auswahl von Saatgut aus Beständen, die aktuell trockenere Umweltbedingungen im Vergleich zum Anbauort aufweisen, kann die lokale Anpassung an zukünftige Klimabedingungen justiert werden. Dennoch sind aktuelle Herkunftsempfehlungen stark auf lokale Saatgutquellen fokussiert. Im Rahmen des internationalen Forschungsprojektes ACORN werden nun mittels genetischer und genomischer Ansätze, Bestände der Stiel-, Trauben-, und Flaumeiche untersucht, um Populationen zu identifizieren, die ein hohes Anpassungspotential an einen klimabedingten erhöhten Boden-Trockenstress aufweisen. Unter der Hypothese, dass in der Vergangenheit die natürliche Auslese zur Etablierung der trockenolerantesten Genotypen beitrug, könnten die Eichen auch kleinräumig eine Widerstandsfähigkeit gegen Boden-Trockenheit entwickelt haben. Um dies zu untersuchen wurden innerhalb von zwei Untersuchungsgebieten (Mitteleuropa, östlicher Mittelmeerraum) je 10 Bestandespaare pro Art ausgesucht, wobei jedes Paar aus einem trockenen und einem gut wasserversorgten Standort bestand. Die Analyse der Kern und Chloroplasten DNA mittels SSR Markern liefert erste Ergebnisse über die genetische Struktur der drei Eichenarten sowie der Herkunft der beprobten Bestände. Anschließende Analysen auf regionaler und interregionaler Ebene sollen klären, ob Gene oder Genombereiche spezifische oder gemeinsame Signaturen der Anpassung an Trockenheit aufzeigen. Zudem sollen Zusammenhänge zwischen genomischer und standörtlicher Variation Aufschluss geben, welche Umweltfaktoren für die Anpassung relevant sind und welche Gene dabei involviert sind. Basierend auf diesen Ergebnissen wird ein Konzept erarbeitet, um Herkunftsempfehlungen für die Eiche an die Anforderungen des Klimawandels anzupassen.

Charakterisierung des frühen Wurzel- und Sprosswachstums von Pappelsorten für das EU Innovations-Projekt der Bio-Ökonomie Dendromass4Europe

MEYER, MATTHIAS^{1,2}; MORGENSTERN, KRISTIN²; KOVAČ, BARNABAS³; KRABEL, DORIS²

¹TU Dresden, Professur für Forstpolitik und Forstliche Ressourcenökonomie, Tharandt, matthias.meyer@tu-dresden.de

²TU Dresden, Arbeitsgruppe für molekulare Gehölzphysiologie, Tharandt

³IKEA Industry Slovakia s.r.o., Malacky, Slowakei

Dendromasse ist Holz, Rinde oder gemischte Biomasse von schnellwachsenden Baumarten aus Kurzumtriebsplantagen (KUP). Sie kann in der neuen Bio-Ökonomie zur Produktion von Neuen Bio-Basierten Materialien (NBBM) genutzt werden, auch um einen Beitrag zur Unabhängigkeit von Fossilen zu leisten. KUP erlauben, verglichen mit der forstlichen Holzproduktion, deutlich kürzere Rotationszyklen, homogene Rohstoff-Beschaffenheit und eine fast ebenso energie-effiziente Produktion der Biomasse wie im Wald. Anders als im Wald kann durch die Möglichkeit der Sortenwahl eine Anpassung der Bestände an spezielle industrielle Erfordernisse oder auch an veränderte klimatische Bedingungen beschleunigt werden. Hierbei sind die erfolgreiche frühe Entwicklung und physiologische Anpassungsfähigkeit der Sorten auch ökonomisch bedeutsam, da größere Ausfälle nach Pflanzungen nur mit erneutem finanziellem Aufwand für Nachpflanzungen kompensiert werden können.

Der vorliegende Beitrag bezieht sich auf die Pappelsortenwahl im Projekt Dendromass4Europe (www.dendromass4europe.eu), D4EU, und das durchgeführte Phenotyping zur frühen Pflanzenentwicklung. Es werden die standörtlichen Rahmenbedingungen im Projektgebiet, der West-Slowakei, erörtert, welche eine Häufung von ausgeprägten Frühjahr- und/oder Frühsommer-Dürren im Anschluss an die Pflanzsaison bedingen. Das Hauptinteresse richtet sich auf die Ausgewogenheit und potenzielle Angepasstheit der frühen Wurzel- und Spross-Entwicklungsleistung der im Projekt genutzten Klonsorten. Diese werden in Gewächshausversuchen im zweifaktoriellen Design (Klon × Wasser), unter normaler bzw. defizitärer Wasserverfügbarkeit, untersucht. Die klonspezifischen Unterschiede der Wurzeldurchmesser-Klassenverteilung, der Trockensubstanzallokation und der Wurzel-Spross-Verhältnisse werden diskutiert. Die Übertragbarkeit dieser Ergebnisse auf KUP unter Feldbedingen wird erörtert.

Phenotyping mit Chlorophyll-Fluoreszenzmessung

HEIKE LIESEBACH¹, CORNELIA BÄUCKER²

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

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

Chlorophyll-Fluoreszenzmessungen werden seit langem mit dem Ziel angewendet, die Vitalität von Pflanzen mit einer zerstörungsfreien Methode zu beurteilen. Von der Methode wird gewünscht, dass sie der Bonitur anhand äußerer Merkmale deutlich überlegen ist und physiologische Veränderungen möglichst genauer, frühzeitiger und weniger subjektiv feststellt. Zudem sollen die Messungen im Freiland (Baumschule) und bei einer großen Anzahl Pflanzen einsetzbar sein.

Ein in der Wissenschaft verwendetes Messgerät ist das PAM-2500 der Fa. Walz, das auf der Technik der Puls-Amplituden-Modulation (PAM) basiert und erlaubt, die Messsignale von überlagerndem Licht zu trennen. Bei der Aufnahme einer sog. Rapid Light Curve (RLC) können aus dem Kurvenverlauf verschiedene Parameter abgeleitet werden, die den Zustand des Photosystems II (PS II) charakterisieren sowie den Verlauf der Lichtsättigung und die maximale Elektronentransportrate (ETR) ermitteln.

In einem Trockenstress-Experiment mit 2-jährigen, getopften Pflanzen der Baumart Spitz-Ahorn (*Acer platanoides*) wurden drei Wochen lang regelmäßig Fluoreszenzmessungen durchgeführt. Ziel war es, den zeitlichen Verlauf bei verschiedenen Photosyntheseparametern zu beobachten und zwischen Trockenstress- und Kontrollvarianten zu vergleichen. Die Lichtsättigung wird bei Pflanzen unter Trockenstress schon bei geringeren Lichtintensitäten erreicht und auch die maximale Elektronentransportraten des PS II sind im Vergleich zu Kontrollen reduziert, jedoch nicht vor dem Sichtbarwerden phänotypischer Symptome. Die Einsatzmöglichkeiten für Chlorophyll-Fluoreszenzmessungen mit der PAM-Methode sollen kritisch diskutiert werden.

Zur physiologischen Differenzierung der Rot-Buche am Beispiel einer Fläche des “Internationalen Herkunftsversuches 1996/98“ im Fläming

RALF KÄTZEL¹, MIRKO LIESEBACH², FRANK BECKER¹, SONJA LÖFFLER¹

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

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

Mit der zunehmenden Gefährdung der Rot-Buche infolge des Klimawandels stellt sich die Frage, ob sich ggf. Herkünfte aus südlicheren und trockneren Regionen des Verbreitungsgebietes für einen künftigen Anbau (z.B. im nordostdeutschen Tiefland) besser eignen als heimische Herkünfte.

Bereits in den 1980er Jahren wurde begonnen, internationale Herkunftsversuche zur Erfassung der phänotypischen Variation der Rot-Buche anzulegen (VON WÜHLISCH et al. 1998; LIESEBACH 2015). Der Internationale Herkunftsversuch 1996/98 mit Rot-Buche umfasst z.B. 26 Versuchsflächen in 17 Ländern, auf denen insgesamt 82 Bestandesnachkommenschaften (Herkünfte) verglichen werden. Eine dieser Versuchsflächen befindet sich im Fläming im Forstamt Nedlitz, Revier Golmenglin (heute Forstbetrieb Anhalt, Revier Hoher Fläming) an der Grenze zwischen Sachsen-Anhalt und Brandenburg.

Von den 33 Herkünften aus dem gesamten Verbreitungsgebiet der Rot-Buche wurden für die vorliegende Untersuchung im Jahr 2016 und im Trockenjahr 2018 neun Herkünfte aus sieben Ländern (D, FR, BG, UA, CZ, AT, PL) ausgewählt und jeweils 15 vorherrschende Buchen je Herkunft (je 5 Bäume aus 3 Parzellen, gesamt 135 Buchen) für physiologisch biochemische Untersuchungen beprobt, die Blattgehalte an Chlorophyllen a+b, Carotinoiden, Kohlenhydraten, Stärke, phenolischen Inhaltsstoffen, Aminosäuren, Ascorbinsäure und Proteinen analysiert und die Osmolalität des Blattpresssaftes bestimmt. Da sich die beiden Untersuchungsjahre bezüglich der klimatischen Wasserbilanz deutlich unterschieden, bilden die Ergebnisse des Jahres 2018 u.a. Reaktionen auf die extreme Trockenheit ab.

Während der 20-jährigen Standzeit der Buchen im Forstamt Nedlitz traten mehrfach Winterfröste, Spätfröste, Sommerhitze und Trockenheit auf, die die Bäume aus den unterschiedlichen Ursprungsorten des europäischen Verbreitungsgebietes weitgehend ohne größere Ausfälle überlebten. Dies unterstreicht die große physiologische Plastizität der Baumart, zumindest in der Jugendphase. Innerhalb des Verbreitungsgebietes der Buche haben sich unterschiedliche physiologische Ökotypen entwickelt. Dies spiegelt sich insbesondere in der Ausstattung mit phenolischen Inhaltsstoffen wider. Hier wurden drei unterschiedliche Gruppierungen gefunden, die sich jedoch nicht in geografische Zonen abgrenzen.

Die Einzelparameter zeigten, dass die untersuchten Buchenherkünfte unter den Trockenstressbedingungen des Jahres 2018 einerseits meist die gleichen Anpassungs- resp. Stressreaktionen entsprechend der Stresskaskade bei Wassermangel zeigen, sich aber andererseits in der Intensität der Reaktionen signifikant unterschieden. Unterhalb der Herkunfts- resp. Populationsebene zeigten die einzelnen Buchen eine individuelle, spezifische Varianz in der Konstellation der Blattinhaltsstoffe. Die Einzelbäume wurden darüber hinaus unabhängig von ihrer Herkunft sogenannten *biochemischen Mustern* zugeordnet werden, die eine spezifische physiologischen Vitalitätsgruppe repräsentieren.

Biochemische Stressreaktionen und differenzielle Transkriptionsanalysen bei Lindenklonen unter Wassermangel

LINUS HOHENWARTER¹, SONJA LÖFFLER², RALF KÄTZEL²

¹ RLP Agrosience GmbH, Breitenweg 71, 67435 Neustadt-Mußbach, linus.hohenwarter@agrosience.rlp.de

² Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde

Im Rahmen des Forschungsprojektes „*Trees4Streets*“ wurden u.a. fünf verschiedene, in vitro angezogene *Tilia*-Klone hinsichtlich ihrer Trockenstresstoleranz in Gewächshaus-Gefäßversuchen physiologisch untersucht. Die Klone unterschieden sich deutlich in den biochemischen Mustern der Blattmetabolite und im Austriebsverhalten im nächsten Frühjahr. Zusätzlich wurden exemplarisch drei Klone hinsichtlich der differenziellen Genexpression untersucht, die sich in ihren Stressreaktionen deutlich unterschieden. Hierzu gehörte der Klon *Tilia x europaea* 77.000 mit einer besonders hohen Trockenstresstoleranz, der Klon *T. cordata* 67.3., der sich trockenstresssensitiv zeigte, sowie ein intermediärer *T. dasystyla*-Klon 36.3. Als Untersuchungsmaterial diente tiefgefrorenes Blattmaterial, das zu drei Zeitpunkten entlang der Stresskaskade mit und ohne Wassermangel je Linie gewonnen wurde.

Zur Identifizierung differenziell exprimierter Gene wurde eine Transkriptomanalyse durchgeführt. Die RNA-Sequenzierung dient als Vorlage zur Assemblierung der Reads zu Contigs. Insgesamt wurden 21.909 Gene in allen drei *Tilia*-Linien und Konditionen identifiziert. Davon wurden Gene als differenziell exprimiert betrachtet, die nach der Trockenstressbehandlung eine mindestens zweifache Änderung der Expression zeigten und zusätzlich mehr als 100 Reads unter den jeweiligen Konditionen aufwiesen (,Kontrolle‘ bei hochregulierten Genen und ,Stress‘ bei runterregulierten Genen).

Die sensitive *Tilia*-Linie 67.3 zeigte im Vergleich zu den Linien 77.000 und 36.3 im Stressverlauf eine starke transkriptionelle Änderung. Zum einen war die Anzahl differenziell exprimierter Gene stark erhöht (1.284 im Vergleich zu 135 bzw. 109). Zum anderen war das Ausmaß der Expressionsänderung bei der Linie 67.3 deutlich ausgeprägter als bei den beiden anderen Linien.

Die Trockenstressantwort der Linie 67.3 zeichnete sich u.a. durch eine Deregulierung der in der Energiegewinnung und Stoffwechsel beteiligten Gene (z.B. RuBisCO, Chlorophyll-bindende Proteine) aus. Gleichzeitig wurden Gene hochreguliert, die am Abbau von Proteinen beteiligt sind (z.B. Cysteine-Proteinasen). Der Wassermangel induziert die Produktion des Pflanzenhormons Abscisinsäure (ABA). Dies spiegelt sich in der Hochregulierung der bei ABA-Produktion und Signalweiterleitung-beteiligten Gene (z.B. *Carotenoid cleavage dioxygenase*) wider. Jedoch findet bei geschlossenen Stomata kein Gasaustausch statt, was zu einer Anreicherung von reaktiven Sauerstoffverbindungen (z.B. H₂O₂) in der Zelle führt. Zum Schutz vor den oxidativen Schäden werden Antioxidantien produziert (z.B. Ferretin, *Phosphoenolpyruvat carboxykinase*, *Catalase*).

Ein wichtiger Teil der Stressantwort ist die Koordination der Genexpression der Trockenstress-relevanten Gene. Dieses komplexe Netzwerk wird unter anderem durch Transkriptionsfaktoren dirigiert, die direkt an die DNA binden und die Expression vieler verschiedener Gene steuern. Die stark erhöhte Expression des Transkriptionsfaktors Homeobox 7 lässt seine Funktion in der Koordination der Trockenstressinduzierten Genregulation vermuten.

Im Gegensatz zur Linie 67.3 induziert der Wassermangel in toleranter Linie 77.000 nur eine milde Änderung der Expression der Energiegewinnung- und Stoffwechsel-Gene.

In der physiologisch intermediären Linie 36.3 wurden Gene der Energiegewinnung (Chlorophyll-bindende Proteine) hochreguliert.

Das Transkriptom von *Pinus nigra* unter dem Einfluss von *Sphaeropsis sapinea*

CARLOS TRUJILLO-MOYA¹, SANNA OLSSON², SUSANNE MOTTINGER-KROUPA³, ERHARD HALMSCHLAGER³, REINHARD ERTL⁴, OLIVER GAILING⁵, BARBARA VORNAM⁵, JAN-PETER GEORGE⁶, MARCELA VAN LOO¹

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

² Zentrum für Forstforschung, INIA-CSIC, Madrid (Spain), Carretera, de la Coruña km 7.5, E-28040 Madrid, Spanien

³ Universität für Bodenkultur (BOKU), Institut für Forstentomologie, Forstpathologie und Forstschutz, BOKU, Peter-Jordan-Straße 82, 1190 Wien, Österreich

⁴ Veterinärmedizinische Universität Wien (Vetmeduni), VetCore Forschungseinrichtung, Veterinärplatz 1, 1210 Wien, Österreich

⁵ Georg-August-University Göttingen, Buisen-Institut, Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Buisenweg 2, D-37077 Göttingen

⁶ Universität Tartu, Fakultät für Wissenschaft und Technik, Tartu Observatory, Estland

Die europäische Schwarzkiefer (*Pinus nigra* J.F. Arnold) ist ein Nadelbaum mit großer wirtschaftlicher und ökologischer Bedeutung. Eine der größten Herausforderungen in der Waldbewirtschaftung von *P. nigra* ist die durch den Pilz *Sphaeropsis sapinea* (Fr.) Dyko & Sutton verursachte Pilzkrankheit, die zum Absterben der Triebspitzen und zum Absterben der Bäume führt. Das Verständnis der molekularen Reaktionen von *P. nigra* auf den Pilz blieb bisher unerforscht. Um dieses Pathosystem zu erforschen, wurden zweijährige getopfte Schwarzkiefersämlinge zweier verschiedener Provenienzen (aus Österreich und Korsika) für ein Kontrollinfektionsexperiment verwendet. Nadelproben wurden 3, 8 und 21 Tage nach der Inokulation (dpi) von beiden Probengruppen (Mock-Kontrollen und inokulierte Pflanzen) genommen. Für die Normalisierung der Expression wurden zwei Kandidaten-Referenzgenen (RGs): ACT und ATUB ausgewählt. 21 mit der Verteidigung von *P. nigra* zusammenhängende Transkripte wurden für die RT-qPCR-Analyse für alle Zeitpunkte selektiert. Eine Hauptkomponentenanalyse (PCA) aller Transkripte zeigte eine deutliche unterschiedliche Expression bei den mit 21 dpi geimpften Pflanzen, so dass dieser Zeitpunkt für eine RNA-Sequenzierung am interessantesten war. Nach der RNA-Seq wurden Sequenzen zunächst an das Genom von *S. sapinea* angeglichen und die verbleibenden Sequenzen dann an die Transkriptome von *P. nigra* und *P. sylvestris* angeglichen. Für *P. sylvestris* wurde eine bessere Alignment-Rate (85 %) als für *P. nigra* (53 %) erzielt. In beiden Fällen wurde jedoch eine klare Trennung zwischen den Kontrollproben und den geimpften Proben aus Österreich und Korsika beobachtet, wie von der RT-qPCR erwartet. Im Durchschnitt wurden 3147 Gene (43 % überexprimiert, 57 % unterexprimiert) differenziell exprimiert, und die GO- und KEGG-Annotation unterstrich die Aktivierung von mit der Pflanzenabwehr zusammenhängenden Stoffwechselwegen (Interaktion zwischen Pflanze und Pathogen, Signaltransduktion von Pflanzenhormonen, MAPK-Signalweg) und des Sekundärstoffwechsels (Terpenoide und Phenole betreffende Stoffwechselwege).

Steigerung der Trockenstresstoleranz in Bäumen durch genetische Modifikationen

ALEXANDER FENDEL, MATTHIAS FLADUNG, TOBIAS BRÜGMANN

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

Der voranschreitende Einzug des Klimawandels in mitteleuropäische Klimate und die damit verbundenen Wetterextreme stellen einheimische Wälder vor große Herausforderungen. Die Wetterextreme umfassen dabei neben einer steigenden Jahresmitteltemperatur oder vermehrten Sturmereignissen besonders das Ausbleiben von Niederschlägen über einen längeren Zeitraum und begünstigen so das Auftreten von Trockenperioden. Der sich daraus für Bäume ergebende Trockenstress wirkt sich negativ auf deren Wachstum und die Überlebensfähigkeit aus und begünstigt z. B. das Auftreten von Kronenverlichtungen, wie es bereits in 80% der deutschen Rotbuchen (*Fagus sylvatica*) beobachtet werden kann. Um dieser Entwicklung entgegenzusteuern, ist es von besonderer Bedeutung die genetische Grundlage der Trockenstresstoleranz in Bäumen zu verstehen. Obwohl diese in Pflanzen ein komplexes Merkmal ist, an dem wahrscheinlich viele Gene mit einem kleinen Beitrag beteiligt sind, könnte jedoch auch die Veränderung der Ausprägung (Expression) einzelner Gene einen positiven Beitrag zu einer verbesserten Trockenstresstoleranz leisten. Die züchterische Bearbeitung dieser und auch weiterer Gene in Bäumen wird jedoch durch deren mehrere Jahre bis Jahrzehnte umfassende vegetative Phase bis zur Fruktifikation erschwert. Am Thünen-Institut für Forstgenetik in Großhansdorf werden deshalb durch Genomeditierungsmethoden wie CRISPR/Cas und weiterer genetischer Modifikationen gezielte genetische und regulatorische Veränderungen ausgewählter Kandidatengene durchgeführt, um ihren Beitrag an einer Trockenstresstoleranz zu untersuchen. Als Modellbäume dienen dazu *in vitro*-etablierte und biotechnologisch einfach zugängliche Pappelhybriden (*Populus × canescens*). Gewonnene genetische Erkenntnisse sollen anschließend auf durch Trockenstress gefährdete Arten wie die Rotbuche übertragen und so ein Beitrag zur Aufrechterhaltung einheimischer Wälder geleistet werden.

Reaktion ausgewählter Vogel-Kirschen-Klone aus *In-vitro*-Vermehrung auf Trockenheit

HEINO WOLF¹, CHRISTIAN LANGE², BENJAMIN OTT³

¹Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Referat Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna, Heino.Wolf@smekul.sachsen.de

²Forschungsinstitut für Bergbaufolgelandschaften e.V. (FIB e.V.), Brauhausweg 2, 03238 Finsterwalde

³Student der Forstwissenschaften, TU Dresden, 01737 Tharandt

Die Vogel-Kirsche (*Prunus avium* L.) besitzt auf Grund ihres schnellen Wachstums und ihres wertvollen Holzes bereits heute eine gewisse waldbauliche Bedeutung. Auf Grund ihrer Wärme- und Trockenheitstoleranz wird die Vogel-Kirsche im Zuge des Klimawandels mit großer Wahrscheinlichkeit in Zukunft eine wichtigere Rolle einnehmen. Die Erfahrungen mit der Klonierung und Vermehrung von Vogel-Kirschen über *In-vitro*-Verfahren waren bisher überwiegend positiv. Dies war Anlass für das Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, 18 Jahre nach einer ersten Serie im Jahr 2000 eine weitere Serie mit *in vitro* vermehrten Nachkommen von Plusbäumen aus Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen und Thüringen aufzulegen. Die erzeugten Klone befinden sich inzwischen in den drei genannten Bundesländern auf Versuchsflächen in der Prüfung.

Für einen sicheren Anbau unter sich schnell ändernden Klimabedingungen ist neben der Prüfung auf Versuchsflächen auch die Einschätzung der Widerstandsfähigkeit gegenüber Trockenheit von wesentlicher Bedeutung. Untersuchungen zur Reaktion von Nachkommenschaften und Klonen der Gattung *Prunus* auf Trockenheit haben bisher nur vereinzelt stattgefunden.

Ziel der Untersuchungen ist eine erste Einschätzung der Variation der Reaktionsfähigkeit auf Wasserentzug und Wiederbewässerung innerhalb der und zwischen den 19 zur Verfügung stehenden Vogel-Kirschen-Klonen aus *In-vitro*-Vermehrung. Die Untersuchungen wurden als Gewächshaus-Experiment mit getopften Pflanzen durchgeführt und umfassten morphologische, physiologische und quantitative Methoden. Die vorläufigen Ergebnisse weisen auf eine große Variation sowohl in der Reaktion auf Trockenheit als auch in der Erholungsfähigkeit der Klone nach Wiederbewässerung hin.

Alle für das Trockenstress-Experiment verwendeten Klone befinden sich unter anderem auf zwei Versuchsflächen in Sachsen. Dadurch können Vergleiche zwischen den Ergebnissen des Trockenstress-Experimentes und den Ergebnissen der Feldversuche in Hinsicht auf die Überlebensrate und das bisherige Wachstum angestellt werden.

Rot-Buche

Innerartliche Variation in Wachstum und Qualität der Rot-Buche in einem 25 Jahre alten Herkunftsversuch

KATHARINA LIEPE, MIRKO LIESEBACH

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

Die Rot-Buche (*Fagus sylvatica* L.) ist eine der wichtigsten Waldbaumarten in West- und Mitteleuropa und bedeckt etwa 12 Millionen ha Waldfläche. Die Fläche nimmt aufgrund von Veränderungen in der Waldbewirtschaftung derzeit zu. Die Buche ist nicht nur aus wirtschaftlichen, sondern auch aus ökologischen Gründen von Interesse. Als waldbaulich wertvolle Baumart mit vielen positiven Eigenschaften, kann sie zur Stabilisierung der Waldökosysteme beitragen.

Die Situation der politischen Entspannung in Europa wurde Anfang der 1990er Jahre genutzt, um 1995 eine vierte europaweite Versuchsserie der Buche zu etablieren, deren Herkünfte den größten Teil ihrer Verbreitung repräsentieren. Inzwischen haben die Pflanzen der Serie 1993/95 das Alter von 25 Jahren erreicht. An drei Standorten in Nord-, Nordwest- und Südostdeutschland, mit jeweils 100 Provenienzen, wovon 85 orthogonal vertreten sind, wurde das Überleben erfasst, die Stammform beurteilt sowie Baumhöhe und Durchmesser gemessen.

Die Ergebnisse des Vergleichs der Variation im Wachstum zwischen den Herkünften und zwischen den Versuchsstandorten werden vorgestellt. Dabei zeigt sich, dass es einerseits Herkünfte gibt, die an allen drei Teststandorten ein vergleichbares Wachstum zeigen („Generalisten“). Andererseits gibt es auch Herkünfte, die auf die jeweils herrschenden Standorteigenschaften ein unterschiedliches Wachstum zeigen („Spezialisten“).

Viele der getesteten Provenienzen stammen aus Teilen des natürlichen Verbreitungsgebiets der Buche, an denen kühlere und feuchtere Bedingungen vorherrschen als auf den die Versuchsstandorten. Daher kann diese Verlagerung von Herkünften (assisted migration) als Vorwegnahme des für die Region vorhergesagten Klimawandels angesehen werden.

Analyse der Umweltanpassung der Rotbuche basierend auf genomweiter genetischer Variation

MARKUS MÜLLER¹, CHRISTOPH LEUSCHNER², GRETA WEITHMANN², ROBERT WEIGEL², BAT-ENEREL BANZRAGCH², WILFRIED STEINER³, MARTIN HOFMANN³, DANIEL SCHMIDT³, OLIVER GAILING¹

¹Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Büsgenweg 2, 37077 Göttingen, forstgen@gwdg.de

²Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Pflanzenökologie und Ökosystemforschung, Untere Karspüle 2, 37073 Göttingen

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

Es zeigt sich, dass der Klimawandel aufgrund von zunehmender Trockenheit und Hitze einen negativen Einfluss auf die Vitalität von Buchenbeständen hat. Daher sind Kenntnisse über die genetische Basis von Umweltanpassung bei der Rotbuche von besonderer Bedeutung. Im Rahmen des vom Waldklimafonds geförderten Projekts GenVarBuche werden in enger Kooperation mit dem Projekt BEECHLIMITS Buchenbestände entlang eines Niederschlags- und Kontinentalitätsgradienten in Norddeutschland sowie weitere Buchenbestände aus südlicheren Regionen in Deutschland untersucht. Mittels „Genotyping by Sequencing“ wurden 13.493 hochqualitative SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) identifiziert und für Assoziationsanalysen mit Umwelt- und baumphysiologischen Parametern verwendet. Es wurden insgesamt 38 SNPs identifiziert, die übereinstimmend mit unterschiedlichen Methoden signifikante Assoziationen mit Umwelt- oder baumphysiologischen Merkmalen aufwiesen. Es zeigte sich, dass viele dieser SNPs in intergenischen Regionen, allerdings nahe an Genen lokalisiert waren. Dies deutet auf eine Rolle dieser SNPs bei der Genregulation hin. Diese sowie weitere potenziell adaptive und neutrale SNPs werden verwendet, um 2000 Individuen aus einer Versuchsserie zu genotypisieren. Dazu wurden Bäume von 13 Herkünften an jeweils zwei unterschiedlichen (Versuchs-)Standorten beprobt. In den Herkunftsversuchen werden die Merkmale Höhenwuchsleistung, Brusthöhendurchmesser, Austrieb, Herbstfärbung, spezifische Blattfläche und die Stomatadichte aufgenommen und für SNP-Phänotyp-Assoziationsanalysen verwendet. Die Analyse der Herkunftsversuche erlaubt, neben der Validierung signifikanter SNPs, die Unterscheidung von genetischen und Umwelteffekten auf die Merkmalsausprägung bei der Rotbuche.

Produktion von höherwertigem Saatgut in Buchenbeständen mit Hilfe von Genomanalysen

BERND DEGEN, NIELS MÜLLER

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf, bernd.degen@thuenen.de

Die Buche ist die wichtigste heimische Laubbaumart und auch zukünftig ein wichtiges Element in klimastabilen Wäldern. Für den Waldumbau wird in großen Mengen Buchensaatgut benötigt. Das meiste Saatgut wird hierfür in zugelassenen Saatgutbeständen gewonnen. Samenplantagen und Forstpflanzenzüchtung sind bei der Buche wegen der jahrzehntelangen Zeiträume bis zur Produktion von Saatgut von geringer Bedeutung.

Wir stellen erste Ergebnisse des „1000-Buchen-Genom-Projekts“ vor. Auf einer Fläche des internationalen Buchenherkunftsversuchs in der Nähe von Kiel sammelten wir 1000 Buchen aus Herkünften des gesamten europäischen Verbreitungsgebiets ein und ließen ihre Genome vollständig sequenzieren. Die daraus resultierenden Millionen von natürlichen DNA-Sequenzvarianten (SNPs) möchten wir mit phänotypischen Daten (Austrieb, Durchmesser ...) zusammenführen, um genomweite Assoziationsstudien (GWAS) durchzuführen. Das Ziel ist es, die SNPs, die für die genetische Variation der Merkmalsausprägung verantwortlich sind (genetische Architektur), zu identifizieren. Ergebnisse hierzu nutzten wir in Simulationsstudien, um den positiven Effekt einer genmarkergestützten Auswahl von Mutterbäumen während der Saatguternte auf die Merkmalsausprägung in der Folgegeneration (genetischer Gewinn) abzuschätzen. Abschließend stellen wir verschiedene weiterer praktische Anwendungsbereiche für ein genetisches Screening an merkmalsrelevanten SNPs vor.

Projektvorstellung: Produktion in-vitro vermehrter Klone als Werkzeuge für Züchtungsprogramme und Resistenzforschung mit Buchen (*Fagus sylvatica* L.)

FRANKA THIESEN, BEN BUBNER

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

Das Projekt ist ein Teilprojekt des Verbundprojektes BucheTIG (Trockenstress, In-vitro-Kultur und Genomik). Die Rotbuche zählt zu den rekalcitranten Baumarten in der In-vitro-Kultur und Protokolle zur routinemäßigen Mikrostecklingsvermehrung über In-vitro-Kultur sind bisher nicht bekannt. Mikrostecklingsvermehrung bietet die Chance einer dauerhaften Produktion von Klonen für zukünftige Züchtungsforschung zur Trockenheitsresistenz, Resistenz gegenüber Schadorganismen, als Positivkontrollen in Resistenzzüchtungsprogrammen oder als Norm-Unterlagen für Pflanzungen.

In der Vergangenheit wurden Buchen-In-vitro-Kulturen vor allem über vegetatives Material von wenigen ausgewählten Genotypen etabliert. Es ist möglich, dass die beobachtete Rekalcitranz darauf beruhte, dass diese Genotypen nicht für die In-vitro-Kultur geeignet waren. Da grundsätzlich Sämlinge besser als Ausgangsmaterial für In-Vitro-Kultur geeignet sind, soll eine große Anzahl von Sämlingen auf ihre Eignung getestet werden. Als Samenherkünfte werden unter anderem Versuchsflächen aus dem Teilprojekt BucheTrockenstress verwendet. Besonderes Augenmerk beim Eignungs-Screening soll auf die Sprossstreckung gelegt werden. Damit soll sichergestellt werden, dass die In-vitro-Kulturen für eine massenhafte Vermehrung geeignet sind.

Die methodischen Ansätze liegen in der Optimierung von Nährmedien zur Induktion von Organogenese der Explantate, zum Sprosswachstum, Sprossmultiplikation und Bewurzelung. Außerdem werden zur Optimierung der Kulturbedingungen alternative Lichtquellen (LED) getestet, sowie die Temperatur und Kulturintervalle angepasst. Zur Sicherung vermehrbare Klone soll auch die Kryokonservierung mit anschließender Revitalisierung getestet werden

Züchtung

Hybridisierung und genetische Introgression: Bedeutung für Waldbau, Forstpflanzenzüchtung und Naturschutz

AKI M. HÖLTKEN, STEFFEN FEHRENZ

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), Abteilung Waldgenressourcen, Prof.-Oelkers-Str. 6, 34346 Hann. Münden; aki.hoeltken@nw-fva.de

Hybridisierung wird im Allgemeinen definiert als die erfolgreiche Paarung zwischen Individuen genetisch verschiedener Sippen (Arten, Sorten, Rassen oder auch Populationen). Der Begriff „Hybrid“ findet aber nicht nur auf die Nachkommen einer ursprünglichen Kreuzung zwischen elterlichen Linien (F1-Nachkommen) Anwendung, sondern auch auf nachfolgende Kreuzungen innerhalb von Populationen (z.B. Rückkreuzungen, F2-Nachkommen). Letzteres ist eine wichtige Voraussetzung für genetische Introgression, d.h. die dauerhafte Aufnahme von Genen einer differenzierten Population in eine andere. Die auf diese Weise gebildeten neuen genetischen Rekombinationen können treibende evolutive Kräfte darstellen, aber auch zur Gefährdung der Artintegrität und damit zum Verlust der Anpassungseigenschaften an bestimmte ökologische Nischen führen.

In diesem Beitrag werden deshalb folgende Themenschwerpunkte vorgestellt:

- Bedeutung natürlicher Introgressionszonen für die Untersuchung der Anpassungsfähigkeit heimischer Baumarten und deren Hybriden an sich ändernde Klimabedingungen,
- Auswirkungen anthropogen geschaffener (künstlicher) Introgressionszonen durch die Einführung gebietsfremder Baumarten bzw. Herkünfte,
- gezielte Erzeugung von Hybriden zur Nutzung positiver Eigenschaften der Ausgangsarten sowie von Heterosiseffekten.

Ferner wird an den verschiedenen Beispielen gezeigt, wie DNA-basierte Methoden zur Erfassung von Hybridisierungsvorgängen bei Forstpflanzen im Rahmen von Züchtungsprogrammen, bei der Produktion von forstlichem Vermehrungsgut aber auch bei ökologisch-genetischen Untersuchungen entwickelt und im Rahmen von Routineuntersuchungen (genetisches Qualitätsmanagement) eingesetzt werden können.

40 Jahre Nachkommenschaftsprüfungen bei Wald-Kiefer

VOLKER SCHNECK

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

Nachkommenschaftsprüfungen sind ein zentrales Element der Forstpflanzenzüchtung. Sie werden genutzt, um die genetische Veranlagung von ausgewählten Elternbäumen (Plusbäumen) zu bestimmen. Dabei können sie als Leistungsprüfungen der Nachkommen oder zur Analyse quantitativ genetischer Parameter (Heritabilität, Kombinationseignung, Zuchtwert) genutzt werden. Die Erzeugung des Versuchsmaterials kann dabei durch gelenkte Kreuzungen oder freie Abblüte der entsprechenden Ausleseebäume erfolgen. Gelenkte Kreuzungen lassen sich vor allem bei windbestäubenden, getrennt geschlechtlichen Arten (z.B. Koniferen) durchführen.

Wegen ihrer wirtschaftlichen Bedeutung und der leichten Durchführbarkeit von gelenkten Kreuzungen befindet sich die Wald-Kiefer besonders im Focus züchterischer Aktivitäten. Durch das Thünen-Institut für Forstgenetik und seine Vorgängerinstitutionen wurden mit dieser Baumart seit Ende der 1970er Jahre viele Nachkommenschaftsprüfungen angelegt. Diese werden überwiegend auch heute noch unterhalten und regelmäßig ausgewertet. Die Mehrzahl dieser Prüfungen sind Versuche mit Nachkommenschaften aus gelenkten Kreuzungen. So wurden seit den 1970'er Jahren sechs Kreuzungsserien realisiert. Aus den daraus resultierenden Nachkommenschaftsprüfungen existieren heute noch 13. Insgesamt werden auf diesen Flächen 340 Vollgeschwister-Familien (aus gelenkten Kreuzungen) geprüft. In der jüngeren Vergangenheit wurden im Rahmen der Projekte „FitForClim“ und „AdaptForClim“ sechs Nachkommenschaftsprüfungen mit 140 Halbgeschwister-Familien zur Ermittlung des Zuchtwerts der selektierten Plusbäume angelegt.

In 20-jährigen Nachkommenschaftsprüfungen mit Vollgeschwister-Familien konnten Nachkommenschaften mit überdurchschnittlicher Wuchs- und Qualitätsleistung identifiziert werden. So übertrafen die besten Nachkommenschaften die Absaat einer Samenplantage um 20-40-% im Einzelstammvolumen. Da die Kreuzungspläne dieser Nachkommenschaftsprüfungen als sehr unvollständige Diallele ausgeführt wurden, ist eine sichere Bestimmung der allgemeinen Kombinationseignung der Elternbäume kaum möglich. Deshalb ist die praktische Nutzung der Ergebnisse vor allem über die Reproduktion der Familien mit den besten Leistungen (gute spezielle Kombinationseignung möglich. Dafür können mit Pfropflingen der jeweiligen Elternbäume Zweiklon-Samenplantagen aufgebaut werden. Um die Diversität bei der Verwendung von so produzierten Vermehrungsgut zu erhöhen, ist eine Mischung von Saat- bzw. Pflanzgut aus mehreren solcher Samenplantagen denkbar.

Da die Ergebnisse der hier vorgestellten langjährigen Forschungsergebnisse bisher kaum Eingang in die Praxis gefunden haben, werden mögliche Ursachen diskutiert und Lösungsvorschläge unterbreitet.

Vermehrung und genetische Charakterisierung von Werthölzern

ANNE-MAREEN E. EISOLD¹, CORNELIA BÄUCKER¹, HEIKE LIESEBACH², VOLKER SCHNECK¹

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

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

Geriegelte Stämme von Berg-Ahorn (*Acer pseudoplatanus*), aber auch Stämme mit optisch besonders auffälligem Holz, wie beispielsweise solches mit Vogelaugen oder auch Maserungen, werden auf mitteleuropäischen Submissionen zu Höchstpreisen verkauft. Vor diesem Hintergrund tragen Methoden zur Identifizierung, Erhaltung und Vermehrung von Bäumen mit wertsteigernden Holzmerkmalen substantiell zur Erhöhung des Wertschöpfungspotentials in der Forstwirtschaft bei, sodass Forschungen zum Thema Wertholz seit einigen Jahren gefördert werden. Ziel dabei ist es, Exemplare geriegelter Berg-Ahorne und anderer Baumarten durch Pfropfung in einer Klonsammlung zu sichern, in der In-vitro-Kultur zu etablieren und mittels SSR-Analyse genetisch zu charakterisieren. Von ausgewählten Spenderbäumen werden deshalb Knospen von Kronenreisern, Stockausschlägen oder auch Wurzelschösslingen für die Etablierung von Gewebekulturen verwendet. Eine bereits vorhandene Sammlung geriegelter Berg-Ahornklone wird ausgebaut und erweitert. So wird langfristig ein Archiv des genetischen Materials aufgebaut, mit dem die Entwicklung von Mikrovermehrungsprotokollen optimiert und klonale Jungpflanzen produziert werden können. Unter Verwendung eines gut etablierten Sets von Mikrosatelliten-Markern wurde bereits eine Anzahl geriegelter Berg-Ahorne genotypisiert und in einer Datenbank erfasst. Diese Methode wird derzeit für weitere Baumarten (*Alnus glutinosa*, *Salix caprea*, *Acer campestre*) angepasst, um später die sichere Kontrolle der Identität von vegetativ vermehrtem Pflanzenmaterial zu ermöglichen.

Trauben-Eichensaatgut für den Wald von morgen – OakZones eine Projektvorstellung

KATHARINA VOLMER, MOIRA MÜHLBAUER, MARTIN HOFMANN

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Prof.-Oelkers-Str. 6, 34346 Hann. Münden,
katharina.volmer@nw-fva.de

Im Jahr 2021 wurde an der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt (NW-FVA) das Projekt OakZones (Dynamische Verwendungszonen für den Anbau von Trauben-Eichen) gestartet. Ziel des Projektes ist die Erforschung des natürlich vorhandenen adaptiven Potenzials der Baumart Trauben-Eiche.

Die Baumartengruppe der Eichen ist für Aufforstungen von Freiflächen, wie sie durch die Kalamitäten der letzten Jahre entstanden sind, von besonderer Bedeutung. Insbesondere die heimische Trauben-Eiche als wärmeliebende und trockenheitstolerante Art wird für die Begründung klimastabiler Bestände zunehmend nachgefragt.

Ziel des durch den Waldklimafond geförderten Projektes ist es, das adaptive Potenzial der Baumart Trauben-Eiche genauer zu ergründen. Dieses Wissen könnte zu einem späteren Zeitpunkt die klassischen, häufig regionalen Herkunftsempfehlungen um einen flexiblen, klima-dynamischen Ansatz ergänzen. Saatguttransfers zwischen verschiedenen Regionen (Herkunftsgebieten) könnten auf Grundlage dieser Forschungen zukünftig deutlich vereinfacht werden.

Das Projekt basiert auf einer Kombination aus 14 geplanten Versuchsfeldern bestehend aus 140 unterschiedlichen Herkünften und einem Trockenstressexperiment im Gewächshaus. Hierzu wurden 140 Bestände entlang eines Standortwasserbilanzgradienten (SWB) ausgewählt, um eine möglichst breite Spreitung an Standorten (schwach bis gut wasserversorgt) und Regionen zu erreichen. Ergänzt werden die Ergebnisse der Feldversuche durch kontrollierte Trockenstressexperimente im Gewächshaus. Eine regelmäßige Rohdatenerhebung der Versuche sowie die Zusammenführung von Wuchs-, Boden- und Klimadaten dienen als Grundlage für die spätere Berechnung klima-dynamischer Verwendungszonen.

Ergebnisse der Hybridlärchen-Züchtung der letzten 10 Jahren – von der Petrischale in das Sägewerk

HEINO WOLF

Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Referat
Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna, Heino.Wolf@smekul.sachsen.de

Aufbauend auf den Ergebnissen der Hybridlärchen-Züchtung seit 1951 führte der Staatsbetrieb Sachsenforst in den letzten 10 Jahren die Forschungsvorhaben DendroMax I bis III und WoodForIndustry durch. Das erste Vorhaben befasste sich in Zusammenarbeit mit der Humboldt-Universität zu Berlin und in der letzten Projektphase zusätzlich mit den Baumschulen Oberdorla GmbH mit der Erzeugung von Hybridlärchen-Klonen durch somatische Embryogenese. Im zweiten Verbundvorhaben standen in Zusammenarbeit mit dem Institut für Holzforschung Dresden gGmbH sowie mit den Instituten für Forstnutzung und Forsttechnik, für Pflanzen- und Holzchemie und für Forstbotanik und Forstzoologie der TU Dresden die physikalischen, chemischen und biologischen Holzeigenschaften von Hybridlärchen im Vergleich zur Europäischen Lärche im Mittelpunkt des Interesses.

In dem Vorhaben DendroMax konnte ein praxistaugliches Verfahren zur *In-vitro*-Vermehrung, Akklimatisierung und Jungpflanzenanzucht von Hybridlärchen-Klonen entwickelt werden. Die erzeugten Hybridlärchen-Klone wurden mit Untersuchungen zu quantitativen, qualitativen und physiologischen Merkmalen phänotypisiert. Parallel dazu erfolgte die Anlage von Demonstrations- und Versuchsflächen. Die bisherigen Ergebnisse der Untersuchungen wiesen auf eine große Variation der Hybridlärchen-Klone sowohl zwischen als auch innerhalb der verschiedenen Kreuzungsnachkommenschaften hin.

Im Vorhaben WoodForIndustry wurden Hybridlärchen verschiedener Kreuzungskombinationen in einem Alter zwischen 19 und 39 Jahren von unterschiedlichen Standorten im Vergleich zu Europäischen Lärchen gleichen Alters mit einer breiten Palette von Methoden untersucht. Neben Aussagen zu relevanten Holzeigenschaften der untersuchten Bäume konnten auf Grundlage der Ergebnisse Ansätze zu einer stärker verwendungsorientierten Züchtung erarbeitet werden.

Die erzielten Ergebnisse beider Vorhaben unterstreichen das Potential von Hybridlärchen-Kombinationen für eine erfolgreiche Verwendung zur Begründung von Vorwald und als Beimischung auf Zeit auch in klimatisch herausfordernden Zeiten.

Differenzierung

Genetische Identifizierung von ortsfremden Fichten- und Buchenbeständen

CÉLINE BLANC-JOLIVET, BERND DEGEN

Thünen Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf, celine.blanc-jolivet@thuenen.de

Wälder haben sich im Laufe der Zeit durch genetische Selektion an ihren jeweiligen Standort mit seinen abiotischen und biotischen Umweltbedingungen angepasst. Ein Teil der heutigen Bestände ist aus Aufforstungen mit nicht-gebietsheimischem Saat- und Pflanzgut hervorgegangen. Je nach geographischem Ursprung des verwendeten Pflanzguts können solche Bestände entweder gut oder schlecht an die Umweltbedingungen des heutigen Standorts angepasst sein. Gewissheit über den geographischen Ursprung ist besonders für zugelassene Saatgutbestände wichtig, da sie das Ausgangsmaterial für zukünftige Anpflanzungen liefern.

Im Projekt „Herkunft- Europa“ des Waldklimafonds suchten wir nach Beständen, die aus ortsfremdem Material hervorgegangen sind. Wir entwickelten für die Fichte und Buche mehrere hundert neue Genmarker (SNPs = Einzelbasenpolymorphismen) und führten damit je Baumart an ca. 2000 europaweit gesammelten, georeferenzierten Proben genetische Inventuren durch. In Deutschland stammte der größte Teil des Materials aus zugelassenen Saatgutbeständen, die von den forstlichen Versuchsanstalten der Bundesländer ausgewählt wurden. Bei der Buche konnten wir ein genetisches West-Ost Muster innerhalb Europas erkennen, wobei wir eher wenig räumliche genetische Struktur in Deutschland beobachteten. Bei der Fichte identifizierten wir zwei sehr unterschiedliche genetische Gruppen mit einer klaren Grenze im Osten Europas. Innerhalb Deutschlands zeigte sich jedoch insgesamt eine starke genetische Durchmischung. Für beide Baumarten klassifizierten wir anhand verschiedener genetischer Indikatoren 20-25% der Bestände als ortsfremd.

Genetische Identifizierung von ortsfremden Stiel- und Traubeneichen

BERND DEGEN, CÉLINE BLANC-JOLIVET, HILKE SCHRÖDER, MALTE MADER

¹Thuenen Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf, bernd.degen@thuenen.de

Wälder haben sich im Laufe der Zeit durch genetische Selektion an ihren jeweiligen Standort mit seinen abiotischen und biotischen Umweltbedingungen angepasst. Ein Teil der heutigen Bestände ist aus Aufforstungen mit nicht-gebietsheimischem Saat- und Pflanzgut hervorgegangen. Je nach geographischem Ursprung des verwendeten Pflanzguts können solche Bestände entweder gut oder schlecht an die Umweltbedingungen des heutigen Standorts angepasst sein. Gewissheit über den geographischen Ursprung ist besonders für zugelassene Saatgutbestände wichtig, da sie das Ausgangsmaterial für zukünftige Anpflanzungen liefern. Bei Stiel- und Traubeneichen ist wegen ihrer unterschiedlichen Standortansprüche zudem eine zuverlässige Artzuordnung wichtig.

Im Projekt „Herkunft- Europa“ des Waldklimafonds suchten wir nach Beständen, die aus ortsfremdem Material hervorgegangen sind und überprüften die Artzuordnung. Wir entwickelten für die Stiel- und Traubeneichen 450 neue Genmarker (SNPs = Einzelbasenpolymorphismen) und führten damit an 3595 bzw. 2287 europaweit gesammelten, georeferenzierten Proben von Stiel- und Traubeneiche genetische Inventuren durch. In Deutschland stammte der größte Teil des Materials aus zugelassenen Saatgutbeständen, die von den forstlichen Versuchsanstalten der Bundesländer ausgewählt wurden. Wir fanden für die Eichenarten ein ausgeprägtes räumliches genetisches Muster über mehrere hundert Kilometer. Mit zunehmendem geographischem Abstand zwischen den Bäumen nahm ihr genetischer Unterschied zu. Für beide Eichenarten hatten ca. 25% der Bestände eine genetische Zusammensetzung, die sich von der genetischen Struktur der umgebenden Vergleichsbestände unterschied. Teilweise konnten diese Bestände genetisch anderen Regionen in Europa zugeordnet werden. Bei den Stieleichen gab es in 8% und bei den Traubeneichen in 15% der Fälle eine abweichende Artzuordnung aus den genetischen Daten im Vergleich zur morphologischen Artzuordnung bzw. zu den vorhandenen forstlichen Aufzeichnungen. Der Anteil von Hybriden zwischen Stiel- und Traubeneichen war aufgrund der genetischen Daten sehr gering (<2%). In 23 % der Bestände konnten wir beide Eichenarten genetisch nachweisen.

Reliktstandorte als Saatgutquellen für klimaresistente Eichenwälder der Zukunft

CHARALAMBOS NEOPHYTOU^{1,2}, DEVRIM SEMIZER-CUMING¹, BARBARA FUSSI³, HANS-GERHARD MICHIELS¹

¹Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt (FVA) Baden-Württemberg, Wonnhaldestrasse 4, 79100 Freiburg, Charalambos.Neophytou@forst.bwl.de

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

³Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG), Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf

Der Klimawandel verstärkt die Notwendigkeit vielfältiger forstlicher Genressourcen, ihre Erhaltung und zielgerichtete Bewirtschaftung. Ein Ausdruck davon ist die Suche nach Beständen aus trockenangepassten Genotypen. Mitteleuropäische Eichen auf extrem trockenen Fels- und Blockhängen sind wahrscheinlich autochthon und über viele Generationen an Trockenheit angepasst. Sie bergen somit wertvolles genetisches Material zur Abschwächung der Folgen des Klimawandels. Im Rahmen des Projekts SQUAREL (Anpassung der Eichen auf Reliktstandorten) wurde das adaptive genetische Potenzial von Eichenbeständen auf 52 trockenen und 11 frischen Standorten in Süddeutschland und im Elsass mit populationsgenetischen und genomischen Methoden untersucht. Der Frage der refugialen Herkunft und Autochthonie wurde mithilfe von Kern- und Chloroplastenmarkern nachgegangen. Dabei wurden Vergleiche mit intensiv bewirtschafteten Eichenbeständen gezogen. Die vermuteten Reliktstandorte waren sehr homogen bezüglich ihrer Chloroplasten-Haplotypen, was im Einklang mit der Hypothese der Autochthonie ist. Auf Signaturen lokaler Anpassung wurde auf der Grundlage gezielter Poolsequenzierung unter Verwendung von Ausreißer- und Genotyp-Umwelt-Assoziationsmethoden hin geprüft. Zusätzlich zu der genetischen und genomischen Untersuchung unterstützen Befunde einer Paralleluntersuchung der Flora und Fauna (Epiphytische Moose, Flechten, xylobionte Käfer) den Reliktcharakter der Untersuchungsbestände. Aktuell wird eine Nachkommenschaftsprüfung eingeleitet, die langfristig die Untersuchung von Wachstumsmerkmalen solcher Reliktpopulationen der Eichen ermöglichen wird. Es wird erwartet, dass die Projektergebnisse das Erhaltungsmanagement der genetischen Ressourcen der Eiche verbessern und dazu beitragen werden, den Waldumbau hin zu auch zukünftig klimaanpassungsfähigen Wäldern zu fördern.

Hybridisierung und anpassungsrelevante Differenzierung von *Fagus sylvatica* und *Fagus orientalis*

KATHARINA B. BUDDÉ, MARKUS MÜLLER, SOPHIE HÖTZEL, OLIVER GAILING

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

Im Zuge des Klimawandels verändern sich weltweit die Umweltbedingungen, und die Folgen sind in vielen Baumbeständen sichtbar. Wir sehen z.B. bereits eine erhöhte Sterblichkeit durch länger andauernde oder extremere Sommertrockenheit bei Baumarten in Mitteleuropa. Dies zeigt, dass derzeit weniger an die neuen Bedingungen angepasste Individuen ausselektiert werden. Typischerweise weisen Baumbestände eine hohe genetische Variation auf, auf der die Selektion wirken kann. Ob Baumpopulationen jedoch in der Lage sind, sich an die schnellen Veränderungen der Umweltbedingungen durch Genfluss und Verschiebung von Allelfrequenzen anzupassen, ist noch umstritten. Außerdem erzeugen die langen Generationszeiten von Baumarten, in denen die Evolution auf Zeitskalen abläuft, die für den Menschen nicht fassbar sind, Unsicherheit über die Zukunft unserer Waldökosysteme.

In der Forstwirtschaft, insbesondere für die Verwendung von Anpflanzungsmaterial werden alternative Baumarten diskutiert, die in anderen Regionen mit ähnlichen Umweltbedingungen, wie sie zukünftig unter dem Klimawandel in der Zielregion zu erwarten sind, natürlich vorkommen. Die Einführung von Arten zu forstwirtschaftlichen Zwecken hat eine lange Tradition und ist mit Chancen, aber auch Risiken verbunden. Oberförster Erdmann hat bereits vor über 100 Jahren Orientbuchen (*Fagus orientalis* Lipsky) ins heutige Forstrevier Memsen in Niedersachsen eingebracht. Heutzutage sind diese Orientbuchen ebenso groß und vital, wie die direkt benachbarten Rotbuchen (*Fagus sylvatica* L.). Wir haben die Hybridisierung dieser beiden Taxa an zwei Standorten in Memsen anhand von Kernmarkern und einem Chloroplastenmarker untersucht und konnten Genfluss in beide Richtungen feststellen. Morphologische Untersuchungen zeigten eine intermediäre Blattmorphologie für Hybride. Die mögliche Herkunft der in Memsen angepflanzten Orientbuchen wurde mit einem großen Referenzdatensatz abgeglichen.

Zusätzlich wurden Proben aus ausgewählten Beständen beider Arten an genomweiten Einzelnukleotid-Polymorphismen untersucht, um Kandidatenmarker für die Artdifferenzierung, aber auch für die Anpassung an unterschiedliche Umweltbedingungen zu identifizieren.

Local adaptation of European tree species – a qualitative review

SAMUEL ASPALTER

Bundesforschungszentrum für Wald - BFW, Seckendorff-Gudent-Weg 8, 1130 Wien, Österreich,
samuel.aspalter@bfw.gv.at

Climate Change will have long lasting effects on European forests potentially showing increased drought and extreme weather events. Consequently, European tree species will have to adapt, migrate, or go extinct. However, migration and adaptation are assumed to be too slow for trees to react to the predicted rate of climate change. Therefore, assisted migration is suggested to enable adaptation and keep productivity at an adequate level. The question arises which provenances show the best responses towards the predicted climates - i.e., which show locally adapted traits.

Accordingly, an extensive number of papers on local adaptation in trees has been published examining a vast array of species, traits, and predictors by an equally diverse set of methods. With this review – which is currently conducted - I try to qualitatively summarize the current knowledge on local adaptation in European trees. By doing so, under-examined aspects will be highlighted as well as already established theories confirmed. By drawing connections between different aspects (e.g. life history groups, traits, predictors or methods) it might even help finding patterns which will lead to new concepts and theories.

The method for conducting this review is oriented on the PRISMA Eco-Evo criteria for systematic reviews. The baseline are the species mentioned in the EUFORGEN database for which papers in relation to local adaptation and similar concepts like intraspecific variation were extracted from “Scopus” and “the Web of Knowledge”. After an eligibility screening, the remaining papers were revisited and information on their focal points and results were extracted. However, the number of papers per species is highly heterogeneous. Therefore, unequal sampling will be conducted by additionally extracting papers from google scholar and grey literature of minor species to be able to also draw connections between these. After having extracted all the necessary information from the papers, a qualitative analysis and discussion will be followed.

Alternative Baumarten

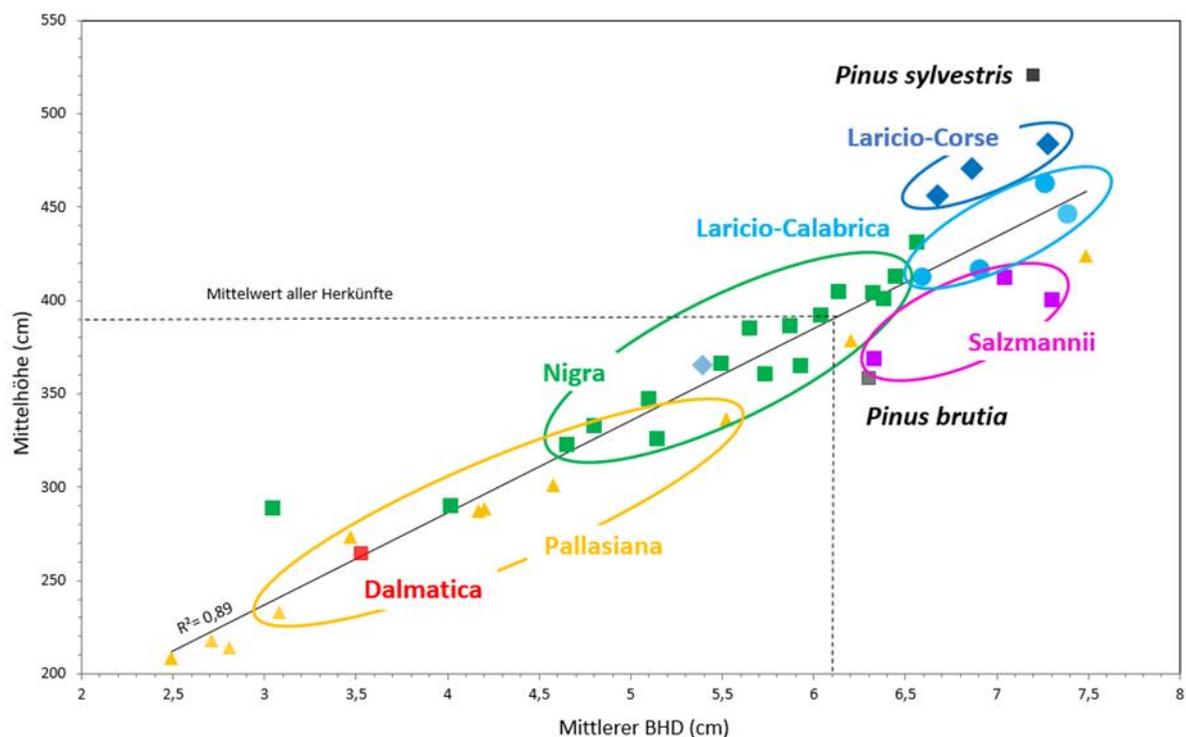
Schwarzkiefer – Alternativbaumart im Klimawandel: Entwicklung des süddeutschen Herkunftsversuchs nach 12 Jahren

RANDOLF SCHIRMER, MARTIN TUBES, GERHARD HUBER

Bayer. Amt für Waldgenetik, Forstamtsplatz 1 83317 Teisendorf; Randolf.Schirmer@awg.bayern.de

Schwarzkiefern weisen eine erhöhte Hitze- und Trockenheitstoleranz auf und kommen deshalb vor allem in südeuropäischen Klimazonen vor. Vor dem Hintergrund der steigenden Bedeutung dieser Kiefernart im Klimawandel hat das Bayerische Amt für Waldgenetik 2009 einen Provenienzversuch auf sechs Versuchsflächen mit Herkünften aus dem gesamten Verbreitungsgebiet der Art angelegt.

Unterschiede in der Jugendentwicklung auf den Versuchsflächen machen deutlich, dass sich vorwiegend korsische, aber auch süditalienische Herkünfte der Varietät *Laricio* besser eignen als die bislang vorwiegend angebaute Varietät *Nigra*. Herkünfte dieser Unterart zeigten sehr hohe Leistungsunterschiede. Es sollte nur noch Vermehrungsgut aus genetisch überprüften Beständen mit hoher Vitalität verwendet werden. Nachkommenschaften aus Plantagen erwiesen sich aufgrund der züchterischen Selektion als besonders leistungsfähig.



Wuchsleistung und genetische Variation unterschiedlicher Küstentannenherkünfte

ANDRÉ HARDTKE¹, OLIVER CARÉ², SOFIA RUBIN¹, WILFRIED STEINER¹, LUDGER LEINEMANN², OLIVER GAILING²

¹Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen, Prof.-Oelkers-Str. 6, 34346 Hann. Münden, Andre.Hardtke@nw-fva.de

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

Die Küstentanne (*Abies grandis* (Doug. Ex D. Don) Lindl.) ist eine der wichtigsten Alternativbaumarten für Deutschland, mit einem großen Potential zur nachhaltigen Sicherung aller Waldfunktionen. Untersuchungen zeigen, dass die Küstentanne in Deutschland natürlich vorkommende Ökosysteme kaum gefährdet und nicht invasiv ist. Sie ist nicht überdurchschnittlich biotischen und abiotischen Gefahren ausgesetzt, kann natürlich verjüngt werden und ist bodenpfleglich. Vor dem Hintergrund der prognostizierten Klimaänderungen ist sie eine interessante Mischbaumart und kann die großflächig ausgefallene Fichte in Teilen ersetzen.

Der verstärkte Anbau dieser Baumart setzt Kenntnisse über das adaptive Potential und die genetischen Strukturen der ausländischen und heimischen Saatgutquellen voraus. Während waldwachstumskundliche Kenntnisse über die Eignung einzelner Ursprungsregionen für die Verwendung in Deutschland existieren, fehlen Informationen über die geografisch genetische Variation sowohl im Ursprungsgebiet als auch in Deutschland nahezu gänzlich. Das 2021 gestartete Projekt (HerKueTaSaat) widmet sich nun der Entwicklung und Etablierung von molekularen Markern zur Erfassung von räumlich genetischen Strukturen und der Assoziation zwischen molekulargenetischer Variation und Vitalität und Wuchsleistung von Provenienzen und Herkünften.

Mit der IUFRO-Versuchsserie aus den Jahren 1978 und 1979 mit 65 Originalherkünften aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet der USA und Kanada steht eine geeignete Versuchsserie zur Verfügung. Erstmals können Wuchsdaten der Küstentannenherkünfte mit genetischen Daten verschnitten werden. Erste Ergebnisse des Projektes sollen vorgestellt werden.

Sämlingssamenplantagen als Beitrag zur Erhaltung des Wild-Apfels (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) im Osterzgebirge

JAKOB QUEGWER¹, UTE TRÖBER¹, ANKE PROFT², STEFANIE REIM³, MONIKA HÖFER³

¹Staatsbetrieb Sachsenforst, Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna OT Graupa, jakob.quegwer@smekul.sachsen.de

²Grüne Liga Osterzgebirge e. V., Große Wassergasse 9, 01744 Dippoldiswalde

³Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an Obst, Pillnitzer Platz 3a, 01326 Dresden

Im Rahmen des von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung geförderten Modell- und Demonstrationsvorhabens „Erhaltung von *Malus sylvestris* unter *in-situ*-Bedingungen im Osterzgebirge“ wurden potentielle Wild-Apfel-Individuen im Osterzgebirge kartiert, morphologisch und genetisch charakterisiert und bezüglich der Einkreuzung von *M. x domestica*, verschiedener Resistenzmerkmale sowie des Vitamin C-Gehaltes beurteilt. Im Ergebnis des Projektes sind 2010 zwei Generhaltungsflächen im Forstbezirk Bärenfels entstanden, die gleichzeitig auch als Samenplantagen zur Erzeugung von Generhaltungs-Saatgut genutzt werden sollen.

Die Plantagen wurden mit Sämlingen angelegt. Diese stammen zum Teil aus gelenkten Kreuzungen und zum Teil aus freier Abblüte von Eltern, die morphologisch als weitestgehend artreine Wildäpfel bestimmt worden waren. Da es sich dabei um eine Näherung handelt und außerdem bei freiabgeblühten Nachkommen das Risiko einer Introgression von *M. x domestica* durch den Pollen besteht, wurde die Plantage von vornherein mit der Perspektive einer späteren Reduktion angelegt: Aus Kleinparzellen von je 4 Pflanzen einer Nachkommenschaft sollte nach Pflegemaßnahmen jeweils eine genetisch und morphologisch geprüfte Wild-Apfel-Pflanze in den Plantagen-Bestand übernommen werden.

Im Rahmen der Präsentation wird über die dazu notwendigen molekulargenetischen Analysen und das nachfolgende Auswahlverfahren berichtet.

Das Potential des Spitz-Ahorns besser nutzen: Einblicke in die Pflanzenanzucht für die Anlage von Feldversuchen

CORNELIA BÄUCKER¹, HEIKE LIESEBACH², MIRKO LIESEBACH²

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

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

Deutschlandweit hat der Spitz-Ahorn bis dato wenig Beachtung in der Forstwirtschaft gefunden, was sich u. a. im Fehlen von Herkunftsversuchen mit dieser Baumart widerspiegelt. Vor dem Hintergrund der Auswirkungen des Klimawandels ist die Art jedoch mehr in den Fokus des forstlichen Interesses gerückt, da der Spitz-Ahorn das Potential hat, manche ausfallende Baumart ersetzen zu können und generell als Mischbaumart zur Diversifizierung des Artenspektrums beiträgt.

Um die Anpassungsfähigkeit, Anbaueignung und Wuchsleistung des Spitz-Ahorns grundsätzlich besser beurteilen zu können, wird seit Januar 2020 das Projekt „SpitzAhorn“ gefördert. Vordringliches Projektziel ist dabei die Errichtung einer Serie von Feldversuchen mit Spitz-Ahornsaatgut aus verschiedenen Herkünften. Obwohl die Saatgutbeschaffung in den Jahren 2020 und 2021 aufgrund schlechter Fruktifikation äußerst schwierig war, gelang es, einzelbaumweise geerntetes Saatgut aus insgesamt 15 Population zu erhalten.

Vorgelegt werden hauptsächlich Ergebnisse aus der Pflanzenanzucht, wobei im Detail auf zwei norddeutsche Populationen eingegangen wird. Anhand von Datensätzen zum Saatgut (Variablen wie Fruchtlänge, Flügelbreite der Spitz-Ahornsamensamen), zu Auflaufzeiten und dem Wachstum der Pflanzen werden besonders signifikante Unterschiede in Abhängigkeit vom beernteten Einzelbaum aufgezeigt. Diese maternalen Effekte werden in Hinblick auf die Errichtung von Feldversuchen diskutiert.

Neue Juglans-Hybriden für die Forstwirtschaft, erste Ergebnisse

WINSTON BECK¹, OLIVER CARÉ², MATTHIAS ZANDER¹, BERNHARD METTENDORF³, WOLFGANG VOTH⁴, CHRISTIAN ULRICH¹

¹Humboldt-Universität zu Berlin, FG Urbane Ökophysiologie, Lentzeallee 55-57, 14195 Berlin, winston.beck@hu-belin.de

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

³Forstbetrieb Mettendorf, Straße, Kirschenweg 39, 77871 Renchen

⁴Landeforst Mecklenburg-Vorpommern, Zeppelinstr. 3, 19061 Schwerin

Die Gattung *Juglans* umfasst mehrere interessante Arten, die für ihr wertvolles Holz und ihre nahrhaften Nüsse bekannt sind. Außerdem ist ihre Anpassungsfähigkeit an sich ändernde Klimabedingungen als Alternativ-Baumart und ihre Verwendung als Ersatzbaumart für die Esche von wachsendem Interesse. Um neue Genotypen zu finden, die für den Anbau im Wald in Deutschland geeignet sind, wurden 56 Genotypen mit schnellen Wachstumsraten für Versuche in Mecklenburg-Vorpommern und Rheinland-Pfalz ausgewählt.

Alle 56 Genotypen wurden in dreifacher Wiederholung in zwei Mutterquartiere gepflanzt. Von diesen 56 Genotypen wurden 33 ausgewählt und auf Versuchsflächen in Mecklenburg-Vorpommern und in Rheinland-Pfalz ausgepflanzt, um eine waldbauliche Eignungsprüfung dieser selektierten Klone durchzuführen.

Da die xenovegetative Vermehrung von *Juglans* erfahrungsgemäß schwierig ist, wurde ein neues Verfahren zur Optimierung der Kallusinduktion nach der Veredlung angewendet. Die selektierten Plusbäume wurden hierbei auf *Juglans x intermedia*-Unterlagen veredelt. Die Pflanzen wurden zunächst nach dem Veredelungserfolg und dem einjährigen Triebwachstum bewertet. In drei Versuchsjahren lag der durchschnittliche Veredelungserfolg je Genotyp zwischen einem Totalausfall und über 90 % und das durchschnittliche einjährige Wachstum zwischen 30-138 cm, wobei einige Veredlungen eine Trieblänge von über 250 cm nach einem Jahr erreichten.

Mit Hilfe von Mikrosatellitenmarkern können die selektierten Plusbäume auf genetischer Ebene unterschieden werden, gleichzeitig deuten die Markeranalysen darauf hin, dass einige Bäume möglicherweise polyploid sind.

Obwohl die Versuche noch weitergeführt werden, zeigen diese Selektionen schon jetzt das Potenzial für schnelles Wachstum, klimatische Anpassungsfähigkeit und hochwertiges Holz.

Hainbuche – eine Alternativbaumart im Klimawandel?

HANNAH MITTELBERG, KATHARINA LIEPE, MIRKO LIESEBACH, HEIKE LIESEBACH

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

Vor dem Hintergrund der Klimaveränderungen und der daraus resultierenden, weitgreifenden Probleme für die heimischen (Haupt-)Baumarten, wurde das Projekt „Hainbuche“ (Langtitel: „Die Hainbuche, eine Alternativbaumart im Klimawandel – Initiierung eines Herkunftsversuchs“) ins Leben gerufen. Das Potenzial der Hainbuche als Alternativbaumart liegt in ihren ökologisch vorteilhaften Eigenschaften: ihre Schattentoleranz, die Eignung als Mischbaumart in Laub- sowie Nadelwäldern, ein tiefreichendes Wurzelwerk sowie eine leicht zersetzbare Streu. Zur Identifikation von qualitativ hochwertigem und anpassungsfähigem Ausgangsmaterial, wird im Zuge des Projekts die phänotypische und genotypische Variation der Hainbuche erfasst, um Empfehlungen für die Praxis erarbeiten zu können. Ein Trockenstressversuch in der Jungwuchsphase, mit ausgewählten, über einen klimatischen Gradienten verteilten Herkünften, soll Aufschluss über die Trockenstresstoleranz geben. In einem Herkunftsversuch soll die Herkunftseignung von etwa 30 Herkünften aus dem gesamten Verbreitungsgebiet der Hainbuche langfristig geprüft werden. Ein Vorkommen-basiertes *Species Distribution Model* dient als Vorstudie und bestätigt die zukünftige Eignung der Hainbuche. Es prognostiziert eine Zunahme potentiellen Habitats am nördlichen Rand der Verbreitung, sowie mit zunehmender Höhenlage, jedoch eine Abnahme im warmen Süden. Zugewinn und Verlust halten sich jedoch die Waage (2050 \pm 30 %, 2080 \pm 45 %), das Zentrum Europas bleibt dauerhaft geeignet.

Das Projekt beinhaltet neben der Beschaffung, Stratifikation und Anzucht des Saatgutes für die genannten Versuche auch die Entwicklung von Mikrosatellitenmarkern der Hainbuche sowie die darauf basierende Analyse von Populationsstruktur und Bestäubungsverhältnissen in ausgewählten Beständen.

Populationsdifferenzierung beim Spitzahorn (*Acer platanoides* L.) auf der regionalen Ebene als Basis für Generhaltungsmaßnahmen in Österreich

HEINO KONRAD¹, DESANKA LAZIC²

¹Institut für Waldbiodiversität und Naturschutz, Bundesforschungszentrum für Wald (BFW), Seckendorff-Gudent-Weg 8, 1131 Wien, Österreich, heino.konrad@bfw.gv.at

²Department of Genetics and Forest Tree Breeding, Georg-August University of Göttingen, Büsgenweg 2, 37077 Göttingen

Der Spitzahorn (*Acer platanoides* L.) ist eine in Mittel- und Nordeuropa weit verbreitete Baumart mit zerstreutem Vorkommen. In der Diskussion um die geänderte Baumartenwahl aufgrund des Klimawandels, hat der Spitzahorn an Bedeutung zugenommen, da er eine höhere Trockenresistenz als der Bergahorn aufweist. Daher wird er als interessante Baumart auf karbonatreichen Standorten angesehen, auf denen andere Baumarten v.a. durch Pathogene ausgefallen sind (z.B. Ulme, Esche). In Österreich nimmt der Absatz an Jungpflanzen zu, gleichzeitig ist aber nur eine wenig regionales Vermehrungsgut verfügbar (im Durchschnitt werden über 95% der Spitzahorn-Jungpflanzen aus dem benachbarten Ausland eingeführt). Diese Studie wurde unternommen um die genetische Vielfalt und die Populationsstruktur der Art in Österreich zu untersuchen, um die Datenbasis für die Etablierung von entsprechenden in situ und ex situ Generhaltungsmaßnahmen bereitzustellen. Zusätzlich wurden Proben aus gepflanzten Beständen sowie importiertes Vermehrungsgut aus anderen Ländern in die Untersuchungen einbezogen, um den menschlichen Einfluss auf die Art in bewirtschafteten Beständen abschätzen zu können. Es wurden 11 nukleare Mikrosatelliten angewandt um 56 Individuen aus 27 putativ natürlichen Populationen aus Österreich zu genotypisieren, darüber hinaus wurden 186 Proben aus zwei gepflanzten Beständen sowie fünf Partien von Pflanzgut untersucht. Weitere 106 Proben aus anderen europäischen Populationen wurden ebenfalls in die Untersuchungen mit einbezogen. Die neu entwickelten Marker wurden auch an 19 weiteren Acer-Arten aus aller Welt getestet. Eine STRUCTURE-Analyse zeigte ein deutliches Muster der Populationsstruktur in Österreich und Europa, allerdings mit insgesamt geringer Differenzierung. Verwandtschaftsanalysen innerhalb der Populationen zeigten, dass mehrere Populationen deutliche Effekte eines genetischen Flaschenhalses aufwiesen, was die Bedeutung der Auswahl von Saatguterntebeständen mit ausreichender genetischer Vielfalt bekräftigt.

Bewertung der Anpassungsfähigkeit und Verbesserung der Erntebasis für die Baumarten Spitzahorn, Hainbuche und Sommerlinde auf genetischer Grundlage

MUHIDIN ŠEHO, DARIUS KAVALIAUSKAS, BERNHARD RAU, ALWIN JANßEN, BARBARA FUSSI

Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf

Die Folgen des Klimawandels werden immer deutlicher und die Vorhersagen der Klimamodelle für 2050 treten in einzelnen Regionen Bayerns bereits heute schon ein. Durch die Trockenheit und die invasionsartige Ausbreitung von Schadorganismen zeigen einige Hauptbaumarten erste Schäden auf. Daher ist es besonders wichtig, die bestehende Baumartenpalette zu erweitern, um damit das Risiko auf mehrere Baumarten zu verteilen. Neben alternativen Herkünften heimischer Hauptbaumarten sollten Nebenbaumarten beim Waldumbau stärker berücksichtigt werden. Baumarten wie Spitzahorn, Hainbuche oder Sommerlinde haben bisher eine untergeordnete Rolle gespielt oder wurden als dienende Baumarten genutzt, weshalb deren Anpassungspotential bisher nicht detaillierter untersucht worden ist. Die Ausweisung von Saatguterntebeständen erfolgte ausschließlich anhand des Phänotyps. Im Rahmen des Projekts werden die Herkunftsempfehlungen und Herkunftsgebiete für die Baumarten Spitzahorn (*Acer platanoides* L.), Hainbuche (*Carpinus betulus* L.) und Sommerlinde (*Tilia platyphyllos* Scop.) überarbeitet, um die Erntebasis zur Deckung des zukünftigen Bedarfs an Vermehrungsgut zu verbessern. Durch die rasche Änderung der Umweltbedingungen ist es von enormer Bedeutung, dass die vorgeschlagenen Saatguterntebestände eine hohe Anpassungsfähigkeit aufweisen. Die genetische Vielfalt von Waldbeständen spielt dabei eine entscheidende Rolle und ist der wichtigste Maßstab für die zukünftige Anpassung und das Überleben von Baumarten.

Anhand der genetischen Vielfaltsparameter wird ein Vorschlag für die Ausweisung von Saatguterntebeständen und Erhaltungsbeständen mit hoher genetischer Variabilität zur Sicherung der Anpassungsfähigkeit erarbeitet. Im Rahmen des bayerischen Konzepts zum Erhalt und zur nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen wird dann eine Bewertung der Bestände hinsichtlich der Kriterien Erhaltungswürdigkeit und Erhaltungsdringlichkeit vorgenommen. Als erstes wurden 20 Bestände des Spitzahorns beprobt und analysiert. Genetische Vielfaltsparameter sowie die räumlich-genetische Struktur zwischen den zugelassenen und neuen Erntebeständen werden dargestellt. Davon abgeleitet werden Ernte- und Erhaltungsbestände für Bayern empfohlen. Für die Sommerlinde wurden 15 mögliche Saatguterntebestände sowie zwei Samenplantagen genetisch charakterisiert. Anschließend werden 20 mögliche Saatguterntebestände der Hainbuche beprobt und analysiert. Bei allen drei Baumarten wurden neben zugelassenen Saatguterntebeständen auch neu gemeldete Bestände untersucht, die nach einer positiven Bewertung ins bayerische Erntezulassungsregister aufgenommen werden sollen. Dadurch kann die Erntebasis aktiv erweitert werden. Daneben ist es geplant, für alle drei Projektbaumarten Samenplantagen aufzubauen und dadurch die Erhaltung sowie die Nutzung aktiv zu fördern.

Rot-Eiche

Roteiche im Klimawandel: Grundlagen zur Züchtung unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz

EVA ARDAO RIVERA¹, HIEU CAO², CHARALAMBOS NEOPHYTOU¹, OLIVER GAILING², NICK LAMPRECHT¹, IVO FEUSSNER³, RALF KÄTZEL⁴, MIRKO LIESEBACH⁵, MARTHA TÖPPE⁶, UTE TRÖBER⁷.

¹Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Waldnaturschutz, Waldgenetik und forstliches Vermehrungsgut, Wonnhaldestraße 4, 79100 Freiburg i. Br., eva.ardaorivera@forst.bwl.de,

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

³Georg-August-Universität Göttingen, Fakultät für Biologie und Psychologie, Abteilung Biochemie der Pflanze. Justus-von-Liebig-Weg 11, 37077 Göttingen

⁴Landeskompetenzzentrum Forts Eberswalde, Fachbereich Waldökologie und Monitoring, Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde

⁵Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstr. 2, 22927 Großhansdorf

⁶Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen, Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt Grätzelstr. 2, 37079 Göttingen

⁷Staatsbetrieb Sachsenforst, Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna OT Graupa

Im Verbundprojekt RubraSelect werden die Grundlagen für die zukünftige Versorgung des Marktes mit hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut der Roteiche (*Quercus rubra* L.) für das ganze Bundesgebiet geschaffen. Das Vorhaben umfasst einerseits die Untersuchung genetischer Grundlagen von Merkmalen mit Bezug zu Wachstum und Stressreaktionen. Andererseits widmet es sich der Auswahl und Vermehrung von Plusbäumen sowie der Charakterisierung von deren Nachkommenschaften.

Die Plusbaumauslese findet sowohl in Beständen als auch in den Flächen eines Herkunftsversuchs statt. Bei der Auswahl werden Qualitäts-, Wachstums-, Vitalitätsmerkmale sowie vorhandene molekulargenetische Daten berücksichtigt. Bei der Überprüfung des Anpassungspotenzials der Plusbäume finden Biomarker Anwendung, die physiologische Merkmale beschreiben. Die Nachkommen werden auf ihre Reaktion gegenüber Trockenheit geprüft, um so die genetische Veranlagung der Plusbäume bezüglich ihrer Trockenstresstoleranz zu bewerten. In diesem Vorhaben sollen unter anderem Metabolite und Transkripte als Marker für Trockenstresstoleranz identifiziert und verifiziert werden, welche Anpassungsprozesse regulieren und ermöglichen. Mithilfe einer genomweiten Assoziationsstudie sollen Genmarker für Trockenstresstoleranz entwickelt werden.

Im ersten Projektjahr wurden bereits vorläufige Zuchtzonen abgegrenzt, geeignete Ausgangsbestände identifiziert, Plusbäume ausgewählt sowie Trockenstressexperimente durchgeführt und mit molekulargenetischen Analysen begonnen. Weitere Schritte umfassen die generative und vegetative Vermehrung der Plusbäume, um am Ende des Projekts deren Genotypen in Klonarchiven und deren Nachkommen in Versuchsflächen zu testen, die langfristig in Samenplantagen überführt werden.

Analyse von Genotyp-Umwelt-Interaktionen der Roteiche (*Quercus rubra* L.) in einer Herkunftsversuchsserie in Deutschland

JONATHAN KORMANN, KATHARINA LIEPE, MIRKO LIESEBACH

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstr. 2, 22927 Großhansdorf, jonathan.kormann@thuenen.de

Die aus Nordamerika stammende Roteiche (*Quercus rubra* L.) ist die am häufigsten vorkommende fremdländische Laubbaumart in Deutschland. Aufgrund ihres hohen Wuchspotenzials und einer vielfältigen Holznutzung zählt sie zu den potenziellen Alternativbaumarten in Zeiten des Klimawandels.

Im Rahmen des Verbundvorhabens *RubraSelect* wird die Wuchsleistung von unterschiedlichen Herkünften, gepflanzt 1991 auf drei Versuchsfeldern einer Herkunftsserie in Schleswig-Holstein, Brandenburg und Hessen, analysiert. Ein orthogonaler Prüfgliedsatz von je sechs nordamerikanischen und sechs deutschen Herkünften steht im Zentrum der Auswertungen von Genotyp-Umwelt-Interaktionen. Als Maß für die Wuchsleistung auf Herkunftsebene dient die Grundfläche [m²/ha] im Alter 29 und 33.

Zur Analyse von Genotyp-Umwelt-Interaktionen wird mithilfe der *Joint Regression* das Wuchsverhalten jeder Herkunft in jeder Umwelt charakterisiert und so eine Einteilung der Herkünfte in Generalisten und Spezialisten vorgenommen. Darüber hinaus wird der *Weighted Average of Absolute Scores* als Stabilitätsindex für jede Herkunft berechnet, wodurch Stabilität und Produktivität unterschiedlich gewichtet und davon abhängig eine Rangfolge der Herkünfte erstellt werden kann.

Die Varianzanalyse zeigt signifikante Unterschiede in der Wuchsleistung zwischen den Herkünften als auch den Versuchsfeldern sowie eine signifikante Interaktion.

Bei genauer Betrachtung zeigt sich, dass die deutschen Herkünfte den nordamerikanischen Herkünften im Hinblick auf ihr Wuchspotential überlegen sind. Weiterhin lassen sich Herkünfte in Generalisten und Spezialisten einteilen. Dabei zeigen die Spezialisten aus Deutschland eine Wuchsüberlegenheit vor allem auf nährreichen Standorten.

Innerhalb des nordamerikanischen Clusters sind nördliche Herkünfte aus Kanada produktiver als Herkünfte aus dem südlichen Teil des ursprünglichen Verbreitungsgebietes. Ein Aspekt, der in Bezug auf zukünftige Saatgutimporte Berücksichtigung finden sollte.

Genetisches Anpassungspotential der Roteiche (*Quercus rubra*) in Europa

SARAH SAADAIN, RAPHAEL KLUMPP, CHARALAMBOS NEOPHYTOU

Universität für Bodenkultur, Peter-Jordan Straße 82, 1190 Wien, sarah.saadain@boku.ac.at

Die Roteiche (*Quercus rubra*) ist eine der wirtschaftlich wichtigsten nicht heimischen Waldbaumarten in Europa. Als Saatgutquellen stehen jedoch meist Erntebestände unbekanntes Ursprungs zur Verfügung. Gerade bei Arten mit großem natürlichem Verbreitungsareal wie der Roteiche wird angenommen, dass die Herkunft des Vermehrungsguts eine entscheidende Rolle für die Klimafitness spielt. Des Weiteren wird erwartet, dass Genfluss zwischen unterschiedlichen Herkünften, Gendrift, sowie Mutationen die Genpools der europäischen Roteichenbestände verändert haben.

Im Rahmen des Waldfond Projekts EicheFit sollen besonders klimafitte Eichenpopulationen innerhalb Europas identifiziert werden, welche als Saatgutquellen für zukünftige Bestände in Frage kommen. Insgesamt wurden 25 verschiedene europäische Roteichenbestände beprobt, welche mittels SSR Markern genotypisiert werden, um Einblicke in die Ursprungspopulationen in Nordamerika zu bekommen. Des Weiteren wurden über 5000 Sämlinge aus den verschiedenen europäischen Beständen im Versuchsgarten gezogen, um deren Keimrate genauer zu untersuchen, sowie Hitze- und Trockenstressversuche durchzuführen. Hierfür ist eine Genomweite Assoziationsstudie geplant, mit dem Ziel besonders hitze- und trockenheitstolerante Phänotypen mit bestimmten Genomregionen zu assoziieren, welche infolgedessen Rückschlüsse auf geeignete Saatgutquellen liefern soll.

Einleitung eines Züchtungsprogramms für die Roteiche (*Quercus rubra* L.)

MARTHA TÖPPE, MARTIN HOFMANN, MIRIAM WATERMEIER

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Prof.-Oelkers-Straße 6, 34346 Hann. Münden,
martha.toeppe@nw-fva.de

Die Roteiche (*Quercus rubra* L.) ist in Deutschland die häufigste nichtheimische Laubbaumart im Wald und wird voraussichtlich im Klimawandel als Alternativbaumart an Bedeutung gewinnen. Aktuell dienen jedoch nur Erntebestände unbekanntem Ursprungs als Saatgutquelle. Voraussetzung für die Begründung klimastabiler Wälder ist aber die Verfügbarkeit von hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut.

Im Verbundvorhaben „Auslese und Charakterisierung von hochwertigem Vermehrungsgut bei Roteiche (*Quercus rubra* L.) unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz“ (RubraSelect) mit insgesamt 7 Projektpartnern, bearbeitet die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) die Einleitung eines Züchtungsprogramms durch Auswahl und Beerntung von Plusbäumen der Roteiche.

Dazu wurden alle Erntebestände der Roteiche im Zuständigkeitsbereich der NW-FVA erfasst und auf ihren Anteil an Plusbäumen hin überprüft. Eine Erhebung des Istzustandes der Roteiche nach Flächenanteil, Altersklassenaufbau, Wasserhaushalt und Trophie wurde vorgenommen.

Der Vortrag skizziert die aktuelle Situation der Roteichenerntebestände in vier Bundesländern und gibt Handlungsempfehlungen vor dem Hintergrund der in den jeweiligen Waldbaukonzepten formulierten Zielvorstellungen.

Forstliches Vermehrungsgut

Neue Samenplantagen für Deutschland – Empfehlungen auf Basis internationaler Erkenntnisse

HEIKE LIESEBACH¹, KATHARINA LIEPE¹, CORNELIA BÄUCKER²

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

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

„Wichtiges Ziel der Züchtung ist die Bereitstellung von Vermehrungsgut, das anpassungsfähig und leistungsstark genug ist, um den erwarteten Umweltänderungen bei der Erfüllung aller Waldfunktionen gerecht zu werden“. Dieses Ziel wurde in der „Strategie zur mittel- und langfristigen Versorgung mit hochwertigem forstlichem Vermehrungsgut durch Züchtung in Deutschland“ im Jahr 2013 formuliert (Liesebach M et al. 2013) und im Rahmen der großen Verbundprojekte FitForClim und AdaptForClim in Angriff genommen. Derzeit beginnt die Anlage von neuen klonalen Samenplantagen der ersten und 1,5 Generation, die mit den deutschlandweit selektierten Plusbäumen mehrerer Baumarten angelegt werden. Eine umfassende Literaturrecherche zum internationalen Kenntnisstand in der Forstpflanzenzüchtung und zur Umsetzung populationsgenetischer Aspekte trägt dazu bei, diese neuen Samenplantagen auf der Grundlage der konsolidierten Kenntnisse und Erfahrungen der nationalen und internationalen wissenschaftlichen Gemeinschaft anzulegen.

1. Alle Samenplantagen sollen aus Klonkombinationen bestehen, die für eine der drei oder vier **artspezifischen Zuchtzonen** geeignet sind, **um eine „outbreeding depression“ zu vermeiden**. Deutschland liegt zum Teil im atlantischen Klima und zum Teil im Übergang zum kontinentalen Klima, so dass die artspezifischen Reaktionen auf unterschiedliche Umweltbedingungen nicht einheitlich sind.
2. Die Anzahl der Klone, die in den neuen Samenplantagen verwendet wird, soll artspezifische Aspekte berücksichtigen. **Für die heimischen Baumarten *Pinus sylvestris*, *Picea abies*, *Larix decidua*, *Acer pseudoplatanus* und *Quercus sp.* empfehlen wir eine Anzahl von 60-80 Klonen**. Eine solche Mindestanzahl von Klonen hält Optionen offen, z. B. für künftige selektive Durchforstungen oder für den Transfer von Samenplantagen-Nachkommen in einen sich natürlich verjüngenden Waldbestand ohne das Risiko eines genetischen Flaschenhalses.
3. Bei der Zusammenstellung jeder einzelnen Samenplantage ist es sehr wichtig, aus den Klonarchiven **nur einen Klon pro Nachkommenschaft oder pro Population zu verwenden**. Dieses Verfahren gewährleistet die Förderung des Heterosis-Effekts im Sinne von Kreuzungen zwischen den Provenienzen und die **strikte Vermeidung einer potenziellen „inbreeding depression“ (Inzuchtdepression)** in den Nachkommen der Samenplantagen.
4. Die **Klone sollten in gleichen Rametzahlen** verwendet werden, da die Zuchtwerte der Plusbäume derzeit nicht verfügbar sind. Daher wird der Schwerpunkt der neu anzulegenden Samenplantagen auf der Zufallspaarung liegen. Deshalb empfehlen wir die **Software ONA** (Chaloupková et al. 2016), um optimale räumliche Layouts für die Bepflanzung der Samenplantagen zu erstellen.
5. Unsere künftige Arbeit sollte sich auf die **Ermittlung der Zuchtwerte einzelner Klone durch die Prüfung ihrer Nachkommenschaft** konzentrieren. Diese Zuchtwerte ermöglichen später eine genetische Durchforstung der Samenplantagen und eine Optimierung der Zusammensetzung künftiger Generation von Samenplantagen. Außerdem sollten umfassende Nachkommenschaftsprüfungen durchgeführt werden, um die Kategorie "Geprüft" für überlegene Samenplantagen zu erreichen.

Von der Vergangenheit in die Zukunft: Verwendungsempfehlungen Bayern

MUHIDIN ŠEHO, ALWIN JANßEN

Bayerisches Amt für Waldgenetik, Forstamtsstraße 1, 83317 Teisendorf, muhidin.seho@awg.bayern.de

Die im Juli 2022 in Kraft getretenen bayerischen Verwendungsempfehlungen basieren hauptsächlich auf Erkenntnissen der letzten fünf Jahrzehnte. Da sich in den letzten 20 Jahren die Umweltbedingungen stark geändert haben und sich in der nahen Zukunft noch weiter ändern werden, ist aber eine sichere Bewertung bzw. Einschätzung der Anbaueignung von Herkünften nicht mehr wie noch im letzten Jahrhundert ohne weiteres möglich.

Die Reaktionsnorm der heimischen Herkünfte muss geprüft werden: reicht deren Anpassungsfähigkeit zukünftig aus?

Es werden zukünftig auch Herkünfte aus wärmeren und trockeneren Regionen geeignet sein: aber sind diese es jetzt auch schon?

Auch heute seltenere Baumarten werden an Fläche gewinnen: reicht unser genetisches Wissen schon aus?

Erkenntnisse über die Anbaueignung von Baumarten und Herkünften müssen in Herkunfts- und Praxisanbauversuchen sowie in laborgenetischen Untersuchungen schnellstmöglich gewonnen werden: ist dieses mit der jetzigen Personalausstattung möglich?

Es bedarf sicherlich gemeinsamer Anstrengung aller forstgenetischen Institutionen, um das Ziel passender Verwendungsempfehlungen und damit bestmöglicher Beratung des Waldbesitzes zu erreichen.

Forstgenetik trifft Forstpraxis: Erfahrungen und Ausblick aus „20 Jahre ZüF“

EVA CREMER, MONIKA KONNERT, ANDREAS LUDWIG, GERHARD WEZEL

Zertifizierungsring für überprüfbare Forstliche Herkunft Süddeutschland e.V., Aspachstr. 8a, 89290 Buch, zuef-forstpflanzen@t-online.de

Vor 20 Jahren startete das erste Zertifizierungssystem für die Verbesserung der Herkunftssicherheit von forstlichem Vermehrungsgut, heute allgemein als „ZüF“ bekannt. In engem Zusammenspiel von Forstverwaltungen, Baumschulbranche und Wissenschaft wurde ein auf genetischen Vergleichen und Datenbankdokumentation basierendes Kontrollsystem etabliert, um die gesetzlichen Regelungen für forstliche Herkunftssicherheit (FoVG) zu ergänzen. Mittlerweile nehmen rund 200 Forstsamen- und Baumschulbetriebe mit über 250 Millionen in der Datenbank dokumentierten Pflanzen an dem Verfahren teil. Angefangen mit Isoenzymanalysen werden die genetischen Untersuchungen an Samen und Pflanzen heute überwiegend auf DNA-Basis durchgeführt. Auch die internetbasierte Datenbank wird stetig optimiert. So können beispielsweise ZüF-Zertifikate per QR-Code vom Kunden direkt per Smartphone geprüft werden.

Vor dem Hintergrund des wachsenden Bedarfs an Forstpflanzen für einen klimagerechten Waldumbau liefert das ZüF-System mit der Bereitstellung von Vermehrungsgut überprüfbarer Herkunft auch in Zukunft einen wichtigen Beitrag. Daher wurden in den letzten Jahren die Baumartenpalette über die FoVG-Baumarten hinaus stetig erweitert mit Arten, die im Klimawandel interessant sein dürften (z.B. Elsbeere, Flatterulme) sowie erste ZüF-Ernten im Ausland durchgeführt (z.B. in Frankreich und Ungarn). In einem ZüF-Probelauf befindet sich derzeit die Atlaszeder.

Herkunftsangaben bei alternativen Baumarten im Klimawandel möglich!

MIRKO LIESEBACH¹, DAGMAR SCHNECK²

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

²Landesstelle für forstliches Vermehrungsgut, Eberswalder Chaussee 3, 15377 Waldsiedersdorf

Die Erhöhung der Artenvielfalt ist eine Strategie, mit der die Wälder an die Herausforderungen des Klimawandels angepasst werden sollen. Dabei rücken neben seltenen heimischen Baumarten zunehmend Arten aus Regionen, die dem künftigen Klima entsprechen, ins Zentrum des Interesses. Da laufende Versuche mit diesen Baumarten für belastbare Ergebnisse noch zu jung sind, ist es besonders wichtig, dass bei einem Anbau auf die Herkunft geachtet und diese dokumentiert wird, um Erfolge und Fehlschläge interpretieren zu können.

Schon jetzt lassen sich Suchräume für potenziell geeignete Herkünfte identifizieren. Saatgut aus diesen Gegenden kann bereits heute für den Wald von morgen eingesetzt werden, wenn es nach den bewährten Regeln gesammelt, gekennzeichnet und getrennt gehalten wird.

Auch im Klimawandel bleibt ein grundsätzliches Ziel, die Kontinuität der Ökosystemleistungen, wie Rohholzproduktion, Klimaschutz-, Erholungs- und Naturschutzleistungen, der Wälder sicherstellen. Wohlüberlegtes Handeln mit identitätsgesichertem Vermehrungsgut ist der sicherste Weg zum Aufbau stabiler Mischwälder bzw. Waldökosysteme und zu einer Diversifizierung des Angebots.

Im Vortrag werden am Beispiel von alternativen Baumarten, die von der BLAG-FGR (LIESEBACH et al 2021) als zukunftsfähig erachtet werden, Möglichkeiten, Herkunftsangaben zum Vermehrungsgut zu bekommen, aufgezeigt.

LIESEBACH M et al. (2021): Identifizierung von für Deutschland relevanten Baumarten im Klimawandel und länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten – Empfehlung der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliches Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ zu den Arbeitsaufträgen der Waldbaureferenten. Thünen Working Paper 172, 48 S.

Erarbeitung von Herkunftsempfehlungen und Verbesserung der Erntebasis für die seltenen Baumarten Feldahorn, Flatterulme, Speierling und Eibe in Bayern auf genetischer Grundlage

DARIUS KAVALIAUSKAS, BARBARA FUSSI, BERNHARD RAU, ALWIN JANŖEN, MUHIDIN ŖEHO

Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, Germany

Die Herausforderungen des Klimawandels machen es erforderlich die Waldbewirtschaftungskonzepte zu überdenken und die Widerstandsfähigkeit der Bestände durch den Aufbau von Mischwäldern zu verbessern. Die genetische Vielfalt und Variabilität der forstlichen Genressourcen (FGR) und des forstlichen Vermehrungsmaterials (FRM) werden eine Schlüsselrolle bei der Anpassung der Wälder an die künftigen Umweltbedingungen spielen. Die Erhaltung von FGR wurde auf gesamteuropäischer und nationaler Ebene umfassend diskutiert. Die Erweiterung der Baumartenpalette, z. B. durch seltene Baumarten, ist ein wichtiger Beitrag bei der Stabilisierung von Waldbeständen und Förderung der Biodiversität. Um die Erhaltung und die zukünftige Nutzung von FGR zu gewährleisten, wurden in Bayern vier seltene Baumarten (20 Populationen des Feldahorns (*Acer campestre* L.), 18 Populationen der Flatterulme (*Ulmus laevis* Pall.), 19 Populationen der Eibe (*Taxus baccata* L.) und sechs Populationen des Speierlings (*Sorbus domestica* L.) phänotypisch erfasst und bewertet, beprobt und genetisch charakterisiert. Die Verwendung genetischer Parameter zur Auswahl von potenziellen Saatguterntebeständen und Erhaltungsbeständen für die vier Baumarten werden vorgestellt. Die DNA-basierten Ergebnisse, z.B. die beobachtete genetische Differenzierung, variierten je nach Baumart. Beim Feldahorn war die genetische Differenzierung zwischen den Populationen gering und es wurde kein geografisches Muster gefunden. Die Wiederbesiedlung von Bayern nach der letzten Eiszeit deutet auf eine Vermischung der verschiedenen Linien in Süddeutschland hin. Im Gegensatz dazu war die genetische Differenzierung bei der Flatterulme zwischen den Populationen stark ausgeprägt. Anhand der Ergebnisse lassen sich zwei Hauptcluster definieren, die sich auf die Einzugsgebiete der beiden Flusssysteme "Main" und "Donau" beziehen. Die Eibenpopulationen in Bayern lassen sich in drei Gruppen einteilen, die jedoch keine räumlich-genetische Struktur aufweisen. Bei Speierling konnten keine genetischen Unterschiede zwischen den Populationen festgestellt werden. Dieses Ergebnis lässt sich auf die kleinräumige Verbreitung der Baumart in Nordbayern zurückführen. Die genetische Vielfalt von Saatguterntebeständen sollte so hoch wie möglich sein, um eine hohe Anpassungsfähigkeit der Nachkommen zu gewährleisten. Durch die Ernte von Saatgut von möglichst vielen Bäumen mit ausreichendem Abstand zueinander und deren gleichmäßige Verteilung über den Bestand kann die genetische Vielfalt im FRM erhöht werden. Für die künftige Nutzung der seltenen Baumarten bei Waldumbaumaßnahmen sollten verstärkt Samenplantagen aufgebaut und genutzt werden. Für alle vier Baumarten wurden Plusbäume ausgewählt, die für den Aufbau von Samengutplantagen verwendet werden sollen. Die für die vier Baumarten vorgeschlagenen Saatguterntebestände werden schrittweise in das Bayerische Erntezulassungsregister (EZR) aufgenommen.

Autorenindex

ARAVANOPOULOS FA 26
ARDAO RIVERA E 61
ASPALTER S 50
BANZRAGCH B-E 36
BÄUCKER C 28, 42, 55,66
BECK W 56
BECKER D 11
BECKER F 29
BLANC-JOLIVET C 46, 47
BRÜCKNER M 13
BRÜGMANN T 11, 12, 32
BUBNER B 18, 38
BUDDE K B 49
CAO H 61
CARÉ O 53, 56
ÇİFTÇİ A 26
CREMER E 68
DEGEN B 37, 46, 47
DEĞİRMENCI FÖ 26
DUYAR K 26
EILZER F 25
EISOLD A-M E 42
ERTL R 31
FEHRENS S 40
FENDEL A 11, 32
FEUSSNER I 61
FLADUNG M 11, 12, 20, 32
FUSSI B 19, 48, 59, 70
GAILING O 31, 36, 49, 53, 61
GEORGE J-P 15, 31
GOLESCH G 15
HALMSCHLAGER E 31
HARDTKE A 53
HEITKAM T 13
HÖFER M 54
HOFMANN M 23, 36, 43, 64
HOHENWARTER L 30
HÖLTKEN A M 40
HÖTZEL S 49
HUBER G 52
HUTTER I 16
İDMAN ÖM 26
IRAUSCHEK F 15
JANSEN S 26
JANSEN A 59, 67, 70
KANSU C 26
KAYA Z 26
KÄTZEL R 29, 30, 61
KAVALIAUSKAS D 59, 70
KERSTEN B 21, 22
KLEINSCHMIT J 26
KLUMPP R 63
KONNERT M 68
KONRAD H 58
KORMANN J 62
KOVAČ B 27
KRABEL D 13, 14, 16, 27
LAMPRECHT N 61
LANGE C 33
LAZIC D 58
LEIGH DM 26
LEINEMANN L 53
LEUSCHNER C 36
LIEPE K 35, 57, 62, 66
LIESEBACH H 28, 42, 55, 57, 66
LIESEBACH M 29, 35, 55, 57, 61, 62, 69
LÖFFLER S 29, 30
LUDWIG A 68
LYROU FG 26
MADER M 22, 47
METTENDORF M 56
MEYER M 27
MICHIELS H-G 48
MITTELBERG H 57
MORGENSTERN K 14, 16, 27
MOTTINGER-KROUPA S 31
MÜHLBAUER M 43
MÜLLER M 36, 49
MÜLLER N 37
NEOPHYTOU C 26, 48, 61, 63
NOSENKO T 22
OLSSON S 31
ORGEL F 21
OTT B 33
PAKULL B 66
PELIN AP 26
POLSTER J-U 14, 16
PROFT A 54
QUEGWER J 54
RAU B 59, 70
REICHE B 13, 16
REIM S 54
RELLSTAB C 26
RUBIN S 53
SAADAIN S 63
SCHILDBACH M 23
SCHIRMER R 52
SCHMIDT D 36, 69
SCHNECK V 41, 42
SCHNITZLER J-P 22
SCHRÖDER H 21, 22, 47
SCHÜTZEL P 16
ŠEHO M 19, 59, 67, 70
SEIDEL H 19
SEMIZER-CUMING D 26, 48
SIEVERS A-J 11, 12
SINGEWAR K 20
STEINER W 36, 53
THIESEN F 38,
TÖPPE M 61, 64
TOURVAS N 26
TRÖBER U 13, 54, 61
TRUJILLO-MOYA C 15, 31
TUBES M 52
ULRICHS C 56
VAN LOO M 15, 31
VOLMER K 43
VORNAM B 31
VOTH W 56
WATERMEIER M 64
WEBER B 13
WEIGEL R 36
WEIßENBACHER L 15
WEITHMANN G 36
WEZEL G 68
WINKLER L 25
WOLF H 13, 18, 25, 33, 44
ZAHN V 11, 12
ZANDER M 56
ZEBBEDIES S 11

Exkursionsführer

Exkursion am 14.09.2022

13:30-13:45	Abfahrt mit dem Bus
13:45	60-jähriger Bestand (ehemaliger Herkunftsversuch) mit <i>Betula maximowicziana</i>
14:30-15:00	Fahrt
15:00-16:15	Streifenförmige Kurzumtriebsplantage (Nachkommenschaftsprüfung mit Pappeln der Sektion <i>Populus</i>), die in ein silvopastorales Nutzungssystem (mit Hühnern und Kälbern) überführt wird
17:00	Ankunft in Ahrensburg

Bi31 mit *Betula maximowicziana* (Maximowicz-Birke, Lindenblättrige Birke)

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

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

Nach Europa wurde *B. maximowicziana* erstmals 1888 durch VEITCH eingeführt. Hier findet man *B. maximowicziana* in zahlreichen dendrologischen Sammlungen, Gärten und Parks. Forstlich ist sie außerhalb ihres Verbreitungsgebietes eine wenig bekannte Baumart.

Beschreibung

Betula maximowicziana ist eine sommergrüne Baumart, die wegen ihrer geraden und zylindrischen Stämme zu den schönsten Bäumen Japans gezählt wird. Ihre großen Blätter zittern im Wind wie Espenlaub.

Zwei charakteristische Merkmale machen sie unverwechselbar:

- Zum einen sind die Blätter für eine Birkenart ungewöhnlich groß und an der Basis tief herzförmig gebuchtet.
- Zum anderen sind die weiblichen Blütenköpfe zu 3 bis 4 in Büscheln angeordnet.

Die Baumkrone setzt sich aus starken und langen, im Winkel von 45° abstehenden Ästen zusammen und wirkt daher breit und offen, wobei die Astenden nicht überhängen. Allerdings wird die Kronenform stark durch die Topographie des Standorts und im Bestand durch Nachbarbäume beeinflusst. Auffallend und kennzeichnend ist die sehr frühe und gute Astreinigung.

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

Die lindenblattähnlichen Blätter sind 8 bis 15 cm lang, 5 bis 11 cm breit, kurzspitzig und haben eine breit-herzförmige Basis. Die Blattspreite hat einen doppelt gesägten Rand.

Taxonomie und genetische Differenzierung

Betula maximowicziana kann aufgrund der gut ausgeprägten Artmerkmale verhältnismäßig leicht identifiziert werden. Es besteht eher die Gefahr einer Verwechslung mit Arten anderer Gattungen wie z.B. Kirsche oder Erle.

Die Chromosomenzahl der diploiden *B. maximowicziana* beträgt $2n = 28$. Natürliche Hybriden können mit *B. nigra* L. entstehen, wie belgische Untersuchungen an Birkenpflanzen mit vermutlich hybridogenem Ursprung zeigten. In Kreuzungen mit *B. pendula* ROTH ($2n = 28$) und *B. pubescens* EHRH. ($2n = 56$) erwies sich der Fertilitätsgrad als sehr gering (0,4 %), was mit der Zugehörigkeit zu unterschiedlichen Sektionen begründet wird. Hybridpflanzen der Kreuzung *B. pubescens* x *B. maximowicziana* hatten einen Chromosomensatz von $2n = 42$ (triploid).

Standortansprüche

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

Auf moorigen und verfestigten Böden sowie leichten Sanden hat sie in Anbauversuchen des Thünen-Instituts versagt.

Nutzung

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

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

Versuchsfläche Bi31

Wuchsgebiet (Wuchsbezirk): Schleswig-Holstein Ost (südliches Hügelland)

Höhe: 40 m ü. NN

Standort: grundwasserbeeinflusst, mesotroph

Boden: podsoliertem Feinsand mit Orterde oder Ortstein

Anlage: 1961

Flächengröße: 1 ha

Verband: 1,5 m x 1,5 m

Parzelle: 4 x 4 (16) Bäume

Wiederholungen: 2

Herkünfte: Das Saatgut stammte von 110 (1-8 je Herkunft) Einzelbäumen aus 21 Beständen (Herkünften), die sich zu 7 Herkunftsregionen gruppieren lassen.

Tabelle: Wuchsleistung von *Betula maximowicziana* in deutschen Anbauversuche

Fläche	Ort (Bundesland)	Alter [Jahre]	Stammzahl [n/ha]	Mittelhöhe [m]	mittl. BHD [cm]	Kreisfläche [m ² /ha]	Derbholzmasse [fm/ha]	jährl. Zuwachs [fm/ha]
Bio24	Institutsgelände (SH)	34	1180	18,1	14,4	22,57	177	5,2
Bio31	Beimoor (SH)	34	663	21,0	18,7	18,96	195	5,7
Bio34	Romrod (HE)	35	1275	16,5	12,5	16,71	131	3,7
	Birke I. Ekl.	35	824	16,7	15,0	14,6	101	2,9
	Schwarz-Erle I. Ekl.	35	796	19,7	18,7	21,9	208	5,9

Alter 60 (Juli 2022):

Stammzahl: 250 je ha
Höhe: > 25 m
BHD: 29,1 cm
Kreisfläche: 17,45 m²/ha

Literatur

LIESEBACH, M. (2000): Anbauversuche mit fremdländischen Birken. Berichte aus der Bayerischen Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, Nr. 28, 71-81.

LIESEBACH, M.; STEPHAN, B.R.; SCHWAB, E. (1997): Wuchs- und Ertragsleistung von *Betula maximowicziana* Regel. Allg. Forst- und Jagdzeitung. Frankfurt am Main 168, (8), S. 141-149.

SCHWAB, E.; LIESEBACH, M.; STEPHAN, B.R. (1996): Holzeigenschaften der japanischen Maximowicz-Birke von einem norddeutschen Standort. Holz als Roh- und Werkstoff, München, 54, S. 301-306.

STEPHAN, B.R., LIESEBACH, M. (2000): *Betula maximowicziana* Regel, 1868. In P. SCHÜTT; H.-J. SCHUCK; U. LANG; A. ROLOFF (Hrsg.): Enzyklopädie der Holzgewächse. Handbuch und Atlas der Dendrologie. Landsberg. Ecomed Verlagsgesellschaft. 22. Erg.Lfg 12/00. 12 S.



Abb. 35-jähriger Bestand in Norddeutschland

Bio13 - Nachkommenschaftsprüfung mit Pappeln der Sektion *Populus*

Für ein Züchtungskonzept ist die Definition der entsprechenden Zuchtziele von zentraler Bedeutung. Bei der Züchtung von Pappeln für den Anbau im Wald bzw. generell zur Produktion von Stammholz stehen Wuchsleistung, Geradschaftigkeit, Resistenz gegen Stammkrankheiten, geringe Astigkeit und gute Holzqualität im Vordergrund. Bei Pappeln für den Kurzumtrieb kommen weitere Zuchtziele hinzu. Diese sind Regenerationsvermögen, d. h. Stockausschlagfähigkeit bzw. Wurzelbrut, Dichtstandstoleranz, Lebensdauer der Wurzelstöcke und Resistenz gegenüber Blattkrankheiten. Auf der anderen Seite sind qualitative Merkmale wie Astigkeit und Geradschaftigkeit sowie Holzeigenschaften nicht mehr so wichtig (WOLF et al. 2010). Weiterhin ist Standortstoleranz (Trockenheitstoleranz) von zunehmender Bedeutung, insbesondere wenn ein Anbau auf Grenzertragsstandorten in subkontinentalen Klimabereichen Deutschlands angestrebt wird.

Da sich die Aspe aber auch sehr gut für mittelfristigen Umtrieb verbunden mit einer stofflichen Nutzung eignet und die Zuchtprogramme der Vergangenheit bei dieser Baumart gerade diesen Verwendungszweck zum Ziel hatten, kann die Qualität (Stammform, Kronenaufbau, Holzeigenschaften) nicht gänzlich vernachlässigt werden. Die Züchtung mit Aspe wird daher nicht auf den Anbau in kurzen Umtrieben eingeschränkt.

Nachkommenschaften lassen sich mittels Kreuzungszüchtung herstellen. Dabei sind sowohl intraspezifische Kreuzungen innerhalb der Europäischen Aspe (*P. tremula*) denkbar als auch interspezifische Kreuzungen zwischen *P. tremula*, *P. tremuloides*, *P. alba*, *P. × canscens* und weiteren Arten der Sektion *Populus*. Insbesondere Hybriden zwischen Europäischer und Amerikanischer Aspe (*P. tremula* × *P. tremuloides*) haben bereits in früheren Versuchen ihre gute Wuchsleistung bewiesen. Durch gelenkte Kreuzung erzeugte Nachkommenschaften haben eine im Vergleich zu Klonen höhere genetische Vielfalt, die erst bei der Auswahl von Einzelindividuen und deren vegetativer Vermehrung eingeengt wird.

Im vom BMEL geförderten Verbundvorhaben „FastWood“ (2008-2011; Fkz.: 07NR111 bzw. 22011107) wurde im Frühjahr 2010 eine zweite Kreuzungsserie realisiert. Dabei wurde der Schwerpunkt auf Kreuzungen mit Hybridaspn gelegt, wobei es sowohl die Kombination von Hybriden untereinander als auch mit Vertretern der Elternarten gab. Insgesamt wurden 50 Kreuzungen durchgeführt. Von 39 Kreuzungen wurde Saatgut in unterschiedlicher Menge erhalten.

Tabelle: Versuchsflächen der Nachkommenschaftsprüfung (Serie 2011)

Nr.	Versuchsort	Jahr	Prüfglieder	Pflanzen/PG	Verband	Größe
AS11/1	Thammenhain	2011	35	144	2 m x 0,75 m	1,5 ha
AS11/2	Altlandsberg	2011	42	144	2 m x 0,75 m	1,0 ha
Bio13	Trenthorst	2011	30	144-300	2 m x 0,75 m	1,4 ha

Bei den Flächen in Trenthorst (Bio13) handelt es sich um einen besseren Ackerstandort mit der Ackerzahl 53. Der Boden ist ein sandiger Lehm, der in den Senken (Bio13) Grundwasser beeinflusst ist. Der Grobporenanteil ist gering, was dazu führt, dass der Boden bei Nässe stark schmiert und bei Trockenheit verkrustet.

Breite der Streifen: 12 m

Parzellenaufbau: jeweils 6 Reihen mit 5-10 Pflanzen je Nachkommenschaft in der Reihe

Hintergrund und Zielsetzung

Die zunehmende Aufmerksamkeit, die das Töten der männlichen Küken aus Legelinien erfuh, führte bereits zu dessen Verbot ab 2022. Dennoch bleibt allgemein die Herausforderung, dass bei Brudertieren, also auch Bruderkläbern, oft die Lege – oder Milchleistung der weiblichen Tiere den Mastleistungen der männlichen Tiere (ihrer Brüder) entgegenstehen. So braucht es neue Konzepte, in denen der höhere Aufwand für die Fütterung der männlichen Tiere aufgefangen wird.

Kurzumtriebsplantagen (KUP) können für sich genommen bereits gewinnbringend sein, integriert in einem silvopastoralen System aber noch weitere Synergieeffekte ermöglichen. Dass mit schnellwachsenden Bäumen wie z. B. Pappeln in kurzer Zeit ein naturnaher Lebensraum für Geflügel geschaffen werden kann, ist inzwischen bekannt. Die KUPs können dabei dem Geflügel zur Futtersuche dienen, ein angenehmeres Mikroklima und Schutz vor Beutegreifern bieten. Der Flächenverbrauch der durch geringere Masteffizienz gekennzeichneten Hähne würde reduziert und möglicherweise die Wirtschaftlichkeit der KUPs gesteigert werden. Allerdings noch wenig erforscht ist, wie sich etablierte KUP langfristig am besten im Einklang mit der Tierhaltung bewirtschaften lassen.

Vorgehensweise

Unser Ziel ist es deshalb ein silvopastorales System zu erkunden, das ohne Abstriche beim finanziell lukrativen Gehölzanbau auch das Halten von Brudertieren ermöglicht und weiterhin als Gesamtsystem über Synergieeffekte auch gewinnbringend bleibt. Wir wollen herausfinden, wie sich die Integration der Bruderhahnaufzucht in die institutseigene streifenförmige KUP und die Kombination mit Bruderkläbern auf Verluste und Auslaufverhalten der Bruderhähne auswirkt und ob sich daraus ein ökonomisch tragfähiges System entwickeln kann. Ein besonderes Augenmerk gilt dabei Pappelstreifen nach der ersten Ernte.

[Quelle: <https://www.thuenen.de/de/fachinstitute/oekologischer-landbau/projekte/gefluegelhaltung-1/bruderweide>]