Forstgenetik und Naturschutz

5. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung am 15./16. Juni 2016 in Chorin

Tagungsband

Mirko Liesebach (ed)

Thünen Report 45

Bibliografische Information:
Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikationen in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet unter www.dnb.de abrufbar.

Bibliographic information:
The Deutsche Nationalbibliothek (German National Library) lists this publication in the German National Bibliography; detailed bibliographic data is available on the Internet at www.dnb.de

Bereits in dieser Reihe erschienene Bände finden Sie im Internet unter www.thuenen.de

Volumes already published in this series are available on the Internet at www.thuenen.de

Zitationsvorschlag – *Suggested source citation:*
Liesebach M (ed) (2016) Forstgenetik und Naturschutz : 5. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung am 15./16. Juni 2016 in Chorin ; Tagungsband. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, 95 p, Thünen Rep 45, DOI:10.3220/REP1481033372000

Die Verantwortung für die Inhalte liegt bei den jeweiligen Verfassern bzw. Verfasserinnen.

The respective authors are responsible for the content of their publications.

THÜNEN

Thünen Report 45

Herausgeber/Redaktionsanschrift – *Editor/address*

Johann Heinrich von Thünen-Institut
Bundesallee 50
38116 Braunschweig
Germany

thuenen-report@thuenen.de
www.thuenen.de

ISSN 2196-2324
ISBN 978-3-86576-164-4
DOI:10.3220/REP1481033372000
urn:nbn:de:gbv:253-201612-dn057763-4

Forstgenetik und Naturschutz

5. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung am 15./16. Juni 2016 in Chorin

Tagungsband

Mirko Liesebach (ed)

Thünen Report 45

Mirko Liesebach (ed)

Thünen-Institut für Forstgenetik
Sieker Landstr. 2
22927 Großhansdorf

Telefon: +49 4102 696156

Fax: +49 4102 696200

E-Mail: mirko.liesebach@thuenen.de

Thünen Report 45

Braunschweig/Germany, Dezember 2016

Vorwort

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

Am 15./16. Juni 2016 richtetet die Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung ihre 5. Tagung in Chorin/Brandenburg aus. Die Tagung begann mit einer Exkursion auf deren Programm anlässlich des 70-jährigen Bestehens unter anderem ein Besuch des Forschungsstandorts Waldsieversdorf stand, an dem sich das Thünen-Institut für Forstgenetik und die Landesstelle für forstliches Vermehrungsgut befinden. Der Schwerpunkt des Vortragstages lag auf dem Thema „Forstgenetik und Naturschutz“.

Um die Ergebnisse der gut besuchten Veranstaltung einer breiten Öffentlichkeit zugänglich zu machen, wird der Inhalt ausgewählter Präsentationen im Folgenden wiedergegeben.

Schlüsselworte: Forstgenetik, Forstpflanzenzüchtung, Naturschutz, Klimawandel

MIRKO LIESEBACH
Obmann der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung

Abstract

In 2009 the “Section Forest Genetics/Forest Tree Breeding” was established within the “German Union of the Forest Research Stations” (DVFFA) that was founded in 1951. The section was formed by consolidating of the “Working Group of Forest Genetics and Tree Breeding” from 1950 and the “Forum Genetics-Forests-Forest management” existing since 1980. It is an open platform where knowledge exchange becomes mutually beneficial for both scientists and other interested audiences. Our main topics cover forest tree breeding, molecular and quantitative genetics, including population genetics and provenance research, the conservation of forest genetic resources as well as seed science.

The 5th meeting of the “Section Forest Genetics/Forest Tree Breeding” took place in Chorin/Brandenburg from June 15–16, 2016. The meeting started with an excursion, where we went to the research location Waldsieversdorf on the occasion of its 70th anniversary visiting the Thünen Institute of Forest Genetics and the Department of Forest Reproductive Material of the State Forest Enterprise Brandenburg. The presentations on the second day focused on the topic “Forest Genetics and Nature Conservancy”.

Selected presentations are published in these proceedings to give the interested community access to results of the meeting.

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

MIRKO LIESEBACH
Chairman of the Section Forest Genetics/Forest Tree Breeding

Die Exkursionsteilnehmer vor dem Thünen-Institut für Forstgenetik in Waldsieversdorf (Foto: D. METTKE)

The participants of the excursion in front of the Thünen Institute of Forest Genetics in Waldsieversdorf

Inhalt

1 Vorwort, Abstract

3 Gruppenbild

4 Inhalt

MONIKA KONNERT, MICHAELA HAVERKAMP
5 **Gebietsheimische Gehölze im Spannungsfeld zwischen Forstwirtschaft und Naturschutz**

MIRKO LIESEBACH, VOLKER SCHNECK
15 **Ist die Einteilung der forstlichen Herkunftsgebiete in Deutschland noch zeitgemäß?**

STEFANIE REIM, FRANK LOCHSCHMIDT, ANKE PROFT, HEIKE WOLF, UTE TRÖBER, HEINO WOLF
21 **Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen**

RALF KÄTZEL, FRANK BECKER, JENS SCHRÖDER, MATTHIAS ZANDER, LUDGER LEINEMANN, SONJA LÖFFLER
30 **Vom genetischen und naturschutzfachlichen Wert der Alteichen der Schorfheide und über Wege zur Erhaltung ihrer genetischen Ressourcen**

HEINO WOLF, UTE TRÖBER, STEFANIE REIM, LUTZ WEINBRECHT
46 **Beiträge der forstlichen Generhaltung zur Lösung naturschutzfachlicher Aufgaben**

ELIZABETH M. GILLET, MARTIN ZIEHE
56 **Wie Wind die genetische Variation im Saatgut beeinflussen kann**

HILKE SCHRÖDER, BERND DEGEN, BIRGITT KERSTEN
66 **Anwenderfreundliche DNA-Marker zur Herkunftsidentifizierung von Eichenholz**

KATHARINA VOLMER, MEIK MEIßNER, WILFRIED STEINER, ALWIN JANßEN
74 **Aktuelle Züchtungsarbeiten bei der Baumart Fichte im Rahmen des Projektes FitForClim**

KATHARINA J. LIEPE, MIRKO LIESEBACH
78 **Die Berücksichtigung kleinräumiger Standortsunterschiede verbessert die Evaluation von Nachkommenschaftsprüfungen**

ANDRÉ HARDTKE, MEIK MEIßNER, WILFRIED STEINER, ALWIN JANßEN
89 **Beerntungs- und Behandlungsmaßnahmen von Saatguterntebeständen der Eiche zur Optimierung der Saatgutqualität**

Gebietsheimische Gehölze im Spannungsfeld zwischen Forstwirtschaft und Naturschutz

MONIKA KONNERT[1], MICHAELA HAVERKAMP[2]

[1]Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP), Teisendorf
[2]Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), Referat 321, Bonn

Einführung

Sowohl bei den Waldbaumarten als auch bei Straucharten haben sich natürliche Populationen im Zuge der Evolution an die unterschiedlichen standörtlichen Bedingungen in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet angepasst und Lokalrassen, auch als Provenienzen oder Herkünfte bezeichnet, herausgebildet. Mit der Wahl der Herkunft wird über die erblich bedingten Eigenschaften der zukünftigen Baum- und Strauchpopulation entschieden, aber auch über die Beeinflussung des Genpools benachbarter Bestände bzw. Vorkommen. In der Forstwirtschaft wurde bereits früh erkannt und durch Herkunftsversuche erwiesen, dass die Verwendung der passenden Herkunft die ökologische Stabilität und die langfristige ökonomische Leistungsfähigkeit der Wälder sichert. Gesetzliche Bestimmungen, die ihre Anfänge in den 1930er Jahren haben, tragen diesem Umstand Rechnung. Nicht zuletzt als Folge der Bemühungen zur Erhaltung natürlicher Genressourcen entstand ab den 1980er Jahren ein Problembewusstsein zu diesem Thema im Bereich des Natur- und Umweltschutzes. Zum Schutz der heimischen Biodiversität wurde 2009 in § 40 (4) des Bundesnaturschutzgesetzes (BNatSchG) eine Regelung eingeführt, nach der ab 2020 keine gebietsfremden Herkünfte in der freien Natur ausgebracht werden dürfen. Im Folgenden werden die Ähnlichkeiten und Unterschiede zwischen den derzeit gültigen Regelungen zum Vermehrungsgut von Baum- und Straucharten bei Verwendung im Wald und in der freien Natur vergleichend dargestellt. In diesem Zusammenhang wird auch auf das Positionspapier zum Thema gebietseigene Gehölze der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen“ verwiesen (BLAG 2016).

Zum besseren Verständnis werden vorab einige in den Gesetzen bzw. Empfehlungen enthaltenen Begriffe kurz erläutert.

Als ***heimisch*** wird eine wild lebende Tier- oder Pflanzenart bezeichnet, die ihr Verbreitungsgebiet oder regelmäßiges Wanderungsgebiet ganz oder teilweise *a)* im Inland hat oder in geschichtlicher Zeit hatte oder *b)* auf natürliche Weise in das Inland ausdehnt (BNatSchG § 7).

Demgegenüber gilt eine wild lebende Tier- oder Pflanzenart als ***gebietsfremd*** wenn sie in dem betreffenden Gebiet in freier Natur nicht oder seit mehr als 100 Jahren nicht mehr vorkommt (BNatSchG § 7).

Eine ***autochthone*** Population hat in einem langen Zeitraum im selben Habitat (dem Ursprungsort) durch natürliche Verjüngung überlebt.

Als ***gebietseigen*** werden Pflanzen bezeichnet, die aus Populationen einheimischer Sippen stammen, die sich in einem bestimmten Naturraum über einen langen Zeitraum in vielen Generationsfolgen vermehrt haben und bei denen eine genetische Differenzierung gegenüber Populationen in anderen Naturräumen anzunehmen ist (BMU 2012).

Regelungen für Vermehrungsgut zur Verwendung im Wald (forstliches Vermehrungsgut)

Auf Ebene der EU bildet die **Richtlinie 105/1999** den Rahmen für die Produktion, die Kontrolle und den Handel mit forstlichem Vermehrungsgut. Diese Richtlinie ist mit dem **Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG)** in Deutschland in nationales Recht umgesetzt (https://www.gesetze-im-internet.de/fovg/BJNR165800002.html).

Zweck dieses Gesetzes ist es: *„den Wald mit seinen vielfältigen positiven Wirkungen durch die Bereitstellung von hochwertigem und identitätsgesichertem forstlichen Vermehrungsgut in seiner genetischen Vielfalt zu erhalten und zu verbessern sowie die Forstwirtschaft und ihre Leistungsfähigkeit zu fördern".* Das FoVG regelt die Zulassung von Ausgangsmaterial, die Erzeugung, das Inverkehrbringen, die Ein- und Ausfuhr sowie die Herkunfts- und Identitätssicherung von forstlichem Vermehrungsgut. Für die Verwendung gibt es Empfehlungen der einzelnen Bundesländer (als Herkunftsempfehlungen bezeichnet).

Das Gesetz bezieht sich auf Saatgut, Pflanzgut und Pflanzenteile von Baumarten und Hybriden, die für forstliche Zwecke von Bedeutung sind. Diese sind in Anhang 1 der EU-Richtlinie 105/1999 enthalten (Anonymus 2000). Im FoVG wurde schließlich 28 der 47 Baumarten aus der EU-Liste eine besondere forstliche Bedeutung in Deutschland zugeschrieben. Für diese Baumarten wurden durch die Forstvermehrungsgut-Herkunftsgebietsverordnung (https://www.gesetze-im-internet.de/bundesrecht/fsaatherkv/gesamt.pdf) in Deutschland Herkunftsgebiete ausgewiesen und eine Baumartenziffer festgelegt. Für die weiteren 19 in der EU-Liste aufgeführten Baumarten, die für den Wald in Deutschland derzeit von geringer Bedeutung sind, wurden keine Herkunftsgebiete festgelegt. Somit sind Zulassung und Beerntung von Ausgangsmaterial in Deutschland von z.B. Libanon-Zeder, Zerr-Eiche, Flaum-Eiche oder Schmalblättriger Esche regulär nicht möglich. Vermehrungsgut dieser Baumarten, das gemäß der o.g. EU-Richtlinie von zugelassenem Ausgangsmaterial aus anderen EU-Mitgliedsstaaten stammt, kann aber für forstliche Zwecke in Deutschland angezogen und in den Verkehr gebracht werden (BAIER und GÜNZELMANN 2016). Baumarten, die nicht in der EU-Liste enthalten sind, wie z.B. die seltenen heimischen Baumarten Eibe, Feld-Ahorn, Elsbeere, Vogelbeere, Speierling, Strobe, Ulme sind auch bei Verwendung im Wald nicht über das FoVG geregelt.

Das FoVG unterscheidet zwischen folgenden Kategorien von forstlichem Vermehrungsgut:

- „Ausgewählt" – Vermehrungsgut stammt aus nach phänotypischen Merkmalen ausgesuchten Beständen
- „Qualifiziert" – Vermehrungsgut stammt aus Plantagen
- „Geprüft" – Vermehrungsgut stammt aus Beständen oder Plantagen, deren Nachkommen sich in einer Feldprüfung als besonders wüchsig erwiesen haben.

Regelungen für Vermehrungsgut zur Verwendung in der freien Landschaft

Zweck des **Bundesnaturschutzgesetzes** ist der *„Schutz von Natur und Landschaft auf Grund ihres eigenen Wertes und als Grundlage für Leben und Gesundheit des Menschen".* Mit der Novelle des Gesetzes vom 29. Juli 2009 (BGBl. I S. 2542) (https://www.gesetze-im-internet.de/bnatschg_2009/) wurde in § 1 auch die nachhaltige Sicherung der biologischen Vielfalt als eines von drei Hauptzielen des Naturschutzes und der Landschaftspflege verankert. Der Schutz der biologischen Vielfalt umfasst dabei auch die genetische Vielfalt innerhalb der Arten. Des Weiteren soll mit der Neufassung des BNatSchG (§ 40) die Verwendung heimischer Gehölze aus regionaler Herkunft gefördert werden. Dazu soll in der freien Landschaft Saat- und Pflanzgut verwendet werden, dass seinen genetischen Ursprung in dem entsprechenden Gebiet hat. Um dies sicher zu stellen, legt das Bundesnaturschutzgesetz für wild lebende Arten fest, dass die gewerbsmäßige Ernte und die Ausbringung genehmigt werden müssen. Bis zum 01. März 2020 gilt eine Übergangsregelung, ab dem

02. März 2020 müssen die Vorschriften des § 40 Absatz 4 BNatSchG ohne Abweichungsmöglichkeiten in den Ländern vollzogen werden (BMU 2012).

Im Unterschied zum Forstvermehrungsgutgesetz regelt das Bundesnaturschutzgesetz nicht, wie gebietseigene Gehölze erzeugt bzw. in Verkehr gebracht werden sollen.

Das Bundesnaturschutzgesetz bezieht sich auf besiedelte und unbesiedelte Bereiche, hat aber in Paragraph (§ 5, Abs. 3) auch einen Hinweis zum Wald indem es festlegt, dass *„bei der forstlichen Nutzung des Waldes das Ziel zu verfolgen ist, naturnahe Wälder aufzubauen und diese ohne Kahlschläge nachhaltig zu bewirtschaften. Ein hinreichender Anteil standortheimischer Forstpflanzen ist einzuhalten*. Allerdings ist auch ausdrücklich festgelegt, dass Land- und Forstwirtschaft von den Regelungen des §40 BNatSchG ausgenommen sind.

Die Regelungen gelten für wichtige Baum- und Straucharten, die häufiger in der freien Landschaft gepflanzt werden. Eine Auswahl dieser Arten enthält der Leitfaden zur Verwendung gebietseigener Gehölze (BMU 2012). Darunter sind auch 10 Baumarten, die auch den Regelungen des FoVG unterliegen, u.zw. Spitz-Ahorn, Berg-Ahorn, Schwarz-Erle, Grau-Erle, Sand-Birke, Moor-Birke, Hainbuche, Ess-Kastanie, Rot-Buche und Gewöhnliche Esche. Eine Unterscheidung in mehrere Kategorien von Saatgut wird hier nicht vorgenommen.

Herkunftsgebiete und Vorkommensgebiete

Um den erheblichen naturräumlichen Unterschieden in Deutschland Rechnung zu tragen und die unterschiedlichen Wuchsbedingungen sowie die Anpassung der Baumpopulationen an diese besser berücksichtigen zu können wurden für die 28 als forstlich bedeutsam eingestuften Baumarten Herkunftsgebiete abgegrenzt. Ähnlich wurde für Baum- und Straucharten in der freien Landschaft verfahren. Hier wird der Begriff „Vorkommensgebiete“ verwendet, um die Unterschiede zu den forstlichen „Herkunftsgebieten“ sichtbar zu machen.

Die Abgrenzung der Herkunftsgebiete ist durch die Forstvermehrungsgut-Herkunftsgebiets-verordnung – FoVHgV vom 07. Oktober 1994 (BGBL. I S. 3578), geändert durch Artikel 1 der Verordnung vom 15. Januar 2003 (BGBL. I S. 238) geregelt (https://www.gesetze-im-internet.de/bundesrecht/fsaatherkv/gesamt.pdf). Grundlage für die Ausweisung sind 46 ökologische Grundeinheiten, die unter Berücksichtigung standörtlicher und geobotanischer Kriterien abgegrenzt wurden. Um der Anpassung an die Höhenlage Rücksicht zu tragen, wurde bei manchen Herkunftsgebieten auch eine Höhenabstufung vorgenommen. Jedes Herkunftsgebiet hat einen spezifischen „Herkunftsgebietsnamen“, mit Bezug zu der Region in der es liegt und fallweise auch zu der Höhenstufe, auf die es sich bezieht (z.B. Alpen und Alpenvorland, submontane Stufe) sowie eine Kurzbezeichnung aus einer fünfstelligen Ziffer, die auch die Baumartenziffer enthält (z.B. 827 11, 827= Baumartenziffer Weiß-Tanne). Die forstlichen Herkunftsgebiete in Deutschland sind baumartenspezifisch und berücksichtigen sowohl die wirtschaftliche Bedeutung einer Baumart als auch Vorkommen mit besonderen Eigenschaften (z.B. die Spessarteiche). Deshalb ist auch die Anzahl von Herkunftsgebieten je nach Baumart verschieden. Während z.B. bei Baumarten wir Edel-Kastanie oder Schwarz-Kiefer deutschlandweit nur 2 Herkunftsgebiete ausgewiesen sind, sind es bei der Buche 26 (Abb. 1) und bei der Fichte sogar 30.

Um der Anpassung von Baum- und Straucharten an unterschiedliche ökologische Bedingungen Rechnung zu tragen, wird im Leitfaden zur Verwendung gebietseigener Gehölze (BMU 2012) empfohlen, für alle Arten in Deutschland sechs Vorkommensgebiete auszuweisen (Abb. 2).

Die Konzeption geht auf SCHMIDT und KRAUSE (1997) zurück. Grundlage der Abgrenzung sind auch hier die ökologischen Grundeinheiten, wie bei den Herkunftsgebieten. Eine Höhenabstufung wird in keinem der Vorkommensgebiete vorgenommen. Die Abgrenzung in sechs Vorkommensgebiete ist gesetzlich nicht bindend, sondern nur eine Empfehlung und lässt die Möglichkeit weiterer Unterteilungen, sofern naturschutzfachlich gerechtfertigt. Einige Bundesländer (z.B. Bayern, Baden-

Württemberg, Brandenburg) haben nach fachgutachterlicher Einschätzung der verantwortlichen Stellen solche ergänzenden Differenzierungen bei bestimmten Vorkommensgebieten vorgenommen. Bayern und Baden-Württemberg haben aufgrund erheblicher naturräumlicher Unterschiede innerhalb der Vorkommensgebiete 4, 5 und 6 diese weiter unterteilt (vgl. Tab. 1).

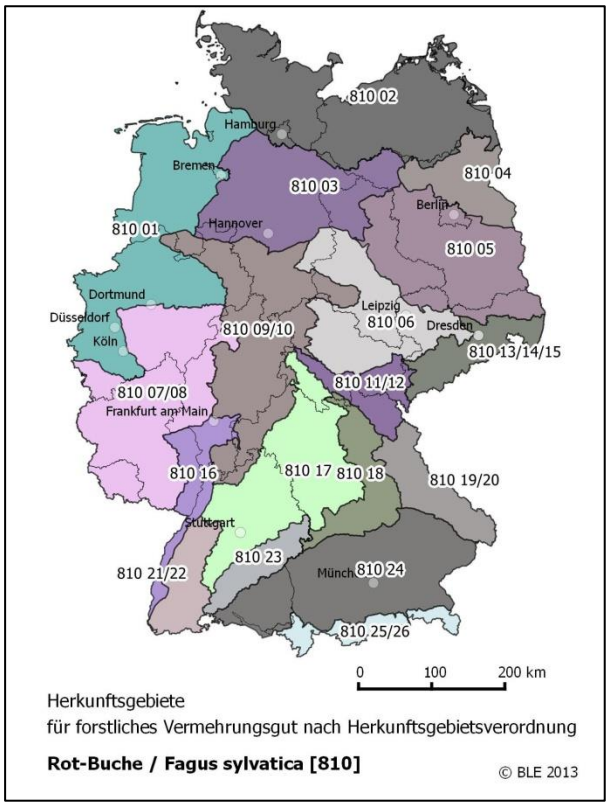

Abb. 1: Herkunftsgebiete der Rot-Buche (BLE 2013)

Abb. 2: Empfohlene Vorkommensgebiete gebietseigener Gehölze

Tab. 1: Unterteilung der Vorkommensgebiete für gebietseigene Gehölze in Süddeutschland (http://www.lfu.bayern.de/natur/gehoelze_saatgut/gehoelze/index.htm)

Vorkommensgebiete nach BMU 2012		**Differenzierung der Vorkommensgebiete in Bayern und Baden-Württemberg**	
Vorkommensgebiet 4	Westdeutsches Bergland und Oberrheingraben	Vorkommensgebiet 4.1	Westdeutsches Berg-land, Spessart-Rhön-Region
		Vorkommensgebiet 4.2	Oberrheingraben
Vorkommensgebiet 5	Schwarzwald, Württembergisch-Fränkisches Hügelland und Schwäbisch-Fränkische Alb	Vorkommensgebiet 5.1	Süddeutsches Hügel- und Bergland, Fränkische Platten und Mittelfränkisches Becken
		Vorkommensgebiet 5.2	Schwäbische und Fränkische Alb
Vorkommensgebiet 6	Alpen und Alpenvor-land	Vorkommensgebiet 6.1	Alpenvorland
		Vorkommensgebiet 6.2	Alpen

Bei Baumarten, die sowohl für forstliche Zwecke (geregelt durch das FoVG) als auch in der freien Landschaft verwendet werden (geregelt durch das BNatSchG) gibt es somit 2 unterschiedliche Regelungen, die bei der Produktion beachtet werden müssen: die der Herkunftsgebiete und die der Vorkommensgebiete. Das dies die Produktionsprozesse in den Baumschulen nicht einfacher macht, liegt auf der Hand. Der Leitfaden für gebietseigene Gehölze empfiehlt daher, dass für FoVG-Arten die Herkunftsgebiete nach FoVG gelten sollen, wenn bei diesen sechs oder weniger Herkunftsgebiete festgelegt sind. Für FoVG-Arten mit mehr als sechs Herkunftsgebieten wird die Verwendung der sechs Vorkommensgebiete empfohlen. Wie die Empfehlung zur Umschlüsselung in der Praxis umgesetzt werden soll, ist nach wie vor unklar.

Tab 2: Angaben zur Anzahl von Herkunftsgebieten (HKG) und empfohlenen Vorkommensgebieten (VKG) für ausgewählte Baumarten

Baumart	**HKG**	**VKG**	**Höhenzonierung**
Berg-Ahorn	11	6	ja
Douglasie	6	6	Ja
Esche	8	6	Nein
Europäische Lärche	7	6	Ja
Fichte	30	6	Ja
Kiefer	23	6	Ja
Rot-Buche	26	6	Ja
Schwarz-Erle	8	6	Nein
Stiel-Eiche	9	6	Nein
Trauben-Eiche	13	6	Nein
Weiß-Tanne	12	6	Ja
Winter-Linde	8	6	Nein

Zwei Produktionsschienen in derselben Baumschule für eine Art komplizieren die Arbeits- und Kontrollabläufe und bergen die Gefahr von Verwechslungen. Gleiches gilt für doppelte Einträge auf Stammzertifikaten und Begleitpapieren.

Eine Umschlüsselung sämtlicher forstlicher Erntebestände in Anpassung an die Vorkommensgebiete ist angesichts der hohen Anzahl zugelassener Erntebestände im Forst (allein in Bayern über 5.000) als auch der Tatsache, dass es sich bei diesen nicht zwingend um gebietseigene Pflanzen handeln muss („gebietseigen" ist kein zwingendes Auswahlkriterium in der Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung; https://www.gesetze-im-internet.de/fovzv/BJNR472100002.html) mit Unsicherheiten und sehr hohem Arbeitsaufwand verbunden. Zudem bleibt das Dilemma der Höhenzonierung, die bei den Vorkommensgebieten nicht umgesetzt werden kann.

Deshalb wäre die Übernahme der FoVG Regelungen auch für die freie Landschaft der einfachste und sicherste Weg. Diese Option sieht der Leitfaden für den Einzelfall auch vor.

Kontrollregelungen und private Zertifizierungssysteme

Im FoVG ist die Kontrolle aller Verfahrensschritte von der Ernte bzw. Vermehrung über die Aufbereitung, die Lagerung, Anzucht und Weitergabe an den Endverbraucher bis zum Verkauf gesetzlich geregelt. Ziel ist die Rückverfolgbarkeit der Herkunft des Forstvermehrungsgutes entlang des gesamten Produktionsprozesses. Die gesetzliche Kontrolle wird von hoheitlich tätigen Forstbeamten vorgenommen. Dazu wird jede Ernteeinheit mit einer Nummer (sog. Registernummer) versehen und in ein staatlich geführtes Ernteregister eingetragen. Erst dann darf sie beerntet werden.

Bei der Ernte müssen die Partien nach Zulassungseinheiten (also Erntebestand, Samenplantage etc.) getrennt gehalten und jede Erntepartie mit einem Stammzertifikat mit individueller, nur einmal vorgesehener Nummer gekennzeichnet werden. Bei Mischungen, die nur in Anwesenheit eines Kontrollbeamten vorgenommen werden dürfen, wird ein Mischzertifikat mit neuer Nummer erstellt. Auf diesem sind die Stammzertifikatsnummern der gemischten Partien und die Mischungsanteile vermerkt. Die Stammzertifikatsnummer muss auch auf den Lieferpapieren vermerkt sein, die die Saatgut- oder Pflanzenpartien beim Besitzerwechsel begleiten. Nur so ist eine Rückverfolgbarkeit entlang der gesamten Produktionskette möglich. Firmen, die forstliches Vermehrungsgut produzieren, müssen sich bei der für den Vollzug des Gesetzes zuständigen Stelle („Landesstelle nach FoVG") anmelden und müssen alle Geschäftsvorgänge entsprechend dokumentieren. Diese Dokumentation kann von den Kontrollbeamten jederzeit eingesehen werden.

Neben der gesetzlichen Kontrolle gibt es in Deutschland noch zwei privatrechtlich organisierte Zertifizierungssysteme – nämlich Züf (*www.**zuef**-forstpflanzen.de/)* und FFV (http://isogen.de/zertifizierung/). Entscheidende Elemente beider Systeme sind eine lückenlose Dokumentation aller Vorgänge bei Produktion und Handel in einer Datenbank sowie die Entnahme von Referenzproben an verschiedenen Stellen des Produktionsprozesses für stichprobenartige genetische Vergleichsuntersuchungen (z.B. KONNERT und HOSIUS 2008). Beide Systeme ergänzen die Vorgaben des FoVG und stellen für den Markt Vermehrungsgut mit überprüfbarer Herkunft bereit.

Das BNatSchG sieht keine gesetzlichen Kontrollregelungen für gebietseigene Gehölze vor. Die Kontrolle und Zertifizierung erfolgt ausschließlich durch privatrechtlich organisierte Zertifizierungssysteme. Diese sollen sich an den Empfehlungen einer Arbeitsgruppe orientieren, die Mindeststandards zur Zertifizierung gebietseigener Gehölze erarbeitet hat (https://blag-gr.genres.de//fileadmin/SITE_GENRES/downloads/docs/BLAG/gehoelze_zertifizierung_bf.pdf).

Darin wird die Schaffung der Voraussetzungen für eine lückenlose Kontrolle und Dokumentation über alle Stadien des Produktionsverlaufs gebietseigener Gehölze bis zum Endverbraucher gefordert. Die dafür vorgeschlagene Vorgehensweise ist teilweise mit den Vorgaben des FoVG und seiner Durchführungsverordnungen kompatibel. Um die Rückverfolgbarkeit der Ware bis zu den

Erntebeständen zu gewährleisten wird z.B. die Dokumentation aller Erntebestände anhand einer Erntebestandsnummer als notwendig erachtet, vergleichbar der Registernummer bei FoVG-Beständen. Jede Erntepartie muss eine Referenznummer erhalten, ähnlich der Stammzertifikatsnummer bei FoVG. Saatgutmischungen sollten sich an § 3 Forstvermehrungsgut-Durchführungsverordnung (FoVDV) (https://www.gesetze-im-internet.de/fovdv/BJNR471100002.html) orientieren. Vor der Beerntung eines zugelassenen Bestandes ist die Genehmigung des Flächeneigentümers einzuholen. Nach FoVG muss der Eigentümer die Erntefirma vor Erntebeginn in den Bestand einweisen und sicherstellen, dass die Ernte nur im zugelassenen Bestand erfolgt.

Die Entnahme von Referenzproben und die Durchführung genetischer Vergleichsuntersuchungen zur Herkunftskontrolle werden als nicht notwendig erachtet, kann aber auf freiwilliger Basis geschehen, als zusätzliches Qualitätsmerkmal. Die labortechnischen Möglichkeiten für solche Untersuchungen mit Hilfe von Genmarker gibt es inzwischen auch für seltene Baumarten und ausgewählte Straucharten (siehe weiter unten).

Für die gebietseigenen Gehölze gibt es in Deutschland bereits mehrere Zertifizierungssysteme auf privatwirtschaftlicher Basis. Noch erfüllen nicht alle die empfohlenen Mindeststandards, so dass hier weiterer Optimierungsbedarf besteht, vor allem in der lückenlosen Rückverfolgbarkeit, die mit der Ausweisung und Registrierung der Erntebestände beginnt.

Verwendungsempfehlungen im Forst und in der freien Landschaft

Wie bereits gesagt, regelt das FoVG nicht die Verwendung von forstlichem Vermehrungsgut. Dies geschieht über von den Bundesländern erstellte Herkunftsempfehlungen. Unter dem Stichwort „Herkunftsempfehlungen“ sind diese für die meisten Bundesländer im Internet abrufbar. Die Herkunftsempfehlungen gründen auf den Ergebnissen jahrzehntelanger Forschungsarbeiten zur Herkunftsfrage bei den Waldbaumarten und auf den Erfahrungen der forstlichen Praxis. Für ein Herkunftsgebiet einer Baumart wird eine oder mehrere Herkünfte empfohlen. Sind diese nicht verfügbar, kann auf ausgewiesene Ersatzherkünfte ausgewichen werden. In Tabelle 3 sind als Beispiel die Herkunftsempfehlungen für Rot-Buche in den Ostbayerischen Mittelgebirgen angegeben.

Tab. 3: Herkunftsempfehlungen für die Rot-Buche in Ostbayern. Zur Lage der Herkunftsgebiete siehe Abb. 1.

810 19	**Bayerischer und Oberpfälzer Wald – submontane Stufe bis 800 m**			
	1.	***Herkünfte***	➢ **810 19**	**Kategorie ausgewählt**
	2.	Ersatzherkünfte	➢ 810 11	Kategorie ausgewählt
			➢ 810 14	
			➢ 810 25	
810 20	**Bayerischer und Oberpfälzer Wald – hochmontane Stufe über 800 m**			
	1.	***Herkünfte***	➢ **810 20**	**Kategorie ausgewählt**
	2.	Ersatzherkünfte	➢ 810 12	Kategorie ausgewählt
			➢ 810 14	
			➢ 810 15	
			➢ 810 19 (über 600 m) ***)**	
			➢ 810 26	

*) Höhenlage des Erntebestandes muss überprüft werden. Dazu Angaben aus Lieferschein (Register-Nummer) und Erntezulassungsregister benutzen.

Die Einhaltung der Herkunftsempfehlungen ist im Staatswald verbindlich (vorbildliche Waldbewirtschaftung) und in den meisten Bundesländern im Privatwald förderrelevant. Zudem ist sie die Grundlage für die Bewirtschaftung von Wäldern, die nach PEFC und FSC zertifiziert sind.

Das Bundesnaturschutzgesetz legt die Verwendung gebietseigener Gehölze fest. Die im „Leitfaden zur Verwendung gebietseigener Gehölze“ genannten Gehölze dürfen ab 2020 nur innerhalb ihrer Vorkommensgebiete ausgebracht werden. Die Verwendung von Ersatzherkünften ist nicht vorgesehen. Abweichungen bedürfen dann einer Genehmigung durch die zuständige Behörde.

Hinweise zu genetischen Untersuchungen bei seltenen Baum- und Straucharten

Mit dem neuen Bundesnaturschutzgesetz, das ab 2020 die ausschließliche Verwendung gebietseigener Gehölze vorsieht, wird die Frage der Herkunftsüberprüfung mit genetischen Verfahren auch bei Sträuchern an Bedeutung gewinnen. Die technischen Möglichkeiten der Analyse mittels Genmarkern bei seltenen Baumarten und Straucharten sind bereits vorhanden bzw. werden laufend optimiert. Die folgenden Beispiele können dazu für einige Arten nur einen kleinen Einblick geben.

So wurden zur Analyse des Roten (syn. Europäischen) Hartriegels (*Cornus sanguinea*, L., Cornaceae) 16 hochvariable Kernmikrosatelliten-Marker entwickelt, mit denen klonale Strukturen innerhalb der Vorkommen aufgedeckt und genetische Unterschiede zwischen den Vorkommen nachgewiesen werden konnten. Die Marker erlauben die Rückverfolgung des Vermehrungsgutes auf die Erntevorkommen und sind damit für die Herkunftskontrolle bei Hartriegel geeignet (CREMER et al. 2014, WADL et al. 2013). Gleiches gilt für Schlehe und Haselnuss, für die sowohl Isoenzymgenmarker (LEINEMANN et al. 2002) als auch AFLP und cpDNA-Mikrosatelliten zur Verfügung stehen (LEINEMANN et al. 2013, 2014).

Auch für viele seltene Baumarten wie z.B. Elsbeere, Eibe, Schwarz-Pappel, Wild-Apfel, Feld-Ahorn stehen inzwischen geeignete Genmarker zur Verfügung. Sie werden überwiegend zur Bestimmung der genetischen Variation innerhalb und zwischen den Vorkommen als Entscheidungshilfe bei Erhaltungsmaßnahmen (z.B. BLE 2012, CREMER et al. 2014, TRÖBER et al. 2004, KLUMPP und DHAR 2011) und zur Artunterscheidung (z.B. WAGNER et al. 2013, ANONYMUS 2012) eingesetzt. Auf die Möglichkeiten zur Verwendung solcher Verfahren und Genmarker für die Herkunftssicherung wurde aber bereits hingewiesen (LEINEMANN et al. 2014).

Fazit

Sowohl FoVG als auch BNatSchG leisten einen wichtigen Beitrag zur Sicherung der Genressourcen von Baum- und Straucharten sowie zum Erhalt der genetischen Vielfalt im Sinne des internationalen Übereinkommens über die biologische Vielfalt (CBD). Die Regelungen zur Umsetzung und Zielerreichung sind jedoch grundsätzlich verschieden. Eine stärkere Zusammenarbeit zwischen Naturschutz und Forstwirtschaft ist mit Sicherheit notwendig, um den Erhalt der natürlichen biologischen Vielfalt und die Sicherung einer ökonomisch tragfähigen Produktion von Gehölzen besser zu erreichen. Denn die durch die beiden Gesetze FoVG und BNatSchG geregelten Bereiche – Wald und freie Landschaft – sind aus Sicht der gebietseigenen Gehölze nicht klar zu trennen. Waldränder bilden das Bindeglied zwischen ihnen; Pollen überwindet weite Entfernungen und trägt zur Vermischung des Genpools in beiden Richtungen bei.

Zweigleisige Regelungen für dieselbe Baumart, wie z.B. eine unterschiedliche Anzahl von Herkunfts- und Vorkommensgebieten oder die Ausweisung von unterschiedlichen Erntebeständen für forstliches Vermehrungsgut und solchem für die freie Landschaft sind kontraproduktiv, bergen die Gefahr unbeabsichtigter Verwechslungen und verunsichern Produzenten und Abnehmer gleichermaßen. Der Forst hat größtes Interesse, dass seine bewährten Regelungen nicht aufgeweicht werden, gerade in Anbetracht des Klimawandels und der damit verbundenen großen

Herausforderungen des Waldumbaus. Nicht zuletzt deshalb haben einige Bundesländer von der Möglichkeit der Ausdehnung der Regelungen des FoVG auf die freie Landschaft Gebrauch gemacht, meist in enger Abstimmung mit den wichtigen Abnehmern.

Abb. 3: Waldrand mit blühenden Sträuchern (Foto: ASP)

Literatur

ANONYMUS 2000: Richtlinie 1999/105/EG des Rates vom 22. Dezember 1999 über den Verkehr mit forstlichem Vermehrungsgut. Amtsblatt der Europäischen Gemeinschaften, L11/17, 15.1.2000.

BAIER R, GÜNZELMANN G, 2016: FoVG und Herkunftsfragen im Klimawandel. Klimawandel forciert Frage nach der Herkunft; LWF aktuell 2: 25-26.

BLAG-2016: Positionspapier zum Thema gebietseigene Gehölze. https://blag-fgr.genres.de//fileadmin/SITE_GENRES/downloads/docs/BLAG/GEG_BLAG_FGR.pdf

BLE 2012: "Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland", http://www.genres.de/de/baeume-und-straeucher/erhaltung-und-nutzung/seltene-baumarten

BMU [Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit], 2012: Leitfaden zur Verwendung gebietseigener Gehölze. Fachliche Bearbeitung: BARSCH F, HEYM A, NEHRING S. Hrsg.: BMU, Referat Öffentlichkeitsarbeit, Berlin. 30 S.

CREMER E, FUSSI B, KONNERT M, 2014: Seltene Baum- und Straucharten im forstgenetischen Labor. LWF Wissen 74: 98-105.

KLUMPP R, DHAR A, 2011: Genetic variation of Taxus baccata L. populations in the Eastern Alps and its implications for conservation management. Scandinavian Journal of Forest Research 26, 294–304.

KONNERT M, HOSIUS B, 2008: Neue Formen der Herkunftssicherung bei forstlichem Vermehrungsgut. AFZ/Der Wald (23): 1247 – 1249

LEINEMANN L, BENDIXEN K, KOWNATZKI D, HATTEMER HH, LIEPE K, STENGER G, 2002: Genetische Untersuchungen an Landschaftgehölzen im Hinblick auf die Erzeugung und Zertifizierung von Vermehrungsgut. Allg.Forst-u.J.-Ztg. 173 (7-8): 146-152.

LEINEMANN L, STEINER W, HOSIUS B, KUCHMA O, ARENHÖVEL W, FUSSI B, HAASE B, KÄTZEL R, ROGGE M, FINKELDEY R, 2013: Genetic variation of chloroplast and nuclear markers in natural populations of hazelnut *(Corylus avellana* L.*)* in Germany. Plant Syst. Evol. 299: 369-378.

LEINEMANN L, KLEINSCHMIT J, FUSSI B, HOSIUS B, KUCHMA O, ARENHÖVEL W, LEMMEN P, 2014: Genetic composition and differentiation of sloe (*Prunus spinosa* L.) populations in Germany with respect to the tracing of reproductive plant material. Plant Systematics and Evolution 300, online

SCHMIDT PA, KRAUSE A, 1997: Zur Abgrenzung von Herkunftsgebieten bei Baumschulgehölzen für die freie Landschaft. Natur & Landschaft 72: 92-95.

TRÖBER U, PAUL M, KAHLERT K, 2004: Genetic characterization of English yew (Taxus baccata L.) in Thuringia and Saxony as basis for gene conservation, 11. Arbeitstagung der ArGe Länder, 20.-22. Sept. 2004, Teisendorf, (Tagungsband): 275-288.

WADL PA, HATMAKER EA, FUSSI B, SCHEFFLER BE, TRIGIANO RN, 2013: Isolation and Characterization of Microsatellite Loci for *Cornus sanguinea* (Cornaceae). Applications in Plant Sciences 1 (9): 1300012; http://www.bioone.org/loi/apps

WAGNER I, MAURER WD, LEMMEN P, SCHMITT HP, WAGNER M, BINDER M, PATZAK P, 2014: Hybridization and genetic diversity in Wild Apple (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) from various regions in Germany and from Luxembourg. Silvae Genetica 63 (3), 81-94.

Anschrift der Autoren:

Dr. MONIKA KONNERT
Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP)
Forstamtplatz 1
83317 Teisendorf
E-Mail: monika.konnert@asp.bayern.de

Dr. MICHAELA HAVERKAMP
Referat 321 – Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV)
Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE)
Deichmanns Aue 29
53179 Bonn

Ist die Einteilung der forstlichen Herkunftsgebiete in Deutschland noch zeitgemäß?

MIRKO LIESEBACH, VOLKER SCHNECK

Thünen-Institut für Forstgenetik, Großhansdorf und Waldsieversdorf

Zusammenfassung

Die Ausweisung von Herkunftsgebieten erfolgt in Europa auf der Grundlage der EU-Richtlinie 1999/105/EG. Bei der nationalen Umsetzung wurden dabei drei Ansätze verfolgt.

In Deutschland wurden auf der Grundlage von ökologischen Grundeinheiten für die 27 Baumarten bzw. -gruppen Herkunftsgebiete ausgewiesen, die das gesamte Bundesgebiet abdecken. Je nach wirtschaftlicher Bedeutung variiert die Anzahl zwischen einem Herkunftsgebiet bei der Pappel und 30 Herkunftsgebieten bei der Fichte.

Die Herkunftsgebiete werden von den Bundesländern auch für die Herkunftsempfehlungen verwendet. Unter dem Aspekt des Klimawandels lässt die derzeitige Einteilung nicht für alle Arten eine angemessene Reaktion zu.

Es wird daher vorgeschlagen, für alle Baumarten die gleiche Anzahl an Herkunftsgebieten einzurichten. Hierfür bieten sich die 46 ökologischen Grundeinheiten in Verbindung mit einer Höhenzonierung an.

Schlüsselworte: Herkunftsgebiet, Klimawandel

Abstract

Is the German system of regions of provenance still up to date?

The delineation of regions of provenances was carried out on the EU regulation 1999/105/EG in Europe Three approaches were followed in the national implementation in Germany.

In Germany regions of provenance are delineated for 27 tree species and species groups based on ecological units, which cover the total territory of the country. The number of regions of provenances varied depending on the economic significance of the species between one for poplar and 30 for Norway spruce.

The regions of provenance are also used for the provenance recommendations by the federal states (Bundesländer). The present classification does not allow for all species an appropriate reaction under the aspect of climate change.

The same number of regions of provenance will be proposed for all species. The existing 46 ecological units can provide the basis in combination with an altitudinal zoning.

Key words: regions of provenance, climate change

Einleitung

Auf Grundlage des § 5 Abs. 1 des Forstvermehrungsgutgesetzes (FoVG) vom 22. Mai 2002 ist das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft ermächtigt Herkunftsgebiete für

Ausgangsmaterial der einzelnen Baumarten nach geographischen Abgrenzungen und gegebenenfalls nach der Höhenlage oder anderen Grenzen durch Rechtsverordnung zu bestimmen. Das Bundesministerium hat hiervon Gebrauch gemacht und die Verordnung über Herkunftsgebiete für forstliches Vermehrungsgut (Forstsaatgut-Herkunftsgebietsverordnung, FoVHgV) vom 7. Okt. 1994 (BGBl I, S. 3578) geändert durch die Verordnung vom 15.1.2003 (BGBl. I S. 238) erlassen.

Bei der Neuabgrenzung der Herkunftsgebiete im Jahr 1995 wurden in Deutschland verschiedene Kriterien berücksichtigt. Aus den Wuchsgebieten und -bezirken wurden ökologische Grundeinheiten unter Berücksichtigung der Verbreitungsgeschichte, phänotypischer Merkmale (z.B. Frost- und Schneebruchanfälligkeit, Stamm- und Kronenform)sowie genetischer Erkenntnisse (aus Isoenzymanalysen), zusammengefasst (RAU und BROCKHAUS 1995). Der Einteilung der forstlichen Herkunftsgebiete basiert in Deutschland auf 46 ökologischen Grundeinheiten. Die Grenzen folgten hierbei Straßen, Bahnlinien, Wasserläufen und Landesgrenzen.

Ein Herkunftsgebiet wird als Gebiet oder Gesamtheit von Gebieten mit annähernd gleichen ökologischen Bedingungen definiert, in denen Bestände einer Art ähnliche phänotypische Merkmale aufweisen. Die Anzahl der Herkunftsgebiete richtet sich nach der wirtschaftlichen Bedeutung und der Verbreitung einer Baumart. Ein Herkunftsgebiet sollte nur ausgewiesen werden, wenn die Art dort auch genügend vertreten ist. Somit gibt es für die einzelnen Baumarten bzw. Baumartengruppen eine unterschiedliche Anzahl an Herkunftsgebieten, die das gesamte Staatsgebiet abdecken (Abb. 1). Diesen Ansatz findet man z.B. auch in Litauen, der Wallonien (Belgien) und der Slowakei.

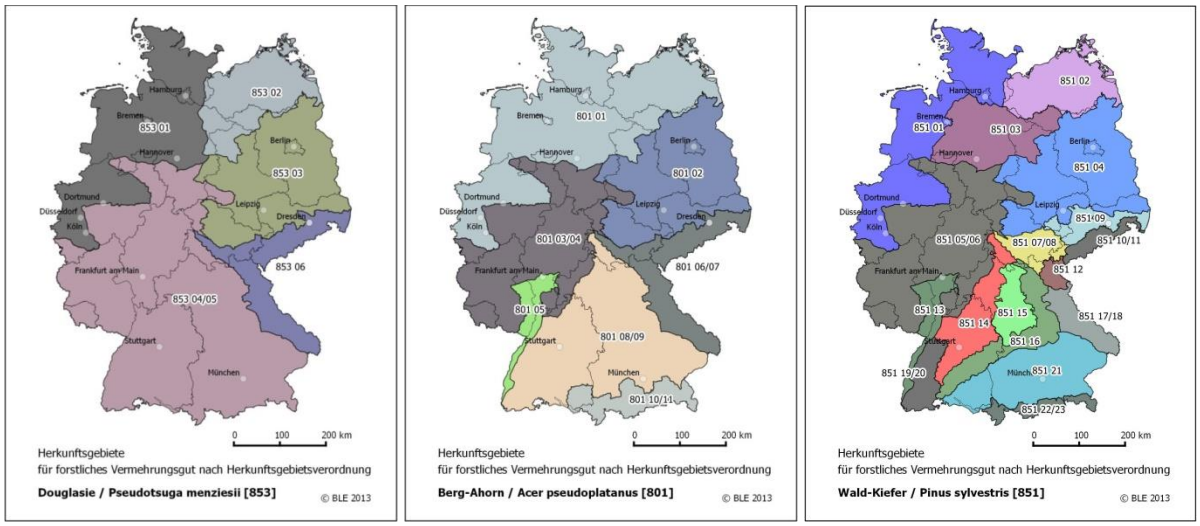

Abb. 1: Herkunftsgebiete für Douglasie (links), Berg-Ahorn (Mitte) und Wald-Kiefer (rechts) in Deutschland. Die Herkunftsgebiete sind unterschiedlich geformt und decken das gesamte Staatgebiet ab. (BLE 2013)

In anderen Staaten wurden zwei weitere Ansätze verfolgt. So werden in einigen Ländern (z.B. Österreich, Flandern (Belgien), Vereinigtes Königreich) für jede Baumart dieselben Herkunftsgebiete ausgewiesen, wobei das gesamte Staatsgebiet abgedeckt wird (Abb. 2). In einigen kleineren Staaten (Irland, Niederlande, Dänemark usw.) ist das gesamte Staatsgebiet ein Herkunftsgebiet. Im dritten Ansatz wird nur der Teil des Staatgebiets erfasst, in dem die Baumart vorkommt. Für die einzelnen Baumarten werden unterschiedliche Anzahlen an Herkunftsgebieten ausgewiesen, und es verbleiben „weiße Flecken“. Dieser Ansatz ist in z.B. Frankreich (Abb. 3), Finnland, Italien, Rumänien und Spanien umgesetzt.

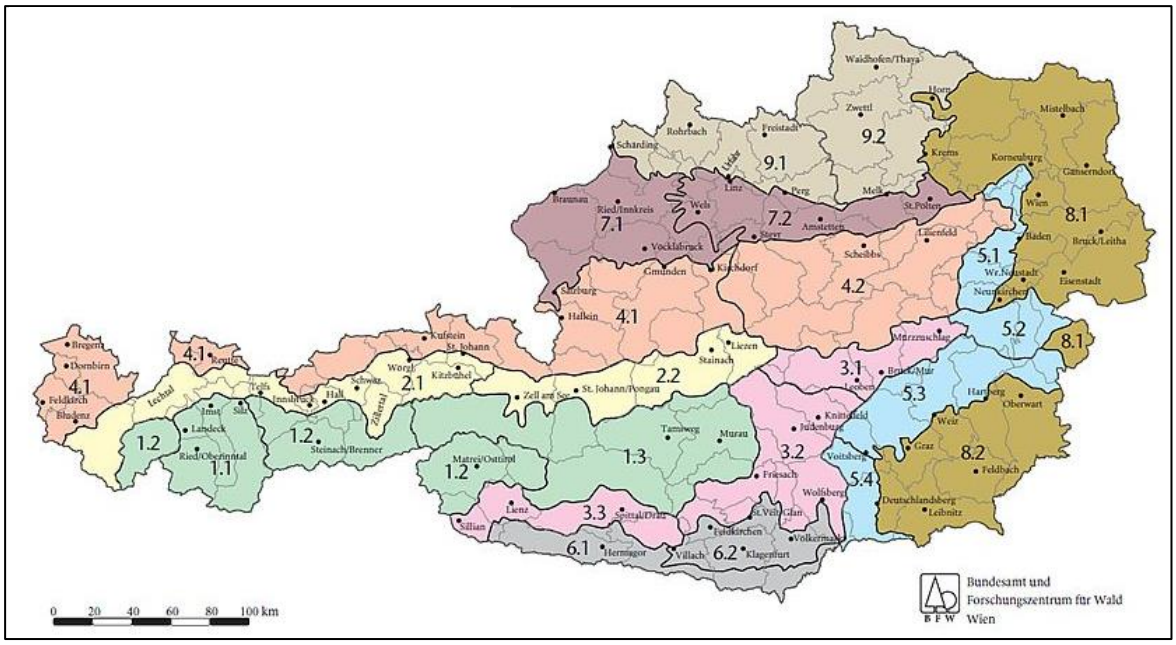

Abb. 2: In Österreich gibt es für alle Baumarten identische Herkunftsgebiete, die das gesamte Staatsgebiet abdecken (BUNDESMINISTER FÜR LAND- UND FORSTWIRTSCHAFT, UMWELT UND WASSERWIRTSCHAFT 2002).

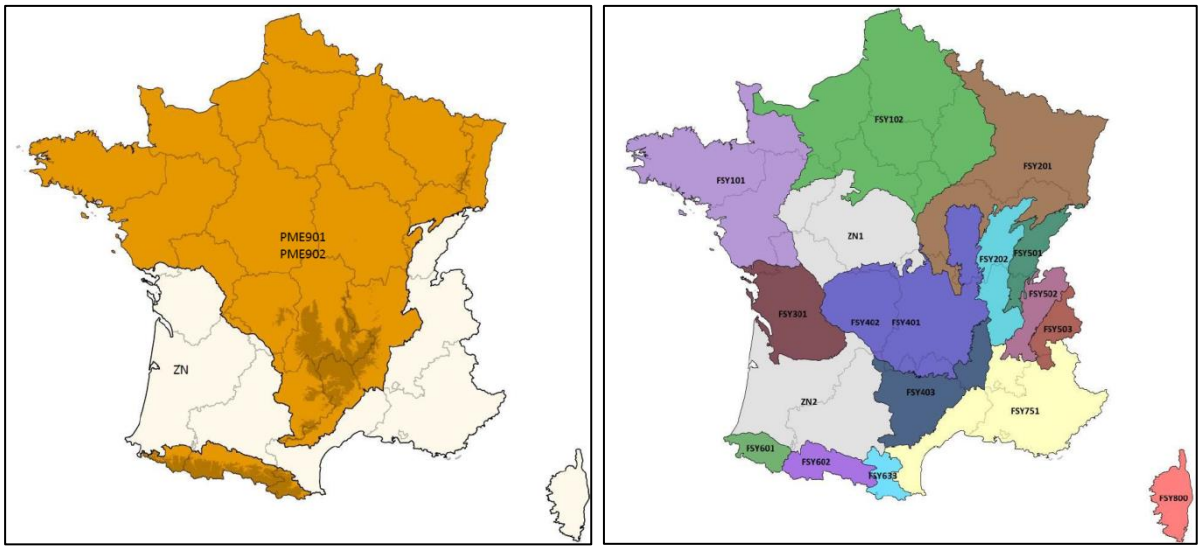

Abb. 3: Herkunftsgebiete für Douglasie (links) und Rot-Buche (rechts) in Frankreich. Mit ZN sind Gebiete ausgewiesen, die keinem Herkunftsgebiet zugeordnet sind. (MINISTÈRE DE L'AGRICULTURE 2016)

Herkunftsgebiete im Klimawandel

Vor dem Hintergrund des Klimawandels gilt es ganz besonders, sich über die Bestandesverjüngung Gedanken zu machen. Zu prüfen ist, ob der Ausgangsbestand geeignet ist, über Naturverjüngung in die nächste Generation überführt zu werden oder ob ein Wechsel der Herkunft der Baumart oder sogar ein Baumartenwechsel angebracht ist.

Der Klimawandel führt zu geänderten Risikostrukturen in der Forstwirtschaft, das heißt geänderte Standort-Leistungs-Beziehungen (SPELLMAN et al. 2011). Die Klimaprognosen gehen dabei für Deutschland einheitlich von einem Temperaturanstieg und einer geänderten Niederschlagsverteilungen aus (z.B. IPCC 2007, GERSTENGARBE 2008). Dabei werden deutliche

regionale Unterschiede in der Ausprägung prognostiziert, mit denen die Baumarten zu Recht zu kommen haben. Es liegt nahe, dass sich dieses auch in den Herkunftsgebietseinteilung wiederfinden muss, die die Grundlage für die Herkunftsempfehlungen sind. Die natürlichen Verbreitungsgebiete werden sich verschieben (KÖLLING 2007). Sich über die Jahrzehnte veränderte Rahmenbedingungen der Waldbewirtschaftung (z.B. Personalrückgang, Reduktion des Pflanzenschutzmitteleinsatzes) engen das Anbaugebiet zusätzlich ein.

Vor dem Hintergrund des Klimawandels stellt sich somit die Frage, ob mit der derzeitigen Einteilung der forstlichen Herkunftsgebiete, die zugleich auch die Grundlage für die Anbauempfehlungen sind, angemessene Reaktionsmöglichkeiten gegeben sind.

Modellierung zur Entscheidungsunterstützung

Es gibt eine Vielzahl an Modellen, mit denen sich mögliche Auswirkungen des Klimawandels simulieren lassen. Für die folgenden Beispiele wird das im EU-Projekt Trees4Future entwickelte *Climate Matching Tool* (http://www.trees4future.eu/tools.html) verwendet.

Für einen Waldbestand in der östlichen Lüneburger Heide zeigt das Modell, dass in der Vegetationsperiode (März bis Oktober) unter den derzeitigen Bedingungen (Periode 1971-2000) weite Teile in Deutschlands klimatisch ähnlich sind (Abb. 4, links). Unter Annahme des Szenarios HadCM3 (IPCC 2000) reduziert sich die Fläche mit vergleichbarer klimatischer Ausstattung im Jahr 2050 (Periode 2013-2016) auf etwa ein Viertel (Abb. 4, rechts).

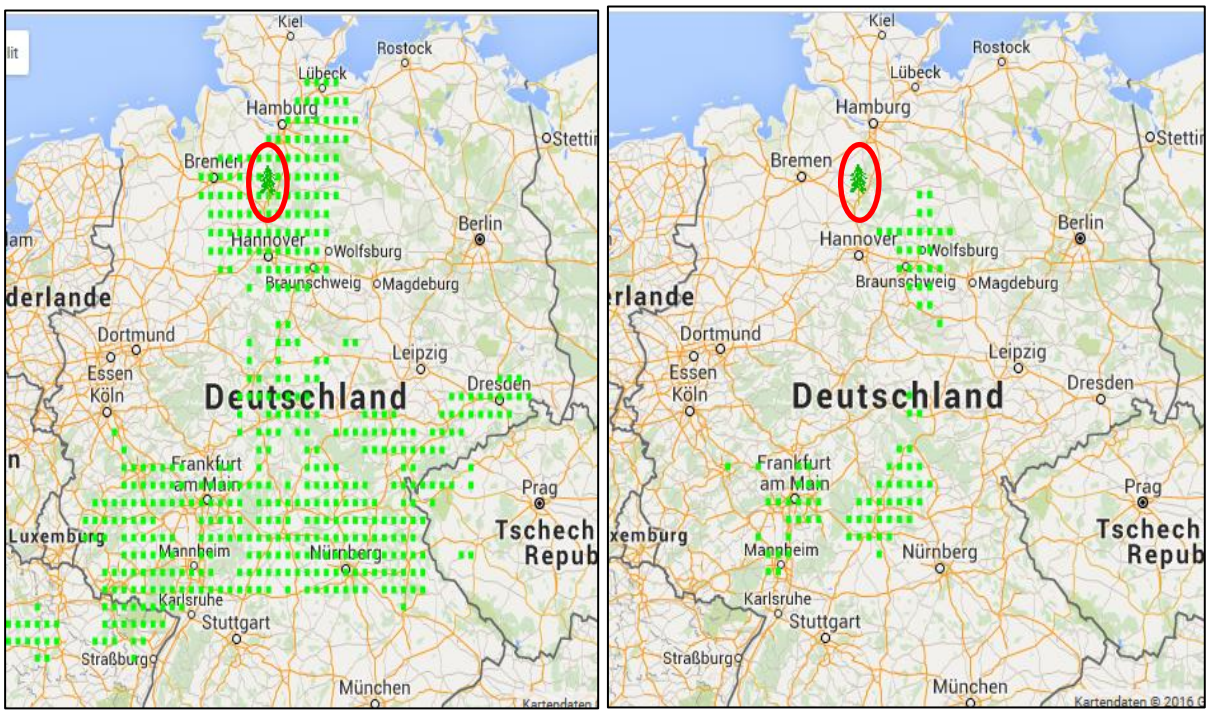

Abb. 4: Ergebnis der Modellierung mit dem *Climate Matching Tool* für die Vegetationsperiode unter derzeitigen Klimabedingungen (links) und unter Annahme des HadCM3-Szenarios für das Jahr 2050 (rechts). Rot markiert der Ausgangspunkt/-bestand der Modellierung.

Beide in Abbildung 4 dargestellten Muster finden sich bei Baumarten mit einer kleinen Anzahl von Herkunftsgebieten (z.B. Douglasie und Berg-Ahorn in Abb. 1) nicht wieder. Selbst bei der Wald-Kiefer (Abb. 1, rechts) mit 17 Regionen (ohne Berücksichtigung der zusätzlichen 6 höhenzonierten Gebiete) bleibt dieses Problem bestehen. Auch hier bilden die Herkunftsgebiete nicht die modellierten Regionen ab. Das bedeutet, dass mit den derzeitigen Herkunftsgebieten nicht bei allen Baumarten

auf den Klimawandel reagiert werden kann und daher eine Verfeinerung der derzeitigen Einteilung erforderlich wird.

Denkbar ist eine Einteilung, die sich stärker an forstlichen Wuchsgebieten ausrichtet und für alle Baumarten gleich ist, wie es in Österreich umgesetzt ist (s. Abb. 2). Wird also für Deutschland eine Einteilung auf die den Herkunftsgebieten zu Grunde liegenden 46 ökologischen Grundeinheiten vorgenommen, lassen sich die Muster des oben angeführten Beispiels besser erfassen (Abb. 5).

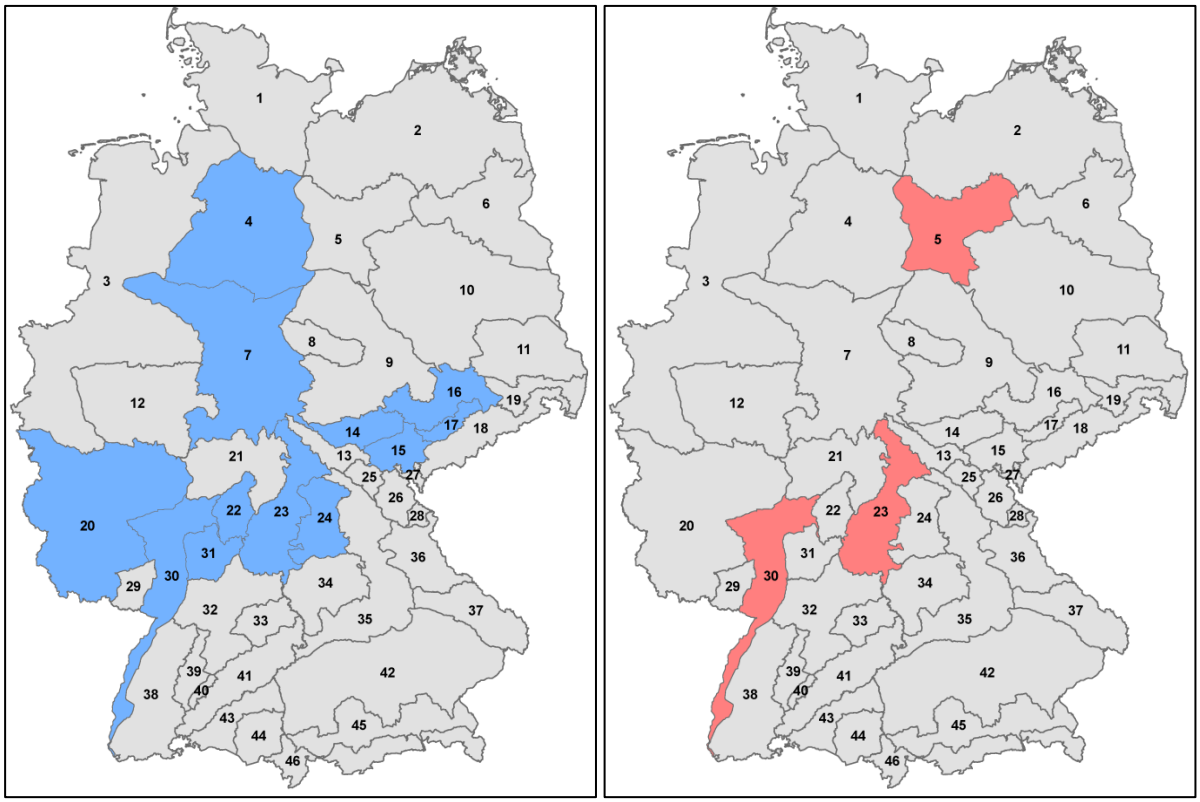

Abb. 5: Darstellung der mit dem *Climate Matching Tool* modellierten Flächen für die Vegetationsperiode unter derzeitigen Klimabedingungen (links) und unter Annahme des HadCM3-Szenarios für das Jahr 2050 (rechts) in die Karte mit den ökologischen Grundeinheiten

Fazit

Der Klimawandel ist ein aktuelles Problem. Die Beispiele zeigen, dass die Herkunftsgebiete in Deutschland als Grundlage für die Herkunftsempfehlungen im Klimawandel unzureichend sind. Die geographischen Verhältnisse in Deutschland unterscheiden sich von denen in Skandinavien und Nordamerika, wo die Streichrichtung der Gebirge in Nord-Süd-Richtung verläuft. In Mitteleuropa verlaufen die Gebirge in West-Ost-Richtung. So dass eine einfache Verschiebung von Süd nach Nord meist nicht möglich ist.

Bei mehreren Baumarten ist die Einteilung derart grob, dass eine Erweiterung der Empfehlung um ein Herkunftsgebiet nach sich ziehen würde, dass die entsprechende Herkunft von den Alpen bis an die Küste empfohlen wird. In Deutschland ist eine feinere, für alle Baumarten einheitliche Einteilung der Herkunftsgebiete erforderlich, die praktikabel ist. Einige Bundesländern (z.B. Sachsen, Sachsen-Anhalt) ziehen bereits jetzt in ihren Herkunftsempfehlungen zusätzlich zu den Herkunftsgebieten auch Grenzen der forstlichen Wuchsgebiete hinzu.

Denkbar wäre also eine Einteilung der Herkunftsgebiete durch Übernahme der 82 forstlichen Wuchsgebiete oder der 46 ökologischen Grundeinheiten. Die ökologischen Grundeinheiten hätten den Vorteil, dass deren Abgrenzung im Gelände klar erkennbar ist.

Die 46 ökologischen Grundeinheiten in Verbindung mit einer Höhenzonierung lassen eine Reaktion in den Empfehlungen unter dem Aspekt des Klimawandels im Gegensatz zu den derzeitigen Herkunftsgebieten zu. Diese Einteilung wäre für alle Baumart einheitlich und damit für den Anwender (Verbraucher) verständlich. Hinter einer Herkunftsgebietsnummer verbirgt sich immer die gleiche geographische Region.

Dieses bedeutet aber auch, dass man sich von dem Ansatz trennen muss, dass es in jedem Herkunftsgebiet zugelassene Erntebestände gibt. Ein Nichtvorhandensein von zugelassenen Erntebeständen in einem Herkunftsgebiet kann über „Ersatz-/Austauschherkünfte“ aufgefangen werden. Dieses ist bereits bei den derzeit existierenden größeren Herkunftsgebieten der Fall.

Unbestritten zieht eine detaillierte Einteilung auch Nachteile mit sich. So wird das Mischen von Saatgutpartien erschwert. Insgesamt überwiegen jedoch die Vorteile. Mit kleineren Herkunftsgebieten lassen sich neue Erkenntnisse der Klimawirkungsforschung in Empfehlungen sinnvoll umsetzen.

Literatur

BLE [Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung] 2013: Tätigkeitsbericht der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ - Berichtszeitraum 2009-2013. Eigenverlag, Bonn. 238 S.

GERSTENGARBE F-W, 2008: Der Klimawandel – Ursachen und Veränderungen. Gartower Gespräche. Eigenverlag: 12-22.

IPCC [Intergovernmental Panel on Climate Change], 2000: IPCC Special Report: Emission Scenarios: summary for policymakers WMO-UN Environment Program, Nairobi.

IPCC, 2007: IPCC fourth assessment report.

KÖLLING C, 2007: Klimahüllen für 27 Waldbaumarten. AFZ-DerWald (23): 1242-1245.

MINISTÈRE DE L’AGRICULTURE, 2016: Liste et cartes des régions de provenances des essences forestières réglementées par le code forestier. http://agriculture.gouv.fr/sites/minagri/files/liste_cartes_et_provenances2016.pdf (Aufruf: 1.10.2016)

BUNDESMINISTER FÜR LAND- UND FORSTWIRTSCHAFT, UMWELT UND WASSERWIRTSCHAFT, 2002: Forstliche Vermehrungsgutverordnung. BGBl für die Republik Österreich II, Nr. 480: 3985-4018.

RAU H-M, BROCKHAUS R, 1995: Die neue Verordnung über Herkunftsgebiete für forstliches Vermehrungsgut AFZ/Der Wald 50: 315-319.

SPELLMANN H, ALBERT M, SCHMIDT M, STUMÖLLER J, OVERBECK M, 2011: Waldbauliche Anpassungsstrategien für veränderte Klimaverhältnisse. AFZ-DerWald 66 (11): 19-23.

Anschrift der Autoren

Dr. MIRKO LIESEBACH
Thünen-Intsitut für Forstgenetik
Sieker Landstr. 2
22927 Großhansdorf
E-Mail: mirko.liesebach@thuenen.de

VOLKER SCHNECK
Thünen-Intsitut für Forstgenetik
Eberswalder Chaussee 3 a
15377 Waldsieversdorf

Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen

STEFANIE REIM[1], FRANK LOCHSCHMIDT[2], ANKE PROFT[2], HEIKE WOLF[1], UTE TRÖBER[1], HEINO WOLF[1]

[1] Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Pirna
[2] Grüne Liga Osterzgebirge e.V., Dipoldiswalde

Zusammenfassung

Die Grüne Liga Osterzgebirge e.V. und der Staatsbetrieb Sachsenforst bearbeiten seit Juli 2012 das Modell- und Demonstrationsvorhaben „Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen“. Das Hauptanliegen des Projektes ist, durch die Etablierung von *In-situ* Erntebeständen seltener Wildobstarten dauerhaft zu erhalten und zu fördern. In diesem Zusammenhang soll ein Leitfaden für die Ausweisung und Beerntung seltener Wildobstarten in ihren natürlichen Vorkommen erstellt werden, der auch auf andere seltene Gehölze übertragbar sein soll.

Als Modellarten werden für das Projekt Wildbirne (*Pyrus pyraster* L.), Wildapfel (*Malus sylvestris* Mill.), Gemeine Eberesche (*Sorbus aucuparia* L.), Alpen-Johannisbeere (*Ribes alpinum* L.) und Gemeiner Wacholder (*Juniperus communis* L.) bearbeitet. Insgesamt wurden 42 Bestände dieser Modellarten mit etwa 2.000 Einzelindividuen kartiert, morphologisch charakterisiert und mittels SSR-Marker und z.T. ergänzend mittels cpDNA-Markern genetisch analysiert. Auf Grundlage der genetischen Daten wurden zunächst artspezifische Besonderheiten wie vorhandene Hybride (Wildapfel und Wildbirne) oder Klone (Alpen-Johannisbeere, Wildbirne) in den Wildobst-Vorkommen identifiziert. Untersuchungen zum Pollentransport beim Wildapfel geben Aufschluss über die Pollentransportdistanzen und den Einfluss der Bestandesdichte auf das Risiko einer Einkreuzung durch den Kulturapfel. Die genetische Diversität wurde je nach Art als gering (Alpen-Johannisbeere) bis sehr hoch (Wacholder) eingestuft. Auch die genetischen Unterschiede zwischen den Populationen waren je nach Art stark ausgeprägt (Alpen-Johannisbeere) bis nicht ausgeprägt (Wacholder). Eine genetische Differenzierung der Populationen nach Vorkommensgebieten war in den meisten Fällen nicht möglich.

Die Gesamtheit der gewonnenen Daten bildet die Grundlage für die Erarbeitung eines Kriterienkataloges für die Ausweisung von *In-situ* Erntebeständen für seltene Gehölze.

Einleitung

Im Juli 2012 startete ein fünfjähriges Projekt zur Erhaltung von seltenen Wildobstarten. Das von der Bundesanstalt für Landwirtschaft (BLE) geförderte Vorhaben wird in Zusammenarbeit mit dem Staatsbetrieb Sachsenforst, Referat für Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik und der Grünen Liga Osterzgebirge e.V. bearbeitet. Hintergrund des Projektes ist die Neuregelung des Bundesnaturschutzgesetzes (§ 40 Abs. 4 Satz 4 BNatSchG). Dieses Gesetz besagt, dass ab dem 1. März 2020 das Ausbringen von Gehölzen und Saatgut in freier Landschaft außerhalb ihrer Vorkommensgebiete genehmigungspflichtig ist. In der Übergangszeit bis 2020 sollen Gehölze und Saatgut vorzugsweise nur innerhalb ihrer Vorkommensgebiete ausgebracht werden.

Bisher kann die in Baumschulen produzierte Pflanzware auch aus weit entfernten Regionen stammen, so dass das Pflanzgut meist nicht an die regionalen Klima- und Standortgegebenheiten angepasst ist. Häufig wird das Saatgut für die Pflanzenproduktion auch nur von wenigen Elternbäumen geerntet, wodurch es auf Dauer zu einer Einschränkung der genetischen Diversität kommt. Das birgt wiederum die Gefahr, dass die Anpassungsfähigkeit der Population abnimmt und diese sich nicht mehr ausreichend auf Veränderungen von biotischen und/oder abiotischen Standortbedingungen einstellen können. Um dieser Entwicklung entgegenzuwirken, wird die ausschließliche Verwendung gebietseigener Herkünfte für Pflanzgut zur Ausbringung in die freie Landschaft ab 2020 gesetzlich bindend. Für eine Bereitstellung von gebietseigenem Saatgut zur Pflanzenanzucht in den Baumschulen muss eine Reihe von grundlegenden Voraussetzungen geschaffen werden, wie zum Beispiel eine fachlich fundierte Ausweisung von Erntebeständen in den einzelnen Vorkommensgebieten, allgemeingültig anwendbare Standards zur Saatgutgewinnung in Wildbeständen etc.

Ziel des Wildobstprojektes ist daher die modellhafte Etablierung von Erntebeständen *in-situ* für gebietseigene Wildobstarten in Sachsen. Als Modellarten werden die fünf Wildobstarten Gemeine Eberesche (*Sorbus aucuparia* L.), Wildbirne (*Pyrus pyraster* L.), Wildapfel (*Malus sylvestris* Mill.), Alpen-Johannisbeere (*Ribes alpinum* L.) und Gemeiner Wacholder (*Juniperus communis* L.) bearbeitet. Diese Modellarten repräsentieren verschiedene Befruchtungssysteme (insekten- und windbestäubt) und sind ein- bzw. zweihäusig (d.h. es gibt weibliche und männliche Pflanzen bei Alpen-Johannisbeere und Wacholder). Weiterhin sind die ausgewählten Arten gut mit genetischen Markern identifizierbar und charakterisierbar. Allen gemein ist eine Konkurrenzschwäche infolge hoher Lichtbedürftigkeit sowie ihre Seltenheit im Projektgebiet Sachsen. Bei der Eberesche sind insbesondere im sächsischen Tiefland kaum autochthone, fruchttragende Bäume zu finden.

Im Rahmen des Projektes werden anhand dieser fünf Modellarten die Ausweisung und Beerntung von Beständen gebietseigener Gehölze für seltene Arten erprobt. Neben der modellhaften Etablierung von Erntebeständen *in-situ* für seltene Wildobstarten sind die wesentlichen Ziele des Projektes:

- **(I)** Die vorhandenen Bestände seltener Wildobstarten an ihrem natürlichen Standort langfristig zu erhalten und gegebenenfalls zu verdichten,
- **(II)** Seltene Wildobstarten als Baumschulware zu etablieren und damit für Aufforstungsmaßnahmen oder Pflanzungen in die offene Landschaft (z. B. auf Ausgleichsflächen) zur Verfügung zu stellen und
- **(III)** Saat- oder Pflanzgut bereit zu stellen, das den ökologischen und klimatischen Gegebenheiten der Region angepasst ist.

Auf Grundlage der praktischen Erfahrung bei der Umsetzung der oben genannten Projektarbeiten und der wissenschaftlichen Begleituntersuchungen wird ein Kriterienkatalog für die Ausweisung geeigneter Erntebestände zur Saatgutbereitstellung der fünf Arten erarbeitet. Weiterhin werden die Rahmenbedingungen für eine Beerntung (Mindestanzahl und räumliche Verteilung einzubeziehender Individuen etc.) festgelegt. Ziel hierbei ist die Erhaltung einer größtmöglichen genetischen Diversität im späteren Saat- und Pflanzgut. Modellhaft am Projekt ist die angestrebte Übertragbarkeit der Schlussfolgerungen auf andere seltene Gehölzarten, die ebenfalls nicht dem Forstvermehrungsgutgesetz unterliegen. Das Projekt leistet damit einen wesentlichen Beitrag zur Erhaltung und Nutzung der Biodiversität.

Material und Methoden

Untersuchungsgebiet und Kartierung

Das Projektgebiet umfasst das gesamte Bundesland Sachsen. In den, in Sachsen vorhandenen Vorkommensgebieten (VGK) „Mittel- und ostdeutsches Tief- und Hügelland“ (VKGII) und

„Südostdeutsches Hügel- und Bergland“ (VKGIII) wurden auf Grundlage vorhandener Daten- bzw. Kartenbestände potentielle Wildobst-Vorkommen ausgewählt und evaluiert. Alle aufgesuchten Gehölze wurden mit Hilfe von GPS verortet und mittels ArcGIS mit den notwendigen Verwaltungs-, Naturschutz- und Forstgrunddaten verknüpft. Um die Eignung des Vorkommens als Erntebestand zu beurteilen, wurden standort- und pflanzenspezifische Merkmale, wie z.B. Distanz zur nächsten Straße, Distanz zu verwandten Kulturarten, Baumhöhe, Vitaliät usw. erfasst.

Morphologische und phänologische Bonitur

Die morphologische Bonitur wurde für eine Abgrenzung der Modellarten zu verwandten Arten durchgeführt (z.B. Wildapfel – Kulturapfel, Gemeine Eberesche – Gebirgseberesche (*S. aucuparia* var. *glabrata*). Beim Wildapfel eignen sich für eine Unterscheidung von Wild- und Kulturapfel besonders die Merkmale Fruchtgröße, Fruchtdeckfarbe, Behaarung der Blattunterseite und des Blütenstiels (REIM et al. 2012). Bei der Wildbirne wurden wesentlich mehr Merkmale bonitiert: Blattlänge, Blattbreite, Blattstiellänge, Fruchtbreite, Fruchthöhe, Fruchtstiellänge, Fruchtdeckfarbe und Dornigkeit. Diese morphologischen Merkmale sollen auf eine Korrelation mit den Ergebnissen der genetischen Untersuchungen untersucht werden. Zur Unterscheidung der Gemeinen Eberesche von der Gebirgseberesche (*S. aucuparia* var. *glabrata*) wurden Behaarungsmerkmale und fruchtmorphologische Merkmale herangezogen. Die Bestimmung des Geschlechtes bei den beiden zweihäusigen Modellarten Alpen-Johannisbeere und Wacholder erfolgte anhand der Blütenmorphologie.

Die phänologischen Aufnahmen wurden mit Ausnahme des Wacholders an allen Modellarten durchgeführt. Sie erfolgten in drei aufeinanderfolgenden Jahren an ausgewählten Individuen aus mindestens zwei unterschiedlichen Vorkommensgebieten. Für diese Aufnahmen ist für jede Art ein eigenes Boniturschema zum Austriebs- und Blütezeitpunkt erarbeitet worden. Die Bonituren erfolgten zum Zeitpunkt des Blattaustriebs und der Blüte einmal wöchentlich je nach artspezifischem Austriebszeitraum.

Genetische Untersuchungen und populationsgenetische Auswertung

Die genetische Analyse erfolgte an den 2.005 kartierten sächsischen Individuen aller Modellarten. Teilweise wurden auch Proben anderer Arten (Apfel, Birne) oder aus anderen Ländern (Wacholder) mit in die genetischen Analysen einbezogen, so dass die genetische Analyse an insgesamt 3.562 Wildobstproben durchgeführt wurde. Je nach Art wurden 5 bis 9 Mikrosatelliten-Marker verwendet. Für die Bestimmung der genetischen Struktur wurden beim Gemeinen Wacholder, Wildbirne, Wildapfel und Gemeiner Eberesche zusätzlich spezifische Regionen im Chloroplastengenom analysiert.

Die Berechnung der populationsgenetischen Parameter zur genetischen Diversität und genetischen Struktur erfolgte mittels Softwareprogramme GENALEX ver. 6.5 und STRUCTURE. Mit Hilfe des Softwareprogramms HAPLOTYPE ANALYSIS ver. 1.05 wurden die Chloroplasten-Daten ausgewertet. Die Vaterschaftsanalyse zur Untersuchung des Pollentransports beim Wildapfel erfolgte mit dem Softwareprogramm CERVUS.

Ergebnisse

Kartierung

Für jede Wildobstart konnten zwischen 5 und 13 Vorkommen in Sachsen ermittelt werden. Insgesamt wurden 2.005 Bäume bzw. Sträucher für die Durchführung des Wildobstprojektes kartiert. Die Bestandesgrößen sind je nach Art sehr unterschiedlich und schwanken zwischen 5 Individuen pro Vorkommen (Wildapfel) und über 100 Individuen pro Vorkommen (Wacholder).

Ein Großteil der Wildobstgehölze wächst im Wald oder Waldrand (70 %). Etwa 30 % der Wildobstgehölze befinden sich jedoch im Offenland und somit außerhalb der Zuständigkeit der Forstbehörde. Damit stehen Sachsenforst die erforderlichen Daten nicht ohne größeren Aufwand zur Verfügung. Der Schutzstatus ist bei der Erfassung der Wildobstvorkommen ebenfalls besonders zu berücksichtigen. Knapp ein Drittel aller Individuen befinden sich in Schutzgebieten der Kategorien ‚Naturschutzgebiet', ‚Biosphärenreservat' oder ‚Nationalpark'. Bei einer Begehung, Beerntung oder der Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen sind hier spezielle Vorschriften zu beachten und einzuhalten. Je nach Modellart schwankt der Anteil der erfassten Vorkommen, die sich in Schutzgebieten befinden, stark. Während bei der Alpen-Johannisbeere 60 % der Sträucher in den oben genannten Schutzgebieten stehen, sind es beim Wildapfel nur 7 %.

Morphologische und phänologische Bonitur

Die Erfassung der morphologischen Merkmale erfolgte an allen 2.005 kartierten Individuen. Die jeweiligen Blattmerkmale wurden bei allen Arten vollständig erfasst. Deuteten die morphologischen Merkmale eindeutig auf eine Kreuzung mit der Kulturform oder auf eine verwilderte Kulturform hin, wurden diese Bäume von den weiteren Untersuchungen ausgeschlossen. Eine komplette Bonitur der Fruchtmerkmale bzw. Blütenmorphologie war nicht bei allen 2.005 kartierten Individuen möglich, da einige Bäume bzw. Sträucher nicht blühten bzw. fruktifizierten. Aus diesem Grund konnte bei 1,8% der kartierten Alpen-Johannisbeeren und bei 13,8 % der kartierten Wacholder das Geschlecht nicht bestimmt werden. Bei den identifizierten Individuen wurde für beide Arten ein Geschlechtsverhältnis von etwa 1:1 in den untersuchten sächsischen Populationen festgestellt.

In den Projektjahren 2014 – 2016 wurden phänologische Bonituren bei vier der fünf Modellarten in beiden Vorkommensgebieten mit möglichst 20 Pflanzen je Bestand durchgeführt (Tabelle 1).

Tabelle 1: Phänologisch untersuchte Bestände in den Vorkommensgebieten (VKG) II und III in Sachsen

Art	VKG II (Anzahl Individuen)	VKG III (Anzahl Individuen)
Alpen-Johannisbeere ***Ribes alpinum***	Obervogelgesang (29) Löbauer Berg (27)	Geisingberg (66) Rabenauer Grund (37)
Eberesche ***Sorbus aucuparia***	Dresdner Heide (24) Bärnsdorf (19)	Geisingberg (25) Kesselhöhe (21)
Wildapfel ***Malus sylvestris***	Torgau (9) Leipzig (26)	Bahretal (21) Kohlbachtal (21)
Wildbirne ***Pyrus pyraster***	Voigts Busch (27) Zadel (27)	Glashütte (16)

Lediglich in jeweils einem Bestand des Wildapfels und der Wildbirne standen nicht genug Individuen zur Verfügung, so dass dort entsprechend weniger bonitiert wurde. Zur Interpretation der erhobenen Daten wurden Temperaturlogger in den Beständen installiert, die jeweils von Jahresbeginn bis zum Ende der phänologischen Bonitur stündlich Temperaturwerte aufgezeichnet haben. Für die Erfassung aller Stadien des Blattaustriebs und die vollständige Erfassung der Blütestufen waren je nach bonitierter Art bis zu 12 Aufnahmetermine je Bestand (Alpen-Johannisbeere) nötig. Insgesamt waren für die phänologische Bonitur aller Arten zwischen 122 und 141 Aufnahmetermine pro Jahr erforderlich (Tabelle 2).

Tabelle 2: Zeitraum und Anzahl der Aufnahmetermine je Art für die phänologische Bonituren in den Jahren 2014, 2015 und 2016

Modellart	2014	2015	2016
Alpen-Johannisbeere (4 Bestände)	11.02. – 23.04. 44 Aufnahmetermine	26.02. – 07.05. 44 Aufnahmetermine	04.03. – 20.05. 48 Aufnahmetermine
Wildapfel (4 Bestände)	05.03. – 23.04 32 Aufnahmetermine	24.03. – 12.05. 32 Aufnahmetermine	29.03. – 17.05. 32 Aufnahmetermine
Wildbirne (3 Bestände)	06.03 – 17.04. 21 Aufnahmetermine	24.03. – 05.05. 21 Aufnahmetermine	06.04. – 18.05. 21 Aufnahmetermine
Eberesche (4 Bestände)	17.03. – 23.05. 36 Aufnahmetermine	31.03. – 02.06. 44 Aufnahmetermine	06.04. – 18.05. 21 Aufnahmetermine
GESAMT	**11.02. – 23.05.** **136 Aufnahmetermine**	**26.02. – 02.06.** **141 Aufnahmetermine**	**04.03. – 20.05** **122 Aufnahmetermine**

Die umfassende Auswertung und Interpretation der phänologischen Daten und ein Vergleich zu populationsgenetischen Strukturen werden bis Projektende vorgenommen.

Populationsgenetische Parameter auf Basis von Mikrosatelliten-Analysen

Auf Grundlage der Mikrosatellitendaten wurde der Anteil ‚echter' Wildformen (Genotypen ohne Einkreuzungen mit anderen Arten), Anteil genetisch identischer Genotypen sowie Parameter zur genetischen Diversität und genetischen Struktur für alle Modellarten ermittelt. Die Ergebnisse sind je nach Art unterschiedlich. Die wesentlichen Parameter werden im Folgenenden miteinander verglichen (Tabelle 3).

Tabelle 3: Überblick der wesentlichen populationsgenetischen Parameter der fünf Modellarten

Art	Befruchtungs-system	Anteil ‚echte' Wildform	Anteil genetischer identischer Genotypen (Klone)	Heterozygotie-grad	Genetische Unterschiede zw. Populationen
Wildapfel	Einhäusig, insekten-bestäubt	83%	0%	Hoch (*He*= 0,72)	Gering-mittel (*Fst*= 0,058)
Wildbirne	Einhäusig, insekten-bestäubt	86%	9,8%	Hoch (*He*= 0,79)	Gering-mittel (*Fst*= 0,058)
Gemeine Eberesche	Einhäusig, insekten-bestäubt	100%	0%	Hoch (*He*= 0,83)	Mittel (*Fst*= 0,068)
Alpen-Johannis-beere	Zweihäusig, insekten-bestäubt	100%	22%	Gering-mittel (*He*= 0,47)	Hoch (*Fst*= 0,343)
Gemeiner Wacholder	Zweihäusig, windbestäubt	100%	0%	Sehr hoch (*He*= 0,84)	Sehr gering (*Fst*= 0,025)

Die höchste erwartete Heterozygotie, als Maß für die genetische Diversität zeigte von allen untersuchten Modellarten der Gemeine Wacholder (zweihäusig, windbestäubt). Hier lag die erwartete Heterozygotie bei *He*= 0,83. Genetische Unterschiede zwischen den sächsischen Wacholderpopulationen waren kaum festzustellen (*Fst*= 0,025). Auch bei genetischen Vergleichen zu Wacholderproben aus norwegischen, italienischen und slowakischen Populationen konnten kaum bzw. keine genetischen Unterschiede festgestellt werden. Die einhäusigen und insektenbestäubten Modellarten Wildapfel, Wildbirne und Gemeine Eberesche wiesen ebenfalls alle eine hohe genetische Diversität auf (*He*= 0,72 – *He*= 0,83). Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen waren gering bis moderat ausgeprägt (*Fst*= 0,058 – *Fst*= 0,068). Die Alpen-Johannisbeere war die einzige Modellart, bei der nur eine geringe bis moderate genetische Diversität vorhanden war. Gleichzeitig war bei dieser zweihäusigen, insektenbestäubten Art die genetische Struktur zwischen den Populationen sehr ausgeprägt (*Fst*= 0,343).

Hybriden aus Kreuzungen mit anderen Arten wurden nur bei der Wildbirne und dem Wildapfel gefunden. In den sächsischen Populationen betrug der Anteil identifizierter Hybride beim Wildapfel 17 % und bei der Wildbirne 14 %.

Genetisch identische Genotypen innerhalb der Population wurden vor allem bei der Alpen-Johannisbeere festgestellt. Je nach Vorkommen war der Anteil sehr variabel (mit bis zu 50 % genetisch identischen Genotypen in einer Population) und lag im Durchschnitt bei 22 %. Auch bei der Wildbirne wurden genetisch identische Individuen gefunden (9,8 %). Jedoch war das Auftreten von vegetativ vermehrten Individuen bei der Wildbirne vorwiegend auf eine Population beschränkt.

Chloroplasten-Analysen

Zusätzlich zur Mikrosatelliten-Analyse sollten populationsspezifische bzw. regionale Unterschiede mit Hilfe von Chloroplasten-DNA (cpDNA) Markern bestimmt werden. Für die Untersuchung der Wildobstarten Gemeine Eberesche, Wildapfel und Wildbirne wurden für fünf cpDNA-Regionen Primer entwickelt und ihrer Anwendung an den Wildobstarten erprobt. Dabei konnte die Anwendung von fünf cpDNA-Markern erfolgreich etabliert werden. Beim Wacholder wurden die Individuen mittels sogenannter AS-PCR, wie bei Provan et al. (2009) beschrieben, analysiert. Unter Verwendung von 4 Primern (IC-61, VV-435, VV-449, BD-616) wurden Einzelnukleotid-Polymorphismen (engl. Single Nucleotide Polymorphism, SNP) im Bereich des Chloroplasten-Genoms detektiert. Aus den unterschiedlichen Allelkombinationen bzw. SNP-Variationen der untersuchten Individuen wurde für jede Kombinationsvariante ein Haplotyp abgeleitet.

Beim Wacholder wurde in drei der untersuchten Chloroplastenregionen (VV-435, VV-449, BD-616) kein Einzelnukleotid-Polymorphismus gefunden. Nur die Chloroplastenregion IC-61 zeigte ein SNP in 8 Individuen (REIM et al. 2016b). Ebenfalls geringe Variationen innerhalb der untersuchten Chloroplastenregionen wurden bei der Wildbirne gefunden (REIM et al. 2016a). Dagegen war bei der Gemeinen Eberesche und dem Wildapfel die Variation innerhalb der untersuchten Chloroplastenregionen groß: Hier wurden bei der Gemeinen Eberesche 23 und dem Wildapfel 15 unterschiedliche Haplotypen abgeleitet. Bei Betrachtung der Haplotypenverteilung in den einzelnen Populationen in Sachsen war bei keiner der untersuchten Wildobstarten ein Zusammenhang zwischen genetischer Struktur und den Vorkommensgebieten sowie der geographischen Verteilung erkennbar.

Pollentransport beim Wildapfel

Untersuchungen zum Pollentransport beim Wildapfel zeigten, dass die durchschnittliche Hybridisierungsrate in den Wildapfelvorkommen des Osterzgebirges bei annährend 8 % liegt. Über die Hälfte der Pollen (57 %) stammten zwar von Vätern aus einer Entfernung bis zu 100 m, es gab aber auch Nachkommen, die von Bäumen bestäubt wurden, die über 5 km entfernt vom Mutterbaum standen. Die größte ermittelte Pollentransportdistanz lag bei 10,7 km. In diesem

Zusammenhang wurde festgestellt, dass der Pollen weniger weit transportiert wird, je mehr Bäume in einer Gruppe stehen (REIM et al. 2015).

Schlussfolgerungen für Ernte und Vermehrung

Grundsätzlich konnten für alle fünf Modellarten Bestände in beiden Vorkommensgebieten gefunden werden, die eine Beerntung für die Bereitstellung von Saatgut in ausreichender Qualität und Quantität zulassen. Es ist jedoch fraglich, ob sich die kartierten Wildobst-Vorkommen für eine zukünftige und langfristige Beerntung durch Baumschulen eignen. Folgende Faktoren sprechen gegen eine *In-situ* Beerntung einiger Bestände:

- **Schutzstatus**: Die erfassten Wildobst-Vorkommen in Naturschutzgebieten dürfen nur mit Ausnahmegenehmigung für Forschungszwecke betreten und beerntet werden. Eine regelmäßige Beerntung durch eine Baumschule ist dagegen aus naturschutzfachlicher Sicht nicht überall genehmigungsfähig.
- **Zugänglichkeit**: Aufgrund der Geländeform sind viele der untersuchten Wildobstvorkommen schlecht zugänglich. Besonders die Alpen-Johannisbeere wächst vorwiegend an steilen Hängen oder rutschigen Geröllfeldern, was eine Beerntung stark erschwert.
- **Räumliche Verteilung**: Die Vorkommen sind häufig stark zergliedert. Vor allem die Wildapfel- und Wildbirnen-Vorkommen bestehen meist nur aus 5-10 Bäumen. Dadurch wird der Beerntungsaufwand durch lange Transportdistanzen stark erhöht.
- **Artspezifische Merkmale**: Um die Beerntung von Hybriden (Wildapfel und Wildbirne) oder Klonen (Alpen-Johannisbeere) zu vermeiden, sind vorhergehende genetische Analysen zu empfehlen. Nur durch genetische Analysen sind gesicherte Aussagen zum Vorhandensein von Hybriden oder Klonen möglich.

Die Parameter zur genetischen Diversität und Struktur spiegeln in erster Linie den möglichen Austausch zwischen Populationen wieder. Möglicherweise zeigen hier seltene Gehölzarten mit gleichem Befruchtungssystem ähnliche genetische Parameter (Diversität, genetische Struktur). Eine regionale Differenzierung bzw. Differenzierung nach Vorkommensgebieten bei den Modellarten (mit Ausnahme der Alpen-Johannisbeere) war auf Basis der genetischen Analysen mittels Mikrosatelliten-Markern und Chloroplasten-Markern nicht möglich. Weiterhin können auf Basis dieser neutralen Marker keine Rückschlüsse über die Anpassungsfähigkeit und Fitness der Populationen gezogen werden. Eine Beurteilung, ob die Einteilung der Vorkommensgebiete für seltene Wildobstarten angemessen ist, ist nur eingeschränkt möglich. Für die Klärung dieser Fragen sind stattdessen langfristige phänologische Betrachtungen sowie genetische Analysen mit adaptiven genetischen Markern notwendig.

Aufgrund der oben beschriebenen Rahmenbedingungen, welche langfristig eine ökonomisch und naturschutzfachlich vertretbare Gewinnung von hochwertigem Vermehrungsgut erschweren, wurden im Rahmen des Projektes Generhaltungs- und Ernteplantagen für die Modellarten Alpen-Johannisbeere, Wildapfel und Wildbirne angelegt. Für die Eberesche (Abb. 1) sollen erntegeeignete Bestände in einzelnen Forstbezirken etabliert werden. Weiterhin wird Vermehrungsgut für die Anlage von Landschaftshecken bereitgestellt, die später ebenfalls der Saatgutgewinnung dienen können.

Das abschließende Ziel des geplanten Modell- und Demonstrationsvorhabens besteht in der Entwicklung einer einfachen und kostengünstigen Standardmethode für die Beerntung von *In-situ*-Beständen von seltenen Wildobstarten sowie in der Erstellung eines Leitfadens für die Beerntung von seltenen Arten. Vergleichbare Erkenntnisse liegen noch nicht vor, insbesondere nicht für seltene Wildobstarten. Diese Methode soll als allgemeingültige Vorgehensweise auch auf andere seltene Baum- und Straucharten in anderen Regionen Deutschlands anwendbar sein.

Weiterführende Informationen zum Projekt, Kontaktdaten der Projektbearbeiter etc. sind auf der Projektinternetseite unter www.wildobstsachsen.de zu finden.

Abb. 1: Typisches Ebereschen-Vorkommen auf Steinrücken im Osterzgebirge

Förderung

Das Projekt ‚Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen' wurde über die Bundesanstalt für Landwirtschaft (BLE) vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft gefördert (BMEL). Förderkennzeichen: 2810BM025 (Staatsbetrieb Sachsenforst) 2810BM018 (Grüne Liga Osterzgebirge e.V.). Laufzeit: Juli 2012-Juli 2017.

Literatur

PROVAN J, BEATTY GE, HUNTER AM, MCDONALD RA, MCLAUGHLIN E, PRESTON SJ, WILSON S, 2009: Restricted gene flow in fragmented populations of a wind-pollinated tree. Conserv. Gen. 9: 1521-1532.

Reim S, Hoeltken A, Höfer M, 2012: Diversity of the European indigenous wild apple *Malus sylvestris* (L.) Mill. in the East Ore Mountains, Germany: II. Genetic characterization. Genetic Resources and Crop Evolution. DOI 10.1007/s10722-012-9885-8

REIM S, PROFT A, HEINZ S, LOCHSCHMIDT F, HÖFER M, TRÖBER U, WOLF H, 2015: Pollen movement in a *Malus sylvestris* population and conclusions for conservation measures. Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization: 1–9, doi:10.1017/S1479262115000301

REIM S, LOCHSCHMIDT F, PROFT A, WOLF H, WOLF H, 2016a: Species delimitation, genetic diversity and structure of the European indigenous wild pear (*Pyrus pyraster*) in Saxony, Germany. Genetic Resources and Crop Evolution. DOI 10.1007/s10722-016-0426-8

REIM S, PROFT A, LOCHSCHMIDT F, HÖFER M, TRÖBER U, WOLF H, 2016b: Genetic structure and diversity in Juniper (*Juniperus communis* L.) populations in Saxony, Germany. Biodiversity Research and Conservation (angenommen Juni 2016)

Anschriften der Autoren

Dr. STEFANIE REIM, HEIKE WOLF, UTE TRÖBER, Dr. HEINO WOLF
Staatsbetrieb Sachsenforst
Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft
Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung
Bonnewitzer Str. 34
01796 Pirna OT Graupa
E-Mail: stefanie.reim@smul.sachsen.de

FRANK LOCHSCHMIDT, ANKE PROFT
Grüne Liga Osterzgebirge e.V.
Große Wassergasse 9
01744 Dippoldiswalde

Vom genetischen und naturschutzfachlichen Wert der Alteichen der Schorfheide und über Wege zur Erhaltung ihrer genetischen Ressourcen

RALF KÄTZEL[1], FRANK BECKER[1], JENS SCHRÖDER[1], MATTHIAS ZANDER[2], LUDGER LEINEMANN[3], SONJA LÖFFLER[1]

[1] Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Landesbetrieb Forst Brandenburg, Eberswalde
[2] Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften der Humboldt-Universität zu Berlin, AG Vermehrungstechnologie/Baumschulwesen, Berlin
[3] ISOGEN, Göttingen

Zusammenfassung

Von den Anfang der 1990er Jahre kartierten 2.462 Alteichen der Schorfheide, überwiegend *Quercus petraea*, lebten 20 Jahre später bei einer erneuten Kartierung nur noch ca. 1.300 Bäume mit einer überwiegend geringen Vitalität und verminderten Überlebensprognose. Dies entspricht einer Mortalitätsrate von ca. 2 % pro Jahr. Mit der Inventur von 2012-14 wurden gleichzeitig Daten zu Baumhöhen, Stammdurchmessern, Kronenansatzhöhen, Lichtverhältnissen und naturschutzfachlich relevanten Mikrohabitaten erhoben. Diese Sonderstrukturen, die mit geringer werdender Vitalität der Bäume zunahmen, sind von besonderem ökologischem Wert für die Artenvielfalt der Eichenwaldbiozönose. Nur noch weniger als 300 der ehemaligen Huteeichen erwachsen im Freistand bei vollen Lichtgenuss. Exemplarisch wurde die Blattmasse einer vitalen, freistehenden Alteiche mit über 340.000 Blättern ermittelt. Nach zwei unabhängigen genetischen Untersuchungen von 86 Alteichen zu den postglazialen Refugialgebieten wurde die Mehrzahl der Bäume dem Haplotyp 1 (Apennin) zugeordnet. Der Nachweis von drei weiteren Haplotypen aus den beiden anderen Refugialgebieten (Iberische Halbinsel, Balkan) lässt einen anthropogenen Einfluss auf die Begründung der Huteeichen und ihrer Vorfahren vermuten.

Zur Erhaltung des genetischen Materials wurden in den Jahren 2006 bis 2008 insgesamt 81 alte Trauben-Eichen vegetativ über Pfropfungen vermehrt. Trotz hoher Ausfallraten konnte mit 242 getopften Pfropflingen von 54 Alteichen ein Klonarchiv auf einer Fläche von 1,2 ha angelegt werden. Zusammenhänge zwischen dem Vermehrungserfolg einzelner Klonfamilien und dem physiologischen Zustand der Reiser wurden durch Biomarker untersucht. Danach war der Vermehrungserfolg am größten, wenn die Reiser einen hohen Kohlenhydrat- und Phenolgehalt aufwiesen und einer erhöhten Lichtexposition ausgesetzt waren. Mit weiteren 2.400 Sämlingen, die aus dem Saatgut von 18 Alteichen aufgezogen wurden, erfolgte die Anlage einer Erhaltungsplantage.

Schlüsselworte: Alteichen, Vitalität, genetische Ressource, Haplotyp, Biomarker, *Ex-situ*-Erhaltung

Summary

On the genetic and environmental value of the ancient oaks in the Schorfheide and approaches for conserving their genetic resources

Beginning in the early 90s, 2,462 ancient oaks – majorly *Quercus petraea* - have been recorded in the Schorfheide. We found that, 20 years later, only 1,300 of them were still alive, and those displayed mostly low vitality and poor prognosis of survival. This corresponds to a mortality rate of 2 % p.a. During our inventory in 2012-14 we also measured data on tree height, diameter of stems, height of crown onset, light conditions and environmental microhabitat structures. These special structures, whose occurrence increased with decreasing vitality of the trees are of particular ecological value for

the biodiversity of the biocenosis of the oak forest. Only less than 300 of the ancient oaks grow in freerange at full light exposure. We sampled the mass of leaves of a vital, open-grown ancient oak tree, and found that it had over 340.000 leaves. Conducting two independent genetic analyses of 86 ancient oaks from the post-glacial refugium areas, we determined that the majority of trees belongs to the haplotype 1 (Apennin). The identification of three further haplotypes from the two other refugium areas (Iberian peninsula, Balkan) among the sample suggest an anthropogenic influence on the foundation of these oaks and their predecessors.

Between 2006 and 2008, vegetative reproduction via grafting was conducted from 81 old sessile oaks were, in order to conserve their genetic material. Despite high failure rates, an archive of clones from 54 ancient oaks could be established on an area of 1.2 ha using 242 grafts. The relation between the reproduction success rate of individual clone families and the physiological state of the slips was investigated based on biomarkers. Our data shows, that the reproduction success was highest, if slips had high contents of carbohydrates and phenols, and were subjected to elevated light exposure. Using 2,400 further seedlings which were derived from the seeds of 18 ancient oaks, a plantation for conservation was established.

Key words: ancient oaks, vitality, genetic resources, haplotypes, biomarkers, ex situ conservation

Einleitung

Das 1990 gegründete Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin ist mit einer Gesamtfläche von 129.161 ha eines der größten Schutzgebiete Deutschlands. Neben tausenden von Mooren und mehr als 240 Seen besteht insbesondere der südliche Teil der Region aus ausgedehnten Waldungen, die eine Gesamtfläche von 57.281 ha einnehmen (www.schorfheide-chorin-biosphaerenreservat.de). Neben den Rotbuchenwäldern u. a. des „Grumsiner Forstes“ (UNESCO-Weltnaturerbe), den alten, autochthonen Kiefern der „Kienschorfheide“ sind hier vor allem die Alteichen prägende Elemente der Waldlandschaft. Die heute mehr als 400jährigen Alteichen der Schorfheide sind Relikte einer über Jahrhunderte andauernden Hutewaldwirtschaft (HAUSENDORF 1941, SCHLÜTER 1994). Im Laufe ihrer wechselvollen Geschichte waren sie sowohl Kulisse eines herrschaftlichen Jagdgebietes als auch Einnahmequelle des preußischen Königshauses. Im Jahre 1793 wurden allein in der Kienheide noch 6.417 Alteichen mit einem Holzvorrat von 15.603 fm gezählt (BUCHHOLZ und CONINX 1969, S. 35).

Fast 200 Jahre später hatte sich ihre Anzahl bei einer erneuten Kartierung zu Beginn der 1990er Jahre (SCHLÜTER 1992, KESSLER 1998) auf noch 2.462 Stiel- und Trauben-Eichen reduziert. Seit dem sind die Bäume in den Fokus der Waldforschung, des Waldnaturschutzes und der forstlichen Generhaltung gerückt. Neben der Untersuchung der Ursachen ihres zahlenmäßigen Rückgangs, der Bedeutung der lebenden (und bereits abgestorbenen) Eichen u. a. für die faunistische und mykologische Artenvielfalt der Lebensräume gehört vor allem die bemerkenswerte Anpassungsfähigkeit der Überlebenden an sich immer wieder ändernde Umweltbedingungen zu den wichtigsten Forschungsfragen. Die offenkundige Vergänglichkeit der Alteichen machte die Dringlichkeit von Erhaltungsmaßnahmen deutlich. Wenn auch die Lebensbedingungen der Alteichen durch waldbauliche Maßnahmen nur begrenzt beeinflusst werden können, besteht doch die Möglichkeit, den Genpool einer Teilpopulation der heute noch lebenden Bäume durch geeignete Maßnahmen für künftige Waldgenerationen zu sichern. Dies setzte eine erneute Inventur und teilweise Nachkartierung der Bäume voraus.

Der Beitrag berichtet über die aktuellen Inventurergebnisse und zieht eine Zwischenbilanz zu den Erfolgen und Misserfolgen der eingeleiteten Maßnahmen zur Erhaltung ihrer genetischen Ressourcen.

Inventur der Alteichen (2012 bis 2014)

Methoden

Grundlage für die erneute Inventur der Alteichen der Schorfheide waren die Ergebnisse der zwanzig Jahre zurückliegenden Kartierung aus den Jahren 1992 bis 1994 (KESSLER 1998). Danach konzentrierten sich 2.462 Altbäume von Trauben- und Stiel-Eichen in den ehemaligen Oberförstereinen Pechteich, Grimnitz und Groß Schönebeck der heutigen Hoheitsoberförsterei Eberswalde. Vorkommensschwerpunkte sind die Reviere Hubertusstock, Eichheide, Michen, Üderheide, Eichhorst und Kienhorst.

Die Anzahl der Aufnahmeparameter wurde erweitert, die Boniturkriterien an vergleichbare Untersuchungen in anderen Regionen Deutschlands angepasst und die Standortkoordinaten einzelbaumweise nummeriert eingemessen. Die wesentlichen Aufnahmeparameter im Winterhalbjahr waren der Vitalitätszustand anhand der Kronenstruktur (unbelaubte Krone) in acht Stufen nach KÖRVER et al. (1999), die Baumhöhe, die Kronenansatzhöhe, der Baumumfang in BHD 1,3 m, die Bonitur des Lichtangebotes in drei Stufen (1 = voller Lichtgenuss, 2= Lichtgenuss eingeschränkt, 3= Lichtgenuss sehr stark eingeschränkt) sowie naturschutzfachlich relevante Mikrohabitate (Sonderstrukturen: Mulmhöhlen, Spechtlöcher, Spechtabschläge, Blitzrinnen, Pilzkonsolen, hohler Stamm, offener Stammfuß, Schleimfluss, Teilkronenbruch, Ersatzkronenbildung, Totholzanteil) (WINTER und MÖLLER 2008). Durch den Zeitpunkt der Kartierungen im Winterhalbjahr konnte die Art nicht immer zweifelsfrei bestimmt werden. Nach der Kartierung von KESSLER bestanden die Reste der ursprünglichen Eichenbestockung der engeren Schorfheide zu 95 % aus Trauben-Eichen (KOHLSTOCK und KESSLER 1999). Alle Bäume wurden fotografiert (Abb. 1).

Abb. 1: Vitale Alt-Eiche im Forstrevier Michen (links) und abgestorbene Alt-Eiche im Forstrevier Kappe (rechts)

Ergebnisse

Vitalität und Mortalität

Insgesamt wurden 2.578 Alteichen kartiert und gegenüber der Kartierung der 1990er Jahre 115 Eichen neu aufgenommen. Die Bäume sind zum einen auf ehemaligen Räumden (Hutewaldflächen), die von einer lockeren Bestockung mit Birke, Kiefer, Wildobst und Sträuchern begleitet werden, in dichten Kiefernforsten und zum anderen auf Waldwiesen anzutreffen.

Von den im Jahre 1992 bonitierten 2.462 lebenden Alteichen sind in den folgenden 21 Jahren 1.120 Bäume (45 %) abgestorben. Die jährliche Mortalitätsrate lag somit bei 53 Eichen/Jahr (=2,17 %). Unterstellt man eine gleichbleibende Mortalitätsrate, wäre spätestens im Jahre 2038 die letzte Alteiche der Schorfheide abgestorben.

Entsprechend des Kronenzustandes konnte kein Baum der besten Vitalitätsstufe 1 („Referenzstufe“) zugeordnet werden. Nur noch 1 % der Alteichen (15 Bäume) entsprachen der Kronenstrukturstufe 2 („Feinaststufe“). Ab der Stufe 3 beginnt die Segmentierung der Krone und der Feinastanteil nimmt ab. Dieser Stufe („Knickwuchsstufe“) entsprachen noch 2 % der Eichen. Ein Fünftel der Eichen zeigen deutliche Auflösungen einer kompakten Kronenarchitektur („Segment- und Fensterstadium“). Ab dem „Mittel-Grobaststadium“ (Stufe 6) ist eine Regeneration der Krone kaum noch zu beobachten. Die Bäume sterben über das „Grobast- und Rudimentstadium“ (Stufe 7 und 8) ab. In dieser letzten Lebensphase (Stufen 6-8) befinden sich 31 % der Alteichen (Abb. 2, links).

KESSLER (1998) untersuchte die Vitalität von 46 % der kartierten Eichen anhand der Belaubung. Die Abbildung 2 (rechts) zeigt den prozentualen Anteil der aktuell abgestorbenen Bäume in den ehemaligen fünf Vitalitätsstufen. Nach der Kartierung von KESSLER aus dem Jahre 1992 war die Vitalität von fast 60 % der kartierten ca. 1.000 Alteichen in „gutem Zustand“. Der Verlauf zwischenzeitlich abgestorbener Eichen entspricht sehr gut der damaligen Vitalitätsbonitur. Von den Eichen der schlechtesten Vitalität leben heute noch gut 20 %, gleichzeitig sind auch mehr als 20 % der Bäume mit bester Vitalität abgestorben.

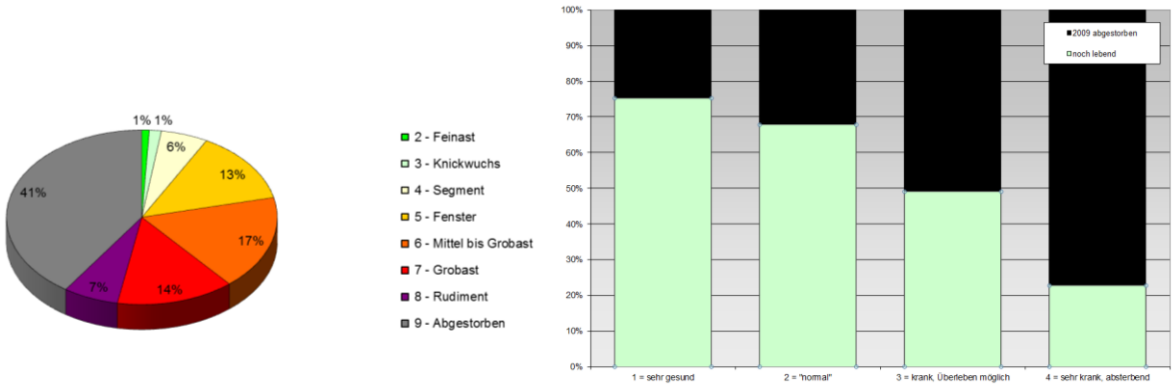

Abb. 2: Relativer Anteil der acht Vitalitätsgruppen nach Kronenstrukturstufen (KÖRVER et al. 1999, links) und Relativer Anteil abgestorbener und vitaler Eichen nach den Vitalitätsgruppen von KESSLER (1998) (rechts)

Wuchsleistung

Die Alteichen der Schorfheide haben heute keine forstwirtschaftliche Bedeutung mehr für die Holznutzung. Dennoch sind die erreichten Dimensionen der Bäume von dendrologischem Interesse. Die stärksten Eichen erreichten Durchmesser von 215 cm und Baumhöhen von 39,6 m. Unterteilt in 12 Durchmesserklassen lag die BHD-Klassenmitte bei 109 cm, der 432 Alteichen zugeordnet wurden

(Abb. 3, links). Die Klassenmitte der Oberhöhen der ehemaligen Huteeichen lag bei 25,1 m, der 325 Bäume entsprachen (Abb. 3, rechts). Das mittlere Bekronungsprozent betrug 62 % der Baumhöhe.

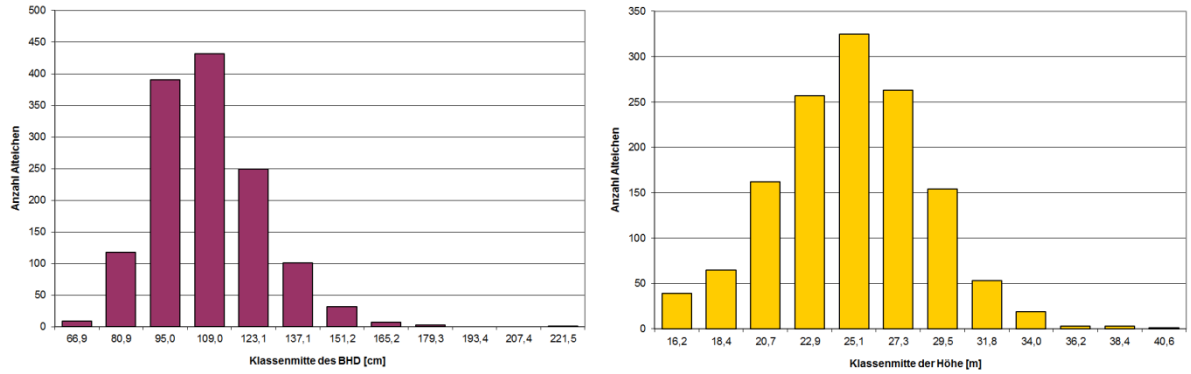

Abb. 3: Häufigkeitsverteilung der Durchmesserklassen (BHD 1,3 m) aller aufgenommenen Alteichen (links) und Häufigkeitsverteilung der Oberhöhenklassen aller aufgenommenen Alteichen (rechts)

Mikrohabitatstrukturen an Bäumen

Neben ihrem landschaftsästhetischen Erscheinungsbild besteht der naturschutzfachliche Wert der Alteichen vor allem in zahlreichen Sonderstrukturen, die die Bäume zu Mikrohabitaten für Pilze, Insekten, Vögel und Kleinsäuger qualifizieren (SCHLÜTER 1994, WINTER und MÖLLER 2008). Im Zuge der Neukartierung wurden daher zehn typische Sonderstrukturen mit erfasst. Als Begleiterscheinung der abnehmenden Vitalität wiesen insgesamt 53 % der Eichen 1-3 Sonderstrukturen pro Baum auf. Nahezu die Hälfte der Bäume hatten Mulmhöhlen und Spechtlöcher. 20 % der Bäume waren hohl. Vergleichsweise wenige Eichen hatten Blitzrinnen oder Pilzkonsolen (Abb. 4, links). Nur 23 % der Eichen zeigten äußerlich keine Sonderstrukturen (Abb. 4, rechts).

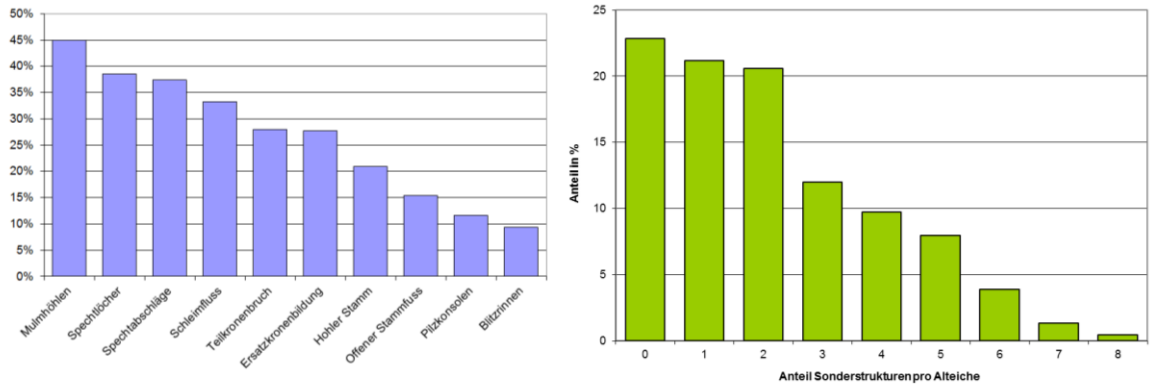

Abb. 4: Prozentuale Anteile an Sonderstrukturen aller aufgenommenen Eichen (links) und Prozentuale Anteile von Alteichen mit unterschiedlicher Anzahl von Sonderstrukturen je Baum (rechts)

Zusätzlich wurde das Totholz abgestorbener Alteichen in den Kategorien „stehend“, „liegend“ oder „Stubben“ angesprochen. Das liegende Totholz kam um 13 Prozentpunkte häufiger vor als stehendes Totholz. Stubben wurden vergleichsweise selten kartiert (Abb. 5). Wenn nicht verkehrssicherungsrechtliche Aspekte dem entgegenstehen, werden die abgestorbenen Alteichen als wertvolle Biotope geschützt und im Wald belassen.

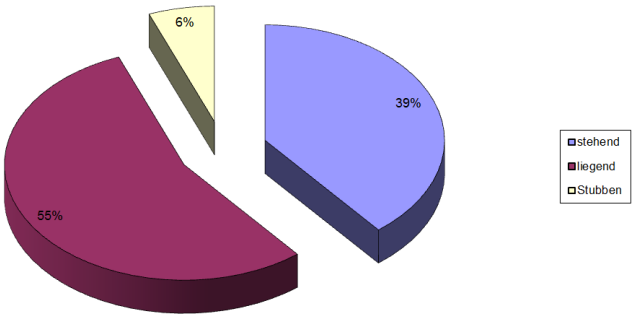

Abb. 5: Prozentuale Häufigkeit von stehendem und liegendem Totholz sowie Stubben

Genetische Analysen

Durch KESSLER (1998) wurden bereits in den 1990er Jahren an 500 Alteichen populationsgenetische Untersuchungen auf der Grundlage von Isoenzymanalysen an 12 Genorten durchgeführt. Dabei zeigten die untersuchten Alteichen eine deutliche höhere genetische Vielfalt als mittelalte Vergleichsbestände in Brandenburger Eichenwirtschaftswäldern.

Nach fortgeschrittener Markerentwicklung wurde im Rahmen der Neukartierung untersucht, aus welchen postglazialen Herkunftsgebieten die vorangegangenen Generationen der heutigen Alteichen der Schorfheide stammen. Für die Untersuchungen zur nacheiszeitlichen Rückwanderungsgeschichte von Eichen wurden in den letzten zehn Jahren in mehreren europäischen Forschungsprojekten standardisierte Methoden entwickelt. Dabei erfolgt die genetische Charakterisierung der Bäume auf der Grundlage genetischer Variation in den Chloroplasten mit cpDNA-Markern. Die genetische Information in den Zellorganellen wie Chloroplasten und Mitochondrien wird bei Laubgehölzen rein mütterlich vererbt, d. h. direkt von der Mutter auf den Sämling. Aufgrund der uniparentalen Vererbung kann die genetische Variation der Chloroplasten als Haplotyp erfasst werden. Die genetische Variation von Chloroplasten- und Mitochondrien-Genen innerhalb von natürlichen Populationen ist gering oder nicht vorhanden. Sie kann jedoch zwischen geographischen Regionen sehr groß sein (PETIT et al. 2002 a, b). Die geographische Verbreitung der genetischen Typen steht mit drei eiszeitlichen Refugien (Iberische Halbinsel, Apennin, Balkan) in enger Verbindung. Für die natürliche Verbreitung der Trauben-Eiche im Nordostdeutschen Tiefland ließen sich auf der Grundlage von mehr als 600 untersuchten Eichen aus verschiedenen Generationen und Regionen Brandenburgs, u. a. aus Naturwaldreservaten, drei Gruppierungen unterscheiden (KÄTZEL et al. 2002). Danach sind für das nördliche Gebiet der heutigen Schorfheide Haplotypen aus der Iberische Halbinsel (Haplotypen 10-12), über Mecklenburg kommend, wahrscheinlich. Dagegen ist der Süden Brandenburgs bis einschließlich Berlin vermutlich überwiegend vom Balkan aus besiedelt worden (Haplotypen 4, 5, 7).

Im Jahre 2006 wurden durch das Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung des Thünen-Instituts Blätter von 26 Alteichen untersucht, die alle dem für Brandenburg seltenen Haplotyp 1 (Refugialgebiet Apennin) entsprachen (LIESEBACH unveröffentlicht), der aber z. B. das westliche Mecklenburg dominiert (HOSIUS et al. 2012). Im Jahre 2016 wurden nochmals 60 Alteichen, getrennt nach Stiel- und Trauben-Eichen aus neun Forstrevieren (Eichheide, Eichhorst, Hubertusstock, Kappe, Köllnsee, Michen, Trämmersee, Üderheide, Voigtswiese) untersucht, welche den Haplotypen 1, 10, 5 und 8 aus allen drei Refugialgebieten zugeordnet wurden (Abb. 6). Der hier wiederum häufige Haplotyp 1, der aus dem Apennin stammt, könnte östlich und westlich der Alpen nach Brandenburg gelangt sein. Es ist jedoch eher wahrscheinlich, dass Eichen dieses Haplotyps durch den Menschen in die Brandenburger/Berliner Region eingebracht wurden. Da auch nur in wenigen Ausnahmefällen davon auszugehen ist, dass in natürlichen Eichenbeständen mehrere Haplotypen gleichzeitig

auftreten, deuten die Befunde eher auf eine künstliche Begründung aus heterogenem Ausgangsmaterial hin. Interessanterweise zeigten ähnliche Untersuchungen, die im Auftrag der Berliner Forsten im Grunewald durchgeführt wurden, dass einige solitäre Alteichen am Kronprinzessinnenweg ebenfalls dem Haplotyp 1 zugeordnet wurden, während alle jüngeren Eichen dem für die Region typischen Balkanrefugium (Haplotyp 7) entsprachen (LIESEBACH et al. 2006). Der Haplotyp 10, dem auch die bekannten Ivenacker Uralteichen in Mecklenburg entsprechen (HOSIUS et al. 2012), wurde nur bei zwei Trauben-Eichen der Schorfheide gefunden.

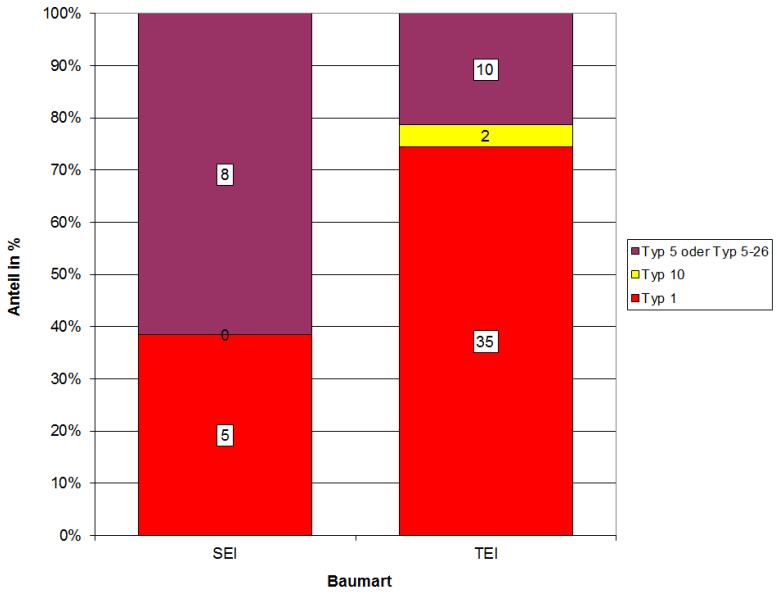

Abb. 6: Prozentuale Verteilung der cpDNA-Haplotypen differenziert nach Stiel- (SEI) und Trauben-Eichen (TEI)

Konkurrenz und Lichtgenuss

Eine mögliche Ursache für die hohe Mortalitätsrate der ehemaligen Huteeichen wurde in der zunehmenden Konkurrenz durch Nachbarbäume (häufig Kiefern und Birken) vermutet (SCHLÜTER 1992, KESSLER 1998). Deshalb wurde bei beiden Kartierungen die Konkurrenzsituation über den Lichtgenuss in vier Stufen eingeschätzt. Bereits nach der Kartierung zu Beginn der 1990er Jahre wies SCHLÜTER (1992) auf die Notwendigkeit der behutsamen Freistellung eingeklemmter Alteichenkronen hin. Die Aufnahmen im Jahre 2013 belegen, dass sich die Konkurrenzbedingungen für die Alteichen weiter verschärft haben. Die Anzahl der Alteichen im Freistand („voller Lichtgenuss“) hat sich mehr als halbiert. Dagegen ist die Anzahl der Bäume mit „stark“ bis zu „extrem stark eingeschränktem Lichtgenuss“ deutlich erhöht (Abb. 7).

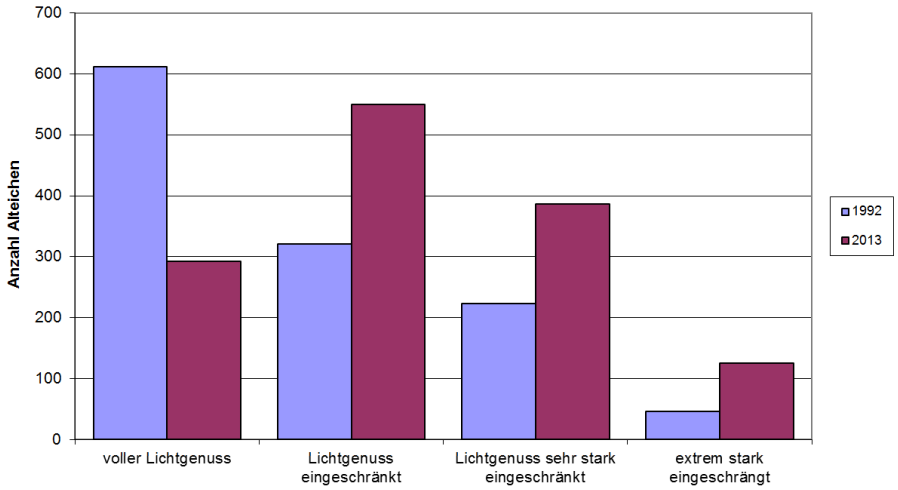

Abb. 7: Anzahl der Alteichen mit unterschiedlichem Lichtgenuss bei den Aufnahmen 1992 und 2013

Blattanzahl in Abhängigkeit von der Bestandesdichte

Da die Vitalität von Eichen erheblich von den Möglichkeiten der Kronenentwicklung und der hiervon abgeleiteten Belaubungsdichte bestimmt wird (SCHRÖDER 2015), wurde exemplarisch die Blattzahl von zwei repräsentativen Trauben-Eichen im Bestand bzw. im Freistand ermittelt. Hierzu wurde im Jahr 2010 die Krone einer freistehenden Alteiche (Michen 62, Kronenmantelfläche ca. 1600 m²) mit einer Baumhöhe von 23 m mit einem Kormorannetz (30 x 60 m, Maschenweite 30 mm) vollständig eingehüllt. Nach dem herbstlichen Blattfall wurden alle Blätter aus dem Netz vollständig in 90 Plastiksäcke (je 60 l) verpackt und die Blattzahlen, Blatttrockenmassen und -flächen bestimmt. (Abb. 8).

Zum Vergleich wurde in einer nahgelegenen Versuchsflächen eine 27 m hohe, 128 Jahre alte, vorherrschende Eiche im Bestand (Baum-Nr. 110, Bestockungsgrad 1,0) gefällt, Stamm und Äste holzmesskundlich quantitativ (Durchmesser, Längen, Volumen) aufgenommen und alle Blätter jedes Astes gezählt, die durchschnittlichen Blattflächen gescannt sowie die Trockenmasse mit einem Moisture-Analyzer bestimmt.

Tabelle 1: Vergleich der gesamten Blattmengen (Anzahl, Fläche, Trockenmasse) einer freistehenden Alteiche und einer vorherrschenden Eiche im Bestand (Angaben in Klammern: relativer Anteil zur Alteiche=100 %, Erläuterungen im Text) im Jahr 2010

Merkmal	Freistand Baum M 62	Bestand Baum B 110
Alter	ca. 450	128
BHD [cm]	120,4	45,5
Höhe [m]	23	27
Anzahl der Blätter	343.170	54.235 (15,8 %)
Blattfläche gesamt [m²]	1.038,8	146,8 (14,1 %)
Blatttrockenmasse gesamt [kg]	138,3	13,2 (9,5 %)

Die Blattmengen und –flächen beider Bäume sind in Tabelle 1 dargestellt. Neben den hohen absoluten Zahlen der freistehenden Alteiche waren die großen Unterschiede zu der zwar deutlich

jüngeren, aber höheren „Bestandeseiche“ beeindruckend. Danach trug die Eiche im Bestand nur 15,8 % der Blattanzahl, die 14,1 % der Blattfläche im Vergleich zu der einzeln stehenden Alteiche entsprachen.

Abb. 8: Freistehende, mit einem Kormorannetz eingehüllte Alteiche M62 nach der quantitativen Erfassung der Blattmengen im Winter 2010/11

Wachstumsverlauf

Neben der Laubmenge wurde für die in Tabelle 1 verglichenen Eichen zusätzlich ihre Durchmesserentwicklung anhand von Bohrkernproben analysiert. Dabei ist zu berücksichtigen, dass im Kern der Alteiche auf Grund von Fäule die ersten etwa 110 Jahre nicht messbar waren. Die Gegenüberstellung der Zeitreihen in Abbildung 9 zeigt lange Zeit stabile Jahrringbreiten um 1-1,5 mm bei der Freistands-Alteiche, die seit den 1950er (ab einem Alter von etwa 380 Jahren) auf ein relativ konstantes Niveau von gut 2 mm gestiegen sind. Das entspricht jährlichen Durchmesserzunahmen von 3-4 mm. Die deutlich jüngere Eiche aus dem Bestand B 110 hat in der Jugend sehr starke Jahrringe, die jedoch mit zunehmendem Bestandesschluss bzw. Konkurrenzdruck bereits ab dem Alter von etwa 50 Jahren auf das Niveau der Alteiche sinken und seit etwa1985 sogar darunter fallen. Auffällig ist außerdem die hohe Varianz im Zuwachs der Bestandeseiche, d. h. die großen interannuellen Unterschiede in der Jahrringbreite, während die Alteiche deutlich weniger um den mittleren Verlauf schwankt. Als Ausdruck dessen liegt die mittlere Sensitivität (als adäquater dendrochronologischer Parameter für die Empfindlichkeit gegenüber Umweltfaktoren; SCHRÖDER 2015) im Zeitraum 1950-2011 für den Baum M 62 bei 0,14 und für B 110 bei 0,23.

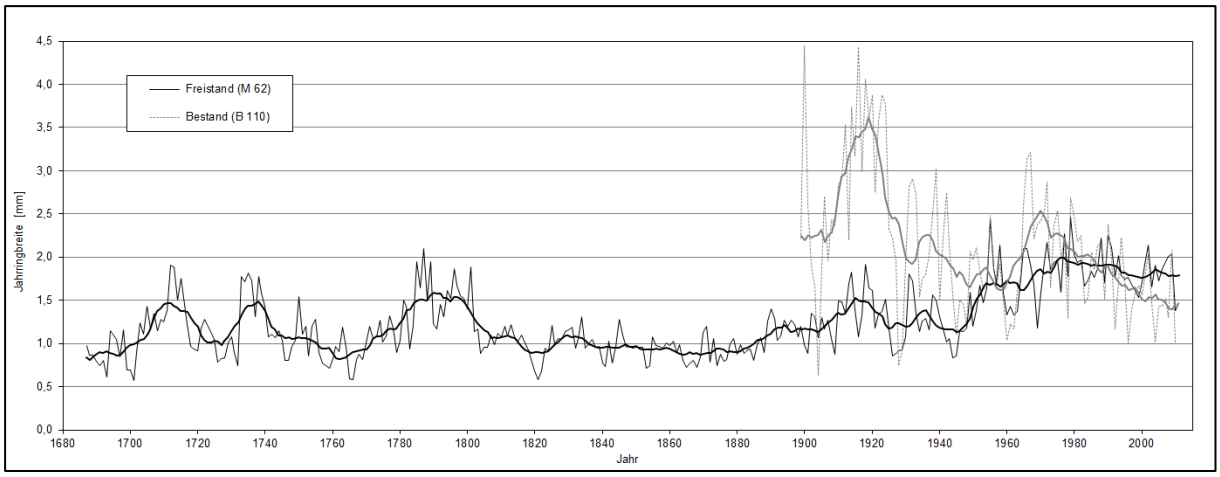

Abb. 9: Verlauf der Jahrringbreite auf 1,3 m Höhe bei der Alteiche M 62 (siehe Tabelle 1) und der Bestandeseiche B 110 nach Bohrkernauswertungen. Neben den Jahreswerten sind auch die laufenden zehnjährigen Mittel dargestellt.

Erhaltungsmaßnahmen

Das Absterben der Alteichen der Schorfheide in den nächsten beiden Jahrzehnten erscheint unausweichlich und könnte durch eine Verbesserung der Konkurrenzbedingungen lediglich verzögert werden. Umso wichtiger sind daher Maßnahmen, die auf die teilweise Sicherung des Genpools über *Ex-situ*-Maßnahmen ausgerichtet sind. Die natürliche Verjüngung der Alteichen ist bisher nur in wenigen Ausnahmefällen gelungen, wobei die Paarungsverhältnisse (z. B. über angrenzende weitaus jüngere, künstlich begründete Eichenbestände) unbekannt sind. Daher nehmen Maßnahmen zur Erhaltung des Genpools durch vegetative Vermehrung einen wichtigen Stellenwert im Erhaltungsprogramm der Alteichen ein.

Vegetative Vermehrungsverfahren zur Anlage eines Klonarchivs

Mit dieser Zielstellung wurden in den Jahren 2006 bis 2008 insgesamt 81 alte Trauben-Eichen ausgewählt und vegetativ über xenovegetative Verfahren (Pfropfung) vermehrt. Vorbedingung für die Durchführung der Arbeiten war die Erteilung einer Ausnahmegenehmigung für die vegetative Vermehrung von Einzelbäumen aus nicht zugelassenen Beständen zur Gewinnung von ausgewähltem Vermehrungsgut durch die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE).

Um die Erfolgsaussichten der vegetativen Vermehrung zu verbessern, wurden vorrangig Bäume mit hoher Belaubungsdichte ausgewählt (WSE-Stufen 0-1 mit einer Kronenverlichtung <20%). Bei Bäumen mit hohem landeskulturellen Wert (z. B. Sockeleiche, Wilhelmseichen im Forstrevier Kienhorst) wurde von diesem Grundsatz abgewichen und auch geringere Belaubungsdichten (bis max. 50 % Blattverlust) toleriert.

Die 20 - 25 einjährigen Reiser pro Baum wurden jeweils im August gewonnen. Als Veredlungsunterlagen dienten zweijährige getopfte Sämlinge von *Quercus petraea*. Für eine erfolgreiche Verjüngung über xenovegetative Vermehrungsverfahren sollten stets mehrere Veredlungsmethoden parallel angewandt werden (ZANDER et al. 2006, STUDZINSKI et al. 2015).

Die vier verwendeten Veredlungsmethoden unterschieden sich in Abhängigkeit von der Qualität und vom Durchmesser der verfügbaren Reiser. Dabei wurden für die Sommerveredlungen die Pfropfverfahren Kopulation, Triangulation, Spaltpfropfungen und seitliche Spaltpfropfungen angewendet. Nur ein geringer Teil der Veredlungen wurde als Kopulation ausgeführt. Voraussetzung hierfür war Reisermaterial von Durchmesserstärke der Unterlage, was häufig nicht gegeben war.

Reiser, die einen geringeren Durchmesser als die vorgesehenen Unterlagen aufwiesen, wurden als Triangulationen veredelt. Es wurde angestrebt, eine Mindestlänge der zugeschnittenen Reiser von 6 cm nicht zu unterschreiten. Da bei den Pfropfungen die verfügbaren Reiser häufig schwächer (3 bis 4 mm) als die Unterlagen waren, wurde ein Großteil mit seitlicher Spaltpfropfung veredelt. Sehr dünne Reiser mit einem Durchmesser unter 3 mm bzw. für die anderen Methoden zu kurze Reiser, wurden ausschließlich 2006 als Spaltpfropfungen veredelt.

Ergebnisse der Vermehrung

Für Sommerveredlungen ist der Einsatz einer Nebelanlage unerlässlich. KRAHL-URBAN (1955) hielt die Erhaltung einer gleichmäßig hohen Luftfeuchtigkeit für wichtiger als die Temperaturregelung. Alle Veredlungen verblieben daher unmittelbar nach der Pfropfung für acht bis zehn Wochen im FOG-Haus der Humboldt-Universität zu Berlin in Berlin-Dahlem unter dem Einfluss der Nebelanlage. Die FOG-Anlage blieb jeweils bis Anfang Oktober in Betrieb. Zur Überwinterung wurden die Pflanzen bis zum Frühjahr in ein Kalthaus (ca. 5 bis 8°C) gestellt.

Angesichts des hohen Alters der Bäume und der Schwierigkeit geeignete Reiser auf den ausladenden Kronen der Eichen zu werben, wurde auch nur eine geringe Ausbeute erfolgreicher Pfropfungen erwartet. Aus diesem Grund wurden von jedem Altbaum 20 bis 25 Veredlungen durchgeführt. Dennoch starben von einigen Altbäumen alle Pfropflinge ab. Aus den unterschiedlichen Anwuchsergebnissen deutet sich eine Klonspezifik der Mutterbäume hinsichtlich des Anwuchserfolges an. Über erhebliche Unterschiede in der Eignung verschiedener Mutterbäume berichtete auch KRAHL-URBAN (1955). Er beobachtete bei bestimmen Klonen oft über mehrere Jahre geringe Anwuchsraten. Die genetische resp. physiologische Eignung von Mutterbäumen lässt sich allerdings anhand äußerer Merkmale kaum voraussagen.

Vorversuche mit Winterveredlungen bei ca. 100jährigen Stieleichen brachten hier nur Veredlungserfolge von 3 bis 4 % (ZANDER et al. 2006). Von den im Sommer 2006 ausgewählten 25 Mutterbäume konnten 15 verklont werden. Die durchschnittlichen Verwachsungsraten lagen zum Zeitpunkt einer ersten Bonitur im November bei 43 %. Von den verwachsenen Sommerveredlungen trieben im Frühjahr 2007 nur etwa ein Viertel (insgesamt 46 Stück) wieder aus, was einem Veredlungserfolg von ca. 10,5 % entspricht. Im Sommer 2007 wurden 33 Mutterbäume beerntet, davon wurden 3 Bäume aus dem Vorjahr wiederholt. Hier konnten insgesamt 17 Bäume erfolgreich verklont werden. Alle Veredlungen wurden in das Kalthaus zur Überwinterung überführt. Im Frühjahr 2008 erfolgte eine Austriebsbonitur. Insgesamt trieben 46 Veredlungen aus, was einem Veredlungserfolg von 7,2 % entspricht. Im Jahr 2008 wurden noch einmal 31 Mutterbäume beerntet. Von 23 Bäumen konnten lebensfähige Nachkommenschaften herangezogen werden.

Nach vierjähriger Anwuchspflege im Container standen von den 1.776 durchgeführten Veredelungen (81 Klone x 20 bis 25 Reiser) noch 339 Nachkommen zur Auspflanzung ins Freiland zur Verfügung. Dies entspricht einer Überlebensrate von 19 %. Von drei Alteichen starben alle Pfropflinge ab. Die höchste Überlebensrate hatte ein Klon (Altbaum Nr. 1364) aus dem Revier Hubertusstock (Abt. 33) von dem 88 % der durchgeführten Veredlungen überlebten.

Anlage eines Ex-situ-Klonarchivs

Im Jahre 2010 wurde mit 242 getopften Pfropflingen der noch verbliebenen 54 Alteichen ein Klonarchiv auf einer Fläche von 1,2 ha in den Abteilungen 24 und 30 des Reviers Hubertusstock angelegt (Abb. 10, links). Die Eichen wurden in einem Weitstand-Verband von 8 x 8 m teils unter lockerem Schirm aus Birke, teils auf der Freifläche angepflanzt. Bis Februar 2016 sind in den fünf Jahren 38 % der Eichen abgestorben. 10 Klonnachkommenschaften sind vollständig ausgefallen. Dagegen zeigten 13 Klone mit insgesamt 33 Individuen keine Ausfälle. Von den 44 noch lebenden Klonen entsprachen 91 Prozent den Vitalitätsstufen „vital“ und „sehr vital“. Die Ausfälle, die sich auf eine Teilfläche konzentrieren, könnten durch die reliefbedingte Aushagerung nahe eines

angrenzenden Wildackers und durch die Wasserkonkurrenz zu den dort verbliebenen Birken zurückzuführen sein. An einem anderen, nicht überschirmten Teil der Fläche sind die Ausfälle vermehrt durch Frostschäden verursacht.

Generative Vermehrung zur Anlage einer Sämlingserhaltungsplantage

Aufgrund der hohen Mortalität der gepfropften Nachkommenschaften wurde im Erntejahr 2009 nach Erteilung einer Sondergenehmigung durch die BLE Saatgut von 18 Mutterbäumen aus den Revieren Überheide und Hubertusstock gewonnen. Trotz der hohen Konzentration von Alteichen in den ausgewählten Abteilungen ist eine Fremdbestäubung durch jüngere Eichen nicht auszuschließen. Zur Aussaat in der Landesforstbaumschule Eberswalde kamen ca. 4.000 Eicheln. Die Mortalität in der Forstbaumschule betrug 36 %. Ursache der vergleichsweise hohen Verluste war vor allem der Befall durch die schwarze Eichelfäule (*Ciboria batschiana*).

Im Jahre 2011 wurde im Revier Hubertusstock, Abt. 5 b², eine Sämlingserhaltungsplantage mit 2.400 Pflanzen auf einer Fläche von 0,25 ha angelegt. Die Anlage erfolgte als klassischer Eichen-Voranbau in Pflugstreifen unter lockerem Kiefern-Schirm. Der Pflanzabstand betrug 0,5 x 1,5 m. Die Eichenverjüngung entwickelt sich derzeit ausgezeichnet ohne nennenswerte Ausfälle (Abb. 10, rechts).

Abb. 10: Nachkommenschaften der Alteichen in einem Klonarchiv (links) und einer Sämlingserhaltungsplantage (rechts) als Maßnahmen zur *Ex-situ*-Erhaltung genetischer Ressourcen

Vermehrungserfolg und physiologischer Zustand der Altbäume

Im Zuge der Reisergewinnung für die vegetative Vermehrung wurden von allen 87 Mutterbäumen gleichzeitig Blätter entnommen und hinsichtlich der Makro-Nährstoffgehalte und ausgewählter biochemischer Inhaltsstoffe untersucht. Nach Anlage der Erhaltungsfläche wurde geprüft, ob ein Zusammenhang zwischen dem Vermehrungserfolg der Ramets (Klongeschwister) und dem

physiologischen Zustand des Mutterbaumes bestand. Als Indikator für den Vermehrungserfolg wurde die Anzahl der überlebenden Pflanzen eines Klons (Ramets) je Mutterbaum verwendet. Im günstigsten Fall (n=3) überlebten von einer Alteiche sieben der ursprünglich 20 - 25 Pfropflinge. Von 32 Alteichen konnte kein Pfropfling erfolgreich verjüngt werden. Von jeweils 12 Alteichen überlebten ein bzw. zwei Nachkommen. Von 28 Alteichen überlebten drei bis sechs Nachkommen.

Signifikante, positive Korrelationen zwischen der Größe der überlebenden Ramets und den Blattinhaltstoffen besteht u. a. bezüglich des Gehaltes an kondensierten Tanninen (Procyanidine) und gesamtphenolischen Inhaltsstoffen (Folinpositive Verbindungen, Abb. 11, unten), dem Kohlenhydrat- (Abb. 11, oben rechts) und Proteingehalt. Kein Zusammenhang bestand zwischen dem Kronenzustand der Bäume (vorausgegangene Winteransprache). Von entscheidender Bedeutung ist daher eher der physiologische Zustand des gewonnen Reises. Dies zeigt sich insbesondere an der spezifischen Blattfläche resp. der Blattgewebedichte (Quotient aus Blattfläche und Blattmasse), die maßgeblich von der Lichtexposition der entnommen Zweige beeinflusst wird (Abb. 11, oben links). Reiser mit kleinen Lichtblättern und dicker Cuticula hatten einen signifikant höhere Überlebenserfolg (Tabelle 3). Die Gehalte an Makronährelementen in den Blättern hatten weder einen Einfluss auf den Etablierungserfolgs der Nachkommenschaften noch bestand ein Zusammenhang zur Vitalität der Altbäume (Kronenzustand im Winter). An den für die Reisergewinnung ausgewählten Eichen wurden keine Nährstoffmangelerscheinungen nachgewiesen. Die Kalium-, Kalzium- und Phosphorgehalte der Blattproben entsprachen einem optimalen beziehungsweise leicht überversorgten Ernährungszustand (GÖTTLEIN 2015). Lediglich die Magnesiumgehalte ordneten sich im Jahre 2007 im unteren Bereich des optimalen Niveaus an.

Tabelle 3: Korrelationskoeffizienten (nach Pearson) und Signifikanzniveau zwischen ausgewählten Blattinhaltsstoffen der Alteichen und der Größe der erfolgreich verjüngten Ramets je Baum

Biomarker	Korrelation nach PEARSON (α = 0,05)	Signifikanz (2-seitig)
Procyanidine	0,59	0,000
Spezif. Blattfläche [cm²/g]	-0,45	0,000
Gesamtkohlenhydratgehalt	0,43	0,000
Chlorophylle (gesamt)	-0,41	0,000
Folinpositive Verbindungen	0,35	0,001
Proteingehalt (gesamt)	0,30	0,005
Vanillinpositive Verbindungen	0,26	0,016
Stärke (gesamt)	0,23	0,034
Stickstoff [mg/g TM]	-0,20	0,059
Aminosäuren (gesamt)	-0,13	0,216
Kronenzustand	0,09	0,406

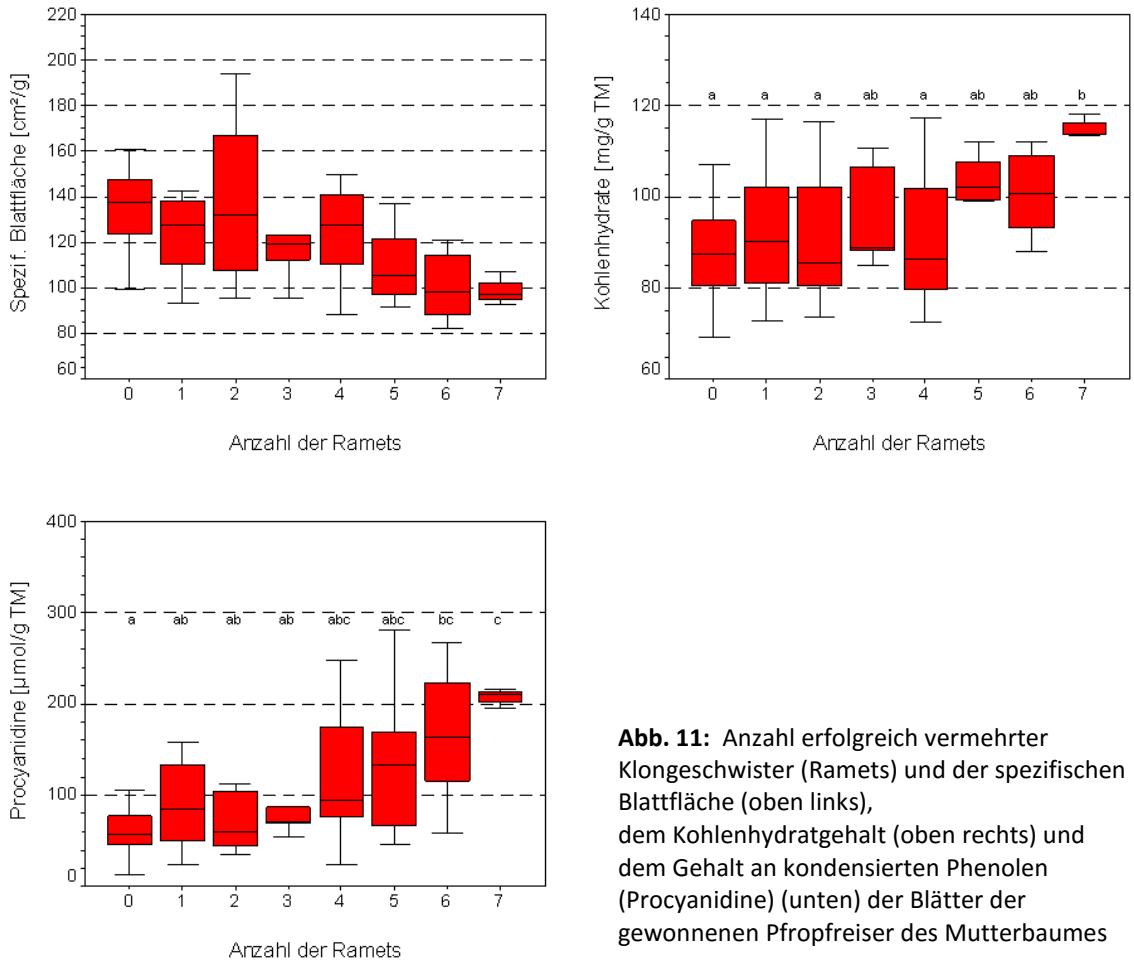

Abb. 11: Anzahl erfolgreich vermehrter Klongeschwister (Ramets) und der spezifischen Blattfläche (oben links), dem Kohlenhydratgehalt (oben rechts) und dem Gehalt an kondensierten Phenolen (Procyanidine) (unten) der Blätter der gewonnenen Pfropfreiser des Mutterbaumes

Fazit

Der vorliegende Beitrag stellt zum einen die Ergebnisse der jüngsten Kartierung der Alteichen der Schorfheide dar und vergleicht sie mit einer Aufnahme, die Anfang der 1990er Jahre stattfand (KESSLER 1998). Zum anderen wird über Wege, Erfolge und Misserfolge bei der Erhaltung der genetischen Ressourcen dieser Eichen berichtet. Diese Maßnahmen waren besonders dringlich, da die Alteicheninventur eine hohe Mortalitätsrate nachgewiesen hat. Unabhängig hiervon belegen dendrochronologische (SCHLÜTER 1994), populationsgenetische (KESSLER 1998) und baumphysiologische Untersuchungen eine über Jahrhunderte andauernde hohe Anpassungsfähigkeit und ein hohes Regenerationsvermögen der Alteichen nach Witterungsextremen. Diese Befunde belegen den besonderen Wert der ihnen innewohnenden genetischen Information, den es für kommende Eichengenerationen zu sichern gilt. Sowohl die noch lebenden Alteichen als auch die zwischenzeitlich eingerichteten *Ex-situ*-Anlagen zur Erhaltung der Nachkommenschaften haben den Status „Forstgenetischer Ressourcen“ und werden als „Generhaltungsobjekte“ gesichert. Gemäß des Konzeptes zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen handelt es sich hierbei *„um genetisches Material von Baum- und Straucharten mit tatsächlichem oder potenziellem Wert für eine nachhaltige Forstwirtschaft“* (PAUL et al. 2000).

Der Gesundheitszustand der Alteichen verschlechtert sich in den letzten zwei Jahrzehnten permanent und die Absterberaten nehmen deutlich zu. Dies lässt sich auch nach Abschluss der Kartierungen weiterhin beobachten. Die Ursachen des Absterbens sind vielgestaltig, ohne dass sich eindeutige, monokausale Ursache-Wirkungs-Beziehungen belegen lassen. Aufgrund des hohen Alters der Bäume können Zusammenhänge zum allgemeinen Eichensterben (KÄTZEL et al. 2013) nicht unmittelbar abgeleitet werden. Dennoch scheint die zunehmende Konkurrenz gegenüber in den

Kronenraum einwachsende Verjüngungen z. B. von Kiefer und Birke ein prädisponierender Absterbefaktor zu sein. Waldbauliche Maßnahmen zur schonenden Freistellung der betroffenen Bäume könnten den Verlust der Eichen verzögern.

Mit der Abnahme der Vitalität stieg das Vorkommen von Mikrohabitaten (Mulmhöhlen, offener Stammfuß, Spechtlöcher, Spechtabschläge, Schleimfluss, Teilkronenbruch, Ersatzkronenbildung, Pilzkonsolen, Blitzrinnen) mit hoher naturschutzfachlicher Bedeutung. Der Zusammenhang zwischen der Strukturvielfalt, Habitattradition, dem Baumalter, der Bewirtschaftungsintensität und der faunistischen und floristischen Artenvielfalt wurde gesondert untersucht (ZIESCHE et al. 2011.).

Überraschend war das gemischte Vorkommen unterschiedlicher Haplotypen (H1, H5/H7-26, H10/H11) auf engem Raum. Dies macht einen Einfluss des Menschen bei der Begründung der heutigen Alteichen und ihrer Vorfahren seit der Wiederbesiedelung der Region im 12. und 13. Jahrhundert wahrscheinlich. Angesicht der Bedeutung der Eiche für die Ernährung des Weideviehs und der Siedlungsdynamik wäre dies nicht verwunderlich. Entscheidend für den naturschutzfachlichen und genetischen Wert der Eichen ist jedoch die über mehr als vier Jahrhunderte anhaltende hohe Anpassungsfähigkeit der Bäume gegenüber vielfältigen Umweltveränderungen.

Dank

Unser Dank gilt KARL-FRIEDRICH EHLERS, MARCO FRONZEK, KONRAD HENNERSDORF und JAN LEHMANN, die sich im Rahmen ihrer Bachelorarbeiten an der Hochschule für Nachhaltige Entwicklung Eberswalde (HNEE) an den Kartierungen der Alteichen beteiligten.

Literatur

BUCHHOLZ E, CONINX F, 1969: Die Schorfheide-700 Jahre Jagdrevier. Stuttgart, DRW-Verlagsges., 132 S..

GÖTTLEIN A, 2015: Grenzwertbereiche für die ernährungsdiagnostische Einwertung der Hauptbaumarten Fichte, Kiefer, Eiche, Buche. Allgemeine Forst- und Jagdzeitung 186 (5/6): 110-116.

HAUSENDORF E, 1936: Die Schorfheide. Zeitschr. F. Weltforstwirtschaft, Sonderheft Aug./Sept.: 937-944.

HAUSENDORF E, 1941: Wirtschaftsgeschichte und pflanzensoziologische Untersuchungen als Grundlage für den Waldbau im ostdeutschen Kieferngebiet. Mit einer Darstellung der Geschichte des Forstamtes Grimnitz und seiner Bewirtschaftung seit 1550. Zeitschr. f. Forst und Jagdwesen 73:247-264.

HOSIUS B, LEINEMANN L, VOTH W, 2012: Genetische Untersuchungen zu den Uralteichen in Mecklenburg-Vorpommern. AFZ-Der Wald 67 (24): 10-12.

KÄTZEL R, LÖFFLER S, SCHRÖDER J, 2013: Sterben vor der Zeit – Das Eichensterben als Komplexkrankheit. Eberswalder Forstliche Schriftenreihe, Bd. 53: 21-34.

KÄTZEL R, HERTEL H, HÖHNE I, KÖNIG AO, 2002: Forsthistorische und genetische Untersuchungen in einigen ausgewählten Naturwäldern Brandenburgs. Beitr. Forstwirtsch. u. Landsch.ökol. 36 (4): 160-164.

KESSLER K, 1998: Die Altbäume und Hutewaldreste im Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin – wertvolle Natur- und Kulturdenkmäler in Brandenburg. Berliner Naturschutzblätter 42 (1): 830-844.

KOHLSTOCK N, KESSLER K, 1999: Die Eichen der Schorfheide – vom gefragten Bau- und Wertholz zur Genressource. Beitr. Forstwirtsch. u. Landschaftsökol. 33 (1): 17-20.

KÖRVER F, PAAR U, KIRCHHOFF A, GAWEHN P, EICHHORN J, 1999: Winteransprache zur Erfassung der Kronenstruktur bei Alteichen. AFZ-Der Wald 54: 357-360.

KRAHL-URBAN J, 1955: Erfahrungen bei Eichen- und Buchenpfropfungen. Zeitschrift für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung 4: 58-64.

LIESEBACH H, ZASPEL I, KÄTZEL R, 2006: Genetische Untersuchungen zu den eiszeitlichen Refugien der Stiel- und Trauben-Eichen des Nordostdeutschen Tieflandes. In: Kätzel R et al. (2006): Die Eiche in Brandenburgs Wäldern – Aktuelle Probleme und künftige Aufgaben. Eberswalder Forstliche Schriftenreihe Bd. 26.

PAUL M, HINRICHS T, JANSSEN A, SCHMITT HP, SOPPA B, STEPHAN BR, DÖRFLINGER H UNTER MITARBEIT VON W ARENHÖVEL, A FRANKE, R KÄTZEL, J KLEINSCHMIT, H-J MUHS, E NATZKE, W RUETZ, W SCHILLING, U TABEL [Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht"], 2000: Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Sächsische Landesanstalt für Forsten [LAF] Pirna-Graupa (Hrsg), ISBN 3-932967-25-9, 66 Seiten.

PETIT RJ, BREWER S, BORDÁCS S, BURG K, CHEDDADI R, COART E, COTTRELL JE, CSAIKL UM, VAN DAM B, DEANS JD, 2002a: Identification of refugial and post-glacial colonisation routes of European white oaks based on chloroplast DNA and fossil pollen evidence. Forest Ecology and Management 156: 49-74.

PETIT RJ, CSAIKL UM, BORDÁCS S, BURG K, COART E, COTTRELL JE, VAN DAM B, DEANS JD, DUMOLIN-LAPEGUE S., FINESCHI S, 2002b: Chloroplast DNA variation in European white oaks: Phylogeography and patterns of diversity based on data from over 2600 populations. Forest Ecology and Management 156: 5-26.

SCHLÜTER A, 1994: Vorschläge zur Ausweisung neuer Naturschutzgebiete in der Zone der harmonischen Kulturlandschaft des Biosphärenreservates Schorfheide-Chorin. Diplomarbeit der Technischen Universität Dresden, Abt. Forstwirtschaft Tharandt. 70 S.

SCHRÖDER J, 2015: Zum Einfluss der Witterung auf Wuchsverhalten und Vitalität der Trauben-Eiche (*Quercus petraea* [Matt.] Liebl.). Forstwissenschaftliche Beiträge Tharandt, 34, Ulmer Stuttgart, 269 Seiten.

STUDZINSKI CV, ZANDER M, VOTH W, TÖLLE R, ULRICHS C, 2015: Neues Vermehrungsverfahren kann Ivenacker Eichen sichern. AFZ-DerWald 70 (8): 36.

WINTER S, MÖLLER G, 2008: Microhabitats in lowland beech forests as monitoring tool for nature conservation. For. Ecol. Manage. 255: 1251-1261.

ZANDER M, SCHMITT HP, HERMANN S, ECKERT G, 2006: Verbesserung der Pfropfergebnisse bei Eichen. AFZ-Der Wald 61 (5): 223–226.

ZIESCHE T, KÄTZEL R, SCHMIDT S, 2011: Biodiversität in Eichenwirtschaftswäldern – Empfehlungen zur Bewirtschaftung von stabilen, artenreichen, naturnahen Eichenwäldern in Nordostdeutschland. In: Bundesamt für Naturschutz (Hrsg.): Naturschutz und Biologische Vielfalt Heft 114, 204 S.

Anschrift der Autoren

Prof. Dr. RALF KÄTZEL, FRANK BECKER, Dr. JENS SCHRÖDER, Dr. SONJA LÖFFLER
Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde
Landesbetrieb Forst Brandenburg
Alfred-Möller-Str. 1
16225 Eberswalde
E-Mail: ralf.kaetzel@lfb.brandenburg.de

Dr. MATTHIAS ZANDER
Humboldt-Universität zu Berlin
Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften
AG Vermehrungstechnologie/Baumschulwesen
Lenzeallee 55-57
14195 Berlin

Dr. LUDGER LEINEMANN
ISOGEN
Büsgenweg 2
37077 Göttingen

Beiträge der forstlichen Generhaltung zur Lösung naturschutzfachlicher Aufgaben

HEINO WOLF, UTE TRÖBER, STEFANIE REIM, LUTZ WEINBRECHT

Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung im Kompetenzzentrum für Wald und Forstwirtschaft, Staatsbetrieb Sachsenforst

Zusammenfassung

Seit Mitte der 1980er Jahre tragen die Institutionen für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung wesentlich zur Erhaltung der Biodiversität bei. Die Erhaltung von Gehölzarten sowie der genetischen Vielfalt innerhalb dieser Arten sind ein grundsätzlicher Beitrag zur Erhaltung und Wiederherstellung vielfältiger Waldökosysteme. Die Beispiele Gemeiner Wacholder (*Juniperus communis* L.), Schwarzpappel (*Populus nigra* L.) und Eschen-Scheckenfalter (*Euphydryas maturna* L.) zeigen die Möglichkeiten einer mit der forstlichen Generhaltung befassten Institution wie dem Staatsbetrieb Sachsenforst zur Erfassung, genetischen Charakterisierung, Erhaltung und Wiedereinbringung von Bestandteilen der Biodiversität. Dabei gibt es eine Reihe von Bezugspunkten zu naturschutzfachlichen Aufgabenstellungen.

Durch ihre Aktivitäten besitzen die Institutionen für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung die Infrastruktur, das Fachwissen und die Umsetzungserfahrung für die Durchführung von komplexen Projekten zum Schutz und zur Förderung der Biodiversität. Trotzdem sind vor allem Wiedereinbringungs-Maßnahmen eine Herausforderung, die sehr oft eine enge Zusammenarbeit unterschiedlichster amtlicher und ehrenamtlicher Institutionen erfordert.

Schlüsselworte: *Juniperus communis, Populus nigra, Euphydryas maturna,* Erhaltung, Bereitstellung von Vermehrungsgut, Wiedereinbringung, naturschutzfachliche Aufgaben

Abstract

Contributions of forest gene conservation to resolve tasks of nature protection

Beginning in the 1980ies, the institutions for forest genetics and tree breeding have contributed essentially to the conservation of biodiversity. The preservation of woody species and of the genetic variation within these species is a basis for the maintenance and reconstruction of diverse forest ecosystems. The examples of Common juniper (*Juniperus communis* L.), Black poplar (*Populus nigra* L.) and Scarce fritillary (*Euphydryas maturna* L.) show the potential of an institution like the public enterprise Sachsenforst, involved in the conservation of forest genetic resources, for the identification, genetic evaluation and reintroduction of components of the biodiversity. There are several connections to technical aspects related to nature protection tasks.

Due to their activities, the institutions for forest genetics and tree breeding are in the position to have the infrastructure, the technical knowledge and the implementation experience for the management of complex projects related to the conservation and promotion of biodiversity. Nethertheless, especially activities for reintroduction of species are challenges requiring the close cooperation among very varied governmental and non-governmental organizations.

Key words: *Juniperus communis, Populus nigra, Euphydryas maturna,* conservation, procurement of reproductive material, reintroduction, technical aspects of nature protection tasks

Einleitung

Die Institutionen für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung des Bundes und der Länder tragen seit Mitte der 1980er Jahre wesentlich zur Erhaltung einer Vielzahl von Baum- und Straucharten sowie der genetischen Vielfalt innerhalb dieser Arten bei. Diese Einrichtungen leisten damit einen grundsätzlichen Beitrag zur Erhaltung und Wiederherstellung vielfältiger Waldökosysteme und somit zusammenfassend zur Erhaltung der Biodiversität. Grundlage aller Aktivitäten ist zum einen das „Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“ der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ (BLAG-FGR) als Nationales Fachprogramm für forstgenetische Ressourcen (aktuelle Fassung: Paul *et al*. 2010). Zum anderen orientiert sich die Umsetzung des Konzeptes an den naturräumlichen Besonderheiten, der spezifischen Waldgeschichte und den administrativen Rahmenbedingungen des Freistaates Sachsen, die im Landeskonzept „Erhaltung und Förderung forstlicher Genressourcen“ beschrieben sind (WOLF und BRAUN 1995).

Ausgehend vom Übereinkommen über die biologische Vielfalt (CBD) 1993 wurden auf internationaler, nationaler und regionaler Ebene Strategien zur Erhaltung und Nutzung der Biodiversität entwickelt, wie die „Biodiversitätsstrategie 2020 der Europäischen Union“ (ANONYMUS 2011a), die „Nationale Strategie zur biologischen Vielfalt“ der Bundesrepublik Deutschland (ANONYMUS 2007) oder das „Programm zur Biologischen Vielfalt im Freistaat Sachsen des Sächsischen Staatsministeriums für Umwelt und Landwirtschaft“ (ANONYMUS 2009).

Im Programm des Freistaates Sachsen sind Handlungsfelder und Maßnahmen aufgeführt, die den Rückgang Biologischer Vielfalt aufhalten sollen. Im Handlungsfeld „Naturschutz“ ist die Sicherung der Vielfalt der wildlebenden Arten und ihrer Unterarten sowie der Lebensraumvielfalt Sachsens durch spezifische Maßnahmen ein wesentlicher Bestandteil des Programms. Hierzu gehören zum Beispiel die Umsetzung von Sofortmaßnahmen für akut vom Aussterben bedrohte Arten oder die Sicherung extrem seltener Lebensräume im Bestand und die Verbesserung ihres Zustandes, soweit erforderlich. In dem Handlungsfeld „Forstwirtschaft“ sind explizit die Fortsetzung des Waldumbauprogramms, die Erhaltung und Charakterisierung forstlicher Genressourcen sowie die Erhaltung und Gestaltung der Wälder als natürlicher Biotopverbund benannt (ANONYMUS 2009).

Die Vielfalt der Waldökosysteme in Sachsen ist weiterhin auf absehbare Zeit durch die Dominanz der Fichten- und Kiefernwälder mit einem Anteil von 63 % an der Waldfläche geprägt. Im Vergleich dazu nehmen Buchen- und Eichenwälder, die von Natur aus vorherrschend wären, einen Anteil von nur 13 % ein. Ein Anteil der Waldfläche von 27 % ist naturnah (Anonymus 2012). Insgesamt 30 % der in Sachsen vorkommenden einheimischen Gehölzarten sind in der Roten Liste des Freistaates Sachsen aufgeführt, davon 11 der 36 heimischen Baumarten und 29 der 96 heimischen Straucharten (Schulz 2013). Durch die konsequente Umgestaltung der Wälder in der Vergangenheit zu Gunsten des großflächigen und reinbestandsweisen Anbaus von Fichte und Kiefer sind Vorkommen anderer Arten, z. B. der Rotbuche, Stiel-, Traubeneiche, der Edellaubbaumarten zu Lasten der genetischen Vielfalt innerhalb der Arten stark zurückgedrängt worden (DITTRICH 1992, 1993). Autochthone Relikte der Europäischen Fichte oder Waldkiefer sind sehr selten.

Der Zustand der Biodiversität drückt sich ebenfalls in dem flächenmäßigen Anteil der Waldflächen am Gesamtwald aus, die in den unterschiedlichen Naturschutz-Kategorien ausgewiesen sind (Tabelle 1). Unabhängig davon, dass Überlagerungen der einzelnen Kategorien möglich sind, unterliegen bis zu 42 % der Waldfläche einer Naturschutzkategorie (ANONYMUS 2013).

Auf Grund des geschilderten Zustandes der Biodiversität im Wald ergibt sich eine Reihe von Schnittmengen zwischen naturschutzfachlichen Zielen und den Zielen der Erhaltung forstlicher Genressourcen. Die Institutionen für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung verfügen auf Grund ihrer Jahrzehnte langen Aktivitäten zur Generhaltung über die Ausstattung, das Fachwissen und die Umsetzungserfahrung für die Durchführung von komplexen Projekten zum Schutz und zur Förderung

der Biodiversität. An dem Beispiel von drei sehr unterschiedlichen Arten sollen nachfolgend Beiträge der forstlichen Generhaltung zur Lösung naturschutzfachlicher Aufgaben vorgestellt und Möglichkeiten und Grenzen aufgezeigt werden.

Tabelle 1: Anteil der Waldflächen unterschiedlicher Naturschutzkategorien an der Gesamtwaldfläche (Stand: 31.12.2012, ANONYMUS 2013)

Naturschutz-Kategorie	Waldfläche [ha]	Anteil am Gesamtwald [%]
Geschützte Biotope (§ 30 BNatSchG, § 21 SächsNatSchG)	17.229	3
Naturschutzgebiet	38.251	7
Nationalpark	8.664	2
Landschaftsschutzgebiet	221.281	42
Biosphärenreservat	16.114	3
Fauna-Flora-Habitat-Gebiet (FFH)	103.484	20
Vogelschutzgebiet (SPA [=Special Protected Area])	132.834	25

Erhaltung und Wiedereinbringung des Gemeinen Wacholders (Juniperus communis L.)

Der äußerst lichtbedürftige Gemeine Wacholder ist in Sachsen wie auch bundesweit trotz seiner geringen Standortsansprüche hinsichtlich der Boden-, Wasser- und Temperaturverhältnisse eine in Deutschland seltene und zerstreut vorkommende Gehölzart. Die natürlichen Vorkommen Sachsens befinden sich in der Hauptsache im Oberen Vogtland und Brambacher Zipfel, im Osterzgebirge sowie in der Oberlausitz. Mit der Aufgabe von Landnutzungsformen wie Streu- und Plaggennutzung, Waldweide oder Hutungen, die Offenland, lichte Gebüsch- oder Waldstrukturen förderten, fielen zunehmend Lebensräume für den Gemeinen Wacholder weg (HARTKE und IHL 2000, SCHMIDT 2002). Der immer noch zu beobachtende starke Rückgang der Vorkommen führte zu der Einstufung des Gemeinen Wacholders in der Roten Liste Sachsens als stark gefährdeter Art (SCHULZ 2013).

Bis Ende 2012 konnten im Gesamtwald Sachsens zwei Bestände mit insgesamt 1,4 ha Fläche und 625 Kleinvorkommen als *In-situ*-Generhaltungseinheiten ausgewiesen werden. Im Rahmen des durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft auf Grund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages geförderten BLE-Modellvorhabens „Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen“ konnten sieben Vorkommen des Gemeinen Wacholders mit ca. 400 Individuen intensiv untersucht werden (siehe auch REIM et al. 2015, 2016). Von den untersuchten Vorkommen lagen ca. drei Viertel (73 %) im Wald bzw. am Waldrand, die restlichen im Offenland zum Beispiel auf Steinrücken und an Feldrändern. Knapp ein Viertel der Wacholdervorkommen befand sich im Landeswald, der überwiegende Anteil der Vorkommen ist auf Flächen außerhalb des Landeswaldes in privater Hand oder sonstigen nicht landeseigenen Eigentumsformen zu finden. Für das restliche Viertel der Wacholder-Vorkommen, die sich im Offenland befinden ist eine Zuordnung zu einer Eigentumsart mit einem verhältnismäßigen Aufwand nicht möglich.

Alle untersuchten Vorkommen haben die geringe Flächengröße, die Überalterung der Vorkommen, die fehlende Naturverjüngung und die schwierige Zugänglichkeit gemeinsam. Wenn sich ein Vorkommen des Gemeinen Wacholders in einem Naturschutzgebiet befindet, ist in Abhängigkeit von der jeweiligen Schutzverordnung eine naturschutzrechtliche Ausnahmegenehmigung für „Eingriffe“ zur Erhaltung der Art wie die Ernte von Saatgut oder die Gewinnung von Steckreisern erforderlich. Auf Grund der vorgefundenen Ausgangssituation bestand und besteht dringender Handlungsbedarf. Um Maßnahmen zur Erhaltung und Förderung der Vorkommen möglichst kurzfristig und ohne unverhältnismäßigen Aufwand durchführen zu können, erfolgte zunächst eine Konzentration der

Erhaltungsmaßnahmen auf den Landeswald in der Oberlausitz in enger Zusammenarbeit mit dem Biosphärenreservat Oberlausitzer Heide- und Teichlandschaft (BROHT).

Die im Modell- und Demonstrationsvorhaben der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) „Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen“ durchgeführten genetischen Untersuchungen an Wacholder-Vorkommen in Sachsen zeigten auch im Vergleich zu anderen Populationen aus Norwegen, Italien und der Slowakei kaum bzw. keine genetischen Unterschiede zwischen den untersuchten Einheiten. Innerhalb der untersuchten Vorkommen war die genetische Vielfalt jedoch sehr hoch (REIM et al. 2016). Zur Erhaltung des Gemeinen Wacholders in der Oberlausitz wurden zwei unterschiedliche Wege bestritten. Zum ersten wird im größten und an Individuen reichsten Vorkommen der Oberlausitz in Sprey bei Boxberg inzwischen seit 2009 alle drei Jahre Saatgut geerntet. Aus dem Saatgut werden Pflanzen angezogen, die auf ausgewählten Standorten innerhalb des Biosphärenreservates ausgebracht werden. Dadurch wird der vorhandene Bestand verjüngt bzw. verdichtet und langfristig die Anzahl von potentiellen Bestäubungspartnern erhalten bzw. erhöht. Zum zweiten wurden von ca. 125 Genotypen beider Geschlechter Stecklinge geschnitten und diese im Zentrum für forstliches Vermehrungsgut des Staatsbetriebes Sachsenforst (SBS) bewurzelt und angezogen. Die vermehrten Wacholder-Sträucher stellen einen Querschnitt der Vorkommen des Biosphärenreservates und angrenzender Gebiete dar. Im Frühjahr 2015 erfolgte im Forstrevier Hermsdorf die Anlage einer Klonsammlung mit den angezogenen Pflanzen der ca. 125 Genotypen in drei- bis vierfacher Wiederholung. Das Design der Anlage wurde so gestaltet, dass nach Eintreten einer regelmäßigen Fruktifikation Saatguternten stattfinden können und somit die Erzeugung von Saatgut in den Naturvorkommen nicht mehr erforderlich ist.

Zusammenfassend hat die Erhaltung des Vorkommens Sprey damit gute Aussichten auf Erfolg. Inwieweit das erzeugte Vermehrungsgut in anderen Vorkommen außerhalb der Oberlausitz verwendet wird, wird fallweise entschieden. Grundsätzlich hängt die Nachhaltigkeit der Maßnahmen zur Erhaltung des Wacholders vom Vorhandensein offener Flächen ab.

Erhaltung und Wiedereinbringung der Schwarz-Pappel (Populus nigra L.)

Lange Zeit war die aktuelle natürliche Verbreitung der Schwarz-Pappel entlang der Flüsse in Sachsen nicht genau bekannt (SCHMIDT 2002). Von 2005 bis 2012 erfolgte eine weitgehend vollständige Erhebung von Schwarz-Pappeln entlang der größeren Flüsse und in den Waldgebieten Sachsens (TRÖBER und WOLF 2015). Mit Ausnahme der Freiberger Mulde und der Luppe konnten an allen Flüssen mehr oder weniger große Schwarz-Pappel-Vorkommen gefunden werden (Tabelle 2). Diese Erhebungen wurden von 2013 bis 2014 durch Aufnahmen des NABU-Landesverbandes Sachsen e.V. im Rahmen eines vom Sächsischen Staatsministerium für Umwelt und Landwirtschaft geförderten Vorhabens „Studie zur beispielhaften Wiederansiedlung der Schwarz-Pappel in Sachsen“ entlang Elbe und Mulde ergänzt (LORENZ und MÜLLER 2016).

Überalterung, geringes natürliches Verjüngungspotential und die abnehmende Vitalität der erfassten Vorkommen bestätigten zum einem die Ergebnisse des BLE-Vorhabens „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.) in Deutschland“ für alle Lebensräume der Schwarz-Pappel in Sachsen. Zum anderen weisen diese Ergebnisse auch im Zusammenhang mit dem ungünstigen Zustand des FFH-Lebensraumtypen Weichholz- und Hartholzauenwald (ANONYMUS 2014) auf einen dringenden Handlungsbedarf zur Erhaltung und Wiedereinbringung der in Sachsen vom Aussterben bedrohten Schwarz-Pappel hin (SCHULZ 2013, WOLF und TRÖBER 2014).

Eine wesentliche Voraussetzung für die Erhaltung und Wiedereinbringung der Schwarz-Pappel ist jedoch die Erzeugung von geeignetem Vermehrungsgut, das heißt von Vermehrungsgut mit eindeutiger Artzugehörigkeit, ohne Hybridisierungseinfluss und mit hoher genetischer Vielfalt. Die hohe genetische Vielfalt wird durch die Berücksichtigung einer großen Anzahl von unterschiedlichen Genotypen und dem Ausschluss von Individuen aus Klonfamilien sichergestellt. Um diese Ziele

umzusetzen, wurden alle nachfolgend aufgeführten Schritte zur Erzeugung von Vermehrungsgut der Schwarz-Pappel durch genetische Untersuchungen begleitet (Tröber und Wolf 2015).

Tabelle 2: Verteilung der erfassten Schwarz-Pappel-Vorkommen entlang der Flüsse im Freistaat Sachsen (Stand: 01.09.2013, WOLF und TRÖBER 2014) (SPA= Schwarz-Pappel)

Fluss	Kleinvorkommen			Bestand		
	N	Anzahl SPA	SPA/Vor-kommen	N	Anzahl SPA	Fläche in ha
Elbe	56	231	4	6	360	33,5
Mulde	21	182	9			
Neiße	14	99	7	2	74	6,8
Große Röder				1	20	0,5
Parthe				2	15	3,6
Pulsnitz	1	2	2			
Spree	8	11	1	1	5	0,3
Weiße Elster	1	3	3	1	20	4,0
Zwickauer Mulde	5	8	1	1	6	2,0
Zusammen	106	536	5	14	500	50,7

Unterstützt durch eine naturschutzpolitische Initiative des Naturschutzbundes (NABU) Landesverband Sachsen verfolgt das Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung des Kompetenzzentrums für Wald und Forstwirtschaft im SBS seit 2012 unter Berücksichtigung der festgestellten Erhaltungsdringlichkeit parallel zwei unterschiedliche Wege zur Erzeugung von Vermehrungsgut. Der erste Weg ist die vegetative Vermehrung von Individuen für den Aufbau von Klonsammlungen und Mutterquartieren, die der zukünftigen Bereitstellung von Steckhölzern dienen werden. Der zweite Weg ist die generative Vermehrung durch Saatguternte in zugelassenen Erntebeständen und nachfolgende Pflanzenanzucht einschließlich einer stichprobenweisen genetischen Überprüfung der Nachkommenschaft auf Introgression durch Hybrid-Pappeln (TRÖBER und WOLF 2015).

Nach einem ersten, in Hinsicht auf die Bewurzelung (6 % Anwuchsrate) nicht sehr erfolgreichen Durchgang zur Steckreisergewinnung an der Elbe im Jahr 2012, wurden von 2013 bis 2016 281 Schwarz-Pappeln der Elbe, Mulde, Neiße und Spree erfolgreich durch die Gewinnung und Bewurzelung von Steckreisern vegetativ vermehrt. Davon entfiel ca. die Hälfte auf Schwarz-Pappeln von der Elbe, etwas mehr als ein Viertel auf Schwarz-Pappeln von der Mulde sowie das verbleibende Viertel auf die Neiße und die Spree (Abb. 1). Das Bewurzelungsprozent der Steckhölzer variierte in den Jahren von 2013 bis 2016 zwischen 27 % und 94 %. Ursachen für relativ niedrige Bewurzelungsraten bestanden in schlecht entwickelten Reisern von Schwarz-Pappeln mit sehr geringer Vitalität und darin, dass in sehr milden Wintern keine oder nur eine verkürzte Dormanz auftrat.

Mit den bewurzelten Steckhölzern erfolgt seit Frühjahr 2014 die Anlage eines Mutterquartiers für Schwarz-Pappeln von Elbe, Mulde, Neiße und Spree auf einem geeigneten Standort im Forstbezirk Neustadt in Sachsen. Die Anlage des Mutterquartiers wird voraussichtlich im Frühjahr 2017 abgeschlossen sein. Mit der Erzeugung erster Steckhölzer kann ebenfalls im Winterhalbjahr 2016/17 bei Vorliegen einer Ausnahmegenehmigung nach § 21 FoVG für Zwecke der Generhaltung begonnen werden.

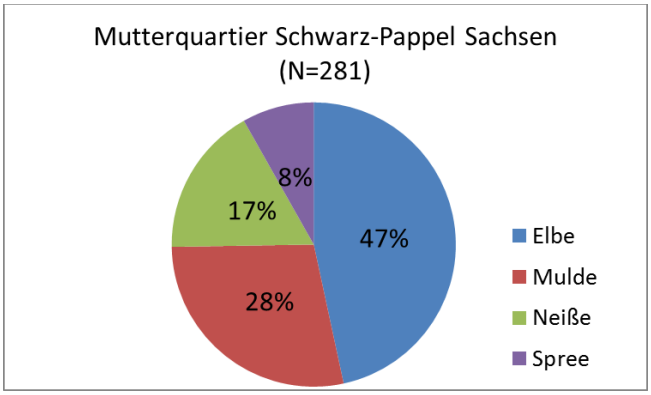

Abb. 1: Zusammensetzung des Mutterquartiers Schwarz-Pappel Sachsen im Forstbezirk Neustadt nach Flussläufen

Im Jahr 2012 konnten drei größere Schwarz-Pappel-Vorkommen im Elbtal zwischen Dresden bis Riesa, 2014 ein weiteres sehr großes Vorkommen im Umfeld von Torgau als Erntebestände zur Erzeugung von Forstvermehrungsgut in der Kategorie „Ausgewählt“ zugelassen werden. Eine Zulassung größerer Schwarz-Pappel-Vorkommen an der Mulde (Oberglaucha) bzw. an der Neiße (Zodeler Riß) war auf Grund eines hohen Anteils an Hybrid-Pappeln bzw. Pappeln anderer Art (Aspen) nicht möglich. Nach viermaliger erfolgreicher Beerntung der zugelassenen Erntebestände mit Keimprozenten zwischen 57 % und 97 % stehen im Herbst 2016 ca. 8.000 drei- bis fünfjährige Pflanzen, die stichprobenweise auf Hybridanteile genetisch untersucht wurden (TRÖBER und WOLF 2015), für Wiedereinbringungsmaßnahmen zur Verfügung.

Das vegetativ erzeugte Vermehrungsgut kann genutzt werden, bei Maßnahmen mit wenigen Individuen Genotypen gezielt auszuwählen und dadurch das Geschlechterverhältnis zu beeinflussen. Der Vorteil des generativ erzeugten Vermehrungsgutes liegt in der freien Rekombination der Erbanlagen.

Mit der Bereitstellung von geeignetem Vermehrungsgut durch den Staatsbetrieb Sachsenforst ist eine wesentliche Voraussetzung für die Förderung und Wiedereinbringung der Schwarz-Pappel geschaffen worden. In einem nächsten Schritt sind jetzt geeignete Flächen entlang der Flüsse zu finden, auf denen Schwarz-Pappeln wieder eingebracht werden können. Im Rahmen des bereits genannten Vorhabens konnten durch den NABU Landesverband Sachsen e. V. ca. 860 geeignete Flächen an Elbe und Mulde identifiziert werden, die sich im Eigentum des Freistaates Sachsen befinden (LORENZ und MÜLLER 2016). Bei der überwiegenden Mehrzahl der Flächen steht die Wiedereinbringung und dauerhafte Etablierung der Schwarz-Pappel an den Ufern von Elbe und Mulde jedoch im massiven Konflikt mit den Belangen des Hochwasserschutzes, der Wasserwirtschaft, aber auch des Naturschutzes. Nur bei 5 bis 6 % der in Frage kommenden Flächen liegt eine Zustimmung der zuständigen Behörden für eine Wiedereinbringung der Schwarz-Pappel vor, zum Teil mit Einschränkungen in Hinsicht auf die Anzahl zu pflanzender Schwarz-Pappeln (LORENZ und MÜLLER 2016). In Folge dieses ernüchternden Ergebnisses ist nicht mit einer zügigen Umsetzung von Wiedereinbringungsmaßnahmen zu rechnen.

Weiterhin unterstützt das Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung des Kompetenzzentrums für Wald und Forstwirtschaft in Zusammenarbeit mit dem Referat Naturschutz der oberen Forst- und Jagdbehörde Aktivitäten von Forstbezirken und Kommunen wie der Landeshauptstadt Dresden bei der Wiedereinbringung von Schwarz-Pappeln. 2015 und 2016 konnten im Rahmen von Erst- und Wiederaufforstungs- sowie Ersatzmaßnahmen ca. 750 Schwarz-Pappeln an drei Standorten entlang der Elbe und einem Standort an der Mulde gepflanzt werden. In einem Fall befürchtete eine Untere Naturschutzbehörde eine erhebliche Beeinträchtigung eines Flora-Fauna-Habitat- (FFH)- und Europäischen Vogelschutz- (SPA)-Gebietes durch die geplante Aufforstung von 0,7 Hektar mit

Schwarz-Pappel. In der Anhörung konnten die Befürchtungen dahin gehend ausgeräumt werden, dass durch die Aufforstung mit Schwarz-Pappel keine nachteiligen Wirkungen auf die zu bewertenden Lebensraumkomplexe bestehen. Im Gegenteil entspricht die Mehrung der Weich- und Hartholzaue zu Gunsten von Spechten, Kranich, Graureiher und Weißstorch den Zielen der jeweiligen FFH- und SPA-Grundschutzverordnungen (ANONYMUS 2014).

Für das Jahr 2017 sind eine größere Erstaufforstung mit Schwarz-Pappel an der Weißen Elster sowie der Beginn von Maßnahmen zur Wiederherstellung der Fluss- und Auendynamik an der Großen Spree auf einer Länge von 7 km unter Einbeziehung der Schwarz-Pappel vorgesehen.

Unabhängig von den genannten Aktivitäten entstanden nach dem letzten Hochwasser 2013 an zwei Standorten an der unteren Mulde spontane Pappel-Naturverjüngungen. Diese Flächen wurden durch die Untere Naturschutzbehörde naturschutz- und eigentumsrechtlich gesichert. Auf einer der Flächen ist die natürliche Entwicklung eines Weichholzauenwaldes mit Weide und Schwarz-Pappel ohne menschliche Eingriffe vorgegeben (TRÖGER 2016). Genetische Untersuchungen mit Mikrosatelliten (RADEMACHER et al. 2009) an jeweils 100 stichprobenmäßig beprobten Pappeln ergaben einen Hybridanteil von 36 bzw. 37 % in den beiden Pappel-Naturverjüngungen (TRÖGER 2016). Aus Sicht der Erhaltung forstlicher Genressourcen sind diese damit für eine Übernahme grundsätzlich nicht geeignet. Eine dauerhafte Entfernung der Hybriden aus der Verjüngung ist bereits aus praktischen Gründen (Erkennbarkeit, Mengenanfall, Stockausschlagsfähigkeit) nicht möglich (TRÖGER 2016). Letztlich wird an diesem Beispiel mit der Unteren Naturschutzbehörde über die Sinnhaftigkeit von Prozessschutzmaßnahmen im Zusammenhang mit Maßnahmen zur Arterhaltung zu sprechen sein.

Förderung des Eschen-Scheckenfalters (Euphydryas maturna L.)

Der Eschen-Scheckenfalter oder Kleine Maivogel ist eine Charakterart der Hartholz-Auenwälder und der Erlen-Eschen-Wälder. Die licht- und wärmeliebende Art bevorzugt offene, sonnige und feuchtwarme Standorte mit lockeren bis lichten mehrstufigen Waldstrukturen (PRETSCHER 2000). Der Eschen-Scheckenfalter ist eine vom Aussterben bedrohte Art, die entsprechend Anhang II und IV der Flora-Fauna-Richtlinie der EU (FFH) eine streng zu schützende Art von europäischem Interesse ist (Reinhardt 2007, Anonymus 2011b). Dies bedeutet, dass für die Erhaltung dieser Art besondere Schutzgebiete ausgewiesen werden müssen.

In Deutschland gibt es nur noch vereinzelte Vorkommen des Eschen-Scheckenfalters in Baden-Württemberg, Bayern, Sachsen-Anhalt und Sachsen (PRETSCHER 2000). Die für das Überleben dieses Schmetterlings wichtigste Nahrungspflanze ist die Gemeine Esche (*Fraxinus excelsior* L.). Vor allem Eschen-Jungpflanzen dienen als Eiablageplatz und Nahrungspflanze für die im ersten Lebensabschnitt ausschließlich auf Esche spezialisierten Jungraupen. Nach ein- bis dreimaliger Überwinterung frisst die Raupe zunehmend auch an anderen Strauch- und Baumarten wie Liguster, Geißblatt und Heckenkirsche oder Aspe und Weide (PRETSCHER 2000).

Seit über 10 Jahren ist die Esche in Deutschland, wie in anderen europäischen Ländern auch, in zunehmendem Ausmaß vom Eschentriebsterben, einer durch einen Schlauchpilz verursachten Infektionskrankheit, betroffen (KIRISITS et al. 2016). Vor allem an Jungpflanzen ist der Schadensverlauf schnell fortschreitend (LENZ und STRAßER 2016). Dadurch stirbt eine Vielzahl von jungen Eschen ab. Gleichzeitig geht damit zunehmend auch die Nahrungsgrundlage der jungen Eschen-Scheckenfalter-Raupen verloren. Verschärft wird diese Entwicklung dadurch, dass auf Grund der Gefährdung durch das Eschentriebsterben nur noch sehr wenige oder keine Eschen mehr angebaut werden. Da sich der Pilz durch den Wind ausbreitet, sind kaum wirksame Waldschutzmaßnamen möglich.

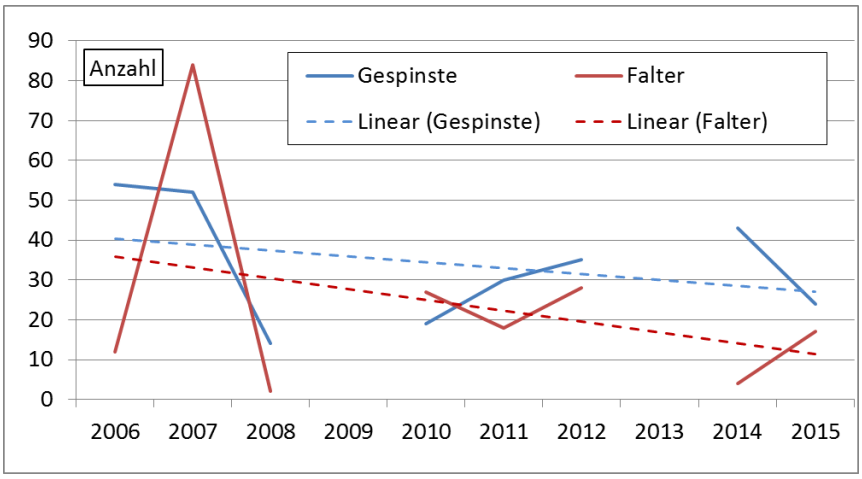

Abb. 2: Bestandesentwicklung der Eschen-Scheckenfalter-Population im Luppe-Auwald bei Leipzig von 2006 bis 2015.
(Quelle: FFH-Arten-Feinmonitoring Sachsen zum Eschen-Scheckenfalter (*Euphydryas maturna*) 2006-2015 [im Auftrag des Sächsischen Landesamtes für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie bzw. Staatliche Betriebsgesellschaft für Umwelt und Landwirtschaft] aus FISCHER und STEGNER 2015)

Der Besatz des Eschen-Scheckenfalter-Vorkommens im Luppe-Auwald bei Leipzig geht seit Beginn des Bestandesmonitorings (Abb. 2) kontinuierlich zurück (FISCHER und STEGNER 2015). In einem Artenschutzkonzept und Aktionsplan für den Eschen-Scheckenfalter sind von Seiten des Staatsbetriebes Sachsenforst zum einem waldbauliche Maßnahmen zur Verbesserung der Lebensraumqualität für den Eschen-Scheckenfalter vorgesehen. Hierzu gehören die Freistellung besonnter Jungeschen entlang von Waldwegen, die Förderung blütenreicher Staudensäume oder der Aufbau mittelwaldartiger Bestandesstrukturen. Zum anderen sollen im Rahmen der forstlichen Generhaltung Eschenbestände beerntet und Heisterpflanzen angezogen sowie vegetativ vermehrtes Pflanzgut erzeugt werden. Die zur Verfügung stehenden Eschen-Pflanzen sollen dann letztendlich als Nahrungsgrundlage für die Jungraupen des Eschen-Scheckenfalters an besonnten Stellen auf geeigneten Standorten wieder eingebracht werden.

Schlussbemerkung

Die vorgestellten Beispiele zeigen sehr deutlich die Möglichkeiten der forstlichen Generhaltung zur Erfassung seltener Gehölzarten, deren GENETISCHER Charakterisierung sowie der Erzeugung und Bereitstellung von geeignetem Vermehrungsgut für deren Wiedereinbringung. Die forstliche Generhaltung ist somit in der Lage, Lösungen für naturschutzfachliche Probleme anzubieten und Beiträge zur Erhaltung und Förderung der Biodiversität zu leisten. Die Wiedereinbringung gefährdeter und vom Aussterben bedrohter Gehölzarten in den ursprünglichen Lebensraum stößt aber dann auf ihre Grenzen, wenn das Erhaltungsziel durch andere Ziele der Landnutzung, des Hochwasserschutzes oder des Naturschutzes überlagert wird. In diesem Zusammenhang ist es notwendig, dass Forstwirtschaft und Naturschutz nicht als Gegensatz betrachtet werden, sondern als Partner, die an ein- und demselben Objekt arbeiten. Dass dabei Zielkonflikte nicht ausgeschlossen sind, liegt in der Natur der Sache. Aber in welchem Lebensbereich gibt es keine Zielkonflikte? Naturschutz gehört zum Selbstverständnis von Forstleuten und Forstbetrieben, wie viele Beispiele aus Vergangenheit und Gegenwart belegen. Die für die Erhaltung forstlicher Genressourcen zuständigen Institutionen besitzen die Ausstattung, das Fachwissen und die Umsetzungserfahrung für die Durchführung von Projekten zum Schutz und zur Förderung der Biodiversität. Um diese erfolgreich zu gestalten, sind Zusammenarbeit und gegenseitige Unterstützung erforderlich, um die Herausforderungen, die auf uns alle warten, zu bewältigen.

Literatur

ANONYMUS, 2007: Nationale Strategie zur Biologischen Vielfalt. Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit, Berlin

ANONYMUS, 2009: Programm zur Biologischen Vielfalt im Freistaat Sachsen des Sächsischen Staatsministeriums für Umwelt und Landwirtschaft. Sächsisches Staatsministerium für Umwelt und Landwirtschaft, Dresden

ANONYMUS, 2011a: Die Biodiversitätsstrategie der EU bis 2020. Europäische Kommission, Amt für Veröffentlichungen der Europäischen Union, Luxemburg, doi: 10.2779/38741

ANONYMUS, 2011b: Liste der in Deutschland vorkommenden Arten der Anhänge II, IV, V

der FFH-Richtlinie (92/43/EWG). Bundesamt für Naturschutz, Bonn

ANONYMUS, 2012: Die dritte Bundeswaldinventur – BWI³. Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, Berlin

ANONYMUS, 2013: 4. Forstbericht der Sächsischen Staatsregierung – Berichtszeitraum 1. Januar 2008 bis 31. Dezember 2012. Sächsisches Staatsministerium für Umwelt und Landwirtschaft, Dresden

ANONYMUS, 2014: Bericht nach Artikel 17 FFH-Richtlinie: Erhaltungszustand der Lebensraumtypen im Freistaat Sachsen mit Flächenschätzungen und Bewertungen im Vergleich zur Bewertung in Deutschland. Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie, Freiberg.

DITTRICH K, 1992: Der sächsische Wald. Sachsens Wald zwischen Tradition und Gegenwart. Der Wald 42: 221-223.

DITTRICH K, 1993: Der sächsische Wald - Zur Dynamik holzvorratsbildender Waldstrukturen. Der Wald 43: 15-17.

FISCHER U, STEGNER J, 2015: Erstellung von Aktionsplänen und Artenschutzkonzepten für Pflanzenarten und wirbellose Tierarten mit besonderer landesweiter Bedeutung. Los 1: Eschen-Scheckenfalter (Euphydryas maturna) – Aktionsplan (Entwurf, Stand: 14.09.2015). Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie, Freiberg (unveröffentlicht)

HARTKE H-J, IHL A, 2000: Atlas der Farn- und Samenpflanzen Sachsens. In: Sächsisches Landesamt für Umwelt und Geologie (Hrsg.): Materialien zu Naturschutz und Landespflege 2000. Dresden.

KIRISITS T, CECH T, FREINSCHLAG C, HOCH G, KONRAD H, UNGER GM, SCHÜLER S, GEBUREK T, 2016: Eschentriebsterben - Wissensstand und Projekt „Esche in Not“. KFV-Info 79: 32-35.

LENZ H, STRAßER L, 2016: Eschentriebsterben. LWF-Merkblatt 28, Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, Freising.

LORENZ J, MÜLLER K-H, 2016: Studie zur beispielhaften Wiederansiedlung der Schwarzpappel (*Populus nigra*) in Sachsen. Abschlussbericht NABU Landesverband Sachsen e. V. im Auftrag des Sächsischen Landesamtes für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie, Dresden, (unveröffentlicht)

PAUL M, HINRICHS T, JANßEN A, SCHMIDT H-P, SOPPA B, STEPHAN BR, DÖRFLINGER H, 2010: Forstliche Genressourcen in Deutschland. Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Aktualisierte Neuauflage, Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz, Bonn, 84 S.

PRETSCHER P, 2000: Verbreitung, Biologie, Gefährdung und Schutz des Eschen-Scheckenfalters (*Euphydryas* [*Hypodryas*] *maturna* Linnaeus, 1758) in Deutschland. Natur und Landschaft 75: 439-448.

RATHMACHER G, NIGGEMANN M, WYPUKOL H, GEBHARDT K, ZIEGENHAGEN B, BIALOZYT R, 2009: Allelic ladders and reference genotypes for a rigorous standardization of poplar microsatellite data. Trees 23: 573–583.

REIM S, PROFT A, LOCHSCHMIDT F, HÖFER M, TRÖBER U, WOLF H, 2016: Genetic structure and diversity in Juniper (*Juniperus communis* L.) populations in Saxony, Germany. Biodiversity Research and Conservation (angenommen, Juni 2016)

REIM S, LOCHSCHMIDT F, 2015: Charakterisierung von Vorkommen des Gewöhnlichen Wacholders (*Juniperus communis* L.) im Gebiet des Biosphärenreservates „Oberlausitzer Heide- und Teichlandschaft“. Berichte der Naturforschenden Gesellschaft der Oberlausitz 23: 95-105.

REINHARDT R, 2007: Rote Liste Tagfalter Sachsens. Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie, Dresden

SCHMIDT PA, 2002: Die Baum- und Straucharten Sachsens – Charakterisierung und Verbreitung als Grundlagen der Generhaltung. Schriftenreihe der Sächsischen Landesanstalt für Forsten, Heft 24, Pirna, 104 S.

SCHULZ D, 2013: Rote Liste und Arten-Liste Sachsens – Farn- und Samenpflanzen. Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie, Dresden.

TRÖBER U, WOLF H, 2015: Erhaltung der Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.) in Sachsen: Erfassung, Charakterisierung und Vermehrung auf genetischer Grundlage. Forstarchiv 86: 166-173.

TRÖGER F, 2016: Morphologische und genetische Unterscheidung von Schwarz-Pappeln (*Populus nigra* L.) und deren Hybriden an spontanen Pappelnaturverjüngungen an der unteren Mulde. Masterarbeit, Fachrichtung Forstwissenschaften, Fakultät für Umweltwissenschaften, Technische Universität Dresden, 79 S. (unveröffentlicht)

WOLF H, BRAUN H, 1995: Erhaltung und Förderung forstlicher Genressourcen. Schriftenreihe der Sächsischen Landesanstalt für Forsten, Heft 3, Pirna OT Graupa, 36 S.

WOLF H, TRÖBER U, 2014: Beiträge von Sachsenforst zur Förderung der Schwarz-Pappel – Erfassung, Artbestimmung und Vermehrung. In: NABU-Landesverband Sachsen e. V. (Hrsg.) Die Schwarzpappel und ihre Lebensräume in Sachsen. Tagungsband zur NABU-Fachtagung am 28.09.2013 in Riesa: 76-91.

Anschrift der Autoren

Dr. HEINO WOLF, UTE TRÖBER, Dr. STEFANIE REIM, LUTZ WEINBRECHT
Staatsbetrieb Sachsenforst
Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft
Referat Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung
Bonnewitzer Str. 34
01796 Pirna
E-Mail: heino.wolf@smul.sachsen.de

Wie Wind die genetische Variation im Saatgut beeinflussen kann

ELIZABETH M. GILLET, MARTIN ZIEHE

Universität Göttingen, Büsgen-Institut - Abt. Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung

Zusammenfassung

In windbestäubten Baumarten prägen die jeweils herrschende Windrichtung und -stärke die Pollenverbreitung zwischen Beständen und auch innerhalb eines Bestandes. Das Paarungssystem wird daher in wesentlichen Teilen durch die Windverhältnisse während der Blühperiode beeinflusst. Sind bereits die genetischen Varianten im Bestand räumlich heterogen verteilt, dann kann sich der Wind durch seinen Einfluss auf das Zusammentreffen von Pollen und Eizellen aus verschiedenen Teilen des Bestandes auf die genetische Variation im Saatgut entscheidend auswirken. Die Beteiligung unterschiedlicher Bestandesteile als Pollenquelle lässt sich dabei zum einen als effektive Anzahl (Diversität) der Pollenquellen in den Samen ausdrücken. Zum anderen bestimmt die Verteilung der Pollenquellen innerhalb der Samen eines jeden Bestandesteils deren Repräsentativität für das gesamte Saatgut. Unterscheiden sich die Bestandesteile in ihren adaptiv relevanten Umweltbedingungen, so kann die Häufigkeitsverteilung der Pollenquellen in den Samen eine adaptive Bedeutung gerade unter veränderten klimatischen Bedingungen erlangen.

Unter Anwendung eines Metapopulationsansatzes wird die Pollenverteilung in Abhängigkeit von Windrichtung und Pollenflugweite modelliert und deren mögliche Auswirkungen auf das Paarungssystem demonstriert. Erfasst werden diese Auswirkungen durch Maße der Diversität der Pollenquellen innerhalb der Bestandesteile und der kompositionellen Differenzierung der Pollenquellen zwischen Bestandesteilen. Exemplarisch wird hier ein langgezogener Bestand in der Form eines Transekts betrachtet, etwa entlang eines Flusses oder eines Tals, welcher in fünf Abschnitte aufgeteilt wird. Unter der Annahme exponentiell verteilter Pollenflugweiten längs des Transekts und weiteren elementaren Modellannahmen wird die Pollenverteilung zwischen den verschiedenen Abschnitten für symmetrisch schwankende bzw. gerichtete Windbedingungen sowie für variable Verbreitungsdistanzen simuliert. Es zeigt sich, dass einige gängige Vorstellungen über das Paarungssystem bei Windbestäubung und seiner Auswirkung auf die genetische Variation in den Samen nicht zutreffend sind. Die Ergebnisse haben praktische Bedeutung für die Auswahl von Erntebäumen, mit denen je nach Zielsetzung sichergestellt werden soll, dass entweder eine möglichst hohe Mischung der genetischen Varianten des Bestands oder eher die Erhaltung der lokalen Angepasstheit im Saatgut vorliegt.

Schlüsselwörter: Paarungssystem, Pollenverbreitung, Windbestäubung, Windrichtung, Windstärke, Saatguternte, Metapopulationsmodell, genetische Variation, Diversität, kompositionelle Differenzierung

Abstract

In wind-pollinated tree species, the direction and strength of the wind have a strong influence on the dispersal of pollen not only between stands but also within them. The mating system is therefore influenced to a considerable degree by the wind conditions during flowering. If the distribution of genetic variants within a stand is spatially heterogeneous, the wind has a considerable influence on the degree of mixing of pollen and ovules from different parts of the stand and thus on the genetic

variation in the seeds. The contribution of the different parts of the stand as pollen sources can be quantified in different ways. One is as an effective number (diversity) of pollen sources in the seeds of each part. Another is the degree of representation of the frequency distributions of pollen sources within the seeds of the parts for the seeds of the entire stand. If the parts of the stand differ in their adaptively relevant environmental conditions, the distribution of pollen sources in the seeds may have implications for adaptation, especially under climate change.

Using a metapopulation approach, we demonstrate the effects of wind direction and dispersal distance on pollen dispersal and their consequences for the mating system. These consequences are quantified using measures of the diversity of pollen sources within parts of the stand and of compositional differentiation of the pollen source distributions among the parts. As an example, we apply the model to a stand that is stretched out along a transect, such as a river or a valley, and partitioned into five parts. Under the assumption of exponentially distributed pollen dispersal distances along the transect and additional elementary assumptions, pollen dispersal between parts is simulated for symmetrically varying as well as for prevailing directional wind over a range of mean dispersal distances. It can be shown that several commonly held notions about the mating system for wind-pollination and its consequences for the genetic variation in seeds are incorrect. The results have practical implications for the selection of seed trees to ensure that either a good mixture of the genetic variants of the stand or predominantly local adaptations are represented in the seeds, depending on the objective.

Key words: Mating system, pollen dispersal, wind pollination, wind direction, wind strength, seed harvest, metapopulation model, genetic variation, diversity, compositional differentiation

Einleitung

Ein vorrangiges Ziel bei der Saatguternte ist es, die genetische Variation der adulten Bäume im Saatgutbestand möglichst vollständig in den Samen repräsentiert vorzufinden, um die Eigenschaften des Erntebestandes mit dessen genetischer Anpassungsfähigkeit auch in den Samen neu zu begründender Bestände vorliegen zu haben. Da es aus verschiedenen Gründen kaum möglich ist, sämtliche Bäume zu beernten, soll dieses Ziel unter anderem durch das Vorgeben einer Mindestzahl zu beerntender Bäume angestrebt werden, die zudem räumlich breit verteilt sein sollten. Auf diese Weise hofft man, wenn schon nicht alle Bäume als Samenelter im Saatgut vertreten zu haben, dann wenigsten als Pollenelter. Diese Vorgehensweise basiert gedanklich auf der früher häufig zugrunde gelegten Annahme der Zufallspaarung innerhalb eines Bestandes, bei welcher jeder produzierte Pollen die gleiche Chance hat, jede Eizelle zu befruchten und damit bei jedem Samen eines Samenelters der Pollenelter zu sein.

Bislang wenig Berücksichtigung haben jedoch die Auswirkungen der lokalen Windverhältnisse auf das Paarungssystem gefunden. Bei windbestäubten Baumarten wird der Pollentransport und somit das Paarungssystem maßgeblich durch das herrschende Wetter zur Zeit des Pollenflugs bestimmt. Bei stärkerem Wind aus einer speziellen Richtung dürften Eizellen eine größere Chance besitzen, von Pollen derjenigen Pollenproduzenten befruchtet zu werden, die entgegen der Windrichtung stehen. Diese Wahrscheinlichkeit wäre deutlich geringer bei schwachen umlaufenden Winden. Im ersteren Fall wären deutliche Abweichungen von der Zufallspaarung innerhalb eines Bestandes bereits zu erwarten.

Dort, wo Pollen am leichtesten aus verschiedenen Richtungen kommen könnte, sollte die genetische Diversität hoch sein. Wo allerdings wenig Pollen von außerhalb landet, werden die entstandenen Samen weitgehend die lokal vorhandenen genetischen Varianten enthalten können. Somit wird die Verteilung der Pollenbeiträge aus verschiedenen Teilen eines Bestands in den Samen eines jeden Baumes von der Position dieses Baumes zu den herrschenden Windrichtungen und -stärken beeinflusst. Genetische Diversität und Ausmaß der Repräsentativität des Saatguts eines Bestandes oder Bestandesteils ist daher nicht nur von der genetischen Variation in den Eizellenbeiträge der

beernteten Bäume, sondern auch von den genannten Windfaktoren abhängig und hat damit potenzielle Implikationen für die genetische Anpassungsfähigkeit.

Im Rahmen eines größeren Forschungsprojektes wird ein Metapopulationsansatz verfolgt, um in Abhängigkeit von vorgegebenen Pollenquellen (Individuen, Bestandesteile oder Populationen) die Auswirkungen des Windes mit Hilfe eines Modells auf die räumliche Verteilung der genetischen Variation der nächsten Generation zu untersuchen. In diesem Zusammenhang wurden die Auswirkungen bei räumlich voneinander getrennter Populationen bereits untersucht (Gillet, eingereicht). Die hier vorliegende Arbeit bezieht sich exemplarisch auf einen einzigen, jedoch in seiner genetischen Ausstattung räumlich heterogenen Bestand, welcher in einzelne Abschnitte unterteilt ist, um die Auswirkungen des Windes zu demonstrieren.

Methoden

Das im Rahmen des Forschungsprojekts entwickelte Metapopulationsmodell und die verwendeten Maße genetischer Variation werden im Folgenden skizziert. GILLET (eingereicht) enthält eine detaillierte Beschreibung.

Das Modell

Wir betrachten einen langgezogenen Bestand, beispielsweise längs eines Transekts. Der Bestand wird in fünf gleichlange Abschnitte unterteilt, etwa der Länge $L = 100m$ (Abb. 1).

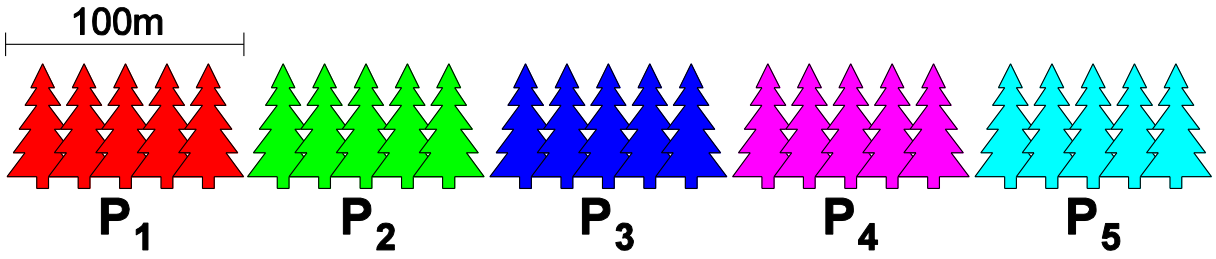

Abb. 1: Fünf Abschnitte eines Bestands längs eines Transekts

Abbildung 2 enthält Beispiele für eine Verbreitung des Pollens aus dem Zentrum über die jeweiligen Abschnitte. Die Verbreitung soll dem nachfolgend beschriebenen Modell folgen. Es ist gut zu erkennen, dass je nach den Windverhältnisse die Abschnitte über die Pollenverbreitung unterschiedlich gut versorgt werden. Die Samen selbst sollen im jeweiligen Abschnitt ihres Samenelters verbleiben, wo sie auch geerntet werden könnten.

Die Eingaben des Modells sind zum einen die Windrichtung, ausgedrückt als die Wahrscheinlichkeiten p_r bzw. $p_l = 1 - p_r$, dass ein Pollen in die eine Richtung (rechts) bzw. in die Gegenrichtung (links) längs des Transekts getragen wird und zum anderen die Angabe der mittleren Pollenflugweite γ. Die Angaben beziehen sich auf eine komplette Reproduktionsphase.

Die weiteren Modellannahmen sind wie folgt. In jedem Abschnitt ist die Pollenproduktion gleich groß, ebenso die Eizellenproduktion. Die Menge produzierten Pollens reicht aus, um mit ausreichend hoher Wahrscheinlichkeit *sämtliche* Eizellen zu befruchten. Die Befruchtung verläuft nicht selektiv nach der Pollenquelle, sondern zufallsmäßig aus dem im Abschnitt verfügbaren Pollenangebot. Die Transportweite x eines Pollens in die jeweilige Richtung folgt der exponentiellen Verbreitungsfunktion $\vartheta_\gamma(x) = \frac{1}{\gamma} \exp\left(\frac{-x}{\gamma}\right)$ (Wahrscheinlichkeitsdichte). Unter den für die Pollenverbreitung allgemein vorgeschlagenen Wahrscheinlichkeitsdichten ist diese die einzige, welche mit steigender

Verbreitungsdistanz gleichmäßig abnimmt (Gedächtnislosigkeit). Darüber hinaus trennt diese Funktion die sogenannten „fat-tailed“- von den „thin-tailed“-Verbreitungsfunktionen.

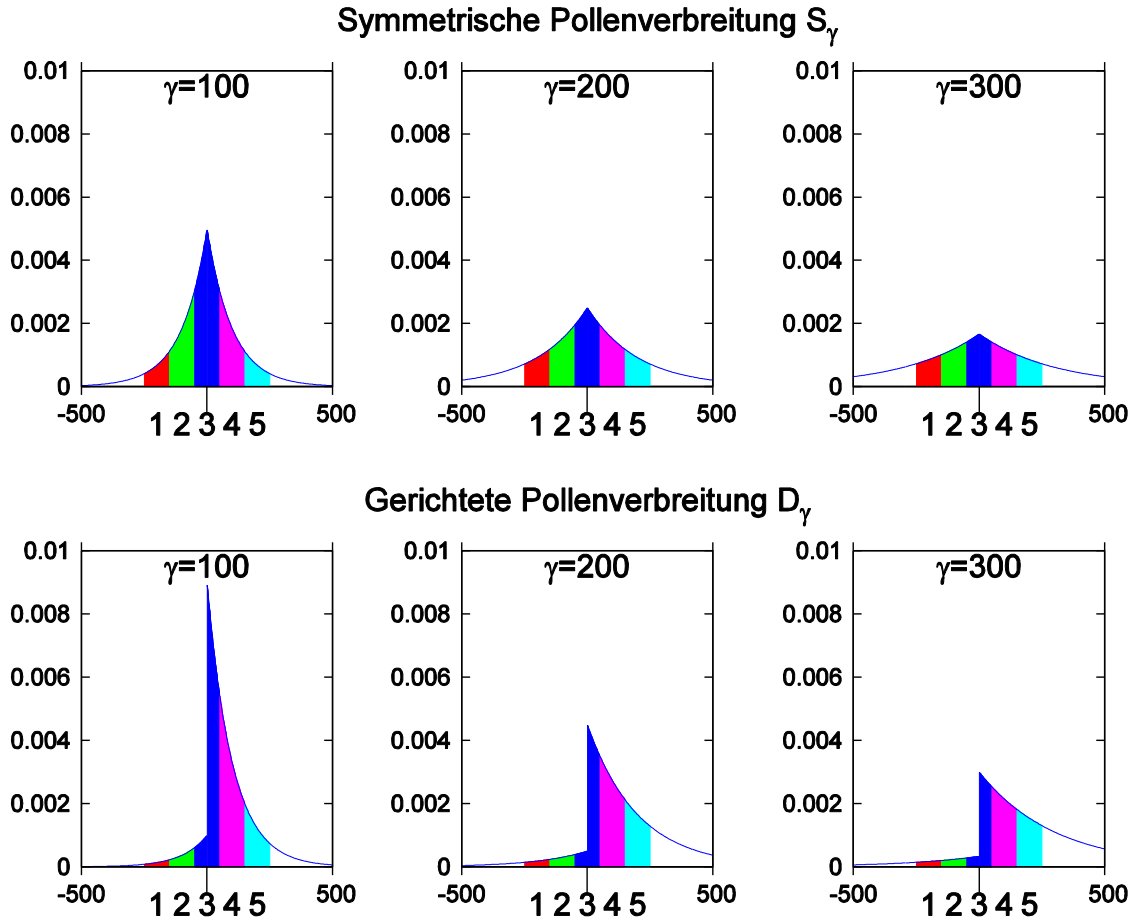

Abb. 2: Pollenverbreitung in den Szenarien: Die Fläche eines farbigen Streifens ist proportional zu der Wahrscheinlichkeit, dass ein Pollen, welcher im Zentrum des Abschnitts P_3 erzeugt wird, im Abschnitt der entsprechenden Farbe in Abb. 1 landet. Das Verbreitungsmodell und die Parameter sind im Text erklärt.

Anhand von ϑ_γ lässt sich die Wahrscheinlichkeit $m_{i,j}$ berechnen, dass ein im Abschnitt P_i produzierter Pollen in Abschnitt P_j landet. Der Anteil $1 - \sum_j m_{i,j}$ aller im Abschnitt P_i produzierten Pollenkörner landet außerhalb des Bestandes und ist für die Samenproduktion verloren.

Die Auswirkungen der Verbreitungsrichtung und der Windstärke werden exemplarisch anhand von Szenarien demonstriert. Die Wahrscheinlichkeitsdichte der Pollenflugweite für einen Pollen, der im Zentrum von Abschnitt P_3 produziert wurde, ist in Abbildung 2 dargestellt und in der dortigen Legende erklärt.

Die Wahrscheinlichkeiten $m_{i,j}$ müssen umgerechnet werden in die relativen Häufigkeiten $p_i(j)$ von Pollenbeiträgen aus Abschnitt P_i in den Samen von Abschnitt P_j, wobei $\sum_i p_i(j) = 1$ für alle j ist. Die Häufigkeitsvektoren $(p_1(j), \ldots, p_5(j))$ für jeden Abschnitt in den jeweiligen Szenarien sind als Balkendiagramm farbkodiert in Abbildung 3 dargestellt. Die Unterschiede zwischen den Abschnitten in demselben Szenario und auch zwischen Szenarien sind augenscheinlich, vor allem im Vergleich zur Zufallsverbreitung in Szenario R.

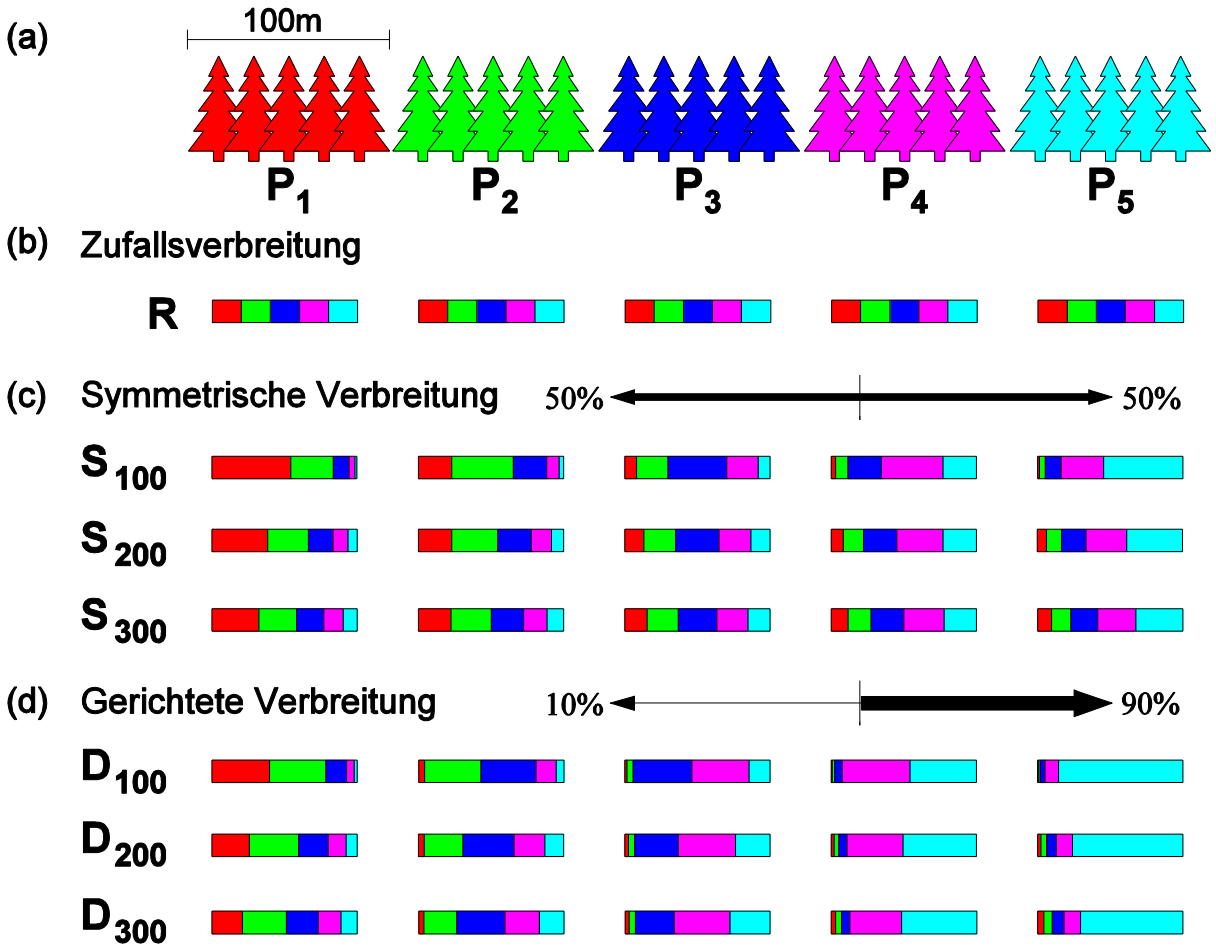

Abb. 3: Verteilung der Pollenquellen in den Pollenbeiträgen der Samen eines jeden Abschnitts P_i: Für jedes der sieben verschiedenen Szenarien gibt es zu jedem der Bestandesabschnitte P_i eine Verteilung. In dieser Verteilung ist mit entsprechender Farbe markiert, aus welchem Bestandesabschnitt der Pollen stammt. Die jeweiligen Flächen sind proportional zur Häufigkeit des Polleneintrags des mit dieser Farbe gekennzeichneten Abschnitts.

Variationsmessung

Die folgenden Maße werden zur Quantifizierung der Variation der Pollenquellen in den Pollenbeiträgen zu den Samen verwendet.

Diversität als effektive Anzahl von Pollenquellen unter den Samen

- Im Abschnitt P_j :

$$v(j) = \left[\sum_{i=1}^{5} \left(p_i(j)\right)^2\right]^{-1}$$

- Im Gesamtbestand, wobei $p_i = \frac{1}{5}\sum_{j=1}^{5} p_i(j)$:

$$v_T = \left[\sum_{i=1}^{5} {p_i}^2\right]^{-1}$$

- Bei Monomorphie im Abschnitt P_j gilt $v(j) = 1$, bei Gleichverteilung gilt $v(j) = 5$.

Kompositionelle Differenzierung der Abschnitte als Ausmaß der Unterschiedlichkeit der Pollenquellen in den von ihnen gebildeten Samen (GREGORIUS und ROBERDS, 1986):

- Absoluter Abstand d_0 der Verteilung der Pollenquellen in Abschnitt P_j zur Verteilung der Pollenquellen im Komplement ${P_j}^c$ aller anderen Abschnitte zusammen :

$$\delta_{SD}(j) = d_0\left(P_j, {P_j}^c\right) = \frac{1}{2}\sum_{i=1}^{5}\left|p_i(j) - \frac{1}{4}\sum_{k,k\neq j} p_i(k)\right|$$

- Mittlerer Abstand eines Abschnitts zum jeweiligen Komplement:

$$\delta_{SD} = \frac{1}{5}\sum_{j=1}^{5}\delta_{SD}(j)$$

- Bei Gleichheit der Verteilung der Pollenquellen in allen Abschnitten gilt $\delta_{SD}(j) = 0$ für alle j sowie $\delta_{SD} = 0$; bei vollständiger Disjunktheit der Pollenquellen in allen Abschnitten gilt $\delta_{SD}(j) = 1$.

Modellberechnungen

Die Eingaben zum auf diesem Modell basierenden FORTRAN-Programm bestehen aus Anzahl und Umfang (Länge oder Ausdehnung) von Populationen, welche längs eines Transekts gelegen und ggf. durch Lücken voneinander getrennt sind, sowie aus der Vorgabe einer Verteilungsfunktion für Pollen (hier die beschriebene Exponentialfunktion), welche durch Angabe beliebiger Kombinationen von mittlerer Pollenverbreitungsdistanz und –richtung längs des Transekts als Szenarien dargestellt werden. Das Programm berechnet für jedes Szenario die Migrationswahrscheinlichkeiten für den Flug eines Pollens von seiner Quellpopulation zu jeder der Populationen. Dabei wird jeder Pollen „genetisch“ durch seine Quellpopulation gekennzeichnet. Die Migrationswahrscheinlichkeiten werden unter Hinzunahme der Modellannahmen in die Häufigkeitsverteilungen der Pollenquellen unter den Samen jeder Population umgerechnet und die Variation der Pollenquellen in den Samen quantifiziert. Zu den Ausgaben des Programms gehören tabellarische Listen der Variationsmessungen für die Szenarien, daraus berechnete Eingabedateien für Differenzierungsschnecken und Balkendiagramme für die Zeichenprogramme xfig bzw. WinFIG. Gnuplot-Routinen plotten die Listen der Variationsmessungen in den Populationen als Funktionen der mittleren Flugweite.

Frühere Computerprogramme zur Analyse des Pollenflugs versuchten Rückschlüsse auf die Form der Verteilungsfunktion (u.a. auch die Exponentialfunktion als Kandidat) durch die Modellkalibrierung anhand realer Daten aus Vaterschaftsanalysen zu ziehen. Andere Programme verwenden einen Metapopulationsansatz mit vorgegebenen Migrationswahrscheinlichkeiten zwischen teilisolierten Populationen, um unter bestimmten Annahmen zur Reproduktion die Extinktion bzw. Neubegründung von Populationen zu untersuchen. Wiederum andere untersuchen die Entwicklung der Verteilung genetischer Variation an einzelnen Genloci, u.a. durch Diffusionsvorgänge, über die Fläche. Das Ergebnis wird meist durch den Fixierungsindex F_{ST} und verwandte diversitätsorientierte Maße ausgedrückt. Eine Analyse der Repräsentativität im Sinne der hier gemessenen effektiven Anzahl und Unterschiedlichkeit der Pollenquellen in den Samen der Populationen wird offenbar von keinem anderen Programm durchgeführt.

Ergebnisse

Effektive Anzahl von Pollenquellen (Diversität)

Bei symmetrischer Pollenverbreitung befindet sich die höchste Diversität im mittleren Abschnitt P_3 (Abb. 4(a)). Bei zunehmender Windgeschwindigkeit strebt die Diversität in allen Abschnitten nach

dem Maximum. Im Gesamtbestand sind die Pollenquellen der Samen maximal divers für alle Windstärken.

Bei gerichteter Pollenverbreitung befindet sich dagegen die höchste Diversität bei geringerer Windstärke im Abschnitt P_4 und bei höheren Stärken im Abschnitt P_5 (Abb. 4(b)). Bei zunehmender Windstärke strebt nur die Diversität in Abschnitt P_5 in Richtung Maximum. Im Gesamtbestand sinkt die Diversität der Pollenquellen in den Samen bei steigernder Windstärke, bis die Samen sogar weniger divers sind als die Samen in P_5.

Als Fazit bleibt festzustellen, dass bei symmetrischer Pollenverbreitung ein starker Wind sich diversitätserhaltend mit höchster Diversität im Zentrum auswirkt. Dagegen erzeugt die gerichtete Pollenverbreitung einen starken Diversitätsgradienten über die Abschnitte hinweg und senkt die Diversität der Pollenquellen in den Samen des Gesamtbestands.

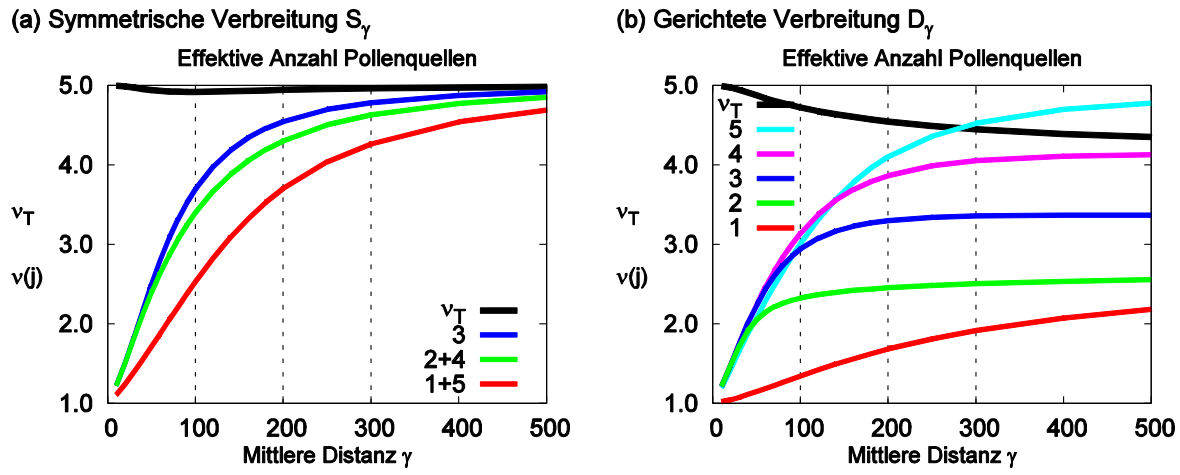

Abb. 4: Effektive Anzahl von Pollenquellen in den Samen des Abschnitts j als die Diversität $v(j)$ in Abhängigkeit von der Windrichtung (symmetrisch bzw. gerichtete Verbreitung) und der mittleren Flugdistanz γ. Die schwarze Kurve zeigt die effektive Anzahl in den Samen des Gesamtbestandes.

Kompositionelle Differenzierung

Bei symmetrischer Pollenverbreitung befindet sich dagegen die niedrigste Differenzierung der Pollenquellen und daher die höchste Repräsentativität im mittleren Abschnitt P_3 (Abb. 5(a)). Bei zunehmender Windgeschwindigkeit sinkt die Differenzierung in allen Abschnitten gegen 0. Dadurch werden die Samen jedes Abschnitts für die Samen des Gesamtbestands repräsentativ.

Bei gerichteter Pollenverbreitung befindet sich die höchste Repräsentativität in den Samen von Abschnitt P_3 und bei höheren Geschwindigkeiten auch in Abschnitt P_4 (Abb. 5(b)). Bei zunehmender Windgeschwindigkeit sinkt die Differenzierung in allen Abschnitten und damit auch in den Samen des Gesamtbestands, strebt jedoch nicht gegen 0, d.h. die Abschnitte behalten Unterschiede bei.

Folglich sind sowohl bei symmetrischer als auch bei gerichteter Pollenverbreitung die mittleren Abschnitte am wenigsten differenziert und damit am repräsentativsten. Die Repräsentativität aller Abschnitte steigt mit der Windgeschwindigkeit, aber im Gegensatz zu symmetrischer Pollenverbreitung erhält eine gerichtete Verbreitung die Differenzierung und führt daher nicht zur Repräsentativität der Samen eines Abschnitts für die Gesamtheit aller Samen.

Die Differezierungsdiagramme für die Szenarien, deren Werte in Abb. 5 den gestrichelten Linien entsprechen, bestätigen die Auswirkungen der Windverhältnisse auf die kompositionellen Differenzierung der Pollenverteilungen (Abb. 6).

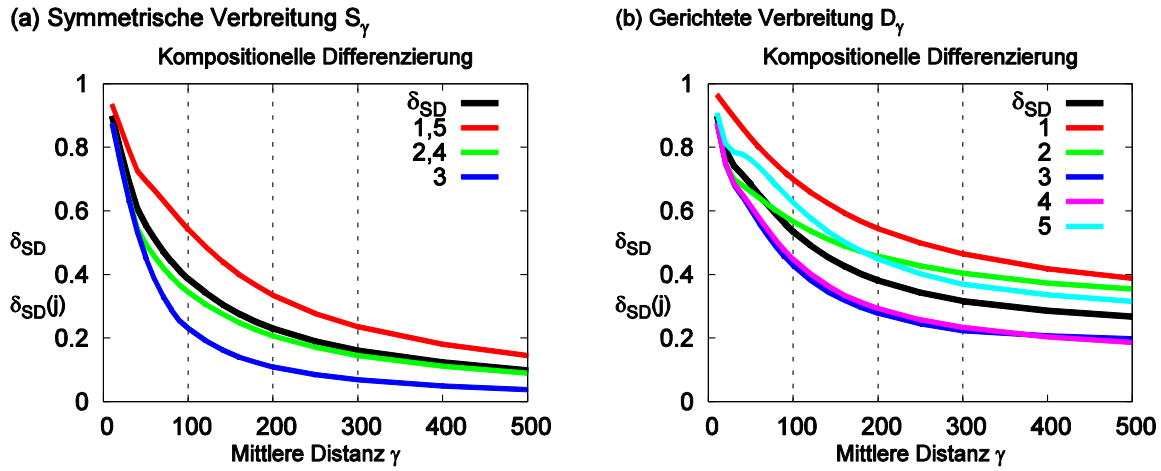

Abb. 5: Kompositionelle Differenzierung der Verteilung der Pollenquellen in den Pollenbeiträgen zu den Samen jedes Abschnitts in Abhängigkeit von der Windrichtung (symmetrisch bzw. gerichtete Verbreitung) und der mittleren Flugdistanz γ.

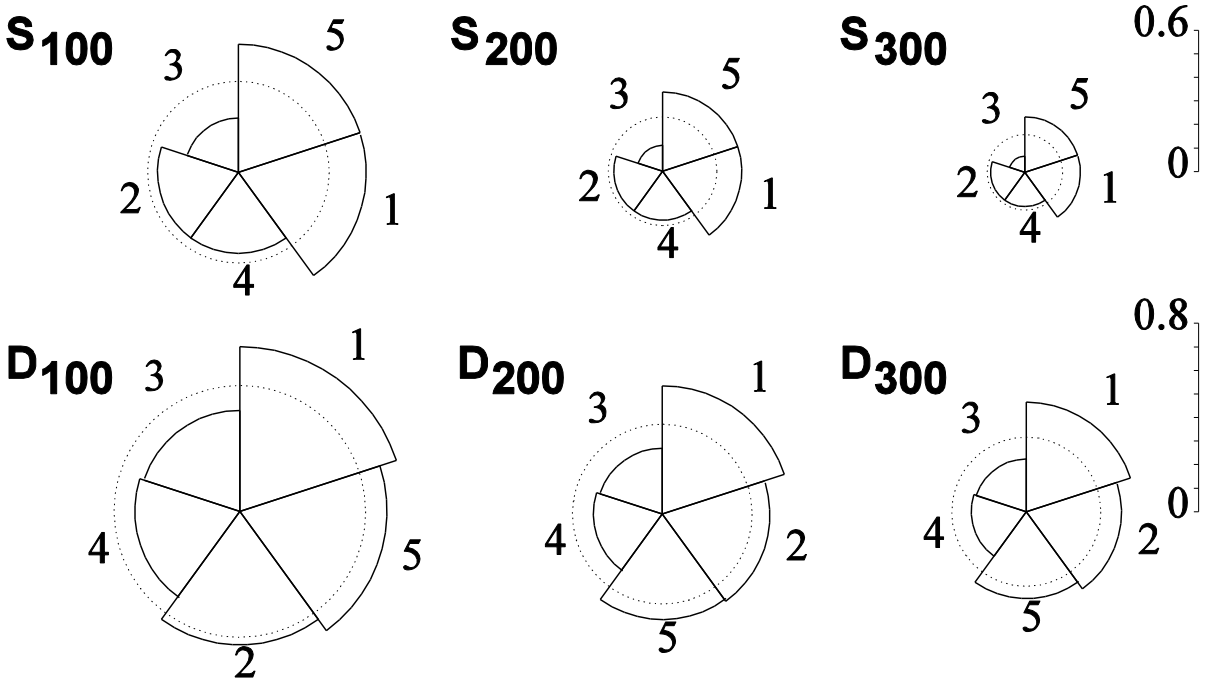

Abb. 6: Differenzierungsdiagramme der kompositionellen Differenzierung („Schnecken“) für die einzelnen Szenarien. Die Länge des Radius eines Sektors misst den Unterschied $\delta_{SD}(j)$ zwischen der Pollenverteilung im gekennzeichneten Abschnitt j und dessen Komplement. Der gestrichelte Kreis ist proportional zu δ_{SD}.

Vergleich mit den Auswirkungen von Zufallspaarung

Bei Zufallspaarung in Szenario R gilt $v(j) = v_T = 5$ und $\delta_{SD}(j) = \delta_{SD} = 0$ für alle Abschnitte P_j. Bei hohen Windgeschwindigkeiten und symmetrischer Pollenverbreitung werden diese beiden Bedingungen annähernd erreicht. Ein statistischer Test könnte in diesem Fall fälschlicherweise zur Annahme von Zufallspaarung führen, obwohl die Verbreitung keineswegs zufallsmäßig ist.

Schlussfolgerungen

Die Abbildungen demonstrieren die erhebliche Abhängigkeit der Pollenverbreitung von den Windverhältnissen während der Blühperiode. Je nach vorherrschender Windrichtung erhält der eine Rand des Bestandes Pollen aus dem gesamten Bestand während am gegenüberliegenden Rand fast nur lokaler Pollen zu den Samen beiträgt. Je nach Windstärke reicht die Verteilung der Pollenquellen von der Monomorphie für lokalen Pollen bis hin zu einem Verteilungsmuster unter symmetrischen Windrichtungen, der vom Effekt der Zufallspaarung statistisch kaum unterscheidbar sein kann. Häufig wird angenommen, dass die höchste Diversität im Zentrum eines Bestandes vorliegt. Gerichtete Pollenverbreitung verschiebt allerdings den Bereich höchster Diversität in Windrichtung, was auch schon in einem kleinen isolierten Buchenbestand an untersuchten Eckern bestätigt wurde (GILLET und ZIEHE 2012). Dagegen ist die Differenzierung des Zentrums unter unterschiedlichen Windbedingungen relative stabil.

Solche Zusammenhänge legen nahe, sich von der üblichen Betrachtung konkreter bzw. idealisierter Genloci zu lösen und stattdessen Pollen mit der räumlich spezifizierten Pollenquelle zu kennzeichnen.

Es ist bemerkenswert, dass bereits solch ein verhältnismäßig überschaubares Modell derartige Unterschiede herausarbeiten kann. Erweiterungen sind geplant. Beispielsweise soll der Einfluss der Pollenproduktion auf die Befruchtungswahrscheinlichkeiten und damit auf die genetische Variation in den Samen untersucht werden. Hier gilt noch die Annahme, dass genügend Pollen produziert wird um sämtliche Eizellen zu befruchten, auch wenn bei hohen Windgeschwindigkeiten ein Großteil des Pollens außerhalb des Bestands landet. Nichtsdestoweniger darf nicht vergessen werden, dass die realen Verhältnisse im Wald, beispielweise durch Verwirbelung und Auswaschung bei Regen, durch vermehrte Selbst- und Nachbarschaftspaarung bei hoher Baumdichte, um nur einiges zu nennen, viel komplizierter sind als hier dargestellt.

Somit wird deutlich, dass mit wechselnden Windverhältnissen die genetische Variation in Samen und Saatgut stark variieren kann, auch dann, wenn über die Jahre dieselben Bäume wiederholt beerntet werden sollten.

Dank

Die Arbeiten wurden im Rahmen der Sachbeihilfe ZI 662/7-1 der Deutschen Forschungsgemeinschaft durchgeführt.

Literatur

GILLET EM: How wind can shape diversity and differentiation in metapopulations of wind-pollinated forest trees through its effect on the mating system. Landbauforschung (zur Veröffentlichung angenommen)

GILLET EM, ZIEHE M, 2012: Auswirkungen von Genfluss zwischen Beständen auf großräumige genetische Variationsmuster, Metapopulationsstudien am Beispiel des Sollings. Forstarchiv 83: 4-11.

GREGORIUS H-R, ROBERDS J, 1986: Measurement of genetical differentiation among subpopulations. Theoretical and Applied Genetics 71, 826-834.

ZIEHE M, 2004: Genetische Parameter als Indikatoren für den Verjüngungserfolg der Buche in Rein- und Mischbeständen. Abschlussbericht 1999-2003 zum BMBF-Verbundforschungsvorhaben "Indikatoren und Strategien für eine nachhaltige, multifunktionelle Waldnutzung – Fallstudie Waldlandschaft Solling": 227-249.

Anschrift der Autoren

Dr. ELIZABETH M. GILLET
Büsgen-Institut - Abt. Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung
Universität Göttingen,
Büsgenweg 2
37077 Göttingen
E-Mail: egillet@gwdg.de

Prof. Dr. MARTIN ZIEHE
Büsgen-Institut - Abt. Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung
Universität Göttingen
Büsgenweg 2
37077 Göttingen

Anwenderfreundliche DNA-Marker zur Herkunftsidentifizierung von Eichenholz

HILKE SCHROEDER, BERND DEGEN, BIRGIT KERSTEN

Thünen-Institut für Forstgenetik, Großhansdorf

Zusammenfassung

Der illegale Holzhandel ist ein weltweit schwerwiegendes Problem, von dem auch in den gemäßigten Breiten diverse Baumarten stark betroffen sind. So ist z.B. das sehr wertvolle Holzsortiment der Weißeiche (Gattung *Quercus*, Sektion Quercus) stark vom illegalen Handel betroffen. Neben anderen Einrichtungen berichtet die EIA (environmental investigation agency, http://eia-global.org/news-media/liquidating-the-forests) über einen alarmierenden Anstieg illegalen Holzeinschlags von wertvollen Laubhölzern insbesondere im Fernen Osten. Global agierende Holzhandelsunternehmen sind aufgrund des American Lacey Act und des europäischen FLEGT Aktionsplans verpflichtet, die botanische Art und Herkunft der gehandelten Hölzer zu deklarieren. Daher wuchs spätestens mit dem Inkrafttreten der EU-Holzhandelsverordnung im März 2013 die Nachfrage nach Methoden zum Art- und Herkunftsnachweis. Wenn hier optische Verfahren an ihre Grenzen stoßen, sind genetische Marker eine fälschungssichere Methode, um diese Lücke zu schließen. Zur Identifizierung genetischer Unterschiede von Weißeichen verschiedener Art und Herkunft wurden Sequenziermethoden der neuen Generation angewandt. Auf der Grundlage verschiedener DNA Polymorphismen in der plastidären DNA haben wir zunächst ein Markerset entwickelt, mit dessen Hilfe der kontinentale Ursprung von Eichenholz geklärt werden kann. Für die Anwendbarkeit des Markersets ist keine hochmoderne Ausstattung notwendig, so dass in jedem Labor diese Tests durchgeführt werden können. Des Weiteren haben wir ein Set von Markern zusammengestellt, um den Ursprung von eingeschlagenem Holz der CITES-geschützten Mongolischen Eiche (*Quercus mongolica*) im Fernen Osten eingrenzen zu können.

Schlüsselwörter: illegaler Holzeinschlag, Quercus, molekulare Marker, Chloroplasten-DNA, Herkunftsidentifizierung

Abstract

User-friendly DNA-marker to identify the origin of oak timber

Trading of illegally logged timber is worldwide a serious problem concerning also several tree species in temperate latitudes. Particularly, the very valuable timber assortment of the section white oak (genus *Quercus*, section Quercus) is affected. Besides other agencies the EIA (environmental investigation agency, http://eia-global.org/news-media/liquidating-the-forests) reported an alarming increase of illegal logging of valuable deciduous wood, especially in the Far East. Globally acting timber trading companies are obliged to declare botanical species and geographic origin of the traded timber because of the American Lacey Act and the FLEGT action plan. Hence, at latest with the entry into force of the EU timber regulation in March 2013, the demand for reliable methods for precise species and origin verification increased. Wood-anatomical methods do not work for species identification and least at all for the identification of wood origin in white oaks. Thus, molecular markers are the methods of choice for such a task. Next Generation Sequencing (NGS) methods have been applied to identify molecular polymorphisms between different oak species from different

geographic origins. Based on these plastid DNA polymorphisms, first of all we developed a marker set to declare the continental origin of oak timber. This marker set can easily be used without need of highly modern equipment, thus, it can be applied in every laboratory. Furthermore, we put together a set of markers to narrow down the origin of logged timber of the CITES protected Mongolian oak (*Quercus mongolica*) in the Far East.

Key words: illegal logging, Quercus, molecular marker, chloroplast DNA, identification of origin

Einleitung

Der illegale Holzhandel ist ein weltweit schwerwiegendes Problem. In den letzten Jahren richtete sich die Aufmerksamkeit meist auf tropische Regionen, obwohl auch in den gemäßigten Breiten diverse Baumarten stark betroffen sind. Dazu zählt insbesondere das Holzsortiment der Weißeiche (Gattung *Quercus*, Sektion Quercus). Deren Hölzer gehören aufgrund ihrer physikalischen Eigenschaften zu den wertvollsten ihrer Gattung und nehmen deshalb in Europa und den USA einen hohen Marktanteil ein. Die wichtigsten Handelshölzer dieses Sortiments sind zwei in Europa heimische Eichen, die Stiel- und Trauben-Eiche (*Q. robur*, *Q. petraea*), die in Ost-Asien beheimatete Mongolische Eiche (*Q. mongolica*) sowie einige in Nordamerika vorkommende Arten (v.a. *Q. alba*, *Q. bicolor*, *Q. macrocarpa*, *Q. muehlenbergii*).

Verschiedene Umweltorganisationen berichten, dass der illegale Einschlag wertvoller Laubhölzer, vor allem im Fernen Osten, bedenklich angestiegen ist. So beträgt der Anteil illegalen Holzeinschlags am weltweiten Handel z.B. in Russland 22 % (Internetquelle 1, 2, DIETER ET AL. 2012). Vergleichende Analysen der Exportdaten für die Jahre 2004-2011 zeigen, dass in diesem Zeitraum doppelt bis viermal mehr Eichenholz (*Q. mongolica*, Mongolische Eiche) für den Export nach China eingeschlagen wurde (zwischen 0,7 bis 1,7 Mio. m^3 pro Jahr), als gesetzlich erlaubt gewesen wäre. Abnehmer sind meist chinesische Produzenten für Möbel und Bodenbeläge, deren Produkte für die Märkte in den USA, in Europa und in Japan bestimmt sind (SMIRNOV et al. 2013). Erst 2013 ist in den USA ein spektakulärer Fall illegalen Holzhandels aufgedeckt worden, in den ein großes amerikanisches Holzhandelsunternehmen verstrickt war (Internetquelle 1). Auch erste genetische Voruntersuchungen bestätigen, dass in China hergestellte und als deutsche oder europäische Eiche deklarierte Massivholzprodukte möglicherweise ganz oder teilweise aus *Q. mongolica* zweifelhafter Herkunft bestehen (SCHROEDER et al., unveröffentlichte Ergebnisse).

International agierende Holzhandelsunternehmen riskieren Verstöße gegen US- und EU-Gesetze (Lacey Act, FLEGT, Holzhandelsverordnung; DORMONTT et al. 2015), die sie zu einer genauen Deklaration der botanischen Art und der geographischen Herkunft des Holzes verpflichten (DEGEN und HÖLTKEN 2011). Als Beitrag zum globalen Waldschutz ist am 3. März 2013 in der EU die Holzhandelsverordnung in Kraft getreten. Sie verbietet den Import und den Handel mit illegal eingeschlagenem Holz und daraus hergestellten Produkten. Händler, die Holz und Holzprodukte in die EU einführen, müssen daher besondere Sorgfaltspflichten beachten.

Diese neue Gesetzeslage, die erhöhte Sensibilität in der Bevölkerung und der hohe Marktanteil der Weißeichen sind Gründe für eine ständig steigende Nachfrage an eindeutigen Art- und Herkunftsnachweisen. Nicht nur staatliche Kontrollorgane und NGOs sind an solchen Verfahren interessiert, sondern auch private Unternehmen, die zur Sorgfaltspflicht angehalten werden. Bei den Weißeichen scheitern Kontrollmethoden allerdings bereits bei der Überprüfung der Holzart, denn eine taxonomische Differenzierung ist selbst nach mikroskopischen Untersuchungen nicht möglich (persönliche Mitteilung, Dr. Gerald Koch, Thünen-Institut für Holzforschung, Hamburg). Dies gilt im Besonderen für die Identifizierung der geographischen Herkunft des Holzes, welche von zunehmender Bedeutung ist, da durch den illegalen Einschlag, speziell von *Q. mongolica* besonders wertvolle Ökosysteme betroffen sind. Dazu zählen der Ferne Osten Russlands mit seinen Grenzgebieten zu China (z.B. Amur-Region – ein Zentrum der Biodiversität), aber auch das Europäische Russland bis in den südlichen Ural (Internetquelle 1). Dieser Problematik wurde mit der

Entwicklung von molekularen Markern zur Identifizierung der Eichenarten und der Herkunft von Eichen begegnet. Die Entwicklung der Marker basiert auf „Next Generation Sequencing“ (NGS)-Methoden mit nachfolgender bioinformatischer Analyse, die zur Identifizierung von SNPs („single nucleotid polymorphism“) und InDels („insertion/deletion“) führte.

Material und Methoden

Die Entwicklung der Marker erfolgte an Blattmaterial. Die hierfür notwendige DNA-Extraktion erfolgte nach einem ATMAB-Protokoll (DUMOLIN et al. 1995, leicht modifiziert). Im weiteren Verlauf erfolgte die Anpassung der Marker auf Holz. Hierfür wurde ein eigens angefertigtes Extraktionsprotokoll verwendet (LOWE et al. 2015).

Zwei Pools der Gesamt-DNA von je 20 Individuen von *Q. robur* und *Q. mongolica* sowie die Gesamt-DNA eines einzelnen *Q. mongolica*-Individuums (Referenzindividuum) wurden mittels NGS (Illumina; miSeq; GATC) sequenziert. Außerdem standen Illumina (HiSeq)-Daten von 47 Einzelindividuen von 11 weiteren europäischen, asiatischen und amerikanischen *Quercus*-Arten (SCHROEDER et al. 2016) für die weitere Auswertung zur Verfügung. Die anschließende bioinformatische Auswertung erfolgte mit Hilfe der Software CLC Genomics Workbench. Eine detaillierte Beschreibung dieser Analyse sowie der Markerentwicklung und -validierung für die kontinentale Unterscheidung von Weißeichen findet sich in SCHROEDER et al. (2016).

Für die Entwicklung von Markern zur Identifizierung von Herkünften innerhalb von *Q. mongolica* wurde dieselbe Datengrundlage verwendet. Hierfür wurden jedoch speziell SNPs und InDels ausgewählt, die innerhalb von *Q. mongolica* Unterschiede aufwiesen. Diese wurden in einem MassArray Ansatz analysiert und auf ihre Qualität zur Herkunftsdifferenzierung überprüft. Die Auswertung der MassArray Daten erfolgte mit dem Softwareprogramm GDA_NT (DEGEN 2008).

Ergebnisse

Markerentwicklung

Die Markerentwicklung zur Artdifferenzierung erfolgte basierend auf Chloroplasten-DNA-Sequenzen, da Chloroplasten-Marker erfahrungsgemäß sehr robust sind. Zur potentiellen Artdifferenzierung wurden solche SNPs und InDels selektiert, die in den NGS-Daten (Pools oder Einzelindividuen) einer (oder mehrerer) Arten jeweils mit einer Allelfrequenz von etwa 100 % im Vergleich zur Sequenz des *Q. mongolica*-Referenzsequenzindividuums vorlagen.

Für die Entwicklung von Markern, die geographische oder Populationsunterschiede innerhalb *Q. mongolica* abbilden, wurden neben Chloroplastensequenzen auch mitochondriale Sequenzen verwendet. Basierend auf den NGS-Daten des *Q. mongolica*-Pools wurden solche SNPs und InDels als potentiell Herkunfts-differenzierend selektiert, bei denen mindestens zwei Allele im Pool zu unterschiedlichen Prozentzahlen vorhanden waren und an deren Position in der Referenzsequenz nur ein Allel vorlag. Die selektierten SNPs und InDels wurden dann für die weitere Markerentwicklung verwendet.

Differenzierung des kontinentalen Ursprungs

Für die Unterscheidung von Weißeichen aus den drei Kontinenten Asien, USA und Europa wurden aus ursprünglich über 700 Nukleotidvariationen schließlich fünf InDels und ein SNP ausgewählt, die in einem Markerset zusammengefasst wurden. Das Markerset kann mit einem Sequenzierer (Abb. 1) oder - in Laboren ohne Sequenzierer - mit Hilfe eines Polyacrylamid-Gels (Abb. 2) analysiert werden.

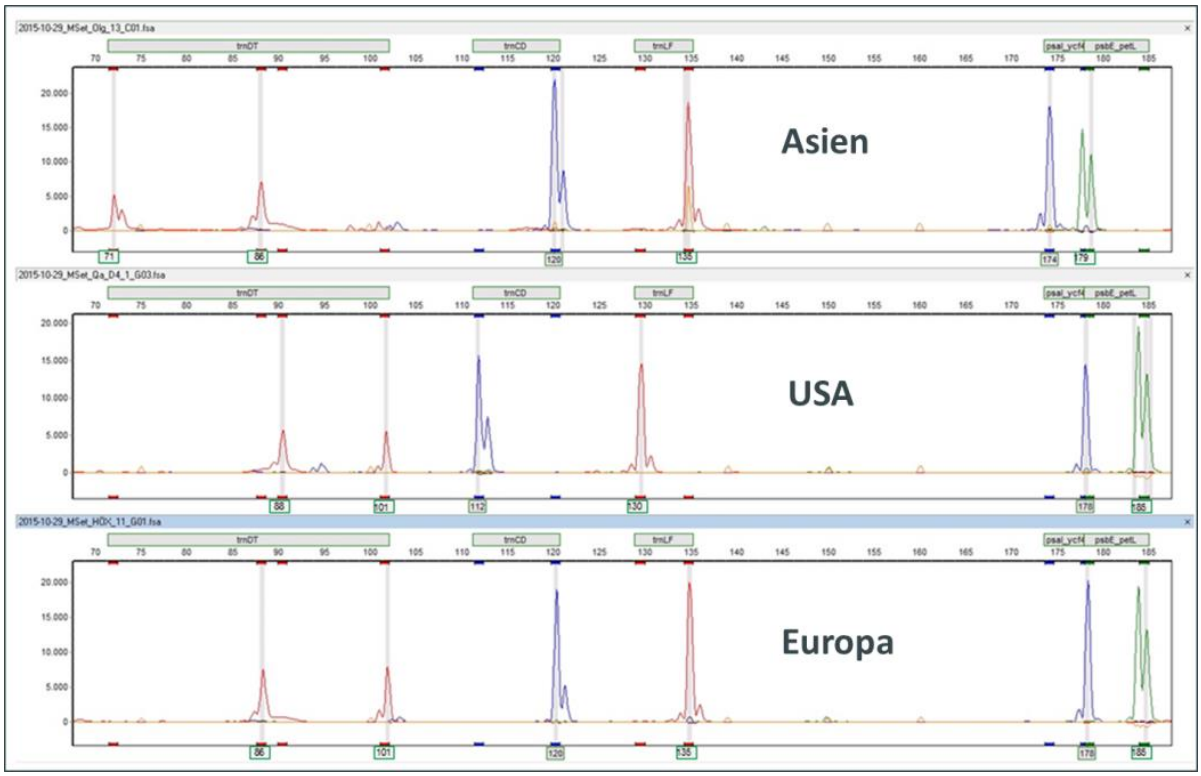

Abb. 1: Fragmentmuster der fünf Chloroplasten-Marker des Sets zur Differenzierung der Weißeichen-Herkunft von drei Kontinenten. Die Sequenzgrößen sind unter den Peaks angegeben. Die roten Peaks 71, 86, 88 und 101 gehören zum SNP und InDel des Markers *trn*DT; blaue Peaks 112 and 120 zu *trn*CD; zweiten roten Peaks 130, 135 zu *trn*LF; die blauen Peaks 174, 178 rechts zu *psa*I-*ycf*4; und die grünen Peaks 179, 185 zu *psb*E-*pet*L (SCHROEDER et al. 2016).

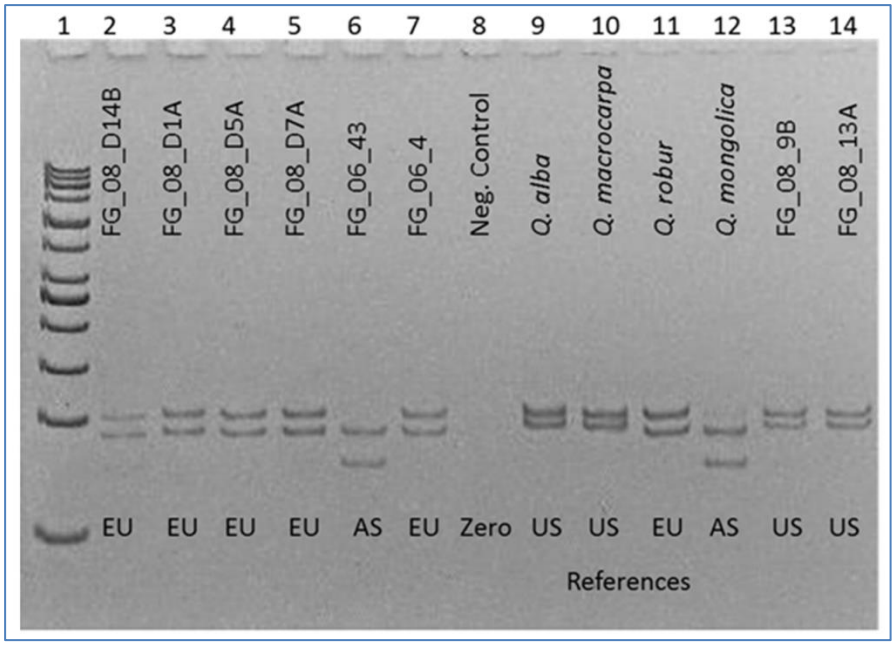

Abb. 2: Fragmentmuster des Markers *trn*DT auf einem Polyacrylamid-Gel. Lane 1: 50 bp ladder, lane 2-7 und 13-14: Analyse von Holz-DNA, deren Herkunft von den Referenz-Genotypen abgeleitet wurde, lane 9-12: Referenzen aus Nordamerika (US), Europa (EU) und Asien (AS), lane 8: Negativkontrolle (SCHROEDER et al. 2016).

Herkunftsidentifizierung innerhalb von *Q. mongolica*

Die Validierung von 120 Chloroplasten (cp) und mitochondrialen (mt) SNPs, die als potentiell Herkunft-differenzierend selektiert wurden, erfolgte in einer Mass-Array Analyse mit 20 Individuen von *Q. mongolica* aus 10 Populationen. Hieraus ergaben sich 11 SNPs und ein InDel, die anhand von PCR-RFLP-Analysen überprüft wurden. Eine Kombination dieser Marker mit bereits zuvor erarbeiteten Markern (drei SNPs, drei InDels, zwei Mikrosatelliten) erbrachte eine Einteilung von 35 Populationen (mit je drei Individuen) in insgesamt vier Haplotypen. Ein weiterer MassArray Ansatz mit 30 aufgrund ihres hohen Differenzierungspotentials ausgewählten SNPs mit 380 Individuen aus insgesamt 40 Populationen bestätigte die vier Haplotypen und resultierte zusätzlich in zwei weitere Haplotypen (Abb. 3).

Die Ergebnisse zeigen, dass Haplotyp 2 (blau in Abb. 3) zwar der häufigste Typ ist, aber in den westlichen Populationen nicht auftritt. Hingegen kommt der seltene Haplotyp 1 (dunkelgrün in Abb. 3) nur in den westlich gelegenen Populationen vor. Haplotyp 4 (gelb in Abb. 3) ist deutlich häufiger in den südlichen Populationen zu finden und kommt ganz im Norden nicht vor. Der in Abb. 3 rot dargestellte Haplotyp 3 zeigt ein eher verstreutes Auftreten, ist aber im Süden deutlich häufiger. Hinzu kommen zwei private Haplotypen, die jeweils nur in einer Population auftreten, wobei Haplotyp 5 (hellgrün in Abb. 3) zusammen mit Haplotyp 2 vorkommt, während Haplotyp 6 (hellblau in Abb. 3) in einer Population als einziger Haplotyp gefunden wurde.

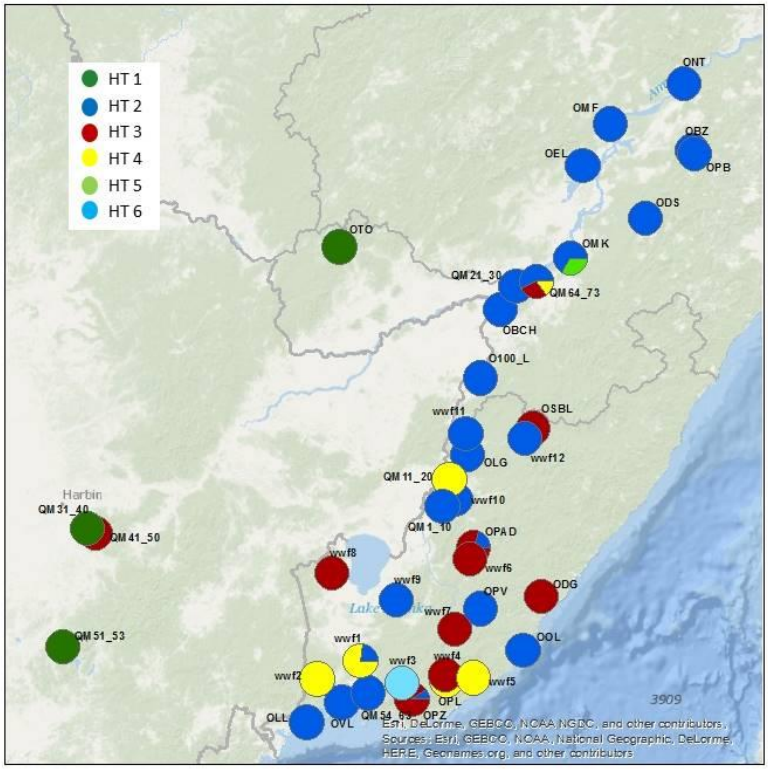

Abb. 3: Haplotypenverteilung innerhalb von *Q. mongolica* basierend auf einer Analyse von bis zu 120 SNPs an 380 Individuen. Erläuterung siehe Text. HT = Haplotyp

Diskussion

Es wurde ein Set von fünf InDel und einem SNP Marker entwickelt und für die Anwendung auf Holz optimiert, um den kontinentalen Ursprung von Weißeichen identifizieren zu können. Außerdem konnte eine SNP-Auswahl getroffen werden, die eine Differenzierung von Populationen innerhalb

von *Q. mongolica* ermöglicht. Alle diese Marker wurden als sehr kleine Fragmente (< 200 bp) optimiert, da eine Genotypisierung von DNA aus Holz und Holzprodukten aus möglichst kleinen Fragmenten den größten Erfolg zeigt, wie z.B. für Insekten aus einer Museumssammlung gezeigt werden konnte (MITCHELL et al. 2015). Auch für die Identifizierung von Haplotypen aus Holz anhand von Chloroplasten-Mikrosatellitenmarkern wurden explizit kleine Fragmente empfohlen (DEGUILLOUX et al. 2003).

Die Auflösungskapazität für eine Differenzierung von Populationen innerhalb von *Q. mongolica* erwies sich als gering. Dies liegt offenbar an einer insgesamt geringeren genetischen Variation in den ausgewählten Populationen dieser Art verglichen mit den europäischen oder amerikanischen Arten. Für die Chloroplasten- und Mitochondriengenome wurden mit derselben Herangehensweise deutlich mehr SNPs und InDels innerhalb von *Q. robur* identifiziert als innerhalb von *Q. mongolica* (Daten nicht gezeigt). Hier spielt vermutlich auch die Lage der untersuchten Populationen am Japanischen Meer, also am Rand des Verbreitungsgebiets von *Q. mongolica* auf dem Festland eine Rolle. Im Vergleich dazu haben japanische Wissenschaftler 33 Populationen von *Q. mongolica* (var. *crispula*) in Japan mit cp-Markern untersucht und eine deutlich höhere Anzahl an Haplotypen identifizieren können (OKAURA et al. 2007). Interessant ist hier vor allem das Fragment *trn*H-*psb*A, das sowohl in unserer als auch in der japanischen Studie untersucht wurde. Interessanterweise haben wir in *trn*H-*psb*A ein InDel gefunden, das nur in den westlich gelegenen Populationen, aber nicht in den japanischen Populationen vorhanden ist (OKAURA et al. 2007). Dies bestätigt die Beschränkung dieses InDels auf westliche Regionen. In den von uns untersuchten *Q. mongolica* Populationen kommen in diesem gesamten Fragment *trn*H-*psb*A neben dem genannten InDel nur vier weitere Nukleotid-Varianten vor, während in der japanischen Studie diese vier plus weitere fünf Varianten gefunden wurden.

Auch die Analyse der Variationen im Kerngenom zeigt, dass mehr SNPs und InDels innerhalb von *Q. robur* als innerhalb von *Q. mongolica* identifiziert wurden. Hier ergaben sich aus insgesamt 179 nach Qualitätsparametern gefilterten Variationen für *Q. robur* 164 polymorphe Stellen (SNPs oder InDels) und für *Q. mongolica* nur 49 (Daten nicht im Detail gezeigt).

Für die Verfolgung von illegalem Handel mit Wildtieren sind molekulare Methoden seit einigen Jahren gut etabliert. So wird z.B. illegaler Handel mit Papageien (GONCALVES et al. 2015) und Meeresschildkröten (REHMAN et al. 2015) mit DNA-Barcoding Methoden aufgedeckt und auch für die Identifizierung von Produkten aus geschützten Tierarten stellen molekulare Marker inzwischen eine wichtige Grundlage dar („Walfleisch“: BAKER et al. 2010; „Hornprodukte“: YAN et al. 2013). Ebenso werden DNA-Barcoding Marker für die Überprüfung der richtigen Art-Deklaration von Fischprodukten (Filets) verwendet (PAPPALARDO et al. 2015). Im Bereich der Botanik finden molekulare Marker überwiegend für die Aufdeckung von illegalem Holzeinschlag bei tropischen Baumarten Anwendung (HÖLTKEN et al. 2012, NITHANIYAL et al. 2014, HARTVIG et al. 2015, PAKULL et al. 2016, JARDINE et al. 2016), für die Identifizierung von Baumarten aus den gemäßigten Zonen sind diese Methoden bisher jedoch weniger etabliert. Daher bieten die hier entwickelten Marker den weltweit agierenden Holzhändlern die Möglichkeit, beim Handel mit Eichenarten ihrer Sorgfaltspflicht nachzukommen, wenn Eichenholz auf dem europäischen oder US-amerikanischen Markt gehandelt werden soll.

Literatur

BAKER CS, STEEL D, CHOI Y, LEE H, KIM KS, CHOI SK et al., 2010: Genetic evidence of illegal trade in protected whales links Japan with the US and South Korea. Biological Letters 6: 647-650.

DEGEN B (2008) GDA_NT 2.0: Genetic data analysis and numerical tests. [last change 17.11.2015]. Available from bernd.degen@thuenen.de

DEGEN B, HÖLTKEN AM (2011). DNA-Methoden zur Kontrolle der Holzart und Holzherkunft. Holz-Zentralblatt 19: 461.

DEGUILLOUX MF, PEMONGE MH, BERTEL L, KREMER A, PETIT RJ, 2003: Checking the geographical origin of oak wood: molecular and statistical tools. Molecular Ecology 12:1629-1636.

DIETER M, ENGLERT H, WEIMAR H (2012). Holz aus illegalem Einschlag in Deutschland und der EU. Holz-Zentralblatt 10: 257.

DORMONTT EE, BONER M, BRAUN B, BREULMANN G, DEGEN B, ESPINOZA E et al., 2015: Forensic timber identification: It's time to integrate disciplines to combat illegal logging. Biol Conserv 191: 790-798.

DUMOLIN S, DEMESURE B, PETIT RJ, 1995: Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculate oak investigated with an efficient PCR method. Theor Appl Genet 91: 1253-1256.

GONCALVES PFM, OLIVEIRA-MARQUES AR, MATSUMOTO TE, MIYAKI CY, 2015: DNA Barcoding identifies illegal parrot trade. Journal of Heredity 106: 560-564.

HARTVIG I, CZAKO M, KJÆR ED, NIELSEN LR, THEILADE I, 2015: The use of DNA barcoding in identification and conservation of rosewood (*Dalbergia* spp.). PLoS One 10(9): e01382

HÖLTKEN AM, SCHRÖDER H, WISCHNEWSKI N, DEGEN B, MAGEL E, FLADUNG M, 2012: Development of DNA-based methods to identify CITES-protected timber species: A case study in the Meliaceae family. Holzforschung 66: 97-104.

JARDINE DI, BLANC-JOLIVET C, DIXON RRM, DORMONTT EE, DUNKER B, GERLACH J, KERSTEN B, VAN DIJK KJ, DEGEN B, LOWE AJ 2016. Development of SNP markers for Ayous (*Triplochiton scleroxylon* K. Schum) an economically important tree species from tropical West and Central Africa. Conservation Genetics Resources 8(2): 129-139; doi:10.1007/s12686-016-0529-8.

LOWE AJ, JARDINE DI, CROSS HB, DEGEN B, SCHINDLER L, HOELTKEN AM, 2015: A method of extracting plant nucleic acids from lignified plant tissue. Patent WO/2015/070279 filled 2014-11-14 and issued 2015-05-21.

MITCHELL A, 2015: Collection in collections: a PCR strategy and primer set for DNA barcoding for decades-old dried museum specimens. Molecular Ecology Resources 15: 1102-1111.

NITHANIYAL S, NEWMASTER SG, RAGUPATHY S, KRISHNAMOORTHY D, VASSOU SL, PARANI M, 2014: DNA barcode authentication of wood samples of threatened and commercial timber trees within the tropical dry evergreen forest of India. PLoS One 9 (9): e107669.

OKAURA T, QUANG ND, UBUKATA M, HARADA K, 2007: Phylogeographic structure and late Quaternary population history of the Japanese oak *Quercus mongolica* var. *crispula* and related species revealed by chloroplast DNA variation. Genes & Genetic Systems 82: 465-477

PAKULL B, MADER M, KERSTEN B, EKUE MRM, BOUKA DIPELET UG, PAULINI M, BOUDA ZHN, DEGEN B, 2016: Development of nuclear, chloroplast and mitochondrial SNP markers for *Khaya* sp. Conservation Genetic Resources DOI 10.1007/s12686-016-0557-4

PAPPALARDO AM, FERRITO V, 2015: DNA barcoding species identification unveils mislabeling of processed flatfish products in southern Italy markets. Fisheries Research 164: 153-158.

REHMAN A, JAFAR S, RAJA NA, MAHAR J, 2015: Use of DNA Barcoding to control the Illegal Wildlife Trade: A CITES case report from Pakistan. Journal of Bioresource Management 2 (2): 19-22.

SCHROEDER H, CRONN R, YANBAEV Y, JENNINGS T, MADER M, DEGEN B, KERSTEN B, 2016: Development of easy-to-use molecular markers for differentiation within the genus *Quercus.* PLoS One 11 (6): e0158221, DOI:10.1371/journal.pone.0158221

SMIRNOV DY, KABANETS AG, MILAKOVSKY BJ, LEPESHKIN EA, SYCHIKOV DV, 2013: Illegal logging in the Russian Far East: global demand and taiga destruction. WWF, Moskau, 39 S.

YAN D, LUO JY, HAN YM, PENG C, DONG XP, CHEN SL et al., 2013: Forensic DNA barcoding and Bio-Response studies of animal horn products used in traditional medicine. PLoS One 8 (2): e55854.

Internetquelle 1: http://eia-global.org/news-media/liquidating-the-forests

Internetquelle 2: http://www.wwf.de/themen-projekte/waelder/waldvernichtung/illegaler-holzeinschlag/

Anschrift der Autoren:

Dr. HILKE SCHROEDER, Dr. BERND DEGEN, Dr. BIRGIT KERSTEN
Thünen-Institut für Forstgenetik
Sieker Landstraße 2
22927 Großhansdorf
E-Mail: hilke.schroeder@thunen.de

Aktuelle Züchtungsarbeiten bei der Baumart Fichte im Rahmen des Projektes FitForClim

KATHARINA VOLMER, MEIK MEIßNER, WILFRIED STEINER, ALWIN JANßEN

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Hann. Münden

Zusammenfassung

Die Fichte wird auch in Zukunft eine der wichtigsten Baumarten Deutschlands bleiben. Dies liegt vor allem auch an ihrer ökonomischen Bedeutung für die Forstbetriebe. Durch die fortschreitende Erwärmung (im Zuge des Klimawandels) werden sich die Fichtenanbaugebiete zukünftig, bei gleichzeitig stetiger bis steigender Nachfrage, reduzieren.

Um den Rohstoff Fichtenholz weiterhin am Markt anzubieten, bedarf es Pflanzenmaterials mit hoher Leistungsfähigkeit (schnellem Wuchs) und guter Vitalität (bei klimatischen Extrema). Dieses Pflanzenmaterial zu selektieren und hieraus hochwertiges und leistungsfähiges Vermehrungsgut zu erzeugen und zur Verfügung zu stellen, ist das Ziel des deutschlandweiten Verbundprojekts FitForClim.

Aufgrund der breiteren Standortsamplitude des so selektierten Ausgangsmaterials ist eine Ausweisung größerer Gebiete mit Anbaueignung, so genannte Verwendungszonen, vorgesehen.

Schlüsselworte: Fichte, Klimawandel, Züchtung, FitForClim

„Gemeine Fichte“

Die Gemeine Fichte (*Picea abies* [L.] Karst.) prägt bis heute vielerorts das Waldbild. Seit Generationen eine der bedeutendsten Baumarten der Forstwirtschaft erfährt sie heute eine nicht unerhebliche Beeinträchtigung durch Klimawandel und veränderte Waldbaugrundsätze (KÖLLING und ZIMMERMANN 2007, KÖLLING et al. 2009, JANDL et al. 2012).

Trotz klimatischer sowie waldbaulicher Einschränkungen bleibt die Fichte bis auf weiteres mit einem Anteil von 51 % am Rohholzaufkommen die wichtigste Wirtschaftsbaumart für die Rohstoffversorgung der Märkte (POLLEY et al. 2015, BMEL 2014). Die großen Schadereignisse der vergangenen zwei Jahrzehnte zeigen jedoch die Grenzen und Risiken des Fichtenanbaus auf Standorten außerhalb des natürlichen Verbreitungsgebiets dieser Baumart auf. Der Klimawandel mit einer prognostizierten Verschiebung der Witterung hin zu höheren Temperaturen bei verringerten Sommerniederschlägen wird die Problematik der geeigneten Standorts- und Herkunftswahl für Nadelholz weiter verschärfen (IPCC 2007, KÖLLING et al. 2008, COLLINS et al. 2013).

Das Projekt FitForClim

Auf der Grundlage genetisch hoch diversen, anpassungsfähigen forstlichen Vermehrungsguts strebt das deutschlandweite Verbundprojekt FitForClim eine Erhöhung der Flächenproduktivität auf für den Fichtenanbau geeigneten Standorten an. Um dieses Ziel zu erreichen, wird genetisch hervorragendes Pflanzenmaterial nach Kriterien der Vitalität, Wuchsleistung und Qualität selektiert. Durch die Zusammenarbeit der Institutionen Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Thünen-Institut für

Forstgenetik, Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht, Staatsbetrieb Sachsenforst, Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Landesbetrieb Forst Brandenburg, Landesbetrieb Wald & Holz Nordrhein-Westfalen, Landesforst Mecklenburg-Vorpommern, Landesforsten Rheinland-Pfalz und ThüringenForst wird der deutschlandweite Zugriff auf Versuchsdaten von über 370 Fichten-Versuchsflächen aus den vergangenen sechs Jahrzehnten ermöglicht (MEIßNER et al. 2015) (Abb. 1). Diese Versuchsflächen enthalten zum Teil einmaliges genetisch wertvolles Material von Herkünften bzw. Einzelbäumen, das in den Ursprungsbeständen bereits nicht mehr existiert. Insbesondere über 180 Stecklingsversuche verfügen über mehrfach selektiertes, leistungsfähiges Material (VOLMER et al. 2016, KLEINSCHMIT und SVOLBA 1991).

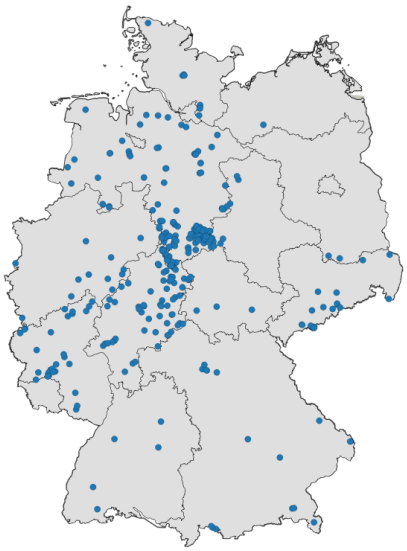

Abb. 1: Versuchsflächen und Samenplantagen der Baumart Fichte im Verbundprojekt FitForClim (verändert nach VOLMER et al. 2016)

Plusbaumauswahl und Verwendungszonen

Die statistische Auswertung der Nachkommenschaftsprüfungen (NKP), Herkunfts- (HKV) und Stecklingsversuche (KLON) mittels Selektionsindex unter Einbeziehung von Höhe, BHD und Formkriterien möglichst orthogonal verteilter Prüfglieder auf unterschiedlichen Versuchsflächenstandorten ermöglicht die Auswahl von besonders leistungsfähigen und vitalen Plusbaumgenotypen (Abb. 2, links). Die Auswertung über unterschiedliche Standorte sichert neben der Leistungsfähigkeit dieser Plusbäume insbesondere eine gute Anpassungsfähigkeit an verschiedenste Standorte und Klimate. Zur Ergänzung der genetischen Diversität wurde zusätzlich ein Teil der Plusbäume aus den besten Saatguternte-Beständen der Bundesländer phänotypisch ausgewählt. Mit der Sicherung dieses Material wurde ab Winter 2015 begonnen (Abb. 2, Mitte und rechts) (VOLMER et al. 2016).

Abb. 2: Auf einer Versuchsfläche ausgewählter Plusbaum (links); Pfropfreisergewinnung im Winter 2015 (Mitte) und Sicherung des genetischen Materials mittels heterovegetativer Pfropfung (rechts)

Für die Ausweisung neuer klimadynamischer Verwendungszonen kann ebenfalls auf Versuchsdaten sowie Klimaparameter zurückgegriffen werden (Abb. 3). Diese Zonen sollen großräumig nach klimatisch relevanten Kriterien und nicht nur nach festen geografischen Grenzen ausgewiesen werden. Für die Fichte in Deutschland ist eine Aufteilung in zwei bis drei Verwendungszonen vorgesehen:

- Humide Mittellagen
- Aride Mittellagen
- Höhere Lagen (inkl. Schneebruch gefährdeter Lagen).

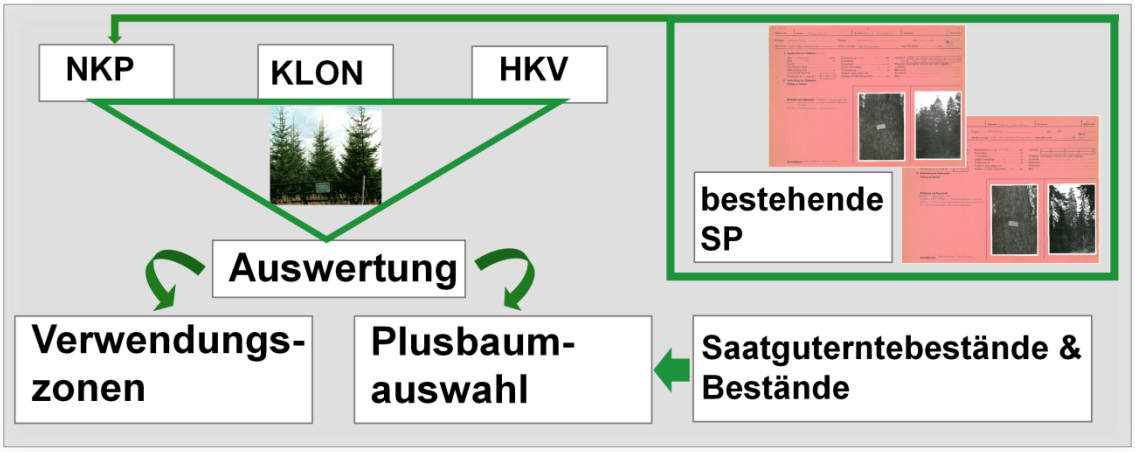

Abb. 3: Darstellung der im Projekt FitForClim laufenden Arbeiten bei Fichte (verändert nach VOLMER et al. 2016). Nachkommenschaftsprüfungen (NKP), Herkunftsversuche (HKV) und Stecklingsversuche (KLON) können für die Ausweisung von Verwendungszonen und die Auswahl von Plusbäumen genutzt werden. Plusbäume stehen darüber hinaus auf Samenplantagen (SP) zur Verfügung und wurden auch phänotypisch aus Beständen ausgewählt.

Weiterführende und ausführlichere Informationen zu diesem Thema finden sich auf der Projekt-Homepage (www.fitforclim.de) sowie als freie Onlineversion in der Schriftenreihe Beiträge aus der NW-FVA (in Vorbereitung) unter dem Titel: Hochwertiges Forstvermehrungsgut im Klimawandel. Symposium des Verbundprojektes FitForClim vom 14. und 15. Juni 2016 in Chorin.

Literatur

BMEL [BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT], 2014: Der Wald in Deutschland. Ausgewählte Ergebnisse der dritten Bundeswaldinventur, 56 S.

COLLINS M, KNUTTI R, ARBLASTER J, DUFRESNE J-L, FICHEFET T, FRIEDLINGSTEIN P, GAO X, GUTOWSKI WJ, JOHNS T, KRINNER G, SHONGWE M, TEBALDI C, WEAVER AJ, WEHNER M, 2013: Long-term climate change: Projections, commitments and irreversibility. In *Climate Change 2013: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*. STOCKER TF, QIN D, PLATTNER GK, TIGNOR M, ALLEN SK, DOSCHUNG J, NAUELS A, XIA Y, BEX V, MIDGLEY PM (eds.) Cambridge University Press, 1029-1136, doi:10.1017/ CBO9781107415324.024

IPCC [INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE], 2007: Climate Change 2007 – The Physical Science Basis. Contribution of Working Group 1 to the Fourth Assessment Report of the IPCC

JANDL R, GSCHWANTNER T, ZIMMERMANN N, 2012: Die künftige Verbreitung der Baumarten im Simulationsmodell. Bundesforschungszentrum für Wald – Praxisinformation Nr. 30: 9-12

KLEINSCHMIT J, SVOLBA J, 1991: Variation im Wachstum von Fichtenstecklingen (*Picea abies* (L.) Karst.) in Niedersachsen. Allgemeine Forst und Jagdzeitung 162 (1): 7-12

KÖLLING C, ZIMMERMANN L, 2007: Die Anfälligkeit der Wälder Deutschlands gegenüber dem Klimawandel. Gefahrstoffe – Reinhaltung der Luft 67 (6): 259-268

KÖLLING C, KONNERT M, SCHMIDT O, 2008: Wald und Forstwirtschaft im Klimawandel. Antworten auf 20 häufig gestellte Fragen. AFZ-Der Wald 63 (15): 804-807

KÖLLING C, KNOKE T, SCHALL P, AMMER C, 2009: Überlegungen zum Risiko des Fichtenanbaus in Deutschland vor dem Hintergrund des Klimawandels. Forstarchiv 80: 42-54

MEIßNER M, JANßEN A, KONNERT M, LIESEBACH M, WOLF H, 2015: Vermehrungsgut für klima- und standortgerechten Wald. FitForClim ist ein Projekt zur Bereitstellung von leistungsfähigem und hochwertigem Vermehrungsgut für den klima- und standortgerechten Wald der Zukunft. AFZ-Der Wald 70 (11): 24-26

POLLEY H, KROIHER F, RIEDEL T, SEINTSCH B, SCHMIDT U, 2015: Buche und Fichte – beliebt und begehrt. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, 6 S., Thünen á la carte 3, DOI:10.3220/CA1444828309000

VOLMER K, MEIßNER M, STEINER W, JANßEN A, 2016: Plusbäume für klima- und standortgerechten Fichtenanbau. AFZ-Der Wald 71 (9): 39-41

Anschrift der Autoren

Dr. KATHARINA VOLMER, Dr. MEIK MEIßNER, Dr. WILFRIED STEINER, Dr. ALWIN JANßEN
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt
Abt. C – Waldgenressourcen
Prof.-Oelkers-Str. 6
34346 Hann. Münden
E-Mail: katharina.volmer@nw-fva.de

Die Berücksichtigung kleinräumiger Standortsunterschiede verbessert die Evaluation von Nachkommenschaftsprüfungen

KATHARINA J. LIEPE, MIRKO LIESEBACH

Thünen-Institut für Forstgenetik

Zusammenfassung

Kleinräumige Standortsunterschiede sind auf forstlichen Nachkommenschaftsprüfungen selbst bei gründlicher Akquise nicht zu vermeiden. Boden-, Grundwasser- und Reliefunterschiede nehmen Einfluss auf das Wachstum. So weisen viele in Vergangenheit angelegte Flächen, die heute ausgewertet werden, um für die Forstpflanzenzüchtung geeignete Familien und Individuen auszuwählen, standortbedingte Wachstumsunterschiede auf. Dem klassischen Anlagedesign der vollständig randomisierten Blockanlage entsprechend werden diese durch die Berücksichtigung eines Blockeffektes nivelliert. Allerdings deutet vieles darauf hin, dass dabei häufig die tatsächliche räumliche Varianzkomponente unterschätzt wird und ein relativ großer Anteil im Restfehler verbleibt.

Im Rahmen des Projektes Trees4Future wurde ein neues Softwaretool (MUÑOZ und SANCHEZ 2015) zur Berechnung von Gemischten Modellen entwickelt, welche neben genetischen Effekten (additiv genetische Varianz), unterschiedliche räumliche Effekte und Konkurrenzeffekte berücksichtigen. Anhand des Beispiels einer Nachkommenschaftsprüfung der Fichte (*Picea abies*) mit insgesamt 320 Einzelbaumabsaaten wird hier der Effekt unterschiedlicher räumlicher Modellannahmen (Block vs. Spline), welche die Baumposititon berücksichtigen, exemplarisch vorgestellt. Mit steigender Komplexität der räumlichen Struktur steigt die Modelgüte, die Residualvarianz wird verringert, die additiv genetische Varianz erhöht. Im vorliegenden Versuch liegt der deutlichste Unterschied bei der Höhe im Alter 21, das Spline Model mit einer Heritabilität von 0.33 ist dem Block-Model mit 0.27 überlegen. Die Präzision der Zuchtwerte wird dadurch verbessert und der Zuchtfortschritt kann bei entsprechender Selektion gesteigert werden.

Schlüsselworte: additiv genetische Varianz, breedR, Fichte, gemischte Modelle, Heritabilität, räumlicher Effekt

Abstract

The consideration of small scale spatial differences improves the evaluation of progeny trials

Small scale spatial differences are an inevitable feature of progeny tests with forest tree species. Soil, ground water and topography are affecting tree growth. As a result microsite dependent differences in growth are present on most long term trial sites that are currently under evaluation to select families and individuals suitable for forest tree breeding. According to the most common experimental design, the completely randomized block design, these differences are accounted for by considering a block effect in the statistic model. However, the remaining, often relatively high residual error indicates that the actual spatial component is underestimated when using this approach.

As part of the EU project Trees4Future MUÑOZ and SANCHEZ (2015) developed the statistical R package breedR for genetic evaluation of trees. It provides a toolbox to build highly variable mixed

models that account for genetic effects (additive genetic variance), different spatial effects as well as competition effects. Here, we exemplarily present the impact of different spatial model effects (block vs. spline effect) based on a Norway spruce (*Picea abies*) progeny trial with a total of 320 half sib families. With increasing complexity of the spatial structure model fit improves, the residual variance decreases, and the additive genetic variance increases. Here, height at age 21 shows highest differences in heritability, the spline model results in a higher value of 0.33 in comparison to the block model with 0.27. As a result estimated breeding values for parental trees are of higher precision and the overall breeding progress increases when selecting appropriately.

Keywords: additive genetic variance, breedR, heritability, mixed models, Norway spruce, spatial effect

Einleitung

Die Anlage von Nachkommenschaftsprüfungen ist ein allgemein übliches Mittel zur Beurteilung von Herkünften, Familien und einzelnen Individuen (WILLIAMS et al. 2002). Auf diesen Flächen wird über Jahre (bis Jahrzehnte) hinweg eine Vielzahl quantitativer Merkmale zur Beurteilung einzelner Genotypen aufgenommen. Dabei ist seit langem bekannt, dass die im Einzelversuch beobachtete phänotypische Variation (z.B. Unterschiede in Wachstum, Form, Holzstruktur) nicht allein genotypischen Ursprungs ist (COSTA E SILVA et al. 2001). Der Standort hat maßgeblichen Einfluss auf die Ausprägung des Phänotyps und variiert auf forstlichen Feldversuchen sehr häufig kontinuierlich (Mikroklima, Topographie, Exposition, Bodenart, Bodentyp), diskontinuierlich (Bestandesbehandlung, Merkmalserhebung), oder auch zufällig (punktuelle Standortsunterschiede) (DUTKOWSKI et al. 2002). Als Resultat des Standorteinflusses ähneln sich benachbarte Individuen, unabhängig von ihrem genetischen Ursprung, häufig mehr, als weiter entfernte Individuen, wodurch eine sichere Evaluation der genetischen Veranlagung einzelner Prüfglieder erschwert wird (FU et al. 1999). Dieses Phänomen wird als räumliche Autokorrelation (*spatial autocorrelation*) bezeichnet. Um sie zu berücksichtigen werden Feldversuche traditionell mit mehreren Wiederholungen (Blöcke) angelegt, die einzelnen Prüfglieder werden in möglichst homogenen Parzellen angeordnet (THOMAS 2006). Die Effektivität dieser sogenannten vollständig randomisierten Block Designs (RCB) hängt davon ab, dass die einzelnen Wiederholungen in sich gleichmäßige Wuchsbedingungen aufweisen, und die Variation zwischen einzelnen Wiederholungen die Variabilität der Fläche systematisch wiederspiegelt. Im Gegensatz zu landwirtschaftlichen Sortenversuchen bestehen forstliche Versuchsflächen jedoch aus einer Vielzahl genetischer Einheiten, die einzelnen Wiederholungen fallen entsprechend großflächig aus, was es äußerst schwierig gestaltet innerhalb den Wiederholungen homogene Bedingungen zu schaffen.

Eine Vielzahl analytischer Ansätze wurde vorgeschlagen, um die vorliegende Standortsvariation besser zu erfassen und die Schätzung der Behandlungseffekte zu verbessern, in denen die Einzelbaumposition explizit berücksichtigt wird. Zur Erfassung kontinuierlicher Standortsänderungen wurden unter anderem geostatistische Interpolationen mittels *Kriging* (HAMANN et al. 2002), polynomische Funktionen in x-, y-Richtung räumlicher Koordinaten der Einzelbäume (FEDERER 1998), oder sogenannte *Splines* (CAPPA und CANTET 2007, CAPPA et al. 2011) verwendet. *Splines* sind nach CAPPA und CANTET (2007) die effektivste der drei Varianten, da sie mit ihrem Aufbau in Form von segmentierten Polynomen „n“-ten Grades in der Lage sind eine mehrdimensional unruhige Struktur, welche auf forstlichen Versuchsflächen häufig präsent ist, abzubilden.

In der vorliegenden Arbeit wird die Auswirkung unterschiedlicher räumlicher Modellkomponenten auf die Schätzung des genetischen Wertes am Beispiel einer Einzelbaumnachkommenschaftsprüfung der Fichte vorgestellt. Es wird gezeigt, wie sich die der Fläche zugrunde liegende Standortsvariation in den Wachstumsparametern Höhe und Durchmesser wiederspiegelt. Der Grad der Modellanpassung, die genetische Varianzkomponente und die Genauigkeit der Zuchtwerte werden zwischen drei räumlichen Modellannahmen verglichen: (1) Vernachlässigung jeglicher räumlichen Struktur, (2) Annahme des bei Flächenanlage festgelegten vollständig randomisierten Blockdesigns

(RCB) und (3) Anpassung eines mehrdimensionalen *Splines*. Die einzelnen Modelle werden mit der im EU Projekt Trees4Future entwickelten R-Anwendung *breedR* (MUÑOZ und SANCHEZ 2015) angepasst, welche ein breites statistisches Toolset für die Anpassung komplexer gemischter Modelle bereitstellt. Familienstrukturen werden dabei in Form des Pedigree berücksichtigt (≙ "Animal Model"), welcher die Grundlage für die Schätzung der additiven genetischen Varianz darstellt. Ziel ist es, die Schätzung des individuellen genetischen Wertes zu maximieren.

Material und Methoden

Versuchsbeschreibung

Zur Vorstellung der Auswirkung unterschiedlicher räumlicher Effekte auf die Modelgüte dient im Folgenden eine Nachkommenschaftsprüfung der Fichte. Die 2,8 ha große Versuchsfläche Fi 88 bei Attendorn wurde 1974 als vollständig randomisierter Blockversuch (RCB) in fünf Wiederholungen angelegt. Das auf der Fläche ausgebrachte Material entspricht jeweils 20 frei abgeblühten Einzelbaumabsaaten aus 16 vermeintlich autochthonen Beständen aus Rumänien und der Slowakei (zum Zeitpunkt der Ernte noch CSSR, Tabelle 1, Abb. 1). Insgesamt wurden 320 Halbgeschwister-familien mit einem Pflanzenabstand von 2x2 m in Vierbaumparzellen gepflanzt. Pro Mutterbaum waren bei Anlage somit 20 Nachkommen auf der Fläche. Versuchsziel der für einen mittel- bis langfristigen Beobachtungszeitraum angelegten Fläche, war die Erfolgsbeurteilung der Massenauslese bei Fichte sowie die Ermittlung von Schätzwerten für die additive genetische Varianz.

Tabelle 1: Liste der Herkünfte, von denen jeweils 20 Mutterbäume einzelbaumweise beerntet, ausgesät und auf der Fläche Fi 88 angepflanzt wurden.

	PG	Herkunft	Mutterbäume	Breite [°]	Länge [°]	Höhe [m]
Rumänien	1	Toplita 78a	1 - 20	46,95	25,50	1130
	2	Galu 82	21 - 40	47,10	25,91	650
	3	Borca 16	41 - 60	47,20	25,83	725
	4	Brosteni 9b	61 - 80	47,12	25,67	940
	5	Cosna 4a	81 - 100	47,41	25,25	1025
	6	Dorna Cindreni	101 - 120	47,30	25,08	975
	7	Moldovita	121 - 140	47,69	25,50	855
	8	Frasin 4a	141 - 160	47,50	25,75	700
Slowakei	9	Cierny Vah 34c	161 - 180	48,90	20,74	800
	10	Cierny Vah 86b	181 - 200	48,90	20,77	950
	11	Smolnicka Huta 8c/1	201 - 220	48,79	20,82	700
	12	Habovka 208a	221 - 240	49,31	19,79	900
	13	Habovka 49b	241 - 260	49,25	19,69	1000
	14	Cervena Skala 60c4	261 - 280	48,86	20,22	1000
	15	Tanap 219 f3	281 - 300	49,29	20,19	920
	16	Cervena Skala 102d	301 - 320	48,82	20,08	920

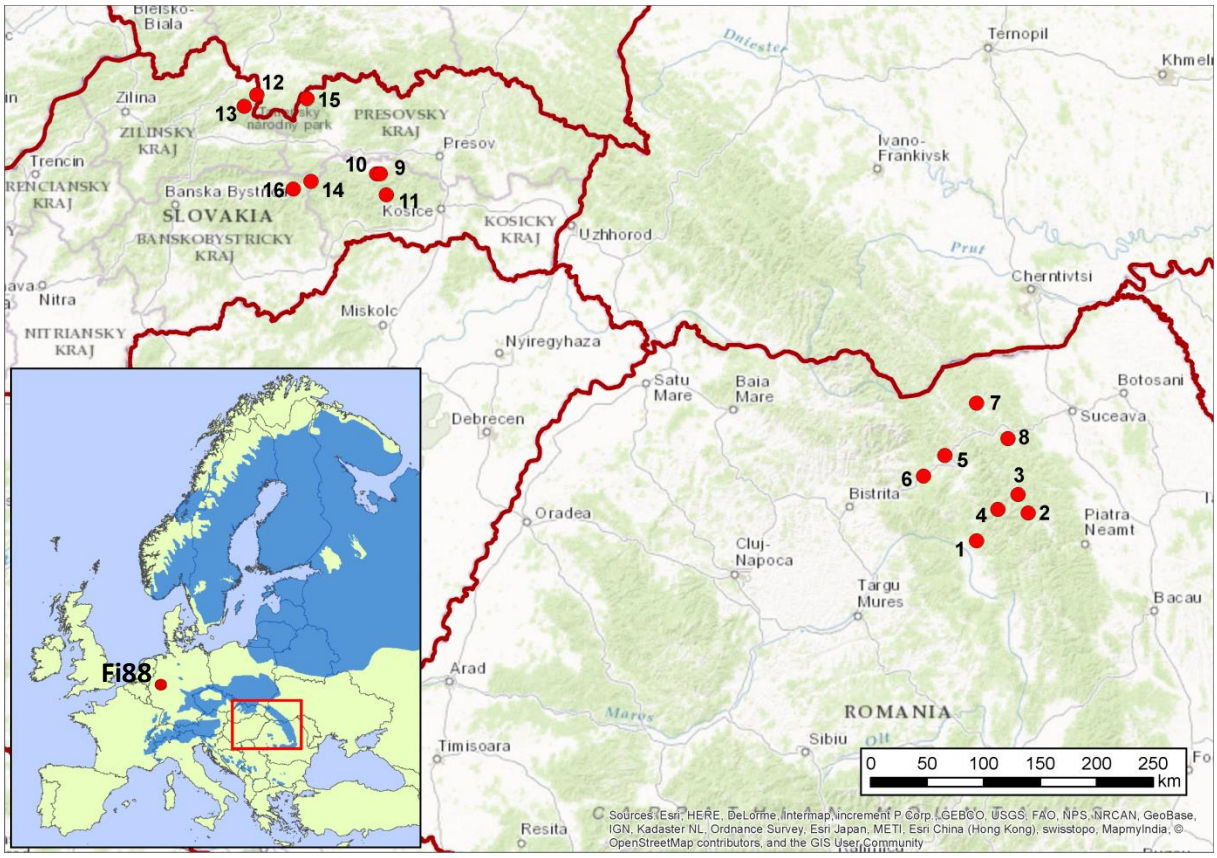

Abb. 1: Geographische Lage der Herkünfte in Rumänien und der Slowakei. Die den Nummern entsprechenden Herkunftsbezeichnungen sind in Tabelle 1 aufgeführt. Die Europakarte zeigt das Ausmaß des Kartenausschnittes (rotes Rechteck), sowie die geographische Lage der Nachkommenschaftsprüfung Fi88 in Deutschland (roter Punkt). Das natürliche Verbreitungsgebiet der Fichte ist in dunkelblau dargestellt (EUFORGEN 2009).

Einzelbaumhöhen und Durchmesser wurden zu unterschiedlichen Zeitpunkten gemessen (Tabelle 2). Diese Arbeit konzentriert auf die Messungen von 1981 bis 1994. Die Höhen von 1974 entsprechen dem Wachstum ein Jahr nach der Pflanzung und wurden deshalb von der Analyse ausgeschlossen. Modellrechnungen ergaben kein deutliches räumliches Bild. Es ist anzunehmen, dass Effekte unterschiedlicher Mikrostandorte durch andere Einflüsse, wie den Pflanzschock überlagert werden. Nach 1994 wurden erste forstliche Eingriffe (Durchforstung) durchgeführt, welche die Komposition der Fläche verändert haben, und damit das Einzelbaumwachstum beeinflussen.

Jeder Einzelbaum wurde seiner Position auf der Fläche entsprechend mit x- und y-Koordinaten innerhalb eines Rechtecks abgebildet. Da die Fläche mit ihren fünf Wiederholungen keine rechteckige Form aufweist, wurden der fehlenden Versuchsecke (vgl. Abb. 2b, links unten) nicht gemessene Positionen zugeordnet (DUTKOWSKI et al. 2006).

Der statistischen Modellbildung vorangestellt wurde die Bildung der Parzellenmittel durch Berechnung des arithmetischen Mittels je Parzelle. Jeder Parzelle wurde in x-, y-Richtung die Position des linken unteren Baumes zugeordnet, um eine konsistente räumliche Verteilung zu erhalten. Positiver Nebeneffekt dieser Vorbehandlung ist, dass die folgende Analyse für alle vier Merkmale auf je 1600 Parzellenmitteln basiert (320 Parzellen x 5 Wiederholungen), da keine vollständige Vierbaumparzelle ausgefallen war.

Tabelle 2: Erhobene Wachstumsparameter.

Merkmal	Jahr der Messung	Baumalter	Abkürzung
Höhe [m]	1974	6	
Höhe [m]	1981	13	H13
Höhe [m]	1989	21	H21
BHD [cm]	1989	21	D21
BHD [cm]	1994	26	D26
BHD [cm]	2001	34	
BHD [cm]	2014	46	

Statistische Analyse

Jede Messung wurde einzeln mit einem gemischten Modell entsprechend der Prozedur *Restricted Maximum-Likelihood* (REML) analysiert. Das verwendete Modell ist bekannt als *Animal Model* in dem jedes Individuum, hier Parzellenmittel, in seine Bestandteile fixierter und zufälliger Effekt herunter gebrochen wird, wobei der genetische Wert letzteren zugeordnet wird:

$$\boldsymbol{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{b} + \mathbf{Z}\boldsymbol{u} + \boldsymbol{e}$$

darin ist $\boldsymbol{y}$ ein Vektor der phänotypischen Ausprägung des jeweiligen Merkmals; $\boldsymbol{b}$ ist ein Vektor der fixierten Effekte mit dem Mittelwert der Nachkommenschaft als erstes Element; $\boldsymbol{u}$ ist ein Vektor der zufälligen Effekte inklusive der Herkunft und der additiv genetischen Werte; $\boldsymbol{e}$ ist ein Vektor des Restfehlers (residuale Abweichung); $\mathbf{X}$ und $\mathbf{Z}$ sind die Inzidenzmatrizen welche einen gegebene phänotypische Beobachtung den zugehörigen fixierten und zufälligen Effekten zuordnet. Der additiv genetische Wert (Zuchtwert) wurde als zufälliger Effekt angepasst, wobei die Kovarianzstruktur durch den Pedigree (Verwandtschaftsbeziehungen definiert durch Stammbauminformation) bestimmt wird. Genetische und räumliche Effekte werden in Anlehnung an COSTA E SILVA et al. (2001) durchgehend als zufällige Modellkomponenten in $\boldsymbol{u}$ berücksichtigt.

Für jedes Merkmal wurden drei räumliche Modelle angepasst: (1) ein einfaches Modell ohne räumliche Struktur, bei dem die Residuen als voneinander unabhängig angenommen werden und die Kovarianzmatrix für den Vektor $\boldsymbol{e}$ von der Form $\mathbf{R} = \boldsymbol{\sigma}_e^2\mathbf{I}$ ist; (2) ein Block-Modell, welches die bei Begründung der Fläche festgelegte Wiederholungsstruktur berücksichtigt; und (3) ein mehrdimensionales Spline-Modell nach CAPPA und CANTET (2007).

Zum Vergleich des Grads der Modellanpassung (*Model Fit*) wurde das *Akaike Information Criterion* (AIC) verwendet (AKAIKE 1974).

$$\mathbf{AIC} = -2\mathbf{log}\boldsymbol{L} + 2\boldsymbol{d}$$

wobei d der Anzahl geschätzter Parameter entspricht, und $l\mathrm{og}L$ der *REML log-likelihood* für das Modell. Ein kleiner Wert des $\mathbf{AIC}$ bedeutet eine bessere Modellanpassung.

Die Heritabilität als Maß für die Erblichkeit von Eigenschaften wurde für jedes Modell anhand folgender Formel berechnet:

$$\boldsymbol{h^2} = \frac{\boldsymbol{V(A)}}{\boldsymbol{V(P)}}$$

wobei $\boldsymbol{V(A)}$ die additive genetische Varianz, welche die Varianz bedingt durch den durchschnittlichen Effekt (additiver Effekt) der Allele ist, und $\boldsymbol{V(P)}$ die phänotypische Varianz, die sich definiert als Summe der genetischen und umweltbasierten Varianzkomponenten.

Zuchtwerte (*breeding values*) der Mutterbäume wurden auf Basis der geschätzten Varianz-komponenten der einzelnen Modelle extrahiert.

Die statistische Analyse wurde mit dem Statistik Programm R (R CORE TEAM 2015) durchgeführt. Gemischte Modelle wurden mit dem von MUÑOZ und SANCHEZ (2015) entwickelten R-Paket *breedR* angepasst, Abbildungen wurden mit dem Paket *ggplot2* (WICKHAM 2009) erstellt.

Ergebnisse und Diskussion

Die Implementation räumlicher Modelleffekte zur Berücksichtigung auf der Fläche vorhandenen kleinräumlicher Standortsunterschiede führt zu einer deutlichen Verbesserung der Modelgüte. Der AIC sinkt bei allen vier gemessenen Merkmalen mit steigender Komplexität der räumlichen Komponente (Tabelle 3). In den Abbildungen 2-4 ist die Verbesserung der Modelgüte grafisch für die Höhe im Alter 21 beispielhaft dargestellt. Im reinen „Animal Model", ohne jegliche Berücksichtigung räumlicher Strukturen, weichen gemessene und modellierte Höhen im Alter 21 stark voneinander ab (Abb. 2a). Die dem Versuchsaufbau angelehnte räumliche Darstellung der Residuen (≙ Unterschied zwischen gemessenem und modelliertem Wert), zeigt eine klare Struktur und damit nicht erfasste Variation in den gemessenen Höhen (Abb. 2b). Die Integration der im Design festgelegten Blöcke als räumliche Modelkomponente verbessert die Modelgüte. Die Farbgebung in Abbildung 3a zeigt das Ausmaß des im Modell angenommen Blockeffektes, eine rötliche Färbung impliziert eine positiven Effekt auf das Wachstum in der entsprechenden Wiederholung, eine blaue Färbung einen negativen Effekt. Gemessene und modellierte Höhenwerte näheren sich an (Abb. 3b). Die geklumpte Struktur der Residuen impliziert jedoch nach wie vor, dass die vorhandene Standortvariation nur ungenügend erfasst wird (3c). Die Modellierung eines Spline-Effektes (CAPPA und CANTET 2007) bricht die Blöcke auf und simuliert weiche, kontinuierliche Übergänge (Abb. 4a). Gemessene und modellierte Höhen korrelieren stark miteinander (Abb. 4b, r = 0.98). Die Residuen nähern sich dem Idealbild eines möglichst „gleichmäßigen Rauschens" (Abb. 4c).

Tabelle 3: Änderungen in Akaike Information Criterion (AIC), Heritabilität (h^2) und des entsprechenden Standardfehlers (S.E.) unter Berücksichtigung verschiedener räumlicher Modellannahmen

Räumliches Modell	Statistischer Parameter	Höhe		Durchmesser	
		H13	H21	D21	D26
ohne	AIC	16863	18913	12793	13297
	h^2	<0,001	0,04	0,30	0,27
	S.E. (h^2)	<0,001	0,07	0,08	0,08
Block	AIC	16305	18399	12637	13235
	h^2	0,20	0,28	0,38	0,31
	S.E. (h^2)	0,09	0,09	0,09	0,08
Spline	AIC	15799	18072	12531	13147
	h^2	0,22	0,33	0,39	0,32
	S.E. (h^2)	0,04	0,05	0,05	0,05

Die in Abbildung 3a und 3b graphisch dargestellten Ausmaße der jeweils im Modell angenommenen räumlichen Effekte spiegeln sich im Relief der Fläche vor Ort wieder. Die Fläche befindet sich an einem Hang, der Hangfuß ist im linken Bereich der beiden Abbildungen anzusiedeln, nach rechts steigt das Relief leicht an. Die Farbgebung ist hier kontraintuitiv, am Hangfuß sind die Bäume tendenziell höher (rot), weiter oben tendenziell kleiner (blau).

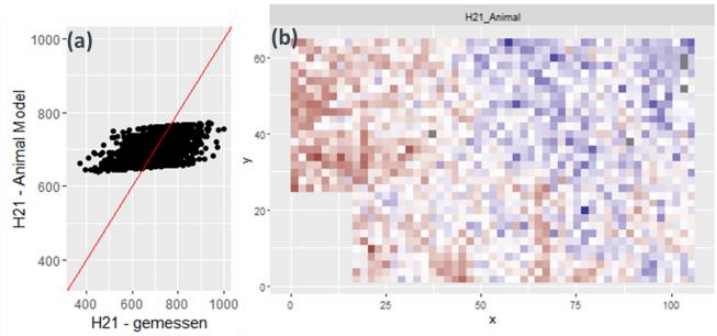

Abb. 2: "Animal model" ohne räumliche Modellkomponente: (a) gemessene vs. modellierte Werte zeigen hohe Diskrepanz, (b) Residuen, die vernachlässigte Umweltvariation zeigt sich deutlich an der lokalen farblichen Ballung

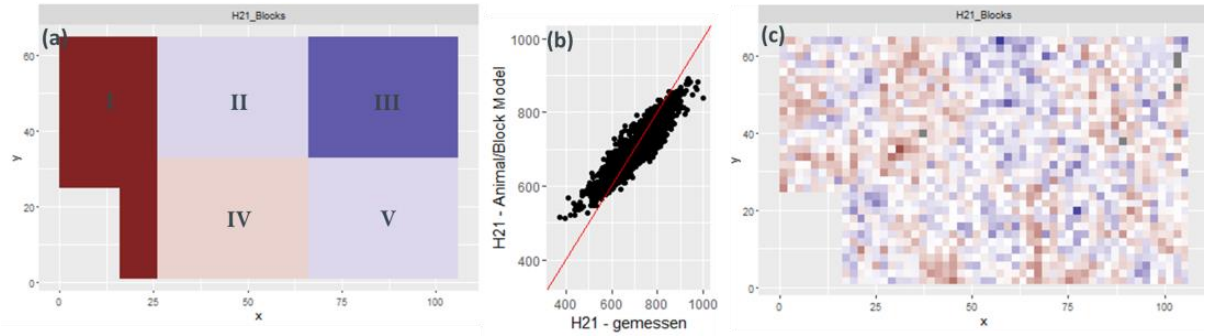

Abb. 3: „Animal model" kombiniert mit Block-Effekt: (a) Ausmaß des angenommenen Block-Effekts, (b) gemessene vs. modellierte Werte nähern sich, (c) Residuen zeigen zwar größere Streuung, eine geklumpte Struktur ist jedoch weiterhin erkennbar

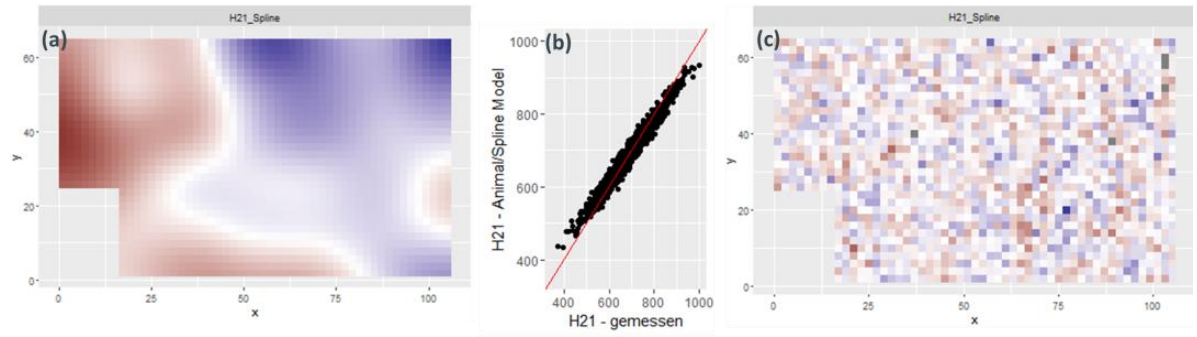

Abb. 4: „Animal model" kombiniert mit Spline-Effekt: (a) Ausmaß des angenommenen Spline-Effekts mit kontinuierlichen Übergängen, (b) stark korrelierende Verteilung der gemessenen vs. modellierten Werte, (c) Residuen nähern sich dem Ideal eines „möglichst gleichmäßigen Rauschen"

Die Verbesserung des statistischen Models durch die Berücksichtigung realitätsnäherer räumlicher Strukturen wirkt sich positiv auf die Zielgrößen der Versuchsauswertung aus. Die genetische Varianzkomponente, welche von primärem Interesse für den Züchter ist, wird dadurch erhöht. Die Heritabilität (h^2), als Maß für die Erblichkeit phänotypischer Eigenschaften, wird gesteigert (Tabelle 3). Im Vergleich zum Modell ohne jegliche räumliche Komponente trägt die Implementation eines Block-Effektes bereits deutlich zur Erhöhung der Heritabilität bei, womit grundsätzlich die Überlegenheit eines RCB Designs im Vergleich zu einem komplett randomisierten Design (CR) belegt wird. Allerdings kann das Spline-Modell die räumliche Struktur im vorliegenden Fichtenversuch noch besser abbilden, die Heritabilität ist höher, der Standardfehler geringer als im Block-Modell. Für die Höhe im Alter 21 ist der Unterschied in der Heritabilität zwischen den einzelnen räumlichen

Modellen am deutlichsten (Tabelle 3). Sie steigt von einer geringen Heritabilität (h^2-Bereich von 0.01 bis 0.2) von 0.04 bei Vernachlässigung jeglicher räumlicher Struktur auf eine mittlere Heritabilität (h^2 0.21 bis 0.4) mit 0.28 unter Modellierung des Blockeffektes bis auf 0.33 bei Modellierung eines Spline-Effektes. Im Falle der beiden Durchmesser D21 und D26 ist der positive Effekt auf die Zielgröße Heritabilität geringer. Bereits im reinen „Animal Model“ wird für beide Merkmale eine mittlere Heritabilität festgestellt.

Insgesamt führt die Modellierung des räumlichen Effektes als Spline zu einer präziseren Schätzung der Effekte einzelner Herkünfte sowie der Zuchtwerte für die insgesamt 320 Mutterbäume. Abbildung 5 zeigt den standardisierten Zufallseffekt der 16 Herkünfte für die gemessenen vier Wachstumsmerkmale. Merkmalsübergreifend weißt Herkunft 1, Topolita 78a eine hohe Wuchsleistung auf (nach Standardisierung > 0.9). Im Höhenwachstum wird sie von Herkunft 4 Brosteni 9b noch deutlich übertroffen, allerdings liegt diese Herkunft im Durchmesserwachstum zurück, im Alter von 21 Jahren sogar unter dem Flächenmittel, welches durch die Nulllinie repräsentiert wird (Abb. 5). Absoluter Spitzenreiter im Durchmesserwachstum ist Herkunft 11, Smolnicka Huta 8c/1, ihre Höhenleistung liegt im Alter 13 etwas unter der Herkunft Topolita, im Alter 21 leicht darüber. Prinzipiell wird das Durchmesserwachstum durch den verfügbaren Standraum, und damit mit zunehmendem Alter durch die Konkurrenzwirkung der Nachbarbäume oder Bestandesbehandlung in Form von Durchforstungen beeinflusst. Allerdings wurden bis zum Alter 26 keine forstlichen Eingriffe auf der Fläche vorgenommen. Herkunftsbedingte Unterschiede bei der Mortalität waren gering, alle Herkünfte wiesen zu diesem Zeitpunkt noch ein Überleben von über 75% auf. Da der Effekt Standort durch die räumliche Komponente im Modell abgedeckt wird, kann die Überlegenheit im Durchmesser somit im vorliegenden Fall primär als herkunftsbedingt angesehen werden.

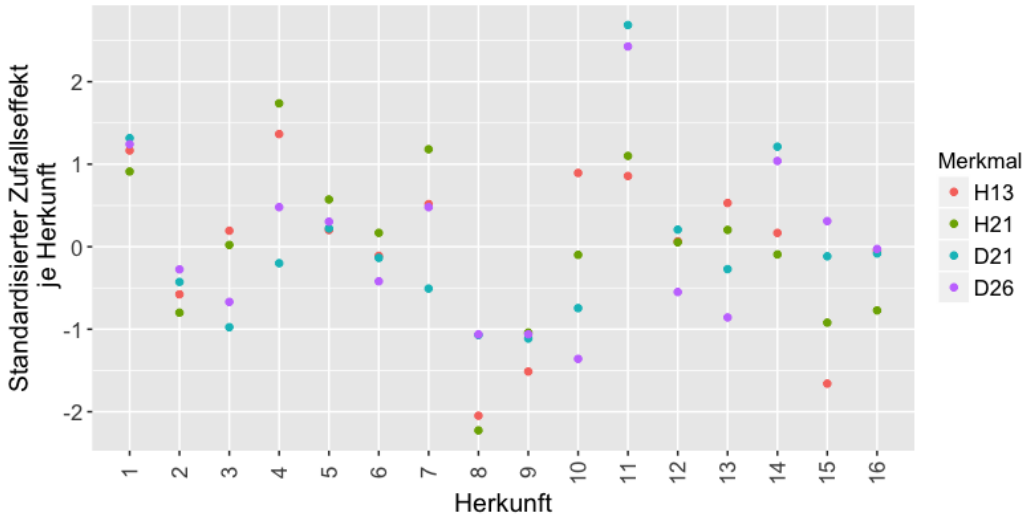

Abb. 5: Zufallseffekte der einzelnen Herkünfte für die vier erhobenen Wachstumsmerkmale jeweils extrahiert aus dem Spline-Modell. Um den Vergleich zwischen den Merkmalen zu ermöglichen, wurden die Zufallseffekte für die grafische Darstellung standardisiert (*z-scores*)

Die Betrachtung der Zuchtwerte für die 20 Mutterbäume der einzelnen Herkünfte, wird deutlich, dass die unterschiedlichen Halbgeschwisterfamilien sich nicht alle gleich verhalten. Um die Zuchtwerte der unterschiedlichen Merkmale vergleichen zu können, wurden sie zur grafischen Darstellung zunächst standardisiert (*z-scores*). Ein positiver Wert entspricht einer positiven Abweichung vom mittleren Zuchtwert über alle Mutterbäume, ein negativer Wert einem schlechteren Zuchtwert als das Mittel, welches von der Nulllinie repräsentiert wird. Innerhalb der gut wachsenden Herkunft Toplita 78a (Abb. 5) schneiden beispielsweise die Nachkommen der Mutter-

bäume 12, 13 und 14 in allen vier Merkmalen besonders gut ab, wohingegen die der Mutterbäume 18, 19 und 20 sowohl im Höhenwachstum als auch dem Durchmesser unterdurchschnittlich sind (Abb. 6). Innerhalb der Herkunft Smolnicka Huta 8c/1 ergibt sich ein ähnliches Bild, während die Mutterbäume 203 und 210 merkmalsübergreifend besonders gut abschneiden, gibt es mehrere Mutterbäume mit unterdurchschnittlichen Zuchtwerten (Abb. 6). Eine positive Massenauslese, das heißt eine Selektion innerhalb der Halbgeschwisterfamilien mit besonders positiven Zuchtwerten des Mutterbaumes, für die Anlage neuer Zuchtpopulationen sollte das Wuchspotential bei erfolgreicher Befruchtung im Vergleich zum Durchschnitt auf der Fläche erhöhen.

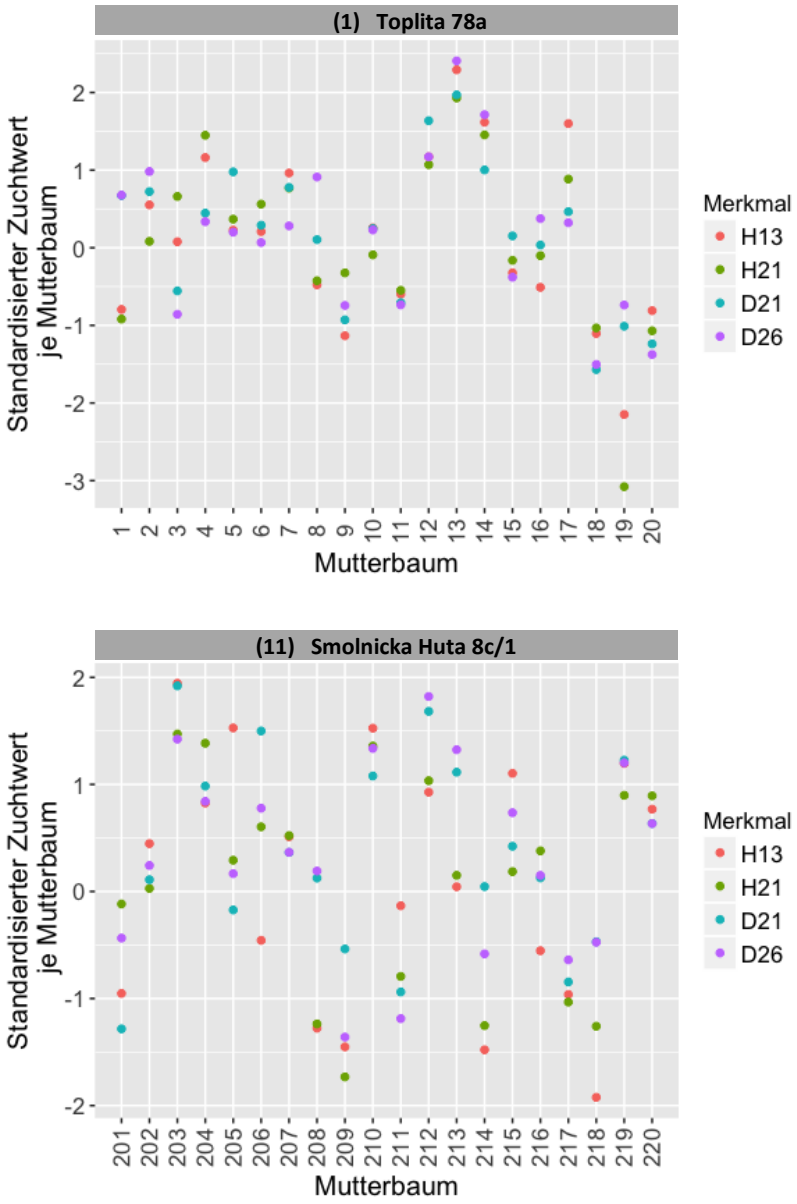

Abb. 6: Standardisierte Zuchtwerte der Mutterbäume der wuchskräftigen Herkünfte Toplita 78a und Smolnicka Huta 8c/1 für die vier erhobenen Wachstumsmerkmale jeweils extrahiert aus dem Spline Modell. Um den Vergleich zwischen den Merkmalen zu ermöglichen, wurden die Zuchtwerte der 320 Mutterbäume standardisiert (*z-scores*).

Schlussfolgerung

Die Implementation räumlicher Strukturen bei der Modellbildung zeigt einen positiven Effekt auf die Modelgüte, wodurch die Präzision der Zuchtwerte gesteigert, und somit die Aussagekraft von Nachkommenschaftsprüfungen gesteigert werden kann. Bei entsprechender Selektion von Bäumen auf Basis der vorliegenden Ergebnisse zum Aufbau zukünftiger Generationen ist eine Steigerung des Zuchtfortschritts zu erwarten.

Danksagung

Unser Dank gilt Dr. ARMIN KÖNIG für die Anlage und langjährige Betreuung der Versuchsfläche, sowie allen technischen Mitarbeitern des Thünen-Instituts die im Laufe der Jahre eine Vielzahl an Daten auf der Fläche erhoben haben.

Literatur

AKAIKE H, 1974: A new look at the statistical model identification. IEEE transactions on automatic control 19 (6): 716-723

CAPPA EP, CANTET RJ, 2007: Bayesian estimation of a surface to account for a spatial trend using penalized splines in an individual-tree mixed model. Canadian Journal of Forest Research 37 (12): 2677-2688

CAPPA, E.P.; LSTIBUREK, M.; YANCHUK, A.D, EL-KASSABY YA, 2011: Two-dimensional penalized splines via Gibbs sampling to account for spatial variability in forest genetic trials with small amount of information available. Silvae Genetica 60 (1): 25

COSTA E SILVA, J.; DUTKOWSKI, G.W. u. GILMOUR, A.R. (2001): Analysis of early tree height in forest genetic trials is enhanced by including a spatially correlated residual. Canadian Journal of Forest Research 31 (11): 1887-1893

DUTKOWSKI, G.W.; COSTA E SILVA, J.; GILMOUR, A.R. u. LOPEZ, G.A. (2002): Spatial analysis methods for forest genetic trials. Canadian Journal of Forest Research-Revue Canadienne De Recherche Forestiere 32 (12): 2201-2214

DUTKOWSKI, G.W.; COSTA E SILVA, J.; GILMOUR, A.R.; WELLENDORF, H. u. AGUIAR, A. (2006): Spatial analysis enhances modelling of a wide variety of traits in forest genetic trials. Canadian Journal of Forest Research 36 (7): 1851-1870

EUFORGEN (2016): Distribution map of Norway spruce (Picea abies) http://www.euforgen.org/species/picea-abies/ (abgerufen 2016)

FEDERER, W.T. (1998): Recovery of interblock, intergradient, and intervariety information in incomplete block and lattice rectangle designed experiments. Biometrics:471-481

FU, Y.-B.; YANCHUK, A.D. u. NAMKOONG, G. (1999): Spatial patterns of tree height variations in a series of Douglas-fir progeny trials: implications for genetic testing. Canadian Journal of Forest Research 29 (6):714-723

HAMANN, A.; NAMKOONG, G. u. KOSHY, M. (2002): Improving precision of breeding values by removing spatially autocorrelated variation in forestry field experiments. Silvae Genetica 51 (5-6):210-215

MUÑOZ, F. u. SANCHEZ, L. (2015): breedR: Statistical Methods for Forest Genetic Resources Analysts. R package version 0.11. https://github.com/famuvie/breedR.

R CORE TEAM (2015): R: A language and environment for statistical computing, R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL https://www.R-project.org/

THOMAS, E. (2006): Feldversuchswesen. UTB GmbH, Stuttgart, 388 S.

WICKHAM, H. (2009): ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis: Springer-Verlag New York.

WILLIAMS, E.R.; MATHESON, A.C. u. HARWOOD, C.E. (2002): Experimental design and analysis for tree improvement. CSIRO Publishing, Collingwood, Australia

Anschrift der Autoren

KATHARINA J. LIEPE, Dr. MIRKO LIESEBACH
Thünen-Institut für Forstgenetik
Sieker Landstraße 2,
22927 Großhansdorf
E-Mail: katharina.liepe@thuenen.de

Beerntungs- und Behandlungsmaßnahmen von Saatguterntebeständen der Eiche zur Optimierung der Saatgutqualität

ANDRÉ HARDTKE, MEIK MEIßNER, WILFRIED STEINER, ALWIN JANßEN

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Hann. Münden

Zusammenfassung

Aktuell wird der Saatgutbedarf bei Eiche hauptsächlich über zugelassene Saatguterntebestände gedeckt. Bei der bestandesweisen Beerntung werden dabei notgedrungen auch phänotypisch unerwünschte Individuen beerntet. Die genetische Qualität des gewonnenen Vermehrungsgutes kann dadurch beeinträchtigt sein.

Samenplantagen liefern hochwertiges Saatgut mit einer überdurchschnittlichen genetischen Diversität und Leistungsfähigkeit. Allerdings kann erst mittel- bis langfristig ein höherer Anteil des Saatgutbedarfs über neue Samenplantagen gedeckt werden.

Als Ergänzung zu den Samenplantagen wird im FitForClim-Projekt ein Konzept zur Erhöhung der Saatgutqualität aus Saatguterntebeständen erarbeitet. Dieses sieht eine Einzelbaumbeerntung von phänotypisch hervorragenden Individuen und zusätzlich waldbauliche Maßnahmen vor. Hierfür wurden fünf Testbestände in Niedersachsen, Hessen und Brandenburg angelegt. An den Testbeständen werden nun verschiedene Ernteszenarien und waldbauliche Behandlungsmaßnahmen simuliert und auf ihren Nutzen hin geprüft.

Einleitung

Im Jahr 2014 startete das deutschlandweite Verbundprojekt FitForClim. Ziel ist es, hochwertiges Vermehrungsgut für den klima- und standortgerechten Wald der Zukunft bereit zu stellen (MEIßNER *et al.* 2015). Innerhalb des Projektes werden Plusbäume identifiziert, die für den Aufbau zukünftiger Samenplantagen verwendet werden sollen. Diese können langfristig die Versorgung mit hochwertigem Saatgut sichern. Parallel soll innerhalb des Projektes ein Saatguternte- und Bestandesbehandlungskonzept für Eiche entwickelt werden. Ziel ist die kurzfristige Bereitstellung von hochwertigem Forstvermehrungsgut. Im Thünen Report 7 sind erste Ansätze zum Bewirtschaftungskonzept für Saatgutbestände zu finden (LIESEBACH et al. 2013).

Von der Bestandes- zur Einzelbaumbeerntung

Hauptquelle für forstliches Vermehrungsgut sind ausgewiesene Saatguterntebestände der Kategorie „Ausgewählt“ (BLE 2015). Erntebestände dieser Kategorie müssen einen phänotypischen Mindeststandard erfüllen und ausreichend homogen sein (FOVZV 2002). Dennoch existiert eine große Variation bezüglich Qualität und Leistung innerhalb der Zulassungseinheiten. Genetische Untersuchungen zeigen, dass phänotypische Merkmale wie z. B. die Geradschaftigkeit eine hohe Heritabilität aufweisen (NANSON 2002). Das Höhenwachstum hat eine mittlere Heritabilität von etwa 25 % (GEBUREK 2004). Die Auswahl der zu beerntenden Samenbäume hat deshalb bereits einen erheblichen Einfluss auf die genetische Qualität des Saatgutes. Bei der bestandesweisen Beerntung werden auch phänotypisch ungeeignete Bäume beerntet, wenn sie ausreichend fruktifizieren. Eine

qualitätssteigernde Wirkung kann daher bei einer flächigen Beerntung nicht erwartet werden. Das Konzept sieht daher eine Abkehr von der Bestandesbeerntung hin zu einer selektiven Beerntung von phänotypisch hervorragenden Einzelbäumen vor. Gezielte waldbauliche Eingriffe können die Qualität des Saatgutes weiter erhöhen.

Behandlungsvarianten

Das Konzept sieht eine Beerntung der Saatgutbestände auf Einzelbaumebene vor. Dadurch wird die genetische Qualität des Saatgutes über den mütterlichen Beitrag gesteigert. Zur Minimierung des Fremdsamenanteils und zur Reduktion des Pollenbeitrages unerwünschter Vererber wurden vier mögliche Behandlungsvarianten entwickelt (HARDTKE et al. 2016a). Die genannten Varianten stellen den theoretischen Handlungsspielraum dar und werden einzeln auf ihr Kosten-Nutzen-Verhältnis überprüft. Die Eingriffsintensitäten nehmen bis zur vierten Variante massiv zu. Gleichzeitig lassen die Varianten mit starken Eingriffsintensitäten den größten genetische Qualitätsgewinn erwarten (Abb. 1).

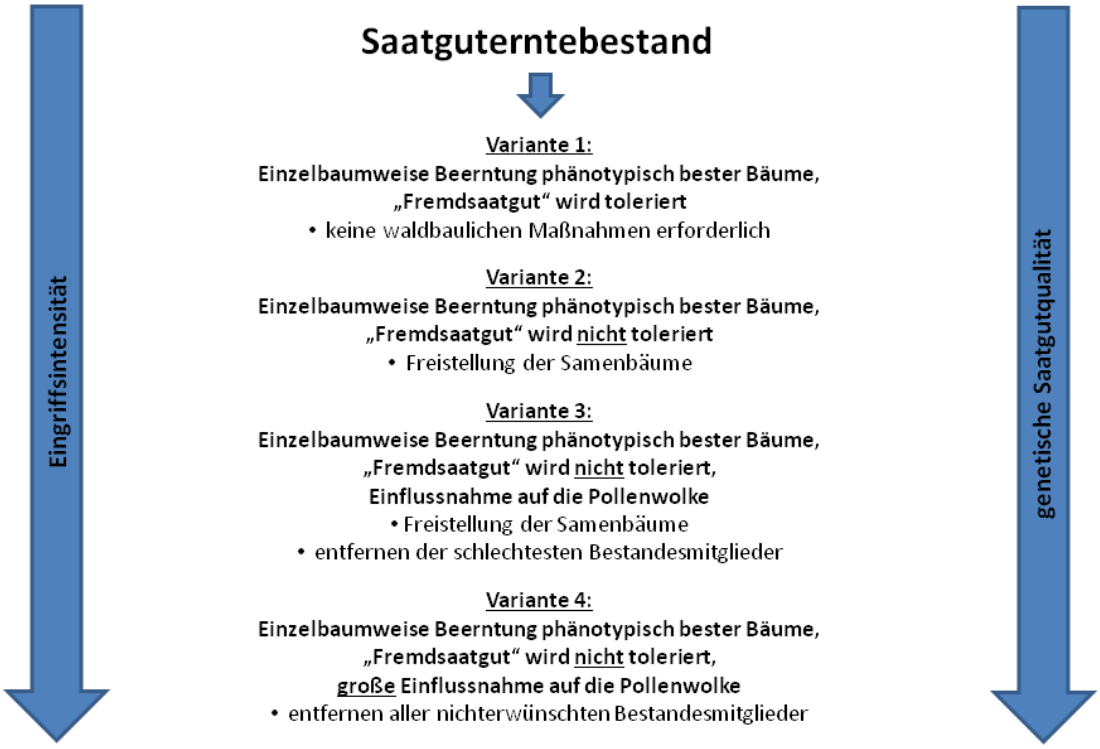

Abb. 1: Beerntungs- und Behandlungsvarianten für Saatguterntebestände

Testbestände

Für die Erprobung und Validierung der einzelnen Behandlungsvarianten wurden in Deutschland fünf Testbestände von durchschnittlich 2,3 ha eingerichtet. Die Testbestände liegen in Niedersachsen (Forstämter Dassel, Grünenplan, Münden), Hessen (Forstamt Reinhardshagen) und Brandenburg (Oberförsterei Cottbus). Die Bestände unterscheiden sich hinsichtlich ihrer Bestandesalter und der Mischungsanteile mit Buche. Bei dem Bestand in Cottbus handelt es sich um einen reinen Eichenbestand. Innerhalb der Testflächen wurden alle Eichen differenziert angesprochen und anschließend klassifiziert (Abb. 2). Individuen der Stufen 1 und 2 sind als potenzielle Erntebäume zur

Erzeugung von hochwertigem Saatgut geeignet. Bäume der Stufen 3 bis 5 sind für die Produktion von hochwertigem Forstvermehrungsgut ungeeignet. Die Verteilung der Qualitätsstufen zeigt, dass in den hier untersuchten Testbeständen ein großes Potenzial für eine Einzelbaumauswahl vorliegt. In den Stufen 1 und 2 sind lediglich bis zu 29 % der Bäume enthalten. Mit zum Teil über 40 % ist der Anteil an Bäumen, die für eine hochwertige Saatgutproduktion ungeeignet sind, selbst in Saatguterntebeständen recht hoch (Tabelle 1).

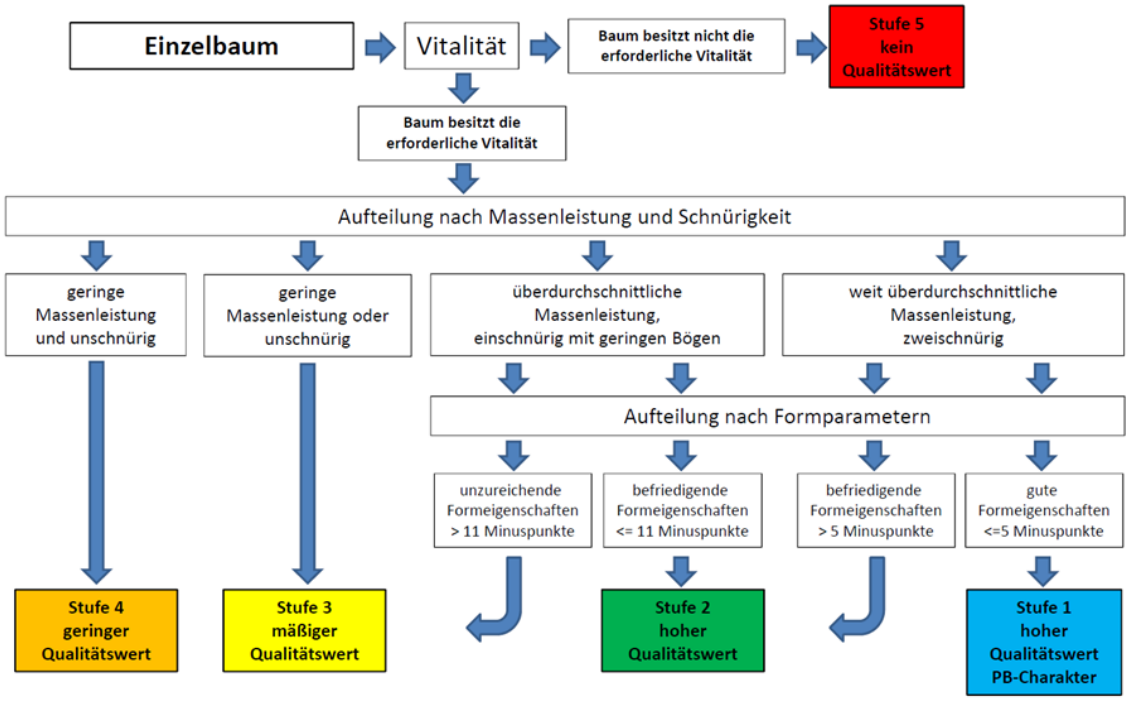

Abb. 2: Schematische Darstellung der Baumklassifizierung (aus HARDTKE et al. 2016a)

Tabelle 1: Übersicht über die Anteile der Qualitätsstufen in fünf Beständen (nach HARDTKE et al. 2016A)

Qualitätswert	Cottbus N=280 [%]	Reinhardshagen N=322 [%]	Dassel N=229 [%]	Grünenplan N=177 [%]	Münden N=140 [%]
Stufe 1	3	7	3	2	2
Stufe 2	18	22	18	10	18
Stufe 3	55	43	49	48	39
Stufe 4	19	25	27	30	39
Stufe 5	6	3	3	10	2

Qualitätsmodell

Bei den einzelnen Varianten ist der erreichbare genetische Mehrgewinn an Form und Leistung von besonderem Interesse. Daher wird in einem Qualitätsmodell der zusätzliche Gewinn für alle Testbestände und Varianten nach einem einfachen Modell abgeschätzt. Die einzelnen Varianten werden um Untervarianten erweitert, die sich hinsichtlich ihrer verwendeten Klassen als potenzielle Saatgutbäume unterscheiden. Als Referenz für den genetischen Mehrgewinn wird eine übliche bestandesweise Beerntung (Variante 0) verwendet.

Durch die Verwendung von Samenplantagenmaterial kann eine Leistungssteigerung von bis zu 10 % in den Folgekulturen realisiert werden (KLEINSCHMIT et al. 1975). Im Vergleich zu Bestandesabsaaten zeigten Einzelbaumabsaaten von ausgewählten Stiel-Eichenplusbäumen eine Leistungs- und Formsteigerung von bis zu 12,4 % (VIDAKOVIC et al. 2000). Daher wird in dem vorliegenden Modell bei Bäumen der Stufe 1 von einem maximalen Mehrgewinn von 10 % ausgegangen. In 5 % Schritten fallen die jeweiligen Klassen ab bis auf -5 % für die Stufe 4. Individuen der Stufe 5 wurden aufgrund der unzureichenden Vitalität nicht berücksichtigt. Des Weiteren wird davon ausgegangen, dass sich alle Individuen gleichmäßig am Reproduktionsprozess beteiligen und kein Pollen von außen eingetragen wird (Panmixie).

Der elterliche Beitrag für den Mehrgewinn setzt sich aus dem halben Mittelwert der beernteten Mütter und dem halben Mittelwert des jeweiligen Väterkollektivs zusammen. In Variante 1 wird der unbekannte Beitrag von Fremdsamen durch das X symbolisiert (Tabelle 2). Die Nullvariante lässt keinen positiven Effekt auf den Form- und Leistungsgewinn erwarten. Eine selektive Beerntung der besten Individuen steigert hingegen den Mehrgewinn beträchtlich. Waldbauliche Behandlungen der Erntebestände können die Saatgutqualität zusätzlich verbessern (Tabelle 3).

Tabelle 2: Übersicht der einzelnen Varianten und den daran beteiligten Mütter- und Väterkollektiven (nach HARDTKE et al. 2016b)

Variante	mütterlicher Beitrag [Stufen]	väterlicher Beitrag [Stufen]
0	1+2+3+4	1+2+3+4
1.1	1+2+(3+4)	1+2+3+4
1.2	1+(3+4)	1+2+3+4
2.1	1+2	1+2+3+4
2.2	1	1+2+3+4
3.1	1+2	1+2+3
3.2	1	1+2+3
4.1	1+2	1+2
4.2	1	1+2
4.3	1	1

Tabelle 3: Übersicht über den Mehrgewinn der einzelnen Beerntungs- und Behandlungsvarianten in fünf Beständen (nach HARDTKE et al. 2016b)

Variante	Cottbus [%]	Reinhardshagen [%]	Dassel [%]	Grünenplan [%]	Münden [%]
0	0,30	0,54	-0,20	-0,88	-0,84
1.1	3,52-X	3,76-X	3,06-X	2,67-X	2,60-X
1.2	5,13-X	5,30-X	4,89-X	4,56-X	4,52-X
2.1	3,52	3,76	3,06	2,67	2,60
2.2	5,13	5,30	4,89	4,56	4,52
3.1	4,28	4,71	4,07	3,69	4,32
3.2	5,83	6,26	5,78	5,58	5,87
4.1	5,76	6,18	5,64	5,96	5,54
4.2	7,93	8,20	7,88	8,00	7,82
4.3	10,00	10,00	10,00	10,00	10,00

Fazit

- Die Testbestände zeigen trotz der geforderten Homogenität eine enorme Variation bezüglich Leistung und Qualität.
- Über eine selektive Beerntung und waldbauliche Maßnahmen kann die Saatgutqualität merklich gesteigert werden.

Weiterführende und ausführlichere Informationen zu diesem Thema finden sich auf der Projekt-Homepage (www.fitforclim.de) sowie als freie Onlineversion in der Schriftenreihe Beiträge aus der NW-FVA, Band (in Bearbeitung) unter dem Titel: Hochwertiges Forstvermehrungsgut im Klimawandel. Symposium des Verbundprojektes FitForClim vom 14. und 15. Juni 2016 in Chorin.

Literatur

BLE 2015: Versorgungsbilanz für forstliches Saatgut (Ernteaufkommen, Einfuhr, Ausfuhr. http://www.ble.de/SharedDocs/Downloads/02_Kontrolle/07_SaatUndPflanzgut/Bilanz_2014_2015.pdf?__blob=publicationFile (abgerufen am 05.07.2016)

FoVZV 2002: Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung vom 20. Dezember 2002 (BGBl. I S. 4721; 2003 I S. 50). http://www.gesetze-im-internet.de/fovzv/BJNR472100002.html (abgerufen am 05.07.2016)

Geburek T, 2004: Die Weitergabe genetischer Information - eine wichtige Komponente bei der Waldverjüngung. BFW-Praxisinformation, Nr. 4, 18-20

Hardtke A, Meißner M, Steiner W, Janßen A, Ammer C, 2016a: Behandlungskonzept für Saatgutbestände der Eichen. AFZ/Der Wald (eingereicht)

Hardtke A, Meißner M, Steiner W, Janßen A, 2016b: Hochwertiges Forstvermehrungsgut im Klimawandel. Symposium des Verbundprojektes FitForClim vom 14. und 15. Juni 2016 in Chorin. Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (Hrsg.). Beiträge aus der NW-FVA (in Vorbereitung).

Kleinschmit J, Otto H, Sauer A, 1975: Möglichkeiten der züchterischen Verbesserung von Stiel- und Traubeneichen (*Quercus robur* und *Quercus petraea*). Allg. Forst- u. J.-Ztg., 146 (9): 157-166

Liesebach M, Degen B, Grotehusmann H, Janßen A, Konnert M, Rau H-M, Schirmer R, Schneck D, Schneck V, Steiner W, Wolf H, 2013: Strategie zur mittel- und langfristigen Versorgung mit hochwertigem forstlichem Vermehrungsgut durch Züchtung in Deutschland. Braunschweig, Johann Heinrich von Thünen Institut, Thünen Report 7, 78 S.

Meißner M, Janßen A, Konnert M, Liesebach M, Wolf H, 2015: Vermehrungsgut für den klima- und standortgerechten Wald. AFZ-Der Wald 70 (11): 24-26

Nanson A, 2002: Natural regeneration seen from the genetic stand point. In: Meier-Dinkel A, Steiner W (Hrsg.): Forest Tree Breeding in an Ecologically Orientated Forest Management System, Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt, Band 134, J.D. Sauerländer´s Verlag, Frankfurt am Main: 75-83

Vidakovic M, Kajba D, Bogdan S, Podnar V, Becarevic J, 2000: Estimation of Genetic Gain in a Progeny Trail of Pedunculate Oak (*Quercus robur* L.). Glas. sum. Pokuse 37: 375-381

Anschrift der Autoren

André Hardtke, Dr. Meik Meißner, Dr. Wilfried Steiner, Dr. Alwin Janßen
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt
Abt. C - Waldgenressourcen
Prof.-Oelkers-Straße 6
34346 Hann. Münden
E-Mail: andre.hardtke@nw-fva.de

Thünen Report

Bereits in dieser Reihe erschienene Hefte – *Volumes already published in this series*

1 - 29	siehe http://www.thuenen.de/de/infothek/publikationen/thuenen-report/
30	Horst Gömann, Andrea Bender, Andreas Bolte, Walter Dirksmeyer, Hermann Englert, Jan-Henning Feil, Cathleen Frühauf, Marlen Hauschild, Sandra Krengel, Holger Lilienthal, Franz-Josef Löpmeier, Jürgen Müller, Oliver Mußhoff, Marco Natkhin, Frank Offermann, Petra Seidel, Matthias Schmidt, Björn Seintsch, Jörg Steidl, Kathrin Strohm, Yelto Zimmer **Agrarrelevante Extremwetterlagen und Möglichkeiten von Risikomanagementsystemen,** Studie im Auftrag des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL)
31	Jan L. Wenker und Sebastian Rüter **Ökobilanz-Daten für holzbasierte Möbel**
32	**Ländliche Lebensverhältnisse im Wandel 1952, 1972, 1993, 2012** Luisa Vogt, Ralf Biernatzki, Michael Kriszan und Wolf Lorleberg **Volume 1 – Dörfer als Wohnstandorte** Simone Helmle und Carmen Kuczera **Volume 2 – Typisch ist das vermeintlich Untypische: Alltag von Dorfbewohnern** Andreas Keil, Charlotte Röhner, Ina Jeske, Michael Godau, Stefan Padberg, Jennifer Müller, Nur Seyfi und Mira Schraven **Volume 3 – Kindheit im Wandel** Stephan Beetz unter Mitarbeit von Alexander Voigt, Anna-Clara Gasch und Sarah Rodriguez-Abello **Volume 4 – Soziale Unterstützungsstrukturen im Wandel** Michaela Evers-Wölk, Britta Oertel, Sie Liong Thio, Carolin Kahlisch und Matthias Sonk **Volume 5 – Neue Medien und dörflicher Wandel** Gesine Tuitjer **Volume 6 – Ländliche Arbeitsmärkte: Chancen für Frauen – Frauen als Chance**
33	Anja-Kristina Techen, Elke Ries, Annett Steinführer **Evaluierung der Gewässerschutzberatung in Hessen im Kontext der EU-Wasserrahmenrichtlinie: Auswirkungen auf Wissen und Handeln von Landwirten**
34	Jan T. Benthien, Sabrina Heldner, Martin Ohlmeyer, Christian Bähnisch, Jörg Hasener, Clemens Seidl, Alfred Pfemeter, Christian Kathmann **Untersuchung der Faserqualität von TMP für die MDF-Produktion –** Abschlussbericht zum FNR-Vorhaben „Fiber-Impact“ (FKZ: 22013211)
35	Andreas Tietz **Überregional aktive Kapitaleigentümer in ostdeutschen Agrarunternehmen: Bestandsaufnahme und Entwicklung**
36	Nicole Wellbrock, Erik Grüneberg, Daniel Ziche, Nadine Eickenscheidt, Marieanna Holzhausen, Juliane Höhle, Rainer Gemballa, Henning Andreae **Entwicklung einer Methodik zur stichprobengestützten Erfassung und Regionalisierung von Zustandseigenschaften der Waldstandorte**
37	Andrea Ackermann, Claudia Heidecke, Ulrike Hirt, Peter Kreins, Petra Kuhr, Ralf Kunkel, Judith Mahnkopf, Michael Schott, Björn Tetzlaff, Markus Venohr und Frank Wendland **Der Modellverbund AGRUM als Instrument zum landesweiten Nährstoffmanagement in Niedersachsen**

38	Hermann Achenbach und Sebastian Rüter **Ökobilanz-Daten für die Erstellung von Fertighäusern in Holzbauweise**
39	Hans-Dieter Haenel, Claus Rösemann, Ulrich Dämmgen, Annette Freibauer, Ulrike Döring, Sebastian Wulf, Brigitte Eurich-Menden, Helmut Döhler, Carsten Schreiner, Bernhard Osterburg **Calculations of gaseous and particulate emissions from German agriculture 1990 - 2014** **Berechnung von gas- und partikelförmigen Emissionen aus der deutschen Landwirtschaft 1990 – 2014**
40	Frank Offermann, Martin Banse, Claus Deblitz, Alexander Gocht, Aida Gonzalez-Mellado, Peter Kreins, Sandra Marquardt, Bernhard Osterburg, Janine Pelikan, Claus Rösemann, Petra Salamon, Jürn Sanders **Thünen-Baseline 2015 – 2025: Agrarökonomische Projektionen für Deutschland**
41	Stefan Kundolf, Patrick Küpper, Anne Margarian und Christian Wandinger **Koordination, Lernen und Innovation zur Entwicklung peripherer ländlicher Regionen** **Phase II der Begleitforschung zum Modellvorhaben *LandZukunft***
42	Sebastian Rüter, Frank Werner, Nicklas Forsell, Christopher Prins, Estelle Vial, Anne-Laure Levet **ClimWood2030 'Climate benefits of material substitution by forest biomass and harvested wood products: Perspective 2030' Final Report**
43	Nicole Wellbrock, Andreas Bolte, Heinz Flessa (eds) **Dynamik und räumliche Muster forstlicher Standorte in Deutschland – Ergebnisse der Bodenzustandserhebung im Wald 2006 bis 2008**
44	Walter Dirksmeyer, Michael Schulte und Ludwig Theuvsen (eds) **Aktuelle Forschung in der Gartenbauökonomie – Nachhaltigkeit und Regionalität – Chancen und Herausforderungen für den Gartenbau** – Tagungsband zum 2. Symposium für Ökonomie im Gartenbau
45	Mirko Liesebach (ed) **Forstgenetik und Naturschutz – 5. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung am 15./16. Juni 2016 in Chorin – Tagungsband**

THÜNEN

Thünen Report 45

Herausgeber/Redaktionsanschrift

Johann Heinrich von Thünen-Institut
Bundesallee 50
38116 Braunschweig
Germany

www.thuenen.de

ISBN 978-3-86576-164-4