

A.M. HÖLTKEN, N. OPFERMANN und K.B. BUDDE

Auswertung vorhandener genetischer und phänologischer Daten in Vogelkirschenvorkommen und im Eichenartenkomplex (*KirEiGen*)

Teilprojekt Vogelkirsche

Etablierung eines genetischen Qualitätsmanagements zur Erzeugung von hochwertigem forstlichem Vermehrungsgut

Teilprojekt Eiche

Etablierung einer effizienten Methode zur Produktion von Versuchspflanzen für die Untersuchung nicht genutzter Anpassungspotenziale heimischer Eichenarten



GESELLSCHAFTSVERTRAG
Stadt.Land.Zukunft.

Steigende Nachfrage nach forstlichem Vermehrungsgut

- Forstlich wertvolle Mischbaumart – Edellaubholz
- hochwertiges Stammholz in 50-80 Jahren
- schnelle Besiedlung früher forstlicher Sukzessionsstadien (Pionier auf Störungsflächen):
 - effiziente Ausbreitungsstrategien (generativ und vegetativ)
 - rasches Jugendwachstum (wipfelschäftiger Wuchs, bis zu $100 \text{ cm} \cdot \text{a}^{-1}$ je nach StO)
 - hoher Lichtbedarf
 - hohe Trockentoleranz
 - hohe Spätfrosttoleranz
- Leicht zersetzliche Streu: Aufrechterhaltung von Nährstoffkreisläufen in frühen forstlichen Sukzessionsstadien



TP Vogelkirsche: Genetisches QM zur Produktion hochwertigen Vermehrungsguts

Problematik: Genetische Introgression (Einkreuzung) aus Kultursorten

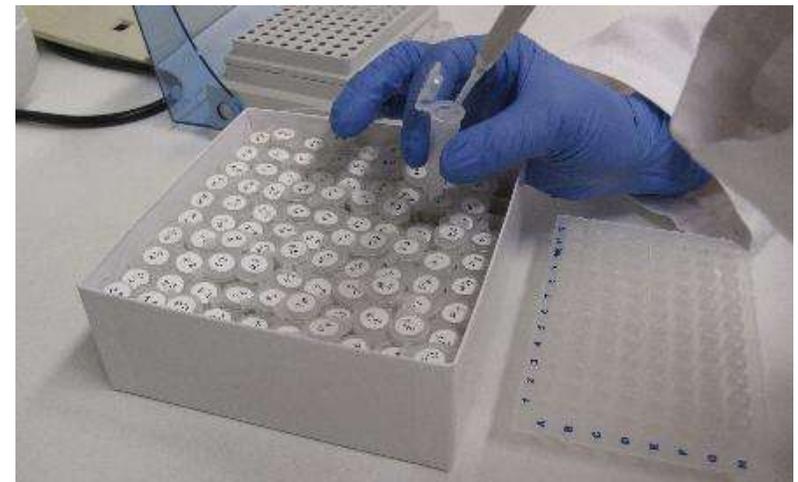
- Verdrängung gut angepasster Erbeigenschaften der Wildformen
- Verlust spezifischer Wuchseigenschaften
 - früh auflösende Kronen, Starkastigkeit
 - Verschiebung der Ressourcen von Wachstum in Fruchtansatz
 - Verminderte Konkurrenzkraft im heimischen Baumartengefüge



TP Vogelkirsche: Genetisches QM zur Produktion hochwertigen Vermehrungsguts

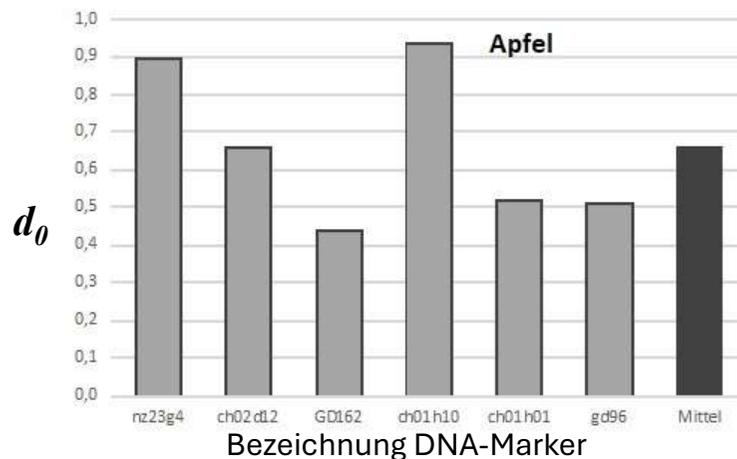
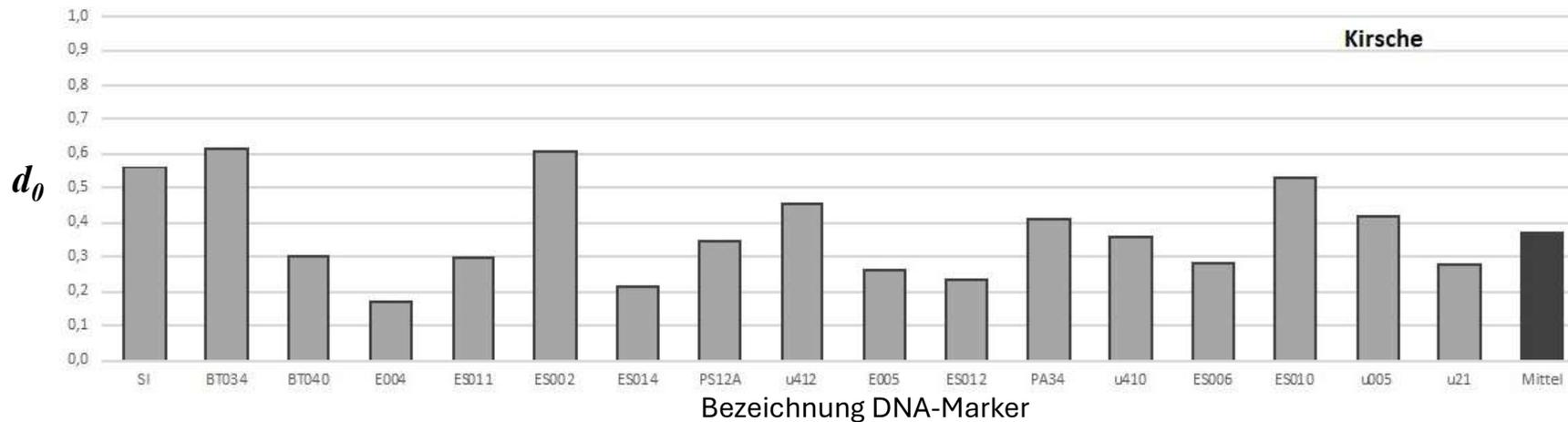
Ableitung der Arbeitsschwerpunkte

- Entwicklung eines praxistauglichen Diagnoseverfahrens zur genetischen Differenzierung von Wild- und Kulturkirsche
- Quantifizierung genetischer Introgression (Saatguterntebestände, Samenplantagen, Nachkommenschaften),
- Optimierung der Zusammensetzung von Samenplantagen zur Vermeidung von Fremdpollenkontamination



TP Vogelkirsche: Genetisches QM zur Produktion hochwertigen Vermehrungsguts

Genetischer Abstand zwischen Wild- und Kulturform



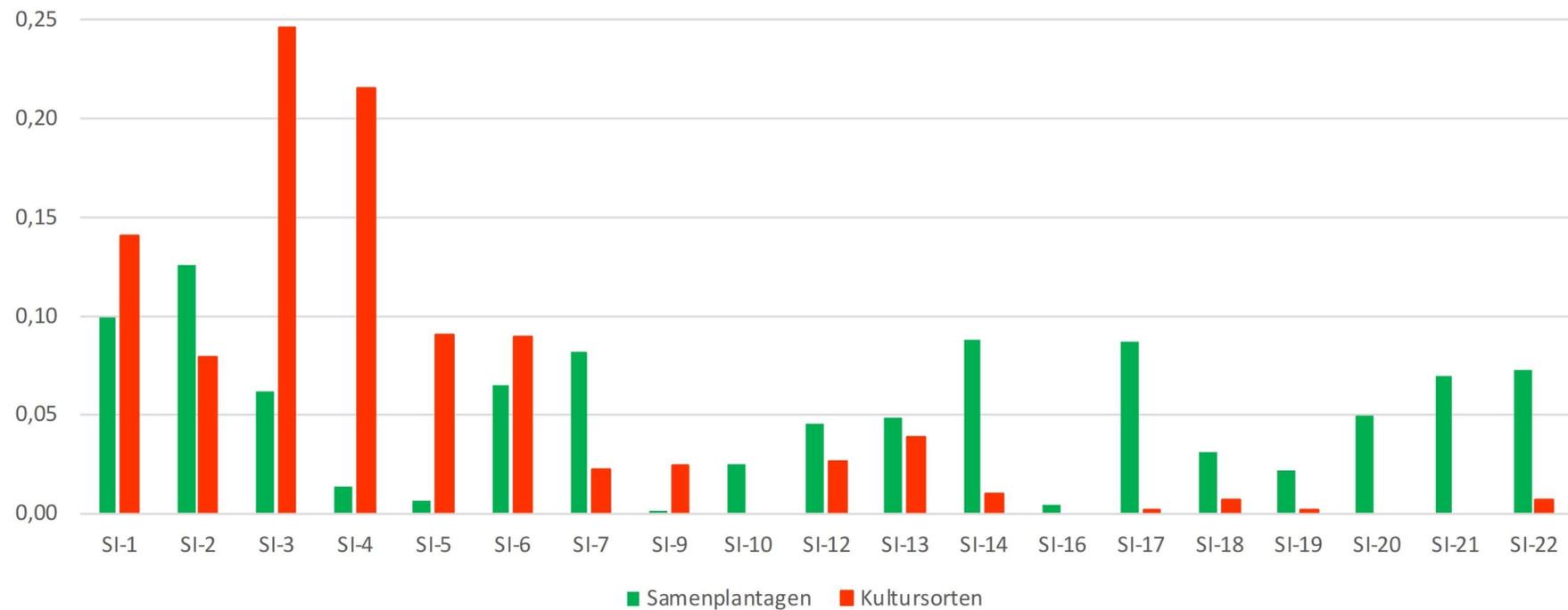
Genetisches Abstandsmaß d_0 : Relativer Anteil genetischer Varianten, die ausgetauscht werden müssen, um identische genetische Strukturen zwischen Kollektiven zu erzeugen

$$d_{0(a)}(j, k) = \frac{1}{2} \sum_i |p_{i(a)}(j) - p_{i(a)}(k)| \quad \{0 \leq d_0 \leq 1\}$$

Quelle: GREGORIUS (1974)

TP Vogelkirsche: Genetisches QM zur Produktion hochwertigen Vermehrungsguts

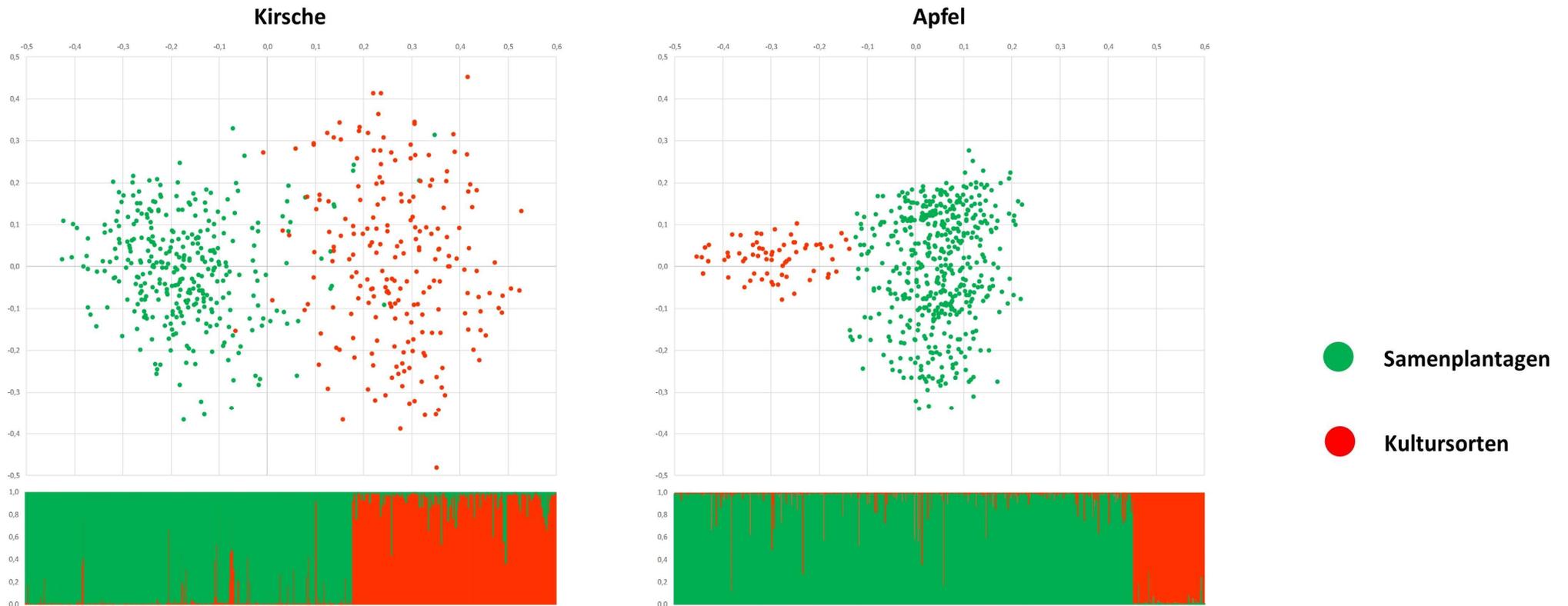
Häufigkeiten der genetischen Selbstinkompatibilitäts-Varianten (SI-Allele)



Quelle: HÖLTKEN, FEHRENZ & OPFERMANN (2023): Thünen-Report, Bd. 105

TP Vogelkirsche: Genetisches QM zur Produktion hochwertigen Vermehrungsguts

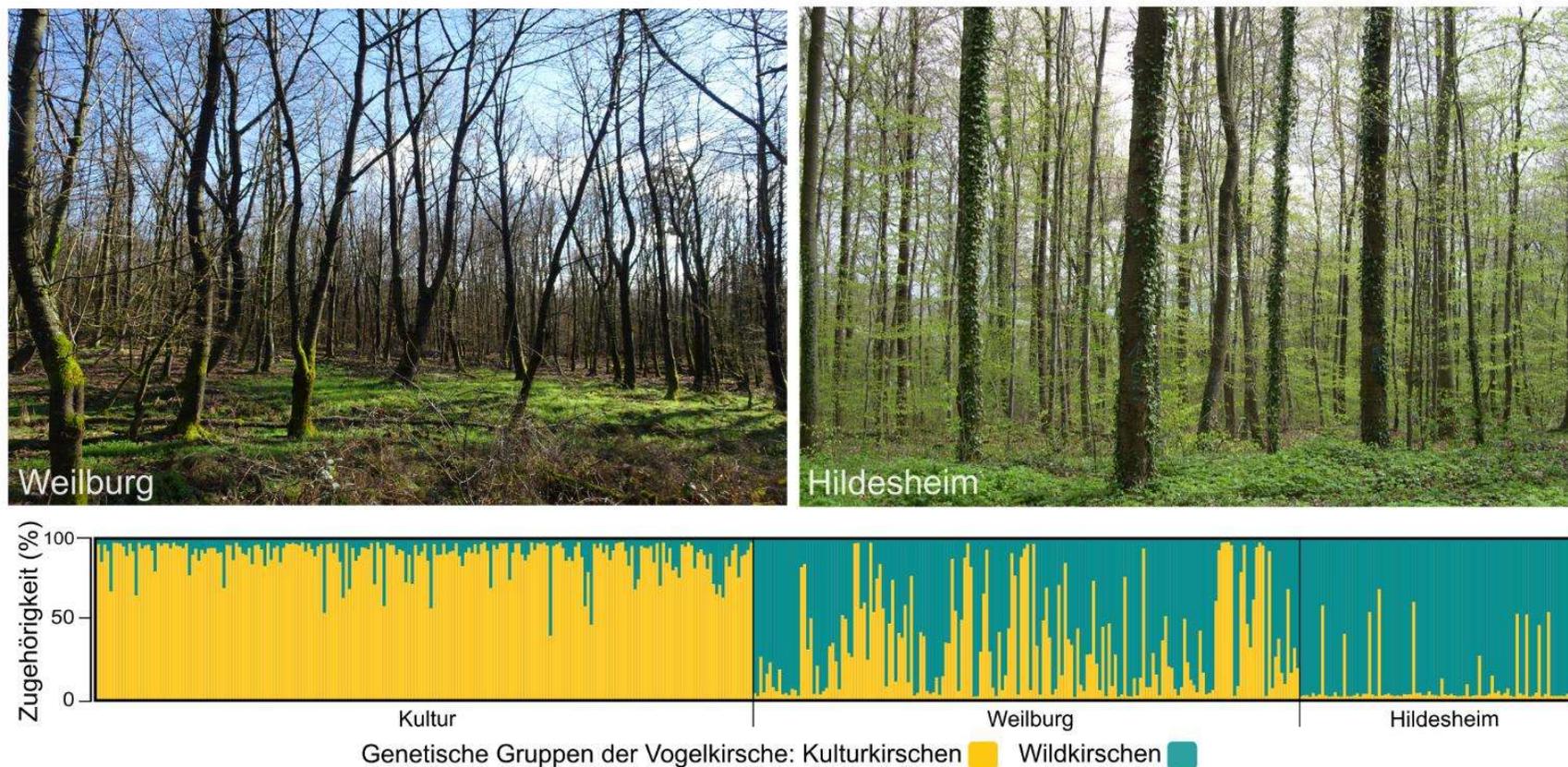
PCoA und STRUCTURE als Routine-Tools zur Schätzung des Wild- bzw. Kulturanteils



Quelle: HÖLTKEN, FEHRENTZ & OPFERMANN (2023): Thünen-Report, Bd. 105

TP Vogelkirsche: Genetisches QM zur Produktion hochwertigen Vermehrungsguts

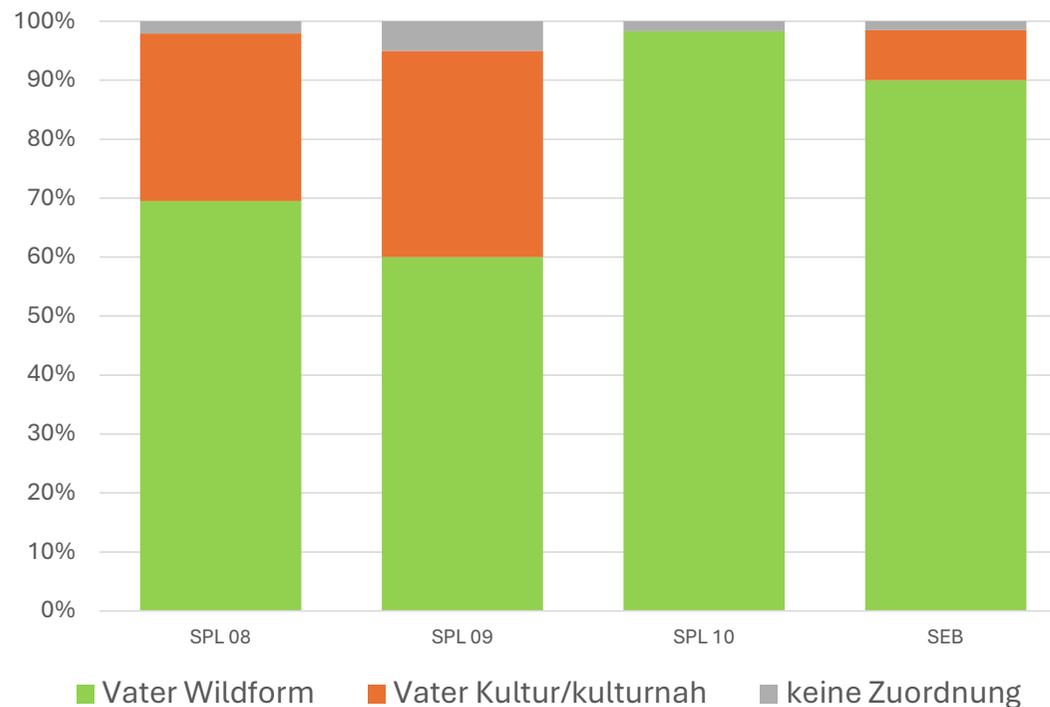
Einfluss der Kulturkirsche auf Wuchsformen



Quelle: BUDDE, OPFERMANN, VOLMER & HÖLTKEN (2024): Waldzustandsberichte Trägerländer NW-FVA

TP Vogelkirsche: Genetisches QM zur Produktion hochwertigen Vermehrungsguts

Einkreuzung von Kulturkirsche in Samenplantagen und Saatguterntebeständen: Ergebnisse aus Saatgutuntersuchungen



Schlussfolgerungen

- Genetische Introgression kann zu deutlichen Einbußen bei Wuchs- und Formeigenschaften führen
- 17 DNA-Marker (16 SSRs + SI-System) zuverlässiges Tool für die Unterscheidung von Wild- und Kulturkirsche sowie deren Hybriden
- Methode erlaubt die Quantifizierung des Eintrags von Kulturkirschenpollen in Saatgut von Samenplantagen und zugelassenen Saatgutbeständen
- Basis für genetisches Qualitätsmanagement von Saatgutquellen:
 - Entscheidung über die Zulassung von Vogelkirschenvorkommen zu Saatguterntebeständen, Informationen ins EZR
 - Optimierung der räumlichen Anordnung kompatibler Genotypen bei der Anlage neuer bzw. Ausbesserung älterer Samenplantagen

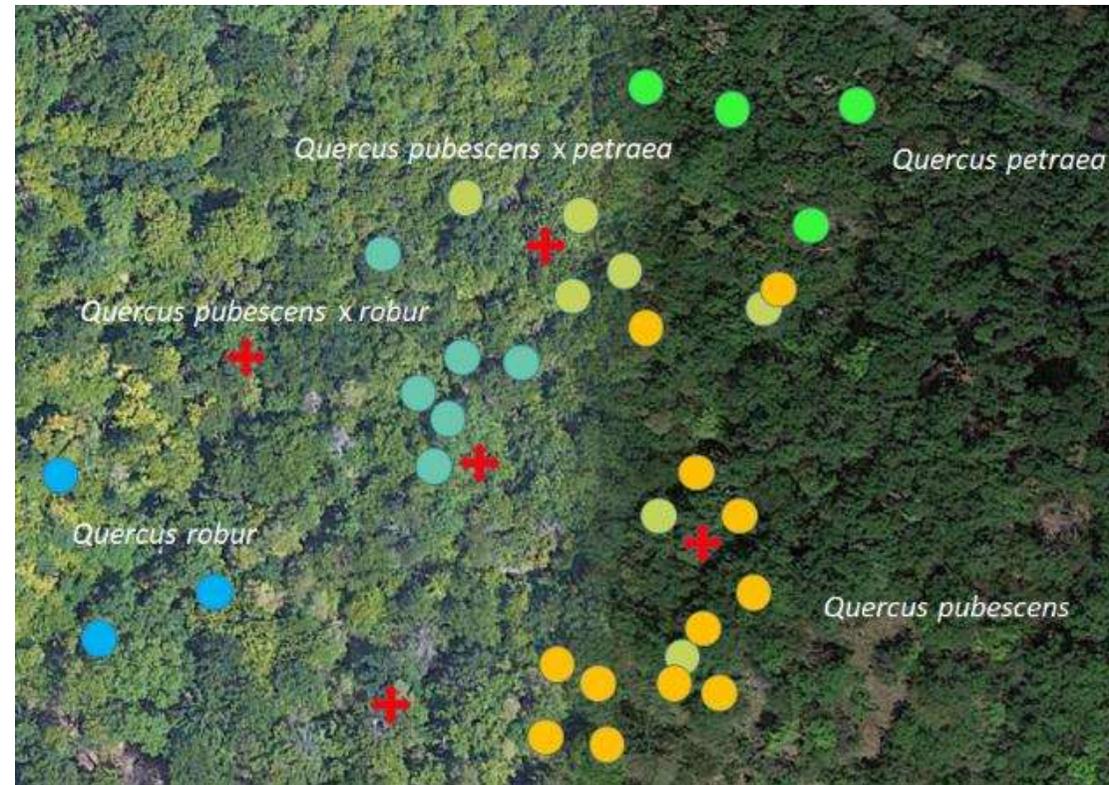


Vogelkirschen-Samenplantage Weissehütte

TP Eiche: Versuchspflanzenproduktion zur Untersuchung von Anpassungspotenzialen

Ökologisch-genetische Eigenschaften

- Eichen kommen mit »extremere« Standortbedingungen deutlich besser zurecht als ihre ansonsten überstarke Konkurrentin – die Buche.
- schnelle Reaktionsfähigkeit einzelner Individuen (Plastizität) auf Umweltveränderungen: Effiziente Steuerung der Fotosynthese; Blattmorphologie; Spross-/Wurzelverhältnis
- hohe Anpassungskapazitäten durch genetische Vielfalt innerhalb der Arten (Populationsebene, Provenienzen)
- Hybridisierung: Möglichkeit der schnellen Akkumulation neuer (oder seltener) genetischer Varianten → effizientes Anpassungssystem bei drastischen Umweltveränderungen



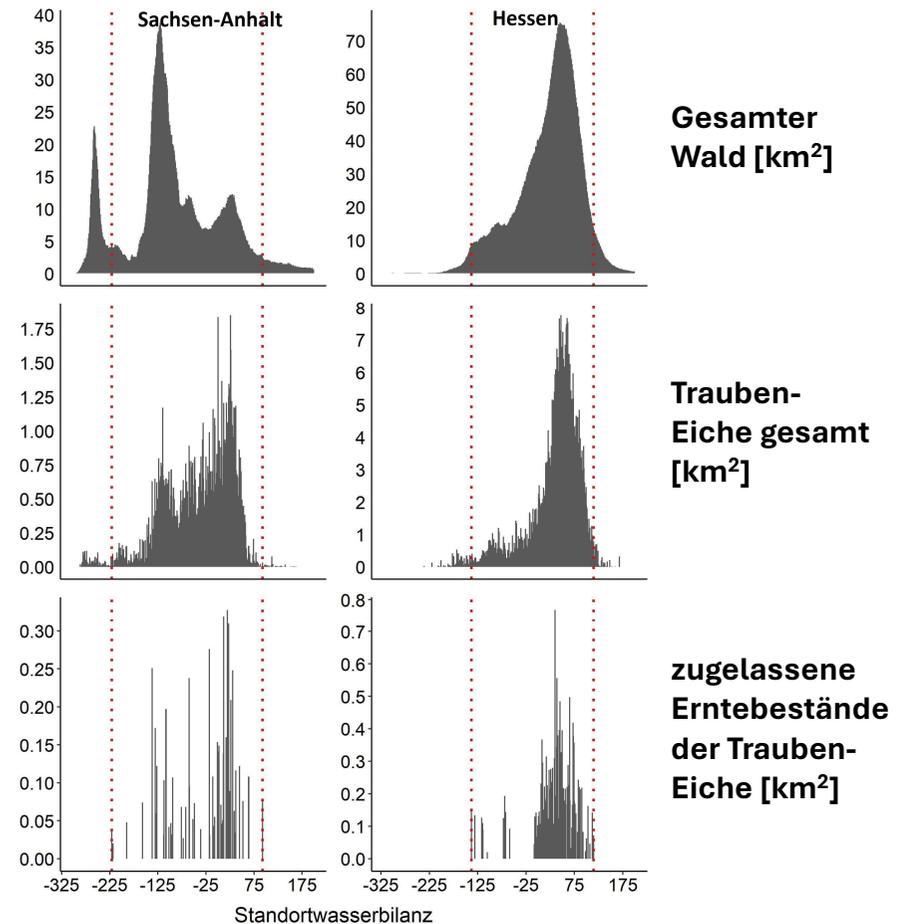
Hybrid-Eichenbestand am großen Gleisberg in Thüringen

TP Eiche: Versuchspflanzenproduktion zur Untersuchung von Anpassungspotenzialen

Bislang: Vermehrungsgut stammt aus Beständen besser wasserversorgter Standorte

Auswahlkriterien für die Zugelassung von Saatguterntebeständen

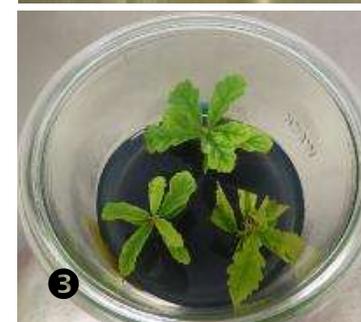
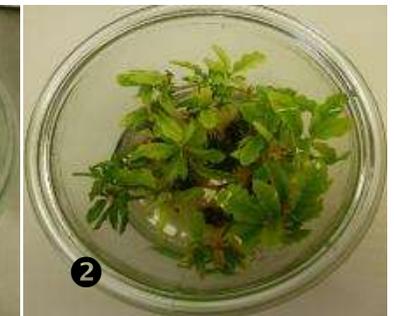
- Hohe Vitalität
- Volumenzuwachs
- Holzqualität
- Form und Habitus



TP Eiche: Versuchspflanzenproduktion zur Untersuchung von Anpassungspotenzialen

In-vitro-Vermehrung zur Erzeugung von Versuchspflanzen

- Rejuvenilisierung des Altbaums
- Standardisierte Anzuchtbedingungen (Nährstoffe, Wasser, Temperatur, Licht)
- Reproduzierbarkeit der Versuchsdaten durch klonale Wiederholung eines Genotyps
- Unbegrenzte und jahreszeitlich unabhängige Produktion von Versuchsgliedern für Labor- und Feldversuche
- Synchronisation der Lebensphasen der Versuchsglieder
- wurzelechte Pflanzen, keine Beeinflussung durch Pfropfunterlage



TP Eiche: Versuchspflanzenproduktion zur Untersuchung von Anpassungspotenzialen

Künftig:

Physiologisch-genetische Studien

- Verschiedene Szenarien der Wasserversorgung
- Blattflächen, Chlorophyllgehalt
- Zuwachs (ober- und unterirdische Biomasse)
- Fotosynthesekapazität und -effizienz

- Artzugehörigkeit (Mischungsanteile)
- Assoziationsstudien: Korrelation von genetischer Variation mit physiologisch-morphologischen Eigenschaften der Pflanzen unter verschiedenen Umweltbedingungen (Detektion von Anpassungsmustern)

