

Anpassungspotenziale heimischer Baumarten

Aki Michael Höltnen, André Hardtke und Wilfried Steiner

<https://doi.org/10.5281/zenodo.5588798>

Bedeutung genetischer Variation

Die Forderung nach einem Umbau der Wälder hin zu klimastabileren Formen bekam durch die witterungsbedingten Schäden der letzten Jahre enormen Rückenwind. Deshalb sind sog. „Alternativbaumarten“ verstärkt in den Fokus der Forstwirtschaft gerückt. Dieser Begriff umfasst sowohl einheimische Baumarten mit bislang eher geringer waldbaulicher Bedeutung als auch Arten mit Ursprungsgebieten außerhalb Deutschlands. Gerade von den „neuen“ fremdländischen Baumarten erhofft man sich viel, weiß aber relativ wenig über ihr Verhalten unter hiesigen Standortverhältnissen. Bevor eine Überführung in die forstliche Praxis erfolgen kann, sind zeit- und flächenintensive Anbauversuche notwendig, insbesondere wenn verschiedene geographische Herkünfte auf ihre Standortseignung getestet werden sollen.

Deshalb dürfen wir die einheimischen Baumarten nicht aus den Augen verlieren. Denn trotz der Schäden werden ihre genetischen Anpassungskapazitäten meist deutlich unterschätzt. Genetische Variation ist auf verschiedenen räumlichen Ebenen verfügbar: Innerhalb der natürlichen Verbreitungsgebiete haben unterschiedliche Umweltbedingungen zu einer genetischen Differenzierung verschiedener geographischer Herkünfte geführt, sodass sich teilweise deutlich unterschiedliche Anpassungsmuster entwickeln konnten, z. B. gegenüber Hitze und Trockenheit oder auch Spätfrösten. Grundsätzlich weisen Baumarten aber auch schon innerhalb von Populationen (Beständen) eine große genetische Variationsbreite auf, die als eine Art „Versicherungsschutz“ im Fall sich ändernder Umweltbedingungen dient. Eine zentrale Aufgabe zur Bewahrung von Anpassungsfähigkeit ist die Erhaltung genetischer Vielfalt, insbesondere im Hinblick auf die Unsicherheiten der Klimaprognosen.

Reaktions- und Anpassungsfähigkeit

Bäume sind ortsgebunden und gleichzeitig langlebig und damit über ihre gesamte Lebensspanne einer enormen Umwelt-heterogenität ausgesetzt. Deshalb sind Bäume von Natur aus mit einem gut ausgestatteten genetischen „Werkzeugkasten“ ausgerüstet. Zahlreiche Studien belegen, dass schon einzelne Bäume eine deutlich höhere individuelle genetische Vielfalt aufweisen als die meisten kurzlebigeren Organismen. Dies eröffnet ihnen einen größeren Toleranzbereich an physiologisch-morphologischen Reaktionen (Plastizität).

Eine wichtige Voraussetzung für die Anpassung solcher Toleranzbereiche an sich längerfristig ändernde Umweltbedingungen ist die verfügbare genetische Vielfalt auf Populations- bzw. Bestandesebene. Im Rahmen der geschlechtlichen Vermehrung können die verschiedenen genetischen Varianten zu einer Vielzahl von Samen und Sämlingen mit potenziell neuen Eigenschaften rekombiniert werden. Damit auch ein möglichst großes „Zufallsangebot“ an unterschiedlichen Genotypen natürlichen Anpassungsprozessen (Selektion) bereitgestellt werden kann, haben Bäume besonders effiziente Strategien entwickelt: Mechanismen zur Inzuchtvermeidung, effiziente Pollen- und Samenausbreitung und eine enorme Zahl an Nachkommen in überlappenden Generationen.

Um natürliche Prozesse besser ausnutzen zu können, wird der Naturverjüngung eine immer größere Bedeutung beigegeben. Allerdings wird dabei oft außer Acht gelassen, dass die meisten unserer Wälder künstlich begründet wurden und es vor allem in Norddeutschland kaum noch autochthone Wälder gibt. Viele Aufforstungen mit nur wenigen Wirtschaftsbaumarten erfolgten aus der Not heraus ohne fachliche Kenntnisse über die genetische Qualität des Vermehrungsgutes (ungeeignete Herkünfte, genetische Einengung durch Beerntung von nur wenigen Samenbäumen). Andere, meist lichtbedürftige und konkurrenzschwächere Baumarten verloren durch den



Naturverjüngung (links): Ausnutzen natürlicher Prozesse und lokal etablierter genetischer Variation; gepflanzter Bestand (rechts): Möglichkeit der Ergänzung genetischer Vielfalt und damit Anpassungskapazität

Fotos: H.J. Arndt

Anpassungspotenziale heimischer Baumarten

Menschen ihre geeigneten Habitate (Umwandlung in landwirtschaftliche Flächen, Flussbegradigungen etc.) oder wurden durch die Einführung der Hochwaldwirtschaft teilweise stark zurückgedrängt.

Zusätzlich stellt der Klimawandel die Anpassungsfähigkeit unserer Wälder künftig auf eine harte Probe. Deshalb kommt der genetischen Ausstattung unserer Bäume eine enorme Bedeutung zu. Der Verlust genetischer Variation ist gleichbedeutend mit einem unwiderruflichen Verlust an Anpassungskapazität zukünftiger Waldgenerationen. Um genetisches Potenzial erhalten und gleichzeitig für Anpassungsprozesse nutzen zu können, benötigen wir konzeptionelle, nachhaltige Verjüngungsstrategien. Denn die Art der Verjüngung und die Wahl des forstlichen Vermehrungsgutes (Herkunft, Beerntungsmodus) können die genetische Vielfalt der Bestände und damit vorhandene Anpassungsmuster sowie Adaptationsprozesse an sich ändernde Klimabedingungen signifikant beeinflussen.

Natürliche oder künstliche Verjüngung?

Die Naturverjüngung bietet die Möglichkeit, das Potenzial lokal etablierter genetischer Variation optimal auszuschöpfen. Bei ungünstiger genetischer Ausstattung des Altbestands (falsche Herkünfte, genetische Einengung, reproduktive Isolation etc.) kann dies aber auch ein ökologisches und ökonomisches Risiko bedeuten. In diesem Fall kann die künstliche Einbringung ausgewählten Vermehrungsguts zur Erhöhung bzw. Ergänzung genetischer Vielfalt beitragen und Anpassungsprozesse heimischer Baumarten an den Klimawandel unterstützen. Mit welchen waldbautechnischen Verjüngungsstrategien genetische Vielfalt optimal erhalten und nachhaltig genutzt werden kann, ist eines der zentralen Elemente der forstlichen Biodiversitätsforschung geworden und soll im Folgenden an einigen Beispielen erläutert werden.

Buche: Vielfalt klimarelevanter Merkmale

Schäden bzw. Vitalitätseinbußen aufgrund von Dürren aber auch von Spätfrösten sind vermehrt auch an Buchen aufgetreten. Aktuelle Studien deuten aber darauf hin, dass die Buche hinsichtlich klimarelevanter Merkmale schon innerhalb einzelner Bestände ein hohes genetisches Anpassungspotenzial besitzt. Denn oft kommen geschädigte und vitale bzw. früh- und spätaustreibende Buchen direkt nebeneinander vor, was zu einem großen Teil auf eine unterschiedliche genetische Ausstattung einzelner Bäume zurückgeführt wird. Deshalb ist es wichtig, schon in der Verjüngungsphase möglichst viel Anpassungspotenzial auf die Fläche zu bringen (Höltken et al. 2020, Pfenninger et al. 2021).

Die Naturverjüngung spielt bei bestandesbildenden Arten wie der Buche auch künftig eine wichtige Rolle. DNA-Analysen haben ergeben, dass genetische Vielfalt insbesondere durch eine kleinräumige Naturverjüngung über längere Zeiträume gefördert wird. Bei dieser Vorgehensweise sind über die Jahre besonders viele Bäume an der Reproduktion beteiligt und die genetische Ausstattung der Nachkommen wird zusätzlich durch variierende Polleneinträge aus umliegenden Beständen bereichert. Dies führt zu einer Akkumulation einer Vielzahl von Genotypen, die der Selektion an sich ändernde Umweltbedingungen zur Verfügung stehen. Anders kann es

bei großflächig angelegter Naturverjüngung „aus einem Guss“ aussehen (Überhaltbetrieb oder Großschirmschlag): Nur wenige Samenjahrgänge und eine reduzierte Zahl an Paarungspartnern können dazu führen, dass weniger Genotypen erzeugt und für Anpassungsprozesse zur Auswahl stehen. Auch Zielstärkennutzung ist unter bestimmten Voraussetzungen als kritisch zu betrachten: Werden die vitalsten und konkurrenzstärksten Bäume schon entnommen, bevor sie zur Naturverjüngung haben beitragen können, kann es in der Folgegeneration zu Verlusten an genetischer Vielfalt kommen. Hier kann eine genetische „Auffrischung“ durch künstliche Einbringung geeigneter Herkünfte ratsam sein.

In vielen waldbaulichen Situationen ist man allerdings auch vollständig auf künstliche Verjüngung angewiesen (z. B. Umbau von Nadelbeständen in stabilere Mischwälder, Wiederbegründung nach Kalamitäten). Die wichtigsten Quellen für Vermehrungsgut der Buche sind zugelassene Saatguterntebestände. Auch wenn Saatguterntebestände nach Vitalität, Wuchseigenschaften und Bestandesgröße ausgewählt werden, kann hier die Art der Beerntung bzw. Beschaffung von Saatgut deutliche Auswirkungen auf die genetische Vielfalt zeigen. Denn genetische Inventuren belegen, dass innerhalb eines Jahrgangs nur ein geringer Anteil der Altbuchen am Reproduktionsgeschehen beteiligt ist. Deshalb kann die Ernte der gesetzlich vorgeschriebenen Mindestzahl von nur 20 Mutterbäumen je Saatguterntebestand je nach Witterungsverhältnissen (geringer Pollenfluss) zu einem genetischen „Flaschenhals“ im gewonnenen Saatgut führen. Der Effekt der genetischen Verarmung ist deshalb verstärkt in kleinen und isolierten Saatgutbeständen zu erwarten – dem wird mit der Einrichtung von möglichst großen Zulassungseinheiten vorgebeugt.

Damit Buchenwälder aus künstlicher Verjüngung auch künftig mit ausreichend Anpassungskapazität ausgestattet sind, wird empfohlen, möglichst Mischungen von Vermehrungsgut aus unterschiedlichen Jahrgängen bzw. Erntebeständen zu verwenden. Dies dürfte insbesondere für großflächige Pflanzungen bedeutsam sein. Vor diesem Hintergrund bedürfen aber auch die Mindestkriterien für die Zulassung und Beerntung



Sichtbare genetische Vielfalt im Wald: Unterschiedliche Zeitpunkte des Blattaustriebs in einem Buchenbestand bestimmen die Spätfrostitoleranz
Foto: A.M. Höltken

Anpassungspotenziale heimischer Baumarten



Netzernte von Bucheckern in einem zugelassenen Saatguterntebestand für künstliche Bestandesbegründungen Foto: NW-FVA

von Saatguterntebeständen einer Überarbeitung: Angestrebt werden sollte eine Erhöhung der Mindestbaumzahl von 40 auf deutlich über 100 sowie eine größere Anzahl an Erntebäumen je Saatguterntebestand (mindestens 40) bei gleichmäßiger Verteilung im Bestand (Fussi et al. 2021).

Verwendungszonen für die Traubeneiche

Der Traubeneiche kommt künftig eine große Bedeutung zu, insbesondere für die Bepflanzung der in den letzten Jahren entstandenen riesigen Freiflächen. Ihr Anteil an der Bestockung wird voraussichtlich auch noch weiter zunehmen, da sie sich doch wesentlich toleranter gegenüber Dürreperioden zeigt als z. B. die Buche (Leuschner et al. 2001; Mette et al. 2013). Die Eiche reagiert aber nicht gänzlich unempfindlich gegenüber Trockenstress. In internationalen Versuchen konnte nachgewiesen werden, dass Herkünfte aus trockeneren Regionen eine bessere Anpassung zeigen, oder – im umgekehrten Fall – die Überlebensraten abnehmen, wenn Herkünfte in wärmere und trockenere Regionen verbracht werden.

Neben einheimischen Saatgutquellen geraten daher vermehrt ausländische Quellen, besonders aus südosteuropäischen Ländern, in den Fokus der Diskussion. Eichen aus den dort bereits herrschenden wärmeren und trockeneren Klimaten versprechen in unseren Regionen ein höheres Anpassungspotenzial. Jedoch besteht die Gefahr, dass besonders die südlicheren Herkünfte auch zukünftig von auftretenden Spätfrösten geschädigt werden. Dies konnte bereits in Anbauversuchen nachgewiesen werden und zeigt, dass einheimische Herkünfte mittelfristig nicht ersetzt werden können (Kätzel et al. 2019).

Ein älterer Traubeneichen-Herkunftsversuch mit über 50 deutschen Herkünften ergab, dass schon innerhalb Deutschlands ein enormes Anpassungspotenzial zur Verfügung steht. So zeigen Herkünfte aus trockeneren Regionen ein besseres Wachstum, wenn sie auf feuchtere Standorte verbracht werden. Auf Basis dieser Erkenntnis wurde an der NW-FVA ein Projekt (OakZones) gestartet, welches diesen Zusammenhang genauer untersucht. Dafür werden Herkünfte anhand der Standortwasserbilanz identifiziert und Pflanzen für eine Versuchsserie angezogen. Diese werden anschließend auf

Versuchsflächen ausgepflanzt, die den vollständigen Bereich der Standortwasserbilanz abbilden. In den nächsten Jahren wird die Versuchsserie detaillierte Erkenntnisse über die Anpassungspotenziale der jeweiligen Herkünfte liefern.

Aktuell kann Saat- und Pflanzgut der Eiche aus unterschiedlichen Regionen ohne gesetzliche Einschränkungen in Deutschland verwendet werden. Die Verwendung wird nur über Empfehlungen gesteuert, die allerdings über Erlasse oder Förderauflagen eine weitgehende Verbindlichkeit aufweisen. Diese Verwendungs- oder Herkunftsempfehlungen enthalten aber kaum Regelungen, die das adaptive Potenzial der Herkünfte einbeziehen. Auf Basis der neuen Versuchsserie ist die Abgrenzung von Verwendungszonen geplant, die das Anpassungspotenzial der einzelnen Herkünfte an spezifische Standortbedingungen genauer berücksichtigen. Mit Hilfe der Verwendungszonen kann schlussendlich besser an die konkreten oder zukünftig erwarteten Bedingungen angepasstes Material empfohlen werden, das wiederum für stabilere Bestände sorgt. Zusätzlich können neue Saatguterntebestände identifiziert werden, die in den jeweiligen Verwendungszonen eine bessere Anpassung versprechen.

Genressourcen-Management bei seltenen Baumarten

Aufgrund des Klimawandels sind vermehrt auch Baumarten von Interesse, die bislang nur geringe Flächenanteile einnehmen (z. B. Elsbeere, Speierling, Vogelkirsche, Feldulme, Schwarzpappel, Feldahorn). Viele dieser Baumarten tragen



Vegetative Vermehrung des seltenen Speierlings (*Sorbus domestica*) durch Veredelung für die Anlage einer Samenplantage zur Produktion von genetisch vielfältigem Vermehrungsgut Foto: NW-FVA

Anpassungspotenziale heimischer Baumarten



Bestäubung, Fruktifikation und Saatguterte in einer Samenplantage der Elsbeere

Fotos: NW-FVA

nicht nur zur Erhöhung der Biodiversität und damit Stabilität unserer Wälder bei, sie sind im Vergleich zu den gegenwärtigen wirtschaftlichen Hauptbaumarten auch vergleichsweise tolerant gegenüber Dürre- und Hitzeperioden.

Allerdings sind geeignete Habitate für viele dieser Arten in den letzten Jahrhunderten stark dezimiert worden. Die übriggebliebenen Reliktorkommen sind meist geprägt durch geringe Populationsgrößen, ungünstige Altersstrukturen (fehlende Verjüngung), Hybridisierung mit Kultursorten bzw. fremdländischen Arten und – in der Folge – deutlichen Verlusten an genetischer Vielfalt. Ferner unterliegen viele dieser Arten nicht dem Forstvermehrungsgutgesetz. Daher besteht zusätzlich die Gefahr, dass durch Einbringung ungeeigneten Pflanzguts aufgrund fehlender rechtlicher Bestimmungen auch noch lokale genetische Strukturen und Anpassungsmuster verloren gehen.

Die Erhaltungsfähigkeit „in situ“ (im Lebensraum) ist in vielen Fällen nicht mehr gegeben, sodass wir meist auf künstliche Anreicherung durch Pflanzung angewiesen sind. Auch kann der steigende Bedarf an hochwertigem Vermehrungsgut für die Einbringung in forstliche Ökosysteme nicht aus ihren ursprünglichen Lebensräumen gedeckt werden. Deshalb werden spezielle Samenplantagen eingerichtet, die der Arterhaltung aber auch der Produktion von angepasstem, genetisch vielfältigem Vermehrungsgut dienen. Samenplantagen bieten sowohl ökologisch-genetische als auch ökonomische Vorteile:

- Schaffung effektiv großer Reproduktionseinheiten (genetische Vielfalt).
- Rekonstruktion der genetischen Ausstattung einer Region (Anpassungsmuster).
- Sicherstellung der Artreinheit (z. B. Wildapfel, Wildbirne, Vogelkirsche, Schwarzpappel).

Fazit

Trotz umfangreicher Schäden in der jüngsten Vergangenheit ist das vorhandene genetische Potenzial bei heimischen Baumarten sehr groß und kann für notwendige Anpassungsprozesse genutzt werden. Die Berücksichtigung genetischer Aspekte kann sowohl bei der Naturverjüngung als auch bei der Saatgutgewinnung zu einer Erhöhung der genetischen Vielfalt und damit Anpassungsfähigkeit führen. Mit der Auswahl von Herkünften, die bereits Anpassungen an bestimmte Umweltbedingungen durchlaufen haben, können Anpassungsprozesse zudem unterstützt werden.

DNA-Analysen werden routinemäßig eingesetzt, um Parameter der allgemeinen genetischen Variabilität als Voraussetzung für die Anpassungsfähigkeit zu bestimmen. Diese dienen u. a. als Basis für Erhaltungsmaßnahmen (z. B. Aufbau von Samenplantagen) oder zur Beurteilung der Auswirkungen verschiedener Durchforstungs- und Verjüngungsverfahren. Außerdem können genetische Marker in Zertifizierungssystemen zur Identitätskontrolle und Herkunftsüberprüfung eingesetzt werden und so einen wichtigen Beitrag zum Qualitätsmanagement beim Vermehrungsgut leisten.

Literatur

- Fussi B, Kunz M, Tröber U, Leinemann L, Kätzel R, Eusemann P, Liesebach H, Becker F, Kuchma O, Kersten B, Voth W, Karopka M, Höltken AM, Havel S, Rose B, Wolf H, Kahlert K, Hosius B (2021): GENMON – Einrichtung eines genetischen Monitorings für Buche und Fichte in Deutschland zur Bewertung der genetischen Anpassungsfähigkeit der Baumarten gegenüber Umweltveränderungen. Schlussbericht zum Waldklimafond-Vorhaben der Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe (FNR).
- Höltken AM, Hennig A, Kleinschmit J, Arndt HJ, Steiner W (2017): Erhaltung und Produktion gebietseigener genetischer Vielfalt in Ex-situ-Populationen: Umsetzung der Ergebnisse aus DNA-Studien am Wildapfel (*Malus sylvestris* (L.) Mill.). *Naturschutz und Landschaftsplanung* 49: 126-134
- Höltken AM, Eusemann P, Kersten B, Liesebach H, Kahlert K, Karopka M, Kätzel R, Kuchma O, Leinemann L, Rose B, Tröber U, Wolf H, Voth W, Kunz M, Fussi B (2020): Das Verbundprojekt GENMON: Einrichtung eines genetischen Langzeit-Monitorings in Buchenbeständen (*Fagus sylvatica* L.). In: Liesebach M. (ed.) *Forstpflanzenzüchtung für die Praxis* : 6. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 16.-18. Sept. 2019 in Dresden: Tagungsband, Braunschweig, Johann Heinrich von Thünen-Institut. Thünen-Report 76, S 230-245
- Kätzel R, Becker F, Kanter G, Hlawati N, Löffler S (2019): Herkunftsversuche als Bewährungsprobe bei Witterungsextremen: Südosteuropäische Herkünfte der Trauben-Eiche (*Quercus petraea* MATT. LIEBL.) in Brandenburg – Eine erste Auswertung. In: Die Auswirkungen des Dürrejahres 2018 auf den Wald in Brandenburg. Eberswalder Forstliche Schriftenreihe Band 67. 115 S
- Leuschner C, Backes K, Hertel D, Schipka F, Schmitt U, Terborg O, Runge M (2001): Drought response at leaf, stem and fine root levels of competitive *Fagus sylvatica* L. and *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. *Trees in dry and wet years. Forest Ecology and Management* 149(1-3): 33-46
- Mette T, Dolos K, Meinardus C, Bräuning A, Reineking B, Blaschke M, Pretzsch H, Beierkuhnlein C, Gohlke A, Wellstein C (2013): Climatic turning point for beech and oak under climate change in central Europe. *Ecosphere* 4(12): 1-19
- Pfenninger M, Reuss F, Kiebler A, Schönnenbeck P, Caliendo C, Gerber S, Cocchiariaro B, Reuter S, Blüthgen N, Mody K, Mishra B, Bálint M, Thines M, Feldmeyer B (2021): Genomic basis for drought resistance in European beech forests threatened by climate change. *eLife* 2021: 10:e65532.