

Kurzfassung zum

## **Modell- und Demonstrationsvorhaben im Bereich Biologische Vielfalt: „Etablierung einer Standardmethode zur genetisch nachhaltigen Ernte von forstlichem Vermehrungsgut in zugelassenen Saatgutbeständen“**

### **Projektdurchführende:**

Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht  
Landesbetriebs Forst Brandenburg, Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde  
Landesbetrieb Wald und Holz NRW  
Universität Hamburg  
Thünen-Institut, Institut für Forstgenetik

### **Das Projekt**

Mit Hilfe von genetischen Inventuren wird am Beispiel dreier Baumarten (*Prunus avium* (Vogel-Kirsche), *Quercus robur* (Stiel-Eiche) und *Quercus petraea* (Trauben-Eiche)) demonstriert, in welchem Umfang die genetische Zusammensetzung und genetische Vielfalt des geernteten Vermehrungsgutes derjenigen des Ausgangsbestandes entspricht und ob bzw. wie sich die genetische Zusammensetzung des gewonnenen Saatgutes in Abhängigkeit von Baumzahl und Baumverteilung ändert. Darüber hinaus wird das geerntete Vermehrungsgut in zwei Forstbaumschulen einzelbaumweise angezogen, um die Angepasstheit, Qualität und genetische Zusammensetzung der Sämlingspopulationen in Abhängigkeit von der Anzahl an beernteten Bäumen zu beurteilen. Unter Berücksichtigung der jeweiligen Bestandesstruktur, der Blühphänologie, der Blühintensität sowie der Fruktifikationsstärke und Pollenverbreitung und der Daten der genetischen Charakterisierung der einzelnen Baumindividuen wird mittels Simulationsstudien die Übertragbarkeit auf andere Bestände derselben Baumart evaluiert.

### **Die Projektergebnisse**

#### **Räumlich genetische Strukturen**

Sowohl bei *Prunus avium* als auch bei *Quercus robur* bzw. *Quercus petraea* ist eine räumliche genetische Struktur bis zu einer Entfernung von 50 – 100 m festzustellen: räumlich benachbarte Bäume sind genetisch ähnlicher als es per Zufall zu erwarten wäre. Diese genetischen Strukturen sind bei der Vogel-Kirsche ausgeprägter als bei den Eichen. Ein wesentlicher Grund für die Herausbildung der räumlich genetischen Struktur dürften für beide Baumarten Paarungen zwischen verwandten Individuen in vorhergehenden Generationen und eine räumlich begrenzte Samenverbreitung sein. So bilden sich im Laufe der Zeit in naturverjüngten Beständen Familienstrukturen heraus. Bei der Vogel-Kirsche kommt verstärkend noch die ausgeprägte Neigung zur vegetativen Vermehrung durch Wurzelbrut hinzu. Dabei können sich teilweise sehr große (bis zu über 50 m Radius umfassende) Klongruppen herausbilden. Innerhalb einer Klongruppe sind alle Individuen genetisch identisch. Für eine genetisch nachhaltige Saatguternte sind solche räumlichen genetischen Strukturen und insbesondere Klongruppen kritisch zu sehen. Wird Saatgut von verwandten oder gar genetisch identischen Individuen geerntet, dann ist das Saatgut genetisch weniger variabel als man es bei Saatgut nicht verwandter Individuen erwarten würde. Durch die Einhaltung von Mindestabständen zwischen Erntebäumen kann dieser Effekt deutlich eingegrenzt werden.

## **Genetische Unterschiede zwischen Altbäumen, Samen und Sämlingen desselben und verschiedener Bestände**

Die genetischen Unterschiede zwischen verschiedenen Beständen sind deutlich größer als die genetischen Unterschiede verschiedener Entwicklungsstadien (Altbäume, Samen, Sämlinge) desselben Bestandes. Innerhalb jedes Bestandes sind die genetischen Abstände zwischen Samen und Sämlingen zu den Altbäumen deutlich größer als die genetischen Unterschiede zwischen Samen und hieraus angezogenen Sämlingen. Die entscheidenden Weichen für die genetische Struktur im Pflanzgut werden somit offensichtlich bei der Saatguternte gestellt. Die späteren Einflüsse bei der Pflanzenanzucht sind weitaus geringer zu werten.

## **Anzahl Samenbäume und genetische Zusammensetzung des Saatgutes**

Eine genetisch nachhaltige Saatguternte zeichnet sich dadurch aus, dass es möglichst geringe genetische Unterschiede (genetischer Abstand) zwischen dem Saatgut und den Altbäumen des Erntebestandes gibt und dass sich im Saatgut eine hohe genetische Vielfalt (effektive Anzahl Allele, Anzahl Genotypen) widerspiegelt. Sowohl für *Prunus avium* als auch für *Quercus robur* bzw. *Quercus petraea* konnte sowohl anhand der real genetisch untersuchten Samen als auch mit den Simulationsstudien gezeigt werden, dass mit zunehmender Anzahl beernteter Samenbäume die genetische Diversität des Saatgutes steigt und die genetische Ähnlichkeit des Saatgutes mit den Altbäumen zunimmt. Der exponentielle Zusammenhang bedingt, dass ab einem Schwellenwert zusätzliche Samenbäume nur noch einen geringen Effekt haben. Bei den Kirschen wird dieser Schwellenwert bei 25 Saatgutbäumen erreicht, bei den Eichen sind hierfür zwischen 30 und 40 Saatgutbäume erforderlich. Der höhere Fremdpolleneintrag bei den Eichen bedingt die höheren Werte.

## **Räumliche Verteilung der Samenbäume und genetische Zusammensetzung des Saatgutes**

Bei *Prunus avium* (Klonbildung) führen Simulationen mit unterschiedlichen Szenarien der räumlichen Verteilung der Erntebäume zu Unterschieden in der genetischen Zusammensetzung des Saatgutes. Bei den Eichen sind solche Auswirkungen der räumlichen Anordnung der Erntebäume kaum nachzuweisen. Die Vaterschaftsanalysen weisen sowohl für die Vogel-Kirsche als auch für die Eichenbestände eindeutig überproportional viele Bestäubungen in den geringeren Entfernungsklassen auf. Je begrenzter die Pollenverbreitung in einem Bestand ist und je ausgeprägter Klon- bzw. Familienstrukturen sind, umso kritischer ist die Saatguternte von benachbarten Bäumen. In kleineren Beständen (<10 ha) wird daher ein Mindestabstand von 20 m zwischen den Samenbäumen und in größeren Beständen (>10 ha) ein Mindestabstand von 50 m zwischen den Saatgutbäumen empfohlen. Falls die Baumkronen stark überlappen, muss dieser Mindestabstand entsprechend erhöht werden. Indes sprechen die geringen Unterschiede zwischen den Einzelbaumabsaaten dafür, dass die Auswahl bestimmter Bäume im Bestand von geringer Bedeutung ist.

## **Pollenverbreitung**

Sowohl bei der Vogel-Kirsche als auch bei den Eichen ist eine Pollenverbreitung nachzuweisen, bei der benachbarte Bäume überproportional häufig an Bestäubungen beteiligt sind. Der Anteil der Vollgeschwister bei den Samen von *Quercus robur* bzw. *Quercus petraea* schwankt zwischen 0 und 5 %, der Anteil der Verwandtenpaarung liegt bei ca. 15 %. Bei *Prunus avium* findet auf Grund eines Selbstinkompatibilitäts-Lokus keine Selbstung statt. Der Anteil erfolgreicher Pollen von außerhalb des Bestandes lag bei der Vogel-Kirsche zwischen 8 % und 25 % bzw. bei den Eichen zwischen 17 % und 42%. Dieser „externe“

Pollen steigert zwar die Diversität im Saatgut, er verringert jedoch die genetische Ähnlichkeit zwischen den Altbäumen des Saatgutbestandes und deren Nachkommen. Bei den anemogamen monözischen Eichen konnte über Vaterschaftsanalysen eine effektive Pollenverbreitung von über 400 m nachgewiesen werden.

### **Saatgut-Qualitätsprüfung und Auflaufferfolg in der Baumschule**

Die Ergebnisse der Saatgutprüfung (Tetrazoliumstest) korrelieren nur sehr schwach mit den realen Auflaufprozenten in den Baumschulen.

**Nach Abschluss dieses Modell- und Demonstrationsvorhabens steht nun eine Methode zur Verfügung mit der für sämtliche Waldbaumarten die Ermittlung der Mindestfläche und Mindestbaumzahl sowie der Mindestzahlen zu beerntender Bäume für eine genetisch nachhaltige Forstsaatguternte erfolgen kann.**