

Projektkonsortium

Bayerisches Amt für
Waldgenetik



Forstliche Versuchs- und
Forschungsanstalt Freiburg



Landeskompetenzzentrum
Forst Eberswalde



Landesforst Mecklenburg-
Vorpommern



Nordwestdeutsche Forstliche
Versuchsanstalt



Forschungsanstalt für Wald-
ökologie und Forstwirtschaft
Rheinland Pfalz



Staatsbetrieb Sachsenforst,
Kompetenzzentrum Wald und
Forstwirtschaft



Thüringen Forst, Forstliches
Forschungs- und Kompetenzzentrum Gotha



Firma ISOGEN



Thünen-Institut für Forst-
genetik



Projektleitung

Bayerisches Amt für Waldgenetik

Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf

Telefon: 08666 - 9883-0 eMail: poststelle@awg.bayern.de

Telefax: 08666 - 9883-30 Internet: www.awg.bayern.de

Förderung

Das Verbundprojekt wird gefördert durch das Bundeslandwirtschafts- (BMEL) und das Bundesumweltministerium (BMUB) im Rahmen des Waldklimafonds über die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR).

Gefördert durch:



aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages

Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V.

Weitere Informationen

<http://www.gen-mon.de>

PROJEKT BLOG PARTNER BAUMARTEN MONITORINGFLÄCHEN ERGEBNISSE KONTAKTE

GENETISCHES MONITORING FÜR RÖTBUCHE UND FICHTE IN DEUTSCHLAND

FLÄCHENRICHTUNG
AUFNAHMEPARAMETER
ALSWERTUNGEN
GENETISCHE ANALYSEN

Bei den Rotbucheblößen 14 Versuchsflecken des genetischen Monitoringprojekts. Von diesen Flächen sind über Waldklimastationen (PKS) die internationalen forstlichen Dauerbeobachtungsnetz (Level II - Flächen) eingebunden. Die MWS befinden sich jeweils auf einer geordneten Fläche von 50 x 50 Metern. Sie sind identisch mit der GenMon-Kartografie. Auf den weiteren Monitoringflächen werden Klimaparameter über Dauerlogger erhoben.
Alle Flächen befinden sich im Staatswald. 13 Buchenbestände sind aus naturreicher Verjüngung hervorgegangen. Die Hitzelzone wurde mit der Auswahl von Flächen aus niedrigeren Lagen (z. B. 75 m) bis in die höheren Lagen der Alpen (über 1.000 m) berücksichtigt. Kombination mit der Lage der Bestände in unterschiedlichen Herkunftsgeländen und auf unterschiedlichen Standorten in Deutschland ermöglicht eine gute Repräsentativität der Fläche in Deutschland gegeben.

Bei der Fichte umfasst das genetische Monitoringnetz 10 Versuchsflecken, die 2017 neu eingerichtet wurden. Es wurden sowohl bewirtschaftete (z. B. Saugpaumenbestände) als auch unrenovierte Wälder (Reinwälder, Neuanpflanzungen, Waldklimastation) in das Beobachtungsnetz eingebunden. Zwei Flächen sind in das Level II Dauerbeobachtungsnetz integriert. Auf weiteren Flächen werden Klimaparameter über Dauerlogger erhoben. Alle Flächen liegen im Staatswald. Sie sind sowohl aus naturreicher Verjüngung, als auch aus Pflanzung hervorgegangen. Die Hitzelzone wurde mit der Auswahl von Flächen aus Teillagen (z. B. 10 m über Meeresspiegel bis zu hochmontanen Standorten des Harzes und der Alpen (z. B. 1.100 m) berücksichtigt. Die Versuchsflecken repräsentieren die breite Standortspannweite dieser Baumart. Das Monitoring soll Rückblicke auf Verlust, Konkurrenz und Zukunftsfähigkeit dieser klimastabilen Baumart ermöglichen.

Bayerisches Amt für
Waldgenetik



Gen Mon

Entwicklung eines genetischen Monitorings für Rotbuche und Fichte in Deutschland

BAYERISCHE
FORSTVERWALTUNG

IdeenReich.Wald

Warum genetisches Monitoring?

Die genetische Vielfalt spielt für die Anpassung und das Überleben von Baumarten unter sich ändernden Umweltbedingungen eine große Rolle. Sie ist das Fundament für die langfristige Stabilität und Produktivität von Waldbeständen. Im Klimawandel wird ein häufigeres Auftreten von Extremereignissen wie z. B. Stürmen, Unwetter, Trockenheit und Spätfrösten erwartet. Diese Störungen haben Einfluss auf das Blüh- und Fruktifikationsverhalten der Wälder. So können auf lange Zeit fortwährende Selektionseffekte über die Waldverjüngung zu einer genetischen Veränderung führen. Im genetischen Monitoring werden diese kaum sichtbaren äußeren Veränderungen in der genetischen Ausstattung von Waldbeständen durch wiederkehrende und vergleichende Untersuchungen an unterschiedlichen Baumgenerationen erkennbar. Genetisches Monitoring fungiert somit als Frühwarnsystem für später eintretende Veränderungen in der Vitalität von Waldbaumpopulationen.



Phänologischer Parameter - Blühintensität bei der Fichte

Laufzeit

1. Juni 2016 – 31. März 2020

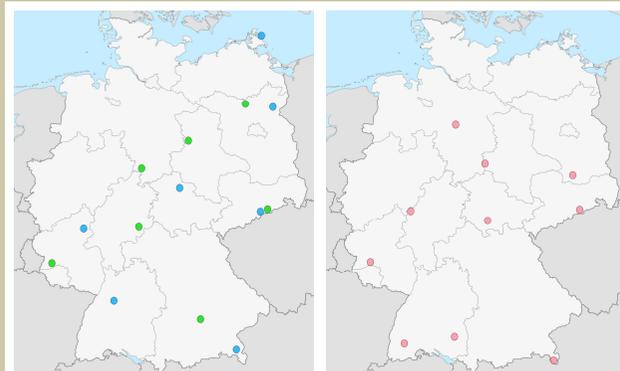
Projektziel

Erstmalige Einrichtung eines deutschlandweiten Monitoringnetzes für zwei der wichtigsten Wirtschaftsbaumarten unserer Waldökosysteme: die Rotbuche (*Fagus sylvatica*) und die Gemeine Fichte (*Picea abies*). Auf den Monitoringflächen werden der gegenwärtige Zustand der genetischen Variation und des genetischen Systems sowie die räumlichen und zeitlichen Veränderungen nach einem einheitlichen Verfahren beobachtet.

Erhebungen im Rahmen des genetischen Monitorings

- Erfassung der Bäume, die potentiell reproduzieren können, ihrer Vitalität, Wuchsleistung und soziologischen Stellung
- Beobachtungen des Austriebsverhaltens, der Blüh- und Fruktifikationsintensität sowie der Vitalität über Merkmale der Kronenstruktur
- Bewertung der Saatgutqualität
- Genetische Untersuchungen an Altbäumen, Verjüngung und Samen

Ausgewählte Monitoring-Flächen



Buche (*Fagus sylvatica*)

● Flächen eingerichtet 2006 – 2010

● Flächen eingerichtet 2016

Fichte (*Picea abies*)

● Flächen eingerichtet 2017

Bei der Buche bilden deutschlandweit 14 Flächen das Monitoringnetz. Einige Flächen davon sind bereits für eine Vorstudie eingerichtet worden (grüne Punkte).

Bei der Fichte wurden deutschlandweit 10 Monitoringflächen eingerichtet.

Wissenschaftlicher Hintergrund

Das genetische System wird durch die Prozesse Drift, Selektion, Migration und das Paarungssystem beeinflusst, die die genetische Struktur einer Population verändern. Über ausgewählte Indikatoren und Verifikatoren kann die Funktionsweise und ihre räumliche und zeitliche Variation beobachtet werden.

Indikatoren	Verifikatoren
Genetische Variation	Allelhäufigkeiten; genetische Diversität, Anzahl potentieller Eltern
Änderungen in der genetischen Struktur	Genetischer Abstand zwischen Kohorten, Phänotypische Unterschiede
Änderungen im Paarungssystem	Fremdbefruchtungsrate, Anzahl der effektiven Pollenspender
Migration	Isolierung, Pollen- und Samenverteilung, Familienstrukturen



Phänologischer Parameter - individueller Blattaustrieb bei der Buche