

Bewertung der genetischen Anpassungsfähigkeit von Buche und Fichte im Klimawandel

Marco KUNZ, Heike LIESEBACH, Pascal EUSEMANN, Frank BECKER, Barbara FUSSI

Seit 2016 wurde in Deutschland zum ersten Mal ein flächendeckendes Netz etabliert, in dem genetisches Monitoring für die Baumarten Buche (*Fagus sylvatica*) und Fichte (*Picea abies*) stattfindet. Für die ausgewählten Populationen werden der Istzustand sowie die Veränderungen der genetischen Parameter (Struktur, Vielfalt, Diversität) und der phänologischen Merkmale nach einheitlichen Verfahren beobachtet. Das genetische Monitoring soll als ein Frühwarnsystem für mögliche Auswirkungen des Klimawandels auf die Stabilität und Vitalität der Waldbestände genutzt werden.

Auf jeder Monitoringfläche wurden mindestens 250 Altbäumen, 400 Verjüngungspflanzen und 400 Samen (von 20 Altbäumen) auf einer Fläche mit der Größe von einem Hektar beprobt und genetisch analysiert. Die genetischen Analysen werden von vier Laboren durchgeführt. In gemeinsamen Ringtests wurden 17 Marker für die Buche und 16 Marker für die Fichte ausgewählt. An 20 Beobachtungsbäumen und 80 Verjüngungspflanzen wird jährlich der Austriebsverlauf bonitiert. Des Weiteren werden jährlich die Blühintensität, die Fruktifikation und die Vitalität erfasst. Für die phänologischen Auswertungen werden stündliche Wetterdaten aufgezeichnet. In regelmäßigen Abständen wird das Saatgut der Bestände geprüft.

Die Datensätze können in einer speziell entwickelten Datenbank gespeichert, verwaltet und abgefragt werden.

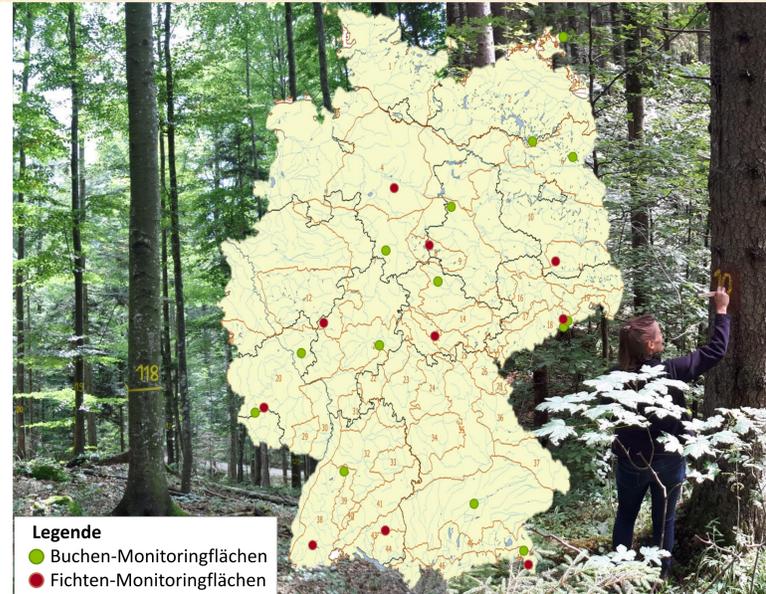


Abb. 1: Das Beobachtungsnetz umfasst 14 Monitoringflächen für Buche und 10 für Fichte.

Phänologische Beobachtungen

Für den bayerischen Fichtenbestand DE-BY3-PAB wurde über zwei Jahre der Austriebsverlauf an Altbäumen und Nachkommenschaften beobachtet.

Die Gegenüberstellung der Beobachtungsjahre 2017 und 2018 lassen erkennen, dass das Austriebsverhalten in der Fichtenverjüngung genetisch gesteuert wird. Sichtbar wird dies im Vergleich der phänologischen Indizes.

Die Frühtreiber (niedrige PI-Summenwerte) und die Spätreiber (hohe PI-Summenwerte) unterscheiden sich im Austriebsverlauf nur sehr gering zwischen beiden Jahren. Der Austriebsbeginn kann im Hinblick auf das Anwuchsverhalten und die Gefährdung durch Spätfröste ein entscheidendes Selektionskriterium darstellen. Der nachhaltige Vegetationsbeginn wird über die Grünlandtemperatursumme (GTS) prognostiziert. Er ist erreicht, wenn die aufsummierten positiven Tagesmittelwerte einen Summenwert von 200 °C erreicht haben. In dem hochmontanen Fichtenbestand bei Ramsau wurde dieser Wert im Jahr 2018 am 17. April (Tag 108) erreicht. Beginn und Ende des Austriebs lagen in 2018 ca. zwei Wochen früher als in 2017. In Abb. 2 werden die nach Beobachtungstagen gestaffelten Austriebsverlaufskurven an den gleichen Pflanzen für die Jahre 2017 und 2018 dargestellt.

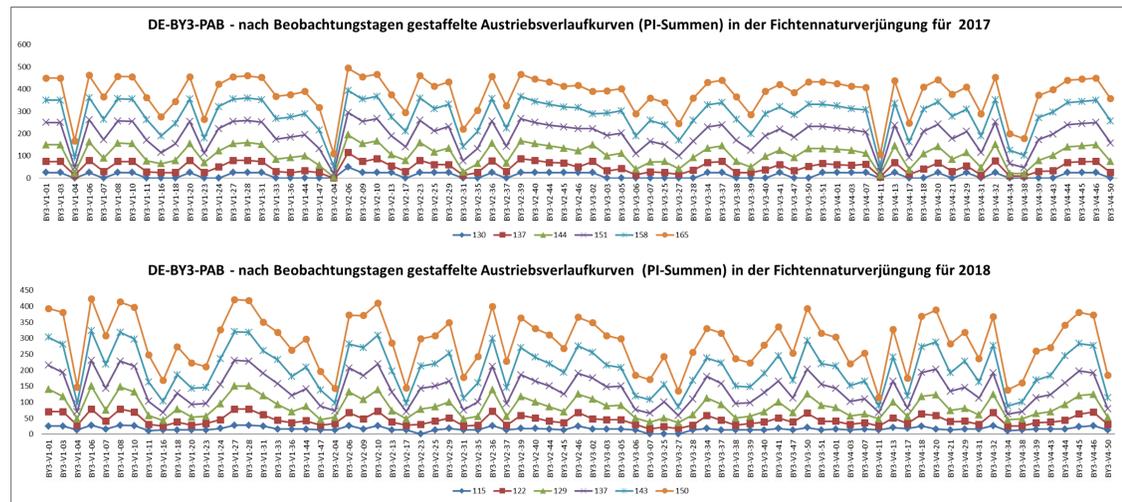


Abb. 2: Nach Beobachtungstagen gestaffelte Austriebsverlaufskurven (Phänologischen Indizes (PI)) in der Fichtennaturverjüngung für 2017 und 2018).

Genetische Analysen

Für die zwei bayerischen Buchenmonitoringbestände (DE-BY1-FSY und DE-BY2-FSY) liegen erste genetische Auswertungen vor.

Für die beiden Bestände wurden mit der Software GenAIEX unterschiedliche genetische Parameter ermittelt (allelische Vielfalt, effektive Allele, private Allele, Heterozygotie): Die genetische Vielfalt der Elterngeneration wurde in beiden Beständen fast vollständig auf die Nachkommen übertragen. Es herrscht ein intakter Genfluss. Außerdem gibt es einen Genfluss von außerhalb des Bestandes. Dies wird über die höhere Anzahl der privaten Allele sichtbar. Das sind Allele, die bei den Elternbäumen im Bestand nicht vorkommen. Die Zunahme der genetischen Diversität bei der Naturverjüngung auf der Fläche BY1 im Vergleich zum Saatgut kann damit erklärt werden, dass diese Pflanzen die Nachkommen mehrerer Samenjahre sind.

Es werden genetische Auswertungen, Simulationsstudien und Modellierungen unter Anwendung verschiedener Softwarepakete (z.B. EcoGene, CERVUS, GDANT, COLONY) durchgeführt. Neben qualifizierten Aussagen über den Genfluss innerhalb und zwischen Populationen soll u.a. auch eine Markerentwicklung und -validierung für das Merkmal Austrieb bei der Baumart Buche stattfinden. Die Dynamik des genetischen Systems und die damit verbundenen Prozesse lassen sich langfristig bewerten.

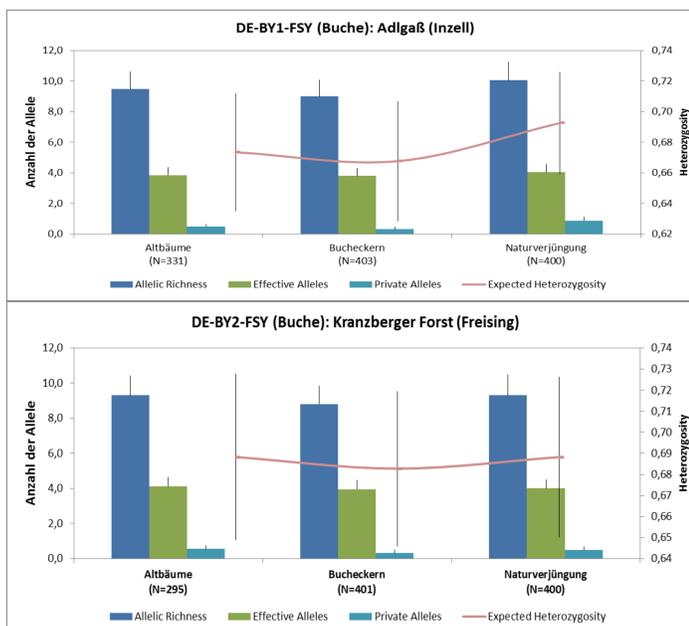


Abb. 3: Darstellung genetischer Diversitätsparameter für 2 Buchenmonitoringflächen.



Abb. 4: Sichtbare Unterschiede im Austriebsverhalten von Buchenkronen.

Monitoringfläche	DE-BY1-FSY	DE-BY2-FSY
Versuchsstandort	Adlgaß	Kranzberger Forst
Eltern	331	295
Samen	403	401
Naturverjüngung (Gesamtfläche)	200	200
Naturverjüngung (in 4 Kegeln)	200	200
Probenanzahl	1134	1096
Marker	16	16
fehlende Daten	0,050%	0,114%

Abb. 5: Übersicht über die genotypisierten Proben der bayerischen Buchenmonitoringflächen.