

**Sachbereich: Erhaltung von Waldgenressourcen / genetische Untersuchungen
(Conservation of forest gene resources / genetic studies)**

Abgeschlossene Vorhaben



Projekt: „Genetische Untersuchungen an zwei in Luxemburg und Rheinland-Pfalz gelegenen, von holzbrütenden Insekten befallenen Buchenbeständen“
(Genetic studies on two European beech (*Fagus sylvatica*) stands located in Luxembourg and Rhineland-Palatinate and damaged by xylobiont insects)

zum Hintergrund und zum abschließenden Stand des Gesamtprojekts, vgl. hierzu auch den Beitrag der Abt. C „Untersuchungen zum Befall von holzbrütenden Insekten“
(for background information and the concluding status of the overall project, cf. contribution of Dept. C “Project: Research on damage in beech stands by xylobiont insects)

Im Rahmen des Interreg IIIA-DeLux-Projekts „Entwicklung von Strategien zur Sicherung von Buchenwäldern“ wurden an zwei als Modellbestände ausgewiesenen Buchenbeständen in der von der „neuartigen Buchenkomplexkrankheit“ betroffenen Schadregion in Luxemburg und Rheinland-Pfalz begleitende genetische Untersuchungen durchgeführt. Bei den für diese Studien ausgewählten Buchen-Altbeständen handelt es sich in Luxemburg um die Abt. 35/36 im FR Perlé (Gemeindewald Rambrouch) im FA Wiltz sowie auf rheinland-pfälzischer Seite um die Abt. 147 a¹ im FR Klink (Staatswald) im FA Saarburg. Ziel dieser Untersuchungen war zum einen die genetische Charakterisierung dieser beider Buchenbestände, zum anderen sollte nach möglichen Unterschieden auf der genetischen Ebene bei geschädigten und nicht geschädigten Bäumen gesucht werden.

Für die genetische Charakterisierung der beiden Buchenbestände wurden die nachfolgenden Enzymsysteme mit insgesamt elf Isoenzym-Genmarkern [in Klammern] eingesetzt: Aspartat

Aminotransferase (EC.2.6.1.1) [AAT-B]; Isocitrat Dehydrogenase (EC.1.1.1.42) [IDH-A]; Leucaminopeptidase (EC.3.4.11.1) [LAP-A]; Malat Dehydrogenase (EC.1.1.1.37) [MDH-A, MDH-B und MDH-C]; Menadionreduktase (EC.1.6.99.2) [MNR-A]; 6-Phosphogluconat Dehydrogenase (EC.1.1.1.44) [6PGDH-A]; Phosphoglucose Isomerase (EC.5.3.1.9) [PGI-A]; Phosphoglucomutase (EC.2.7.5.1) [PGM-A] sowie Shikimat Dehydrogenase (EC.1.1.1.25) [SKDH-A].

Auf der Basis dieser 11 Genmarker und den abgeleiteten populationsgenetischen Parametern ähneln sich die beiden Modellbestände in ihrer genetischen Strukturierung sehr stark. Im Vergleich zu anderen Buchenpopulationen in Rheinland-Pfalz und Nordrhein-Westfalen weisen beide zudem keinerlei ausgeprägten genetischen Besonderheiten auf wie etwa Häufung bestimmter Genotypen oder Vorkommen von spezifischen seltenen Allelen.

Zur möglichen genetischen Unterscheidbarkeit von erkrankten und gesunden Bäumen wurde ein erstes Screening mit ausgewählten, universell ver-

wendbaren AFLP-Genmarkern durchgeführt. „Amplifizierte Fragment-Längen-Polymorphismen“ stellen eine Gruppe neuerer DNA-Genmarker dar, mit denen sich in großer Anzahl innerhalb einer Species identische bzw. nichtidentische Strukturen an denselben Genorten von Individuen mittels elektrophoretischer Trennverfahren gleichzeitig bestimmen lassen. Zudem werden bei diesem molekulargenetischen Verfahren auch nicht-kodierende Bereiche des Genoms erfasst.

Für diese Studie waren aus dem Modellbestand im FR Klink jeweils acht zum Zeitpunkt der Probenahme äußerlich gesund erscheinende bzw. absterbende Individuen ausgewählt worden.

Mit den erhaltenen Befunden dieses Überprüfungsansatzes konnten soweit keine Hinweise auf eine schadbefallsspezifische Differenzierung genetischer Strukturen erhalten werden.

Vermittels eines genetischen Begleitmonitoring ist vorgesehen, die Schadensentwicklung in den beiden Modellbeständen zukünftig weiter zu verfolgen.

Diese Studie wurde beim Abschlusskolloquium des Interreg IIIA DeLux-Projektes am 16./17.11.2005 in Luxemburg vorgestellt. Details der Untersuchung können dem Beitrag von W.D. MAURER „Genetische Begleituntersuchungen an ausgewählten Buchenbeständen in Luxemburg und Rheinland-Pfalz mit der Symptomatik „Buchenkomplexkrankheit“ in den 2006 erscheinenden Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz entnommen werden.

Summary

In the framework of the Interreg IIIA-DeLux-Project „Development of strategies for securing European beech forests“ first genetic studies were carried out in two mature European beech (*Fagus sylvatica*) stands designated model stands

in the region that became damaged by the “novel beech complex disease” in Luxembourg and Rhineland-Palatinate. The selected model stands comprise the compartment 35/36 in the forest compartment Perlé (communal forest Rambrouch) in the forest district Wiltz of Luxemburg and compartment 147 a¹ in the forest compartment Klink (state forest), forest district Saarburg in Rhineland-Palatinate.

The purpose of this study aimed for one thing to genetically characterize these two beech stands, and for another thing to search for probable differences on the genetic level for damaged and undamaged trees.

For the genetic characterization of the two beech stands, the following enzyme systems with a total of eleven isozyme gene markers were analyzed: aspartate aminotransferase (EC.2.6.1.1) [AAT-B]; isocitrate dehydrogenase (EC.1.1.1.42) [IDH-A]; leucine amino-peptidase (EC.3.4.11.1) [LAP-A]; malate dehydrogenase (EC.1.1.1.37) [MDH-A, MDH-B, MDH-C]; menadione reductase (EC.1.6.99.2) [MNR-A]; 6-phosphogluconate dehydrogenase (EC.1.1.1.44) [6PGDH-A]; phosphoglucose isomerase (EC.5.3.1.9) [PGI-A]; phosphoglucose mutase (EC.2.7.5.1) [PGM-A], and shikimate dehydrogenase (EC.1.1.1.25) [SKDH-A].

Based on the given gene markers, the deduced genotypes and general populational-genetic parameters reveal that the two model stands appear to be very similar with regard to their individual genetic structuration.

Moreover, no pronounced genetic peculiarities, like accumulated distinct genotypes or the presence of specific rare alleles, become evident when comparing the two stands to different other beech populations in Rhineland-Palatinate and North Rhine-Westphalia.

In order to detect any indications for a hypothesized genetic differentiation between damaged and

healthy trees, a first screening was carried out by applying selected universally applicable AFLP markers.

Amplified Fragment Length Polymorphisms represent a group of recently developed DNA gene markers that turned out, by applying electrophoretical separation techniques, to be useful for the intraspecific identification of identical and/or non-identical structures at the very same gene loci of individuals. Moreover, this molecular-genetic procedures also includes noncoding sequences of the genome.

For this study each eight sample trees were selected in the model stand in the forest compartment Klink: the one collective including trees that appeared to be obviously healthy at the time of sampling, and the other collective comprising dying off trees.

The results of this screening approach obtained so far did not reveal any indication for a damage-related differentiation of genetic structures in damaged and undamaged trees.

It is intended to follow the future trend of damaging within the two model stands by a genetic monitoring.

This study was presented during the concluding colloquium of the IIIA DeLux-Project on 16./17.11.2005 in Luxemburg. Details of this research may be taken from the contribution by W.D. MAURER „*A genetic study on selected beech (Fagus sylvatica L.) stands in Luxembourg and Rhineland-Palatinate exhibiting the symptoms of the „beech complex disease“ as published in 2006 in the Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz .*



Projekt: *„Durchführung der ersten Fachtagung des neu gegründeten EUFORGEN-Netzwerks Waldbewirtschaftung“
(Organization and realization of the First Meeting of the recently established EUFORGEN Forest Management Network)*

Erhaltung und Nutzung der genetischen Diversität im Walde stellen einen Grundpfeiler der nachhaltigen und naturnahen Forstwirtschaft dar. Diese Tatsache wird oftmals in den über die nachhaltige Waldbewirtschaftung geführten Diskussionen auf nationaler, regionaler oder internationaler Ebene verkannt. Nach drei vorangegangenen Ministerkonferenzen zum Schutz der Wälder in Europa (MCPFE, ausführliche Details unter www.mcpfe.org) befasste sich im Jahr 2003 eigens die 4. Ministerkonferenz in Wien mit der außerordentlichen Wichtigkeit der Bewahrung der genetischen Vielfalt im Walde als integralem Bestandteil

der nachhaltigen Waldbewirtschaftung. Als Ergebnis wurde wegweisend die Wiener Resolution 4 ‚Schutz und Verbesserung der biologischen Vielfalt der Wälder in Europa‘ verabschiedet. Zwecks Umsetzung dieser Vorgaben beschloss der EUFORGEN-Lenkungsausschuss die Einrichtung eines neuen thematischen Netzwerks mit der Bezeichnung ‚Waldbewirtschaftung‘ für den Zeitraum 2005-2009.

EUFORGEN, das „EUropean FORest GENetic Resources Network Programme“ [Europäisches Waldgenressourcen-Netzwerkprogramm] wird vom

International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI) in Rom koordiniert. Es ist eine politisch gewollte Gemeinschaftseinrichtung zwischen den europäischen Nationen (weitere Details unter www.ipgri.cgiar.org/networks/euforgen).

Vor diesen Hintergrund trat auf Einladung der FAWF Trippstadt und organisiert durch die Abteilung Genressourcen und Forstpflanzenerzeugung das „Netzwerk Waldbewirtschaftung“ am 3.-5. November 2005 im Rahmen des ersten Arbeitstreffens mit europaweiter Beteiligung zu seiner konstituierenden Sitzung an der PfalzAkademie in Lambrecht/Pfalz zusammen.

Fachleute aus 22 Staaten aus den Bereichen der Waldökosystemforschung, der Forstpraxis und Forstpolitik diskutierten über die Vorgehensweise, wie Waldgenressourcen und Waldbewirtschaftung künftig in Europa zielgerecht „unter einen Hut“ gebracht werden können.

Mit der Einsetzung mehrerer Arbeitsgruppen soll nunmehr erarbeitet werden:

(1) die Erstellung von Konzeptionen, nach denen der Schutz von Waldgenressourcen europaweit grundsätzlich in nationale Waldprogramme aufgenommen werden sollen; (2) die Entwicklung von Handlungsanweisungen, aus denen sich Schlussfolgerungen für unterschiedliche Bewirtschaftungspraktiken auf genetischer Grundlage ergeben; (3) die Erarbeitung genetisch verträglicher Bewirtschaftungsverfahren in Zusammenarbeit mit forstlichen Entscheidungsträgern; (4) der fachliche Dialog zwischen Forstgenetikern, Waldbauern und Waldbesitzern sowie forstpolitischen Entscheidungsträgern; (5) die Methodenentwicklung zur grundsätzlichen Sicherung der genetischen Vielfalt in den Wäldern von Europa; sowie (6) eine aufklärende Öffentlichkeitsarbeit zum Wert und Nutzen der Waldgenressourcen bei der nachhaltigen Zukunftsvor- und -fürsorge für Mensch und Natur.

Begleitet wurde die Tagung mit einem Seminar mit Fachvorträgen von Forstgenetikexperten aus

mehreren deutschen forstlichen Forschungs- und Versuchsanstalten (BFH, BY, SN und RP). Zum Tagungsabschluss wurde eine von der FAWF-Abt. B geleitete Exkursion in den Pfälzerwald zur Thematik „Pfälzerwald-Eiche – vom genetisch hochwertigen Traubeneichen-Saat- und -Pflanzgut zum edlen Wertholzstamm“ sowie zur „Neophyten-Problematik“ an mächtigen Baumexemplaren der Douglasie durchgeführt.

Die detaillierte Darstellung der Tagungsinhalte ist in Englisch der Homepage des *EUFORGEN*-Netzwerkprogramms unter www.ipgri.cgiar.org/networks/euforgen/euf_home.asp zu entnehmen.

Summary

Conservation and use of forest genetic diversity is a corner stone of sustainable forest management. However, this fact often remains unrecognized while sustainable forest management is discussed at national, regional or international level. Following three preceding Ministerial Conferences on the Protection of Forests in Europe (MCPFE, for details, cf. www.mcpfe.org), in 2003 specifically the 4th Ministerial Conference in Vienna addressed, as a pioneering meeting, the enormous importance of preserving forest genetic diversity as an integral part of sustainable forest management. As a result the Vienna Resolution 4 ‘Conserving and enhancing forest biological diversity in Europe’ was passed. For realizing these terms of reference, the *EUFORGEN* Steering Committee decided to establish a new thematic network named “Forest Management Network“ to promote this integration within the period of time 2005-2009 .

EUFORGEN, “**EU**ropean **FOR**est **GEN**etic Resources Network Programme” is coordinated by the International Plant Genetic resources Institute (IPGRI) in Rome. It is a collaborative mechanism among European countries to promote conservation and sustainable use of forest genetic resources

(for further details, cf. www.ipgri.cgiar.org/networks/euforgen).

At the invitation of the Research Institute for Forest Ecology and Forestry of Rhineland-Palatinate (organized by the FAWF-Dept. Gene Resources and Forest Plant Production), the Network "Forest Management" held its first and constitutive meeting, against the background of these requirements, on 3.-5. November 2005 at the venue PfalzAkademie in Lambrecht.

Experts for forest ecosystem research, forest practice and forest politics from 22 European states discussed the way how to reconcile efficiently in future forest genetic resources and forest management in Europe .

By implementing several working groups it is intended to elaborate

(1) conceptions that categorically allow the integration of protecting forest gene resources in national forest programs all over Europe; (2) directives including consequences for different management practises on the genetic base; (3) genetically compatible management procedures in cooperation with forestry decision makers; (4) the expert dialog between forest geneticists, silviculturists, and forest owners as well as forest policy decision-makers; (5) methods contributing to the general protection of genetic diversity in the forests of Europe; and last but not least (6) efficient strategies for disseminating to the public reliable and comprehensible information on the value and

benefit of the forest genetic resources in the context of sustainable care for man and nature in the future.

A concomitant seminar including lectures of experts in forest genetics from several German Forest Research Institutes (BFH, Bavaria, Saxony, and Rhineland-Palatinate) supported the meeting. The meeting was concluded by a field trip to the Palatinate Forest organized and guided by the FAWF-Dept. Gene Resources and Forest Plant Production. The excursion subject „*Palatinate Forest oak — from sessile oak seed and plant stock of genetically high quality to noble high-grade timber*“ was demonstrated by several impressive forest pictures in the forest district Johanniskreuz. The problems going along with the so-called „neophyte (invasive) plants“ were discussed next to voluminous Douglas-fir trees.

Details of the discussions and decisions made during the First Forest Management Network Meeting in Lambrecht may be taken from the homepage of the EUFORGEN network programme via www.ipgri.cgiar.org/networks/euforgen/euf_home.asp.



Projekt: „Genetische Charakterisierung des I. und II. Internationalen IUFRO-Herkunftsversuchs für Weißtanne (*Abies alba*) mit Isoenzym-Genmarkern“
(*Genetic characterization of the I. and II. international IUFRO European silver fir (*Abies alba*) provenance test by using isozyme gene markers*)

in Zusammenarbeit mit / in cooperation with ISOGEN RECKERSHAUSEN

weitere Details siehe Sachbereich Herkunfts- und Vergleichsversuche, Projekt „Neuanlage von Herkunftsversuchen: II. Internationaler IUFRO Weißtannen-Herkunftsversuch“

for further details, cf. Section Provenance and comparative tests: Project “Establishment of new provenance tests: II. International IUFRO European silver fir provenance test”

Bis weit in die 1980er Jahre hinein waren zur nacheiszeitlichen Verbreitung der Weißtanne über das heutige Verbreitungsgebiet hinweg nur geringe Kenntnisse vorhanden. Zu diesem Zeitpunkt mussten die Populationen dieser Baumart insbesondere in Mitteleuropa infolge der Schadwirkung durch atmosphärische Luftschadstoffe zudem als deutlich gefährdet angesehen werden. Als zwingend notwendig erachtet wurde daher im Rahmen der Herkunftsforschung die Untersuchung der Weißtannenpopulationen im heutigen Verbreitungsgebiet mit der Anlage von Herkunftsversuchen.

1987 wurde daher von der IUFRO-Arbeitsgruppe 1.05-16 „Ökologie und Waldbau der Weißtanne“ ein internationaler Provenienzversuch auf der Basis der damaligen politischen Gegebenheiten und eingeschränkter Möglichkeiten von Einsammlungen initiiert. Hierbei wurden auch in Rheinland-Pfalz zwei Versuchsflächen mit unterschiedlichen Standortbedingungen in der Eifel (vormaliges FA Kelberg, seit 1.1.2004 FA Hillesheim) und im Hunsrück (vormaliges FA Osburg, nunmehr FA Hochwald) mit 17 ausgewählten Herkünften der Weißtanne (*Abies alba*) aus dem Gesamtverbreitungsgebiet der Baumart sowie mit zwei Herkünften der Nordmannstanne (*Abies nordmanniana*)

angelegt. Auf beiden Flächen sind Weißtannen-Herkünfte aus Bulgarien (1 Herkunft); Deutschland (4); Frankreich (2); Italien (1), Mazedonien (2); Rumänien (2), Serbien (1) der Schweiz (2) sowie der ehemaligen Tschechoslowakei (2) [Länder in alphabetischer Reihenfolge] vertreten (vgl. hierzu auch Jahresbericht 2001, S.62-63).

Insbesondere zur Schließung von noch wichtigen offenen geografischen Lücken beim nacheiszeitlichen Rückwanderungsgeschehen der Weißtanne aus dem Refugialbereichen des Balkan nach Ost- und Mitteleuropa wurde beim 8. Internationalen IUFRO-Tannensymposium 1996 in Jundola (Bulgarien) ein zweiter ergänzender Provenienzversuch von der o.a. IUFRO-Arbeitsgruppe beschlossen. Das in Regionen Ost- und Südosteuropas eingesammelte Saatgut war 2000 zentral auf dem Kamp Antonihof der FAWF Trippstadt angezogen worden. Im Herbst 2004 wurde in Rheinland-Pfalz im Bereich des FA Kusel eine Herkunftsversuchsfläche angelegt bzw. das Pflanzenmaterial an fünf weitere Versuchsansteller in Bulgarien, Österreich, Polen, der Slowakei und Tschechien verteilt. Eine Übersicht über die Einsammlungen ist im Projekt „Neuanlage von Herkunftsversuchen“ gegeben.

Auf der rheinland-pfälzischen Versuchsfläche wurden 24 Weißtannen-Herkünfte aus Bulgarien (1 Herkunft); Mazedonien (1); Österreich (1); Polen (8); Rumänien (3); Serbien (1); der Slowakei (2) und Tschechien (1) eingebracht. Ergänzt wird dieses Arrangement mit 6 rheinland-pfälzischen Einsammlungen aus den Bereichen der Eifel (1), des Hunsrück (2) sowie des südlichen Pfälzerwalds (3) als regionaler Vergleichsversuch.

An einer großen Anzahl Weißtannenvorkommen erstmals mittels Isoenzym-Genmarkern von KONNERT & BERGMANN (1995) durchgeführte genetische Untersuchungen zur geografischen Verbreitung der genetischen Variation der Weißtanne ließen ausgeprägte arealspezifische Allele erkennen, welche sich in den drei schon zuvor vermuteten postglazialen Rückwanderungswegen (West- und Ostalpenweg ausgehend von den Refugialbereichen in Italien sowie Balkanroute) widerspiegelten. Bei diesen Untersuchungen wurden die Isoenzym-Genmarker AP-A [Alaninaminopeptidase, EC.3.4.11.1]; AAT-A, AAT-B und AAT-C [Aspartat Aminotransferase, EC.2.6.1.1]; MNR-A, MNR-B [Menadionreduktase, EC.1.6.99.2]; 6-PGDH-A und 6-PGDH-B [6-Phosphogluconat Dehydrogenase, EC.1.1.1.44] sowie PGI-A und PGI-B [Phosphoglucose Isomerase, EC.5.3.1.9] als die genetische Variabilität widerspiegelnd und hinsichtlich der Herkunft als diskriminierend bedeutsam nachgewiesen.

Auf der Basis dieser Genmarker wurde eine genetische Charakterisierung der vorne genannten 17 Herkünfte den in den beiden Versuchsflächen ehemals Osburg und Kelberg (I. *IUFRO*-Herkunftsversuch) bezüglich ihrer genetischen Variation und Differenzierung vorgenommen. Zur analogen Untersuchung kamen auf dem Kamp Antonihof angezogene Sämlinge der auf der Versuchsfläche Kusel eingebrachten Einsammlungen (II. *IUFRO*-Herkunftsversuch). Die aus der genetischen Untersuchung der beiden Provenienzversuche resultie-

renden Daten wurden einer gemeinsamen Auswertung unterzogen.

Als wesentliche Ergebnisse gilt festzuhalten, dass die aus den verschiedenen geografischen Bereichen des Verbreitungsgebiets stammenden Weißtannenprovenienzen die jeweiligen typischen arealspezifischen Allelstrukturen für den West- oder Ostalpenweg bzw. die Balkan-Route oder den Balkan-Refugialbereich aufweisen.

Die deutschen Herkünfte lassen sich mit Ausnahme der Herkunft Zwiesel, die offensichtlich eine künstliche Begründung mit Balkan-Pflanzenmaterial darstellt, mit dem Westalpenweg in Verbindung bringen.

Von Bedeutung ist weiterhin, dass im Vergleich miteinander die mazedonischen Herkünfte sowie die süditalienische Herkunft aus Kalabrien das größte Ausmaß der allelischen Vielfalt besitzen, d.h. in diesen Bereichen besitzt der Genpool der Species *Abies alba* heute die größte genetische Variabilität im gesamten Verbreitungsgebiet. Mit Blick auf die nachhaltige Erhaltung der genetischen Diversität sollten solche Bestände, an denen Einsammlungen für die beiden Herkunftsversuche vorgenommen worden sind, unbedingt als wertvolle Generhaltungsbestände bzw. -wälder gesichert werden, wie dies auch grundsätzlich vom neugegründeten *EUFORGEN*-Netzwerk „Waldbewirtschaftung“ angestrebt wird.

Summary

For the postglacial spreading of European silver fir over its present range of distribution, only little knowledge was present until far in the 1980's. At this period of time, the populations of this tree species particularly in Central Europe had to be regarded to be significantly endangered by the impact of atmospheric pollutants. As a consequence, in the framework of provenance research,

the study of silver fir populations present to-date within the area of distribution was estimated to be urgently required by establishing an extensive provenance test.

In 1987 the *IUFRO* Working Group 1.05-16 „*Ecology and Silviculture of European Silver Fir*“ initiated an international provenance test by regarding the political conditions and the restricted possibilities for the access to collections then. Two experimental plots were also established in Rhineland-Palatinate by regarding differing site conditions, one plot in the Eifel Mts. (former forest district Kelberg, since 1.1.2004 Hillesheim) and the other plot in the Hunsrück Mts. (former forest district Osburg, now Hochwald) including 17 selected provenances of *Abies alba* originating from the range of distribution and two *Abies nordmanniana* provenances. On both plots silver fir provenances are present from Bulgaria (1 provenance); France (2); Germany (4); Italy (1); Macedonia (2); Romania (2); Serbia (1); Switzerland (2); and former Czechoslovakia (2) [countries in alphabetical order] (*cf.* Annual Report 2001, pp.62-63).

Particularly for closing still open important geographical gaps in the postglacial remigration of silver fir from its Balkan refugia to Eastern and Central European areas, a second supplementary silver fir provenance test was settled during the 8th International *IUFRO* Silver Fir Meeting in 1996 in Jundola (Bulgaria) by the *IUFRO* Working Group given above. The collections from these regions in South-eastern and Eastern Europe were cultivated on the nursery camp Antonihof since 2000. In fall 2004 a provenance test plot was established in the forest district Kusel, and the remaining planting material was distributed to five different provenance plots to be established in Austria, Bulgaria, Poland, Slovakia, and the Czech Republic. An overview on the collections is given farther back in Project „*Establishment of new provenance*

tests“.

The Rhineland-Palatinate provenance test plot includes 24 collections from Austria (1 provenance); Bulgaria (1); Macedonia (1); Poland (8); Romania (3); Serbia (1); Slovakia (2); and the Czech Republic (1): This arrangement is completed by 6 Rhineland-Palatinate collections that originate from the Eifel Mts. (1), the Hunsrück Mts. (2), and the Southern Palatinate Forest (3) for a regional comparative study.

Analyzing a large quantity of silver fir populations by applying isozyme gene markers for the first time, genetic studies on the geographic distribution of the genetic variation of silver fir by KONNERT & BERGMANN (1995) revealed distinct area-specific allelic structures which reflect the three remigration routes (western and eastern Alpine route from the Italian refugia and the Balkan route) that had been postulated before. In these studies the isozyme gene markers [in brackets enzyme systems] as listed below were found to be relevant for assessing genetic variability and discrimination: AP-A [alanine aminopeptidase, EC.3.4.11.1]; AAT-A, AAT-B and AAT-C [aspartate aminotransferase, EC.2.6.1.1]; MNR-A and MNR-B [menadione reductase, EC.1.6.99.2]; 6-PGDH-A and 6-PGDH-B [6-phosphogluconate dehydrogenase, EC.1.1.1.44]; and PGI-A as well as PGI-B [phosphoglucose isomerase, EC.5.3.1.9].

Based on these gene markers, the 17 provenances present in the two experimental plots Osburg and Kelberg were characterized for their genetic variation and differentiation (*IUFRO* provenance test I). In the same way, seedlings of the collections cultivated on the FAWF nursery camp Antonihof and included in the provenance plot Kusel, were examined (*IUFRO* provenance test II). The data resulting from these two provenance tests were evaluated together.

The following important results were gathered from this study: the genetically analyzed silver fir provenances from different geographic areas within the range of distribution exhibit the typical area-specific allelic structures of the western or eastern Alpine route or the Balkan route or refugia.

Except for the provenance Zwiesel in the Bavarian Forest which apparently goes back to an artificial stand established by plant material originating from the Balkan, all other German collections can be related with the western Alpine route.

Furthermore it is of major importance that primarily the Macedonian and Calabrian (South Italy)

provenances include the highest level of allelic multiplicity, *i.e.* in these regions the gene pool of the species *Abies alba* possesses the greatest genetic variability within the total range of distribution today.

In view of the sustainable conservation of genetic diversity such stands where the collections were carried out, should be secured urgently as valuable gene conservation stands or gene conservation forests which is strived for in general by the recently founded *EUFORGEN* Network "Forest Management".

Fortzuführende Vorhaben



Projekt: „Mutterbaumauswahl“
(Mother-tree selection)

Die Auswahl, Aufnahme und Dokumentation von Mutterbäumen zur Anlage von Erhaltungs-Samengärten wurden fortgeführt.

Diese konzentrierten sich im Berichtsjahr auf die Erfassung von Flatterulme (*Ulmus laevis*), Schwarzpappel (*Populus nigra*), Robinie (*Robinia pseudoacacia*) sowie Elsbeere (*Sorbus torminalis*).



Projekt: „Pfropfung“
(Grafting)

Die im Berichtsjahr durchgeführten Pfropfungen und der jeweilige Anwuchserfolg sind aus Tabelle B1 zu entnehmen.

Pfropfungen

- zum Zwecke der Komplettierung und Neuanlage von Samengärten:

Baumart	Anzahl der Pfropfungen	Anzahl der Klone	Ort der Pfropfung	Anwuchs in %
Europäische Lärche	180	48	Freiland	64
Pazifische Edeltanne	116	19	Freiland	16
Robinie	259	37	Gewächshaus	70
Sandbirke	184	20	Gewächshaus	60
Sandbirke	85	14	Freiland	61

- gemäß Kooperationsvertrag Luxemburg / Rheinland-Pfalz

Elsbeere	950	95	Gewächshaus	79
Speierling	65	13	Gewächshaus	66

Tab. B1: Übersicht über die im Jahr 2005 durchgeführten Pfropfungen und über ihren Anwuchserfolg am Ende des Vegetationsjahres

Table B1: An overview of the number of graftings carried out in the year 2005 and survival rates at the end of the vegetation year



Projekt: „*Neuanlage von Erhaltungs-Samengärten*“
(*Establishment of conservation seed orchards*)

Im Berichtsjahr wurden im Pflanzgarten Schaidt, Forstamt Bienwald mit der Anlage von Generhaltungssamengärten für folgende, in Rheinland-Pfalz seltene Straucharten begonnen.

Schwarze Johannisbeere	(<i>Ribes nigrum</i> L.)
Echte Mispel	(<i>Mespilus germanica</i> L.)(
Lorbeerseidelbast	(<i>Daphne laureola</i> L.)
Felsenbirne	(<i>Amelanchier ovalis</i> L.)
Buchsbaum	(<i>Buxus sempervirens</i> L.)

Für die Baumarten Robinie (*Robinia pseudoacacia* L) und Sandbirke (*Betula pendula* L.) wurde die Anlage von Samengärten initiiert.



Projekt: „*Betreuung der bestehenden Samengärten*“
(*Tending of the established conservation seed orchards*)

In den nachfolgend aufgelisteten Samengärten wurden Kontrollaufnahmen (zu Blüten- und Fruchtansatz, Ausfällen, Schäden etc.) im Hinblick auf Pflege- und Erntemaßnahmen, sowie Ergänzungen des Pflanzenbestandes vorgenommen:

im Forstamt Dhronecken:

Schwarzerle > 400m	(<i>Alnus glutinosa</i>)	FR Hoxel
--------------------	----------------------------	----------

im Forstamt Kaiserslautern:

Bergulme	(<i>Ulmus glabra</i>)	FR Hauptstuhl
Gemeine Esche > 400m	(<i>Fraxinus excelsior</i>)	FR Hauptstuhl

im Forstamt Kusel:

Bergahorn < 400m	(<i>Acer pseudoplatanus</i>)	FR Bosenbach
Bergahorn > 400m	(<i>Acer pseudoplatanus</i>)	FR Bosenbach
Eberesche	(<i>Sorbus aucuparia</i>)	FR Altenglan
Elsbeere	(<i>Sorbus torminalis</i>)	FR Bosenbach
Europäische Lärche	(<i>Larix decidua</i>)	FR Altenglan
Feldahorn	(<i>Acer campestre</i>)	FR Altenglan

Fortsetzung Forstamt Kusel:

Feldulme, 1. Fläche	(<i>Ulmus minor</i>)	FR Schönenberg-Kübelberg
Feldulme, 2. Fläche	(<i>Ulmus minor</i>)	FR Schönenberg-Kübelberg
Feldulme, 3. Fläche	(<i>Ulmus minor</i>)	FR Altenglan
Feldulme, Klonarchiv	(<i>Ulmus minor</i>)	FR Altenglan
Flatterulme, 1. Fläche	(<i>Ulmus laevis</i>)	FR Bosenbach
Flatterulme, 2. Fläche	(<i>Ulmus laevis</i>)	FR Altenglan
Gemeine Esche < 400m	(<i>Fraxinus excelsior</i>)	FR Bosenbach
Hainbuche	(<i>Carpinus betulus</i>)	FR Bosenbach
Mehlbeere	(<i>Sorbus aria</i>)	FR Bosenbach
Pazifische Edeltanne	(<i>Abies procera</i>)	FR Altenglan
Schwarzerle < 400m	(<i>Alnus glutinosa</i>)	FR Bosenbach
Sommerlinde	(<i>Tilia platyphyllos</i>)	FR Bosenbach
Speierling	(<i>Sorbus domestica</i>)	FR Hinzweiler
Spitzahorn	(<i>Acer platanoides</i>)	FR Bosenbach
Weißtanne „Elite“	(<i>Abies alba</i>)	FR Altenglan
Weißtanne, Klonarchiv	(<i>Abies alba</i>)	FR Altenglan
Wildapfel	(<i>Malus sylvestris</i>)	FR Altenglan

im Forstamt Otterberg:

Moorbirke	(<i>Betula pubescens</i>)	FR Weilerbach
-----------	-----------------------------	---------------



Projekt: „Beerntungen von Samengärten“
(*Harvests in seed orchards*)

Im Berichtsjahr konnte aufgrund von Spätfrösten und Spannerfraß nur eine Beerntungsmaßnahme in dem Samengarten für Bergulme (FA Kaiserslautern) durchgeführt werden.



Projekt: „Erhaltung und Nutzung genetischer Ressourcen heimischer Straucharten“
(*Conservation and utilization of the genetic resources of indigenous woody shrub species*)

Die Inventur, Kartierung und Einmessung (mittels GPS von 7 als selten und 15 als häufig eingestuft) Straucharten ist landesweit durchgeführt worden. Damit sind die Grundlagen zu geplanten Maßnahmen geschaffen wie

- für seltene Straucharten Erhaltungs-Samengärten zu begründen und
- für häufige Straucharten sinnvolle Beerntungseinheiten auszuweisen.

Ernte an Strauchartenvorkommen / *harvesting in occurrences of woody shrub species*

- siehe Projekt: „Ernte-Erkundung, -Organisation und -Durchführung“
(*Seed collection: preliminary surveys, organization and realization*)

Stecklingsvermehrung vorwiegend seltener Straucharten / *Propagation of cuttings predominantly of rare woody shrub species*

(in Zusammenarbeit mit / *in cooperation with* Forstamt Kastellaun)

Neben der Beerntung sowie der Vermehrung mittels Abfropfung stellt das Abstecken von Straucharten eine Alternative in Hinblick auf die Anlage von Erhaltungs-Samengärten dar.

Im FA Kastellaun wurden im Berichtsjahr auf der Basis der Erfahrungen und Anwuchsergebnisse der Stecklingsvermehrungsversuche aus den Jahren 2000/2001 an den nachfolgend aufgelisteten Straucharten Steckversuche zur Etablierung von Erhaltungs-Samengärten für heimische Straucharten durchgeführt.

- | | |
|----------------|-------------------------------|
| Eibe | (<i>Taxus baccata</i>) |
| Haselnuss | (<i>Coryllus avellana</i>) |
| Hartriegel | (<i>Cornus sanguinea</i>) |
| Heckenkirsche | (<i>Lonicera xylosteum</i>) |
| Kornelkirsche | (<i>Cornus mas</i>) |
| Pfaffenhütchen | (<i>Euonymus europaeus</i>) |
| Ohrweide | (<i>Salix aurita</i>) |
| Wacholder | (<i>Juniperus communis</i>) |



Projekt: „Verbundprojekt zur „Erhaltung und Nutzung der biologischen Vielfalt durch Vermarktung einheimischer Gehölze regionaler Herkunft in Rheinland-Pfalz“
(Joint project on „Conservation and utilization of biological diversity by marketing indigenous woody shrubs of regional origin in Rhineland-Palatinate“)

in Zusammenarbeit mit / in cooperation with DLR Rheinhessen-Nahe-Hunsrück, Landesamt für Umwelt, Wasserwirtschaft und Gewerbeaufsicht (LUWG) und Beratungsgesellschaft GbR Natur (BGNATUR) in Nackenheim

Angesichts der teilweise recht vehement und kontrovers geführten Diskussion um die Verwendung von autochthonen Gehölzarten bei der Pflanzung in der freien Landschaft hatten sich im Frühjahr 2001 Vertreter des Dienstleistungszentrums für den Ländlichen Raum [DLR] Rheinhessen-Nahe-Hunsrück, der Abt. Genressourcen und Forstpflanzenerzeugung der FAWF Trippstadt sowie des Landschaftspflegeverbands Rheinhessen-Nahe (Alzey) zu einer Initiative zusammengefunden, aus der sich die Arbeitsgruppe „AG Autochthone Gehölze in Rheinland-Pfalz“ entwickelte. In dieser AG erarbeiten seither Experten aus Wissenschaft, Praxis und Verwaltung Grundlagen, um in Rheinland-Pfalz die Voraussetzungen und Rahmenbedingungen für den zukünftigen Einsatz von autochthonem Strauchgehölzen in der freien Landschaft zu schaffen.

Trotz intensiver Bemühungen der Arbeitsgemeinschaft ist es bis jetzt nicht gelungen, die Akzeptanz von Gehölzen gebietsheimischer Herkunft bei Pflanzungen in der freien Landschaft zu erhöhen. Dies ist umso bedauerlicher, wenn berücksichtigt wird, dass in der Bundesrepublik jährlich etwa 150 Millionen Gehölzpflanzen produziert werden, die zu 80-90% aus Kostengründen aus dem Ausland, vorwiegend Südost- und Osteuropa, bezogen werden (DAME, 1998). Ein Drittel dieser Gehölze stammt zudem aus vegetativer Vermehrung (SPETHMANN 1995). Es ist zu befürchten, dass es in unseren Naturräumen zu einer massiven Verfälschung und Einengung der genetischen Vielfalt

innerhalb der gebietsheimischen Arten kommt bzw. bereits gekommen ist.

In der Bundesrepublik gibt es 232 einheimische Gehölzarten (OBERNDORFER 2001), wovon aber nur rund 50 Gehölzarten für den Landschaftsbau relevant sind (SPETHMANN 2003).

In Rheinland-Pfalz hat die FAWF Trippstadt zur Umsetzung des „Konzeptes zur Erhaltung und nachhaltige Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik“ der Bund-Länder Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen“ in den vergangenen Jahren bereits die Vorkommen von einheimischen Straucharten (29 Arten) in den Wäldern von Rheinland-Pfalz kartiert sowie erste Erhaltungssamengärten angelegt und Beerntungseinheiten ausgewiesen, welche bereits mehrfach beerntet wurden.

In dem Verbundprojekt zur „Erhaltung & Nutzung der biologischen Vielfalt durch Vermarktung einheimischer Gehölze regionaler Herkunft in Rheinland-Pfalz“ wollen erstmals drei Fachverwaltungen und ein privates Beratungsunternehmen aus Rheinland-Pfalz ein neuartiges Modell zur bundesweiten Erzeugung und Vermarktung einheimischer Gehölze regionaler Herkunft aus definierten Beerntungsregionen mit entsprechendem Herkunftszeugnis entwickeln.

Nach Projektabschluss soll das Produktions- und Vermarktungsmodell in einer Erzeugergemein-

schaft auf privatwirtschaftlicher Basis weiter umgesetzt werden.

Alle vier Projektpartner haben gemeinsam einen Förderantrag bei der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Rahmen der Förderung von „Modell- und Demonstrationsvorhaben

im Bereich der Erhaltung und innovativen Nutzung der Biologischen Vielfalt“ eingereicht, der derzeit im Bundesministerium für Landwirtschaft, Ernährung und Verbraucherschutz zur Genehmigung vorliegt.



Projekt: *„Kooperation FAWF Trippstadt – Großherzogtum Luxemburg zur „Erhaltung und Förderung der genetischen Vielfalt bei den Sorbus-Baumarten Speierling (Sorbus domestica L.) und Elsbeere (Sorbus torminalis) im Großherzogtum Luxemburg“*
[Cooperation FAWF Trippstadt – Grand Duchy of Luxembourg on „Conserving and promoting the genetic diversity of the Sorbus tree species service tree (Sorbus domestica) and wild service tree (Sorbus torminalis) in the Grand Duchy of Luxembourg“]
(in Zusammenarbeit mit / in collaboration with ADMINISTRATION DES EAUX ET FORÊTS LUXEMBOURG)

In Luxemburg war im letzten Jahrhundert ein dramatischer Rückgang der Speierlingsvorkommen zu beobachten. Wurden Anfang des letzten Jahrhunderts noch über 1000 Alt-Speierlinge in Luxemburg gezählt, waren es Ende 1990 nur noch rund 80 Bäume, die meist isoliert in den Beständen vorkamen und keine Blüheinheiten mehr bildeten.

Somit besteht die Gefahr, dass der Speierling wegen der Isolation durch Inzuchtdepression aussterben droht.

Ziel der Kooperation ist es, die vereinzelt Alt-Speierlinge durch Abpfropfung zu sichern und in einem Generhaltungssamengarten in Luxemburg zu genetisch vielfältigeren Fortpflanzungseinheiten zusammenzuführen. Neben der Anlage des Erhaltungssamengartens werden die Mutterbäume mit Hilfe der Isoenzymanalyse auf ihre genetische Strukturierung hin untersucht

Durch die FAWF wurden 2004 und 2005 63 Alt-Speierlinge erfolgreich abgepfropft und insgesamt 445 Pflöpflinge im Versuchskamp der FAWF ange-

zogen. Gleichzeitig erfolgte für die Pflöpflinge per Isoenzymanalyse die genetische Identifizierung.

Im Herbst des Berichtsjahres wurden die Pflöpflinge in zwei Erhaltungssamengärten im Forstamt Grevenmacher (Luxemburg) ausgepflanzt.

Aufgrund der guten Zusammenarbeit bei der Erhaltung des Speierlings wurde 2005 die Kooperationsvereinbarung durch eine erste Anschlussvereinbarung zur zweiten in Luxemburg heimischen Sorbusart, der Elsbeere (*Sorbus torminalis* L.) erweitert.

Ziel der Zusammenarbeit ist die Erhaltung und Förderung der Elsbeere sowie die genetische Charakterisierung der vorhandenen Vorkommen.

Im Gegensatz zum Speierling ist die Elsbeere in Luxemburg nicht vom Aussterben bedroht, so dass hier nicht in erster Linie die reine Generhaltung im Vordergrund steht, sondern bei der Auswahl der Mutterbäume, die abgepfropft werden sollen, auch auf die phänotypische Ausprägung geachtet wird, um später mit den Pflöpflingen einen Plusbaum-

Samengarten anzulegen, der hochwertiges Saatgut für die Produktion von Wertholz liefern soll.

Im Berichtsjahr wurden 95 Elsbeeren-Mutterbäume abgepfropft, genetisch identifiziert und hiervon 748 Pflöpflinge im Versuchskamp Antonihof verschult. Bezüglich der im FAWF-Labor vorgenommenen genetischen Untersuchungen wurden in Ergänzung zu den 2004 bereits isoenzymatisch identifizierten

Speierlingen im Berichtsjahr zusätzlich 15 abgepfropfte luxemburgische Einzelbäume genetisch identifiziert und dem Gesamtkollektiv zur Pflöpfung und nachfolgender Auspflanzung zugefügt.

In analoger Weise wurde für die 95 ausgewählten Elsbeeren die isoenzymatische Untersuchung zur genetischen Identifizierung eingeleitet.



Projekt: *„Isoenzymatische Untersuchungen zweier Eschen-Erhaltungsklonsamengärten zwecks Klonüberprüfung und Ermittlung der genetischen Variation und Differenzierung“
(An isozymic investigation on two clonal conservation seed orchards for European ash (Fraxinus excelsior) with regard to clone identification and assessment of their genetic variation and differentiation)*

Unter den seltenen Baumarten, für die in Rheinland-Pfalz im Rahmen des Genressourcen-Programms *ex situ*-Maßnahmen durchgeführt werden, befindet sich auch die Gemeine Esche (*Fraxinus excelsior*). Eine vermutete Höhenstufendifferenzierung planar-kollin / (submontan) berücksichtigend sind anfangs der 1990er Jahre zwei Samengärten mit gepfropften Abkömmlingen von Mutterbäumen aus den Bereichen bis 400 m ü. NN bzw. oberhalb davon eingerichtet worden.

Der im FA Kusel 1991 angelegte und 1993 ergänzte „Samengarten Jettenbach bis 400 m“ umfasst 76 Klone (Stand: 12/02) in 10-15facher Wiederholung aus den Vorkommensbereichen bis 400 m ü. NN. In den 1992 im FA Kaiserslautern (vormals FA Landstuhl) begründeten „Samengarten Langwieden über 400 m“ waren 51 Klone von Mutterbäumen mit Vorkommen aus dem Höhenstufenbereich oberhalb von 400 m eingebracht worden.

In Weiterführung der genetischen Überprüfung der in Rheinland-Pfalz angelegten Erhaltungsklonsamengärten für die seltenen Baumarten wurde im

Jahr 2002 eine genetische Inventur dieser beiden Samengärten eingeleitet.

Ziel ist die genetische Identifizierung der Klone, die Überprüfung der korrekten Zugehörigkeit der Bäume zum jeweiligen Klon sowie die Charakterisierung der Flächen hinsichtlich der vorhandenen genetischen Diversität und Differenzierung mittels Isoenzym-Genmarkern.

Voraussetzung hierzu war die Tatsache, dass zu diesem Zeitpunkt erstmals anwendbare Isoenzym-Genmarker zur Verfügung standen, die von der FVA Baden-Württemberg entwickelt worden waren.

Die im genetischen Labor der FAWF im Berichtsjahr soweit durchgeführte isoenzymatische Untersuchung erfolgt mit Kambium-Gewebe von Pflanzenmaterial aus den beiden Eschen-Samenplantagen im FA Landstuhl und FA Kusel.

Die genetische Untersuchung der beiden Eschen-Samengärten in ihrer Durchführung zeitlich deut-

lich beeinträchtigt ist die Tatsache, dass im ausschließlich für die genetische Analyse zu verwendendem Kambiumgewebe Enzymaktivitäten nicht das ganze Jahr über nachgewiesen werden können. Laubblätter scheiden a priori wegen der hohen Gehalte insbesondere an phenolischen, die Enzyme schädigenden Verbindungen aus, da hiermit keine einwandfrei auswertbaren Isoenzym-Bandenmuster zu erhalten sind.

Begleitend zur genetischen Untersuchung ist eine Überprüfung der Geschlechtszugehörigkeit der in die Eschensamengärten eingebrachten Bäume bezüglich männlich, weiblich und zwittrig zur Überprüfung der Reproduktionsfähigkeit der Anlagen vorgesehen. Diese soll ab dem Folgejahr mit einer Bonitur der im Frühjahr vor dem Blattaustrieb erscheinenden rispigen Blütenstände durchgeführt werden.



Projekt: *„Isoenzymatische Untersuchungen im Naturwaldreservat Grünberg (FA Johanniskreuz) zwecks Einleitung eines genetischen Monitorings“
(Isozymic study in the nature forest reserve Gruenberg (Forest district Johanniskreuz) for the purpose of initiating a genetic monitoring)

(in Zusammenarbeit mit / in co-operation with ISOGEN RECKERSHAUSEN)*

In Rheinland-Pfalz nimmt die Douglasie (*Pseudotsuga menziesii* MIRB. FRANCO) 7% der Waldfläche ein. Sie stellt damit im Vergleich zu allen anderen Bundesländern das höchste Vorkommen dieses so genannten Neophyten dar, der hier jedoch als durchaus willkommene Gastbaumart angesehen wird. Aus forstlicher Sicht sprechen hierfür mehrere gute Gründe: obgleich die Douglasie naturgemäß nicht zu den ursprünglichen regionalen natürlichen Waldgesellschaften zugehörig ist, lässt sie sich doch aufgrund ihrer spezifischen waldbaulichen Eigenschaften wie auch wegen ihres überragenden Wuchspotenzials allen anderen heimischen Baumarten gegenüber leicht in das Konzept der ökologisch orientierten Waldbewirtschaftung integrieren. Bei richtiger Wahl der Herkunft ist sie zudem Garant für außerordentlich stabile Bestände, wie sie auch hohe Ertragsleistungen zu erbringen vermag.

Im Netzwerk der derzeit 60 im Lande ausgewiesenen,

für die Waldgesellschaften repräsentativen Naturwaldreservate (NWR) mit einer Gesamtfläche von knapp 2.000 ha sind auch zwei Flächen, die die Douglasie in ihren Schwerpunkt vorkommen im Pfälzerwald und in der Eifel berücksichtigen. Auf diesen Flächen soll die Douglasie hinsichtlich ihrer Konkurrenzstärke gegenüber anderen Baumarten und ihrem Vermögen zur Einnischung in Waldökosysteme längerfristig beobachtet werden. Neben den routinemäßig durchgeführten wald- und vegetationskundlichen Untersuchungen wird zudem auch eine Reihe von Spezialuntersuchungen, die die Floren- und Faunenelemente betreffen, vorgenommen. Wegen ihrer grundsätzlichen Bedeutung für die Biodiversität in ihrer Gesamtheit finden hierbei auch ausdrücklich genetische Untersuchungen an den in den NWRs stockenden Baumpopulationen Berücksichtigung, wie dies am Beispiel des NWR Himbeerberg für die Buchen-Fichten-Waldgesellschaft bereits verdeutlicht wurde (siehe JAHRESBERICHT 2001, S.32-35).

Verankert im rheinland-pfälzischen Landeswaldgesetz von 2000 wird als zweckdienlich für NRW die Sicherung der genetischen Informationen aufgeführt wie auch das Bio-Monitoring, welches das kürzlich erarbeitete genetische Monitoring beinhaltet.

Mit der isoenzymatischen Identifizierung aller Altbäume in der hälftig gezäunten Kernfläche von ca. 1 ha war im Spätjahr 2004 die genetische Charakterisierung des NWR Grünberg im Pfälzerwald (FA Johanniskreuz) eingeleitet worden. Diese genetische Grundaufnahme umfasste neben 436 Douglasien auch 328 Buchen, 40 Fichten sowie 72 Kiefern. Es ist vorgesehen, diese Aufnahme mit der genetischen Charakterisierung der vorhandenen Naturverjüngunginseln nach und nach stichprobenartig weiterzuführen.

Die ersten Ergebnisse der im Berichtsjahr durchgeführten genetischen Untersuchung machen deutlich, dass die im NWR Grünberg stockenden Douglasien eindeutig der Küstenrasse zuzuordnen sind. Damit ist dessen Funktion bezüglich der Erhaltung von Genressourcen verifiziert.

Die eingemessenen Bäume gestatten zudem das Erkennen von Familienstrukturen sowie die spezifische Weitergabe genetischer Informationen an die entstehenden Nachkommenschaften.

Ferner wird auf dieser Grundlage ein genetisches Monitoring vorgenommen werden können.

Darüber hinaus erlaubt die Verwendung von solchen Genorten, die über die vier Baumarten vergleichbar sind, eine artübergreifende Betrachtung von Zusammenhängen zwischen genetischer Diversität und Artendiversität in gemischten Waldöko-



Projekt: „Ausweisung von *in situ*-Generhaltungsbeständen für Stiel- und Traubeneiche“
(*Designation of gene conservation stands for pedunculate oak [Quercus robur] and sessile oak (Quercus petraea) in Rhineland-Palatinate*)

Im Rahmen der Erhaltungsmaßnahmen für die genetischen Ressourcen der heimischen Waldbäume steht für die Hauptbaumarten in unseren Wäldern die Ausweisung *in situ* als Generhaltungsbestände an vorderster Stelle.

In einem umfangreichen Modellvorhaben war in den 1990er Jahren erstmalig eine solche *in situ*-Maßnahme für die rheinland-pfälzischen Buchenvorkommen mit der landesweiten Ausweisung von 12 Generhaltungsbeständen durchgeführt worden (vgl. hierzu MAURER & TABEL 2000). Wesentlichste Charakteristika solcher Bestände sind der ihr zugeordnete Schutzstatus als Versuchsfläche, ihre Behandlung nach den Regeln der naturnahen Bewirtschaftung mit gestatteter Folgenutzung sowie ihre Verjüngung einzig unter Verwendung von Ver-

mehrungsgut (Naturverjüngung, Wildlinge, Saatgut), welches im jeweiligen ausgewiesenen Generhaltungsbestand entsteht.

Mit der genetischen Charakterisierung mittels polymorpher Isoenzym-Genmarker von 15 Altbeständen der Traubeneiche und 12 Altbeständen der Stieleiche, die in den rheinland-pfälzischen Hauptvorkommensgebieten vorausgewählt worden waren, wurden die Voraussetzungen dafür geschaffen, dass eine Ausweisung von Generhaltungsbeständen für die beiden heimischen Eichenarten vorgenommen werden kann.

Zu berücksichtigen ist hierbei zum einen die Repräsentativität von Beständen für das ganze Land, bestimmte Regionen und Wuchsgebiete. Zum anderen

werden aber auch solche Bestände berücksichtigt, die gekennzeichnet sind durch spezifische genetische Strukturen wie ein eingengter, auf die Anpassung an spezifische Umweltbedingungen hinweisender Genpool oder solche mit so genannten seltenen Allelen, welche als potenzielle Genreserven für

eine Adaption an sich ändernde Umweltbedingungen angesehen werden.

Das ursprünglich für 2004/5 beabsichtigte Ausweisungsverfahren musste aus organisatorischen Gründen auf das Folgejahr verschoben werden.



Projekt: *„Erfassung der genetischen Strukturen der Rotbuche (*Fagus sylvatica*) als Grundlage für ein genetisches Monitoring wichtiger Baumarten in Deutschland“*

*[Ascertainment of the genetic structures of European beech (*Fagus sylvatica*) as a base for a genetic monitoring of important tree species in Germany]*

(in Zusammenarbeit mit / in cooperation with ASP Teisendorf, Landesforstpräsidium Sachsen & Universität Hamburg)

Nach mehrjähriger Vorarbeit konnte von der Expertengruppe „Genetisches Monitoring“ der Bundesländer Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ im Oktober 2004 das „Konzept zum genetischen Monitoring für Waldbaumarten in der Bundesrepublik Deutschland“ fertig gestellt werden (siehe hierzu <http://www.genres.de/fgrdeu/genetisches-monitoring/>).

Dieses beinhaltet Vorgaben der Durchführung des genetischen Monitorings (GM) mit dem Ziel, die räumlichen und zeitlichen Veränderungen der genetischen Systeme von Baum- und Strauchgehölzarten zu erfassen.

Das GM spielt somit eine entscheidende Rolle als Frühwarnsystem für Ökosystemveränderungen, die erst auf übergeordneten Monitoringebenen sichtbar werden, wie z.B. die Bestandesstruktur, Vitalität, Naturverjüngung und Anpassungsfähigkeit.

Aus der in dieser Konzeption enthaltenen Liste der Baumarten, die bei der Durchführung des GM an vorderster Stelle stehen, wurden für einen ersten

Prüfdurchlauf die Baumarten Rotbuche (*Fagus sylvatica*) und Vogelkirsche (*Prunus avium*) als Modellbaumarten ausgewählt. Diese sollen im Rahmen von seitens der BLE Bonn finanziell geförderten Projekten nunmehr auf geeigneten Flächen deutschlandweit getestet werden.

Die FAWF Trippstadt ist mitbeteiligt am Rotbuchenprojekt „Erfassung der genetischen Struktur der Rotbuche (*Fagus sylvatica*) als Grundlage für ein genetisches Monitoring wichtiger Waldbaumarten in Deutschland“ und hat hierbei auch die Federführung bei der Projektkoordination. Mitbeteiligt sind ferner das ASP Teisendorf (Bayern, BY), das LFP Pirna (Sachsen, SN) sowie die Universität Hamburg (in Verbindung mit der BFH Großhansdorf).

Die ausgewählten Untersuchungsflächen befinden sich in den jeweiligen Regionen Nord (Uni HH/BFH), Mitte (RP), Ost (SN) und Süd (BY) und beinhalten eine ökologisch-genetische Dauerbeobachtungsfläche (Nord), zwei Naturwaldreservate (Mitte und Ost) sowie eine Level-II-Fläche (Süd).

Für RP ist das NWR Himbeerberg als Erhebungsfläche vorgesehen, da hier bereits genetische Aufnahmen an den Altbäumen und der Naturverjüngungssinseln vorgenommen worden sind (vgl. hierzu Jahresbericht 2001, S. 32-35).

Da der Zuschlag zur Projektdurchführung erst zu Ende des Berichtsjahres erfolgte, können die anstehenden Außen- und Laborarbeiten (Probenahmen, Isoenzym- und DNA-Untersuchungen etc.) frühestens ab 2006 durchgeführt werden.



Projekt: „Isoenzymatische Untersuchungen an Wildbirnenbäumen (*Pyrus communis*) im Erhaltungsklonsamengarten Alsenz (FA Donnersberg)“
*(An isozymic study on wild pear (*Pyrus communis*) growing in the clonal conservation seed orchards Alsenz (Forest district Donnersberg)*
(in Zusammenarbeit mit / in cooperation with FORSCHUNGSINSTITUT PRO ARBORE DRESDEN)

Analog der im Zeitraum 2001-2004 durchgeführten genetischen Charakterisierung des Erhaltungsklonsamengartens für Wildapfel (*Malus sylvestris*) Patersbach im FA Kusel sowie der Identifizierung aller dort eingebrachten Kloneschwister (s. Jahresbericht 2004, S.37-39) wurde 2005 die entsprechende Überprüfung für die Samengartenfläche für heimische Vorkommen der Wildbirne (*Pyrus communis*) Alsenz im FA Donnersberg eingeleitet. In dieser im Frühjahr 1991 etablierten Anlage befinden sich 99 Wildbirnenklone in 2-11-facher Wiederholung. Die gepfropften Pflanzen entstammen überwiegend Mutterbäumen aus der Vorderpfälzischen Rheinebene und der Saar-Mosel-Region.

Die Klonidentifizierung sowie die genetische Charakterisierung des Samengartens hinsichtlich seiner genetischen Diversität und Differenzierung erfolgt auf der Basis von sieben Enzymsystemen mit 9-12 Genorten bzw. Isoenzymbanden-Zonen.

Wichtiges Ziel ist ferner, der Frage nach der Wildformnähe des eingebrachten Pflanzenmaterials durch Zusammenführen von eigenen wie auch von

Literaturdaten zu genetischen, morphologischen und phänologischen Merkmalen nachzugehen.

Da mehr noch als beim Wildapfel eine Einmischung nicht bekannten Ausmaßes von Kultursortengenen in das Erbgut der Wildbirne vermutet wird, d.h. Introgression in den Genpool dieser Wildobstart stattgefunden hat und höchstwahrscheinlich eine genetische Verarmung gegenüber dem ursprünglichen Wildbirnen-Genpool als Folgeerscheinung eingetreten ist, ist hierbei zudem entsprechendes Datenmaterial der Kulturbirne vergleichend zu betrachten.

In Berichtszeitraum erfolgte nach der im Spätwinter durchgeführten Probenahme von Ruheknospen-Untersuchungsmaterial aus den beiden Wiederholungsblöcken I und II die isoenzymatische Identifizierung der derzeit vorhandenen Wildbirnenbäume.

Die Untersuchung wird im Folgejahr mit weiteren Wiederholungsblöcken fortgesetzt.



Projekt: „Genetische Untersuchungen mit DNA-Markern an Wacholder (*Juniperus communis*) zur Erfassung der genetischen Strukturen von Vorkommen dieser Gehölzart in der Vordereifel“

[Genetic studies using DNA-markers on common juniper (*Juniperus communis*) for identifying the genetic structures of populations of this woody species growing in the Vordereifel region]

in Zusammenarbeit mit / in cooperation with ARBEITSBEREICH NATURSCHUTZBIOLOGIE, FACHBEREICH BIOLOGIE, PHILIPPS-UNIVERSITÄT MARBURG)

Der Wacholder (*Juniperus communis*) ist als heimische Gehölzart Bestandteil des rheinland-pfälzischen forstlichen Genressourcen-Programms, für dessen Erhaltung und Sicherung dringende Maßnahmen durchzuführen sind. Die gegenwärtig vorhandenen schwerpunktmäßig in der Vordereifel stockenden Wacholderheiden sind Teile ehemals großflächiger Heiden, die im Zuge der Übernutzungen der Wälder im Mittelalter entstanden sind und bis in das letzte Jahrhundert für die Mittelgebirgsregionen landschaftsprägend waren. Diese heutigen Wacholder-Reliktorkommen stellen zumeist schützenswerte Flächen unserer Kulturlandschaften dar, wobei viele dieser Heiden den Status eines Naturschutzgebietes (NSG) besitzen. Auf diesen Reliktflächen findet allerdings nur eine äußerst schwache natürliche Regeneration der vorhandenen Wacholderstöcke statt, was eine prinzipielle Gefährdung des Wacholders hinsichtlich seiner Existenz mit erforderlicher innerartlicher genetischer Vielfalt zur Folge haben kann.

Eine wirksame Erhaltung der genetischen Ressourcen des Wacholders sowohl über *in situ*- als über *ex situ*-Maßnahmen bedarf deshalb insbesondere der Klärung von Fragen bezüglich (1) der großräumigen Zugehörigkeit des Wacholder-Genpools der rheinland-pfälzischen Heiden; (2) des Ausmaßes der genetischen Diversität innerhalb und der Differenzierung zwischen den Einzelvorkommen, sowie (3) eines möglichen Zusammenhangs zwischen demographischen Parametern (Alter der Stöcke, re-

produktiv effektiven Populationsgröße, Inzuchtdepression infolge genetischer Verarmung) und der Vitalität der Embryonen.

Genetische Untersuchungen an Wacholder mit der herkömmlichen Isoenzymanalysen-Technik sind wegen der hohen Konzentrationen an terpenartigen und phenolischen Inhaltsstoffen bislang durchweg gescheitert. Mit den von MICHALCZYK (2004) und MICHALCZYK *et al.* (2005) entwickelten Grundlagen für molekulargenetische Studien bei Wacholder lassen sich nunmehr seit kurzem solche Schwierigkeiten durch die Verwendung von ausgewählten DNA-Markern umgehen.

Zu Ende des Berichtsjahres wurden nach Bereisung der Wacholdervorkommen in der Vordereifel im Rahmen eines Forschungsprojekts mit der Universität Marburg drei unterschiedlich große Wacholderheiden [Heidbüchel (Arft), Waberner Heide und Kramershard (Baar)] als Untersuchungsflächen für eine genetische Fallstudie ausgewählt.

Die Beprobung vor Ort von Nadel-Untersuchungsmaterial sowie die molekulargenetischen Laborarbeiten werden im Folgejahr durchgeführt.

Eine abschließende Berichterstattung über diese Untersuchung ist für Mitte 2007 vorgesehen.



Projekt: „Isoenzymatische Untersuchungen am Douglasienbestand 84a (Forstamt Adenau) mit diagnostischen Düngevarianten“

(An isozymic study on the Douglas-fir stand 84a (forest district Adenau) including diagnostic fertilizing variants)

(in Zusammenarbeit mit / in cooperation with ISOGEN RECKERSHAUSEN)

*vgl. hierzu Projekt der Abt. C „Untersuchungen zur Douglasienkrankung“
cf. Project of Dept. C „Investigations on the Douglas-fir disease“*

Zur Ursachenerforschung der Schäden, die seit dem 2. Drittel des zurückliegenden Jahrhunderts an einer Reihe von Douglasienbeständen in Rheinland-Pfalz auftraten, war im April 1989 im FR Denn (FA Adenau) im Bereich der Abt. 84a auf fünf 0,1 ha großen Parzellen mit den Varianten kohlenaurer Magnesiumkalk [CaMgCO₃], Cederan P23 [P₂O₅], Kieserit [MgSO₄], Fetrilon [Fe-Chelat] und Kalkammonsalpeter [NH₄NO₃ + CaCO₃] sowie einer unbehandelten Referenzparzelle ein diagnostischer Düngeversuch angelegt worden. Langfristig soll an den Douglasien die Wirksamkeit der Aufnahme und Wirkung der verschiedenen Nährelemente geprüft werden. Woher das in den Bestand bei der Begründung eingebrachte Douglasienmaterial stammt, ist nicht dokumentiert. Allerdings gibt es die Beobachtung, dass auf dieser Fläche direkt nach der Pflanzung große Ausfälle auftraten.

Zum damaligen Zeitpunkt wurden die allerersten umfassenden genetischen Untersuchungen im Ursprungsgebiet der Douglasie in Nordwestamerika durchgeführt. Mit ihrer Pionierarbeit konnten LI & ADAMS (1989) unter Verwendung von Isoenzym-Genmarkern zeigen, dass sich die beiden Douglasienrassen des Küsten- und des Inlandsbereichs genetisch deutlich voneinander unterscheiden.

Die Herkunft des Douglasienmaterials — Küsten- bzw. Inlandsrasse — spielt nachgewiesenermaßen unter rheinland-pfälzischen Standortbedingungen eine wesentliche Rolle, da Inlandsherkünfte in direkter Nachbarschaft zu Küstenherkünften deutli-

che Schädigungen aufwiesen bzw. nachfolgend großteils abstarben (LEINEMANN 1996, 1997, 1998; MAURER *et al.* 2003, MAURER 2005). Demzufolge scheint die Inlandsrasse der Küstenrasse bei der Reaktion auf wie auch immer gearteten Stress unterlegen zu sein.

Aufgrund des im Monitoringbestand 84a zu erkennenden unterschiedlichen phänotypischen Habitus der Douglasien liegt die Vermutung nahe, dass im derzeitige Bestand Douglasien mit Küstenrassen- und solche mit Inlandsrassen-Charakteristik stocken.

Zur Überprüfung der Zugehörigkeit des Monitoringbestands 84a wurde daher im Spätjahr 2005 nach Probenahme von Nadelruheknospen an 510 Einzelbäumen eine isoenzymatische Untersuchung an 9 Enzymsystemen mit 14 Genorten vorgenommen. Eine Komplettaufnahme (insgesamt 251 Bäume) wurde in allen 6 Parzellen der Düngeversuchsanlage vorgenommen, 259 Bäume wurden aus dem Randbereich ober- und unterhalb der Parzellen beprobt.

Zum Zeitpunkt der Berichterstattung befindet sich die Untersuchung noch in der Auswertung. Erste Ergebnisse weisen bereits darauf hin, dass der Bestand nachweislich sowohl Küsten- als auch Inlandsrassen-Douglasien enthält. Diese sind wiederum in unterschiedlichen Anteilen in den einzelnen Versuchspartellen vorhanden.

Die Gesamtauswertung dieser Untersuchung wird bis Ende 2006 vorliegen.



Projekt: *„Erstellung eines Konzepts für ein genetisches Begleitmonitoring auf Buchen-Level II-Flächen im Modul Biodiversität der neuen EU-Verordnung Forest Focus“
(Designing a concept for a genetic monitoring on beech (*Fagus sylvatica*) level II plots in the framework of the module ‘Biodiversity’ of the EU regulation Forest Focus)*

in Zusammenarbeit mit / in cooperation with ASP Teisendorf, Landesforstanstalt Eberswalde & NW-FVA Göttingen, Standort Hann. Münden

Hintergrund zu Modul ‘Biodiversität’, vgl. Beitrag der Abt. E „Erarbeitung eines Moduls Biodiversität für das Forstliche Umweltmonitoring im Rahmen der neuen EU-Verordnung Forst Focus“

for information on the module ‘Biodiversity’, cf. contribution of Dept. E

“Project: Elaboration of the module biodiversity for the forest related environmental monitoring in the scope of the new EU-ordinance Forest Focus”

Beim Monitoring in Waldökosystemen muss der genetischen Komponente der Biodiversität eine bedeutsamere Rolle als bisher eingeräumt werden, stellt die genetische Diversität doch letztlich die Grundsäule der Biodiversität dar, auf der sich die Arten- und die Habitat- bzw. Ökosystemdiversität aufbauen. Es erscheint daher zwingend erforderlich, eine Einsicht in die Art *und* das Ausmaß der genetischen Strukturen der unsere Waldlandschaften prägenden Waldbaumarten mit ihren Beständen zu erhalten wie auch die Mechanismen zu beobachten, welche der Erzeugung, der Bewahrung bzw. Modifikation der genetischen Variation sowie ihrer Weitergabe an die nächste Generation dienen.

Unter der Federführung von Rheinland-Pfalz und der Mitbeteiligung von Bayern, Brandenburg und Hessen soll mit der Konzipierung des genetischen Forschungsvorhabens *„Erfassung und Monitoring der genetischen Diversität in Buchenpopulationen von Level-II-Flächen in verschiedenen Höhenstufenbereichen von Deutschland“* dieser Forderung im Rahmen des Moduls ‚Biodiversität‘ des EU-Verordnungsvorschlags ‚Forest Focus‘ Rechnung getragen werden. Die Integration der genetischen Komponente bei der Erarbeitung des Moduls „Biodiversität“ war beim Treffen der Expertengrup-

pe im März 2003 an der BLE in Frankfurt/M. als zwingend notwendig betont worden.

Ziel der beabsichtigten genetischen (isoenzymatischen) Untersuchung an vier bundesweit ausgewählten Buchen-Level-II-Flächen im Tieflagenbereich eine Fläche in Brandenburg, im Mittellagenbereich je eine Fläche in Hessen und Rheinland-Pfalz sowie im Hochlagenbereich eine Fläche in Bayern ist modellhaft

(1) die genetische Charakterisierung der vorhandenen Buchenpopulationen mittels bewährter Isoenzym-Genmarker im Rahmen einer Inventur vorzunehmen;

(2) damit einhergehend ein genetisches Monitoring im Hinblick auf sich zukünftig einstellende natürliche wie auch anderweitig bedingte genetische Strukturveränderungen in den als Wirtschaftswald genutzten Buchenpopulationen vorzunehmen, und

(3) falls möglich, zu einem späteren Zeitpunkt das genetische Monitoring durch Hinzunahme von Naturverjüngungspopulationen hinsichtlich der Erfassung von Reproduktions- und Selektionsprozessen zu erweitern.

Hiermit soll Fragen nachgegangen werden bezüglich

(i) der Art und des Ausmaßes der genetischen Diversität in der Buchenpopulation innerhalb der jeweiligen Beobachtungsfläche;

(ii) der Art sowie des Ausmaßes der genetischen Diversität im jeweiligen Gesamtbestand, in dem die Beobachtungsfläche(n) ausgewiesen ist/sind zwecks Überprüfung der Repräsentativität der festgelegten Beobachtungsfläche für den Gesamtbestand;

(iii) der individuellen genetischen Strukturierung der als Probestämme für Blattanalysen und den Kronenzustand ausgewiesenen Buchen hinsichtlich möglicher Korrelationen zwischen Vitalität und genetischer Konstitution; sowie

(iv) einer vergleichenden genetischen Betrachtung der ausgewählten Buchenpopulationen auf überregionaler Ebene zum jeweiligen Vitalitätszustand und die möglichen Veränderungen durch derzeitige/zukünftige Stressoren.

Eine Förderung durch EU-Mittel erfolgt seit Mitte Dezember 2004, so dass das 27-monatige Projekt, in dem die Buchen-Level-II-Dauerbeobachtungsfläche im FA Neuhäusel seitens Rheinland-Pfalz als Untersuchungsbestand eingeschlossen ist, ab 2005 begonnen werden konnte.

Im Berichtsjahr wurden zu Ende des Spätwinters auf allen vier ausgewählten Flächen die Probenahme von Blattruheknospen an 200-250 Einzelbäumen vorgenommen und diese nachfolgend unter Verwendung von 9 Enzymsystemen isoenzymatisch untersucht.

Zum Zeitpunkt der Berichterstattung werden die genetischen Daten von allen vier Untersuchungsflächen zusammengeführt und gemeinsam ausgewertet.

Erste Ergebnisse werden im Laufe des ersten Halbjahres 2006 erwartet.