

TÄTIGKEITSBERICHT DER
BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE

Forstliche Genressourcen und Forstsaat- gutrecht

Berichtszeitraum 2019 – 2023



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung

Tätigkeitsbericht der Bund-Länder-Arbeitsgruppe

„Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“

Berichtszeitraum 2019 – 2023

Bonn 2024



NW-FVA
Nordwestdeutsche
Forstliche Versuchsanstalt

**Forstliche Versuchs-
und Forschungsanstalt**
Abteilung Waldnaturschutz,
Freiburg



Bayerisches Amt für Waldgenetik
Teisendorf



**Landeskompetenzzentrum
Forst Eberswalde**
FB Waldökologie und Monitoring



**Bundesanstalt für Landwirtschaft
und Ernährung**
Referat 331 – Informations- und Koordina-
tionszentrum für Biologische Vielfalt,
Bonn



**Bundesministerium
für Ernährung
und Landwirtschaft**

**Referat 515 – Nachhaltige
Waldbewirtschaftung, Holzmarkt**
Bonn



**Landesforstanstalt
Mecklenburg-Vorpommern**
Betriebsteil Forstplanung, Versuchswesen,
Informationssysteme
FG Forstliches Versuchswesen,
Waldgenerhaltung, Waldnaturschutz
Schwerin

Landesbetrieb Wald und Holz
Nordrhein-Westfalen



Zentrum für Wald und Holzwirtschaft
Team Waldbau, SG 52 – Forstgenetik,
Forstvermehrungsgut
Arnsberg



NW-FVA
Nordwestdeutsche
Forstliche Versuchsanstalt

Abteilung Waldgenressourcen
SG Erhaltung und Nutzung
Forstlicher Genressourcen
Hann. Münden

STAATSBETRIEB
SACHSENFORST



Freistaat
SACHSEN

**Kompetenzzentrum Wald
und Forstwirtschaft**
Referat 42 – Forstgenetik und
Forstpflanzenzüchtung
Pirna



Thünen-Institut für Forstgenetik



**Forstliches Forschungs- und
Kompetenzzentrum Gotha**
Referat Klimafolgen, Forschung
und Versuchswesen



**Forschungsanstalt für
Waldökologie und Forstwirtschaft**
FB Nachhaltige Waldbewirtschaftung,
Forstliches Genressourcenzentrum
Trippstadt

Mitglieder der Arbeitsgruppen

Mitglieder der Bund-Länder-Arbeitsgruppe

Herr Prof. Dr. B. Degen, Thünen-Institut für Forstgenetik, Großhansdorf

Herr M. Erley, Landesbetrieb Wald und Holz Nordrhein-Westfalen, Zentrum für Wald und Holzwirtschaft, Arnsberg (NW) (seit 01.07.2020)

Frau Dr. M. Haverkamp, Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), Bonn

Frau J. Henry, Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), Ref. 515, Bonn (seit 01.03.2021)

Herr Dr. A. Janßen, Bayerisches Amt für Waldgenetik, Teisendorf (BY) (bis 30.09.2022)

Frau K. Kahlert, ThüringenForst, Anstalt öffentlichen Rechts, Forstliches Forschungs- und Kompetenzzentrum, Gotha (TH) (bis 30.04.2022)

Herr Prof. Dr. R. Kätzel, Landeskompetenzzentrum Forst, Eberswalde (BB)

Herr Dr. J.R.G. Kleinschmit, Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Freiburg (BW)

Herr P. Lemmen, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Trippstadt (RP/SL) (seit 01.11.2020)

Herr Dr. M. Liesebach, Thünen-Institut für Forstgenetik, Großhansdorf

Herr Dr. M. Meyer, Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Pirna (SN) (seit 01.04.2023)

Herr M. Paul, Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Hann. Münden (HE, NI, SH, ST)

Frau S. Poeppel, Landesforstanstalt Mecklenburg-Vorpommern, BT-FVI, Forstliches Versuchswesen, Schwerin (MV) (seit 01.09.2023)

Herr I. Profft, ThüringenForst, Anstalt öffentlichen Rechts, Forstliches Forschungs- und Kompetenzzentrum, Gotha (TH) (seit 01.05.2022)

Herr M. Rogge, Landesbetrieb Wald und Holz Nordrhein-Westfalen, Zentrum für Wald und Holzwirtschaft, Arnsberg (NW) (bis 30.06.2020)

Herr B. Rose, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Trippstadt (RP/SL) (bis 31.10.2020)

Herr Dr. M. Šeho, Bayerisches Amt für Waldgenetik, Teisendorf (BY) (seit 01.10.2022)

Frau Dr. D. Steinhauser, Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), Bonn (bis 28.02.2021)

Herr W. Voth, Landesforstanstalt Mecklenburg-Vorpommern, BT-FVI, Forstliches Versuchswesen, Schwerin (MV) (bis 28.02.2023)

Herr Dr. H. Wolf, Staatsbetrieb Sachsenforst, Pirna (SN) (bis 31.03.2023)

Mitglieder der Ad-hoc-Arbeitsgruppe „Genetische Analysen“

Herr Dr. A. Höltken Nordwestdeutsche Forstliche
Versuchsanstalt, Hann. Münden

Frau Dr. H. Liesebach, Thünen-Institut für Forst-
genetik, Großhansdorf

Frau U. Tröber, Staatsbetrieb Sachsenforst, Pirna

Mitglieder der Ad-hoc-Arbeitsgruppe „Genetisches Monitoring“

Herr Prof. Dr. R. Kätzel, Landeskompetenz-
zentrum Forst, Eberswalde

Herr Dr. B. Degen, Thünen-Institut für Forst-
genetik, Großhansdorf

Mitglieder der Ad-hoc-Arbeitsgruppe „Indikatoren“

Herr Prof. Dr. R. Kätzel, Landeskompetenz-
zentrum Forst, Eberswalde

Herr Dr. J.R.G. Kleinschmit, Forstliche Versuchs-
und Forschungsanstalt Baden-Württemberg,
Freiburg

Frau Dr. H. Liesebach, Thünen-Institut für Forst-
genetik, Großhansdorf

Herr Dr. M. Liesebach, Thünen-Institut für Forst-
genetik, Großhansdorf

Inhaltsverzeichnis

Mitglieder der Arbeitsgruppen	5	4	Bewahrung der Biodiversität in den Wäldern – Auswirkungen der Waldbewirtschaftung	51
Mitglieder der Bund-Länder-Arbeitsgruppe	5		Wie wurde die genetische Vielfalt in den Studien gemessen?	51
Abkürzungsverzeichnis	9		Kunstverjüngung versus Naturverjüngung	52
Vorwort	12		Durchforstungen und Holzeinschlag	53
1 Aufgaben und Ziele	14		Führt die Forstpflanzenzüchtung zur dauerhaften Reduktion der genetischen Vielfalt der Bäume?	54
I Sachstandsbericht	16		Was ist eine sinnvolle Zielgröße für genetische Vielfalt in Baumbeständen?	54
2 Zusammenfassung der Maßnahmen zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen von Baum- und Straucharten	16		Warum führten forstwirtschaftliche Maßnahmen nur in seltenen Fällen zu einer genetischen Einengung?	56
2.1 Baumarten des FoVG	17		Schlussfolgerungen und Empfehlungen	56
2.2 Baumarten, die nicht dem FoVG unterliegen	32		Empfehlungen zur Förderung der genetischen Vielfalt und Sicherung von Anpassbarkeit und Anpassungsfähigkeit	57
2.3 Straucharten	40		5 Evaluierung eines möglichen Änderungsbedarfs des FoVG	60
2.4 Übersicht der nationalen Erhaltungsbestände für das europäische Erhaltungsprogramm forstgenetischer Ressourcen (EUFORGEN)	45		Vorgehen	60
II. Arbeitsschwerpunkte der BLAG-FGR im Berichtszeitraum	48		Einige ausgewählte inhaltliche Aspekte	60
3 Umsetzung von Handlungsempfehlungen zur Ausweisung von Generhaltungseinheiten	48		Weiteres Vorgehen	61
Überprüfung der Kriterien zur Ausweisung von In-situ-Generhaltungseinheiten	48		6 Handlungsempfehlungen für alternative Baumarten im Klimawandel aus forstgenetischer Sicht	62
			Identifizierung von Arten im Klimawandel	62
			Länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten	63
			7 Samenplantagenkonzept für alternative Baumarten	64

8	Aktivitäten der Bundesländer	67	13	Neue Entwicklungen und Ausblick	99
	8.1 Baden-Württemberg	67		Anpassung an den Klimawandel	99
	8.2 Bayern	69		Akute Gefährdung der Gewöhnlichen Esche (<i>Fraxinus excelsior</i>)	100
	8.3 Brandenburg	70		Entwicklung und Umsetzung eines Samenplantagenkonzeptes für Alternativbaumarten und Anlage von Herkunftsversuchen zu südosteuropäischen Alternativbaumarten (Kapitel 7)	100
	8.4 Hessen, Niedersachsen, Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein	71		Weiterentwicklung des Nationalen Fachprogramms	100
	8.5 Mecklenburg-Vorpommern	77		Weiterentwicklung des genetischen Monitorings als Beitrag zum Nationalen Biodiversitätsmonitoring im Wald (NaBioWald)	101
	8.6 Nordrhein-Westfalen	78	14	Veröffentlichungen des Bundes und der Bundesländer zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstgenetischer Ressourcen	102
	8.7 Rheinland-Pfalz	80		Impressum	118
	8.8 Sachsen	81			
	8.9 Thüringen	82			
9	Forstgenetische Forschungsvorhaben und Forschungsschwerpunkte 2019 - 2023	84			
10	Koordination und Kooperation	91			
	Status der Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen	91			
	Genetische Untersuchungen im Rahmen der vierten Bundeswaldinventur	92			
	Wissenschaftlicher Beirat für Biodiversität und Genetische Ressourcen beim BMEL (WBBGR)	92			
	Nationale Strategie für die Erhaltung und Förderung der genetischen Ressourcen für Landwirtschaft und Ernährung	92			
	Deutsche Anpassungsstrategie an den Klimawandel (DAS) hier Indikator „Erhaltung forstgenetischer Ressourcen“	93			
	Erstellung des Tätigkeitsberichtes der BLAG-FGR	93			
11	Einbindung der Tätigkeiten der BLAG-FGR in die europäische Koordinierung zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen (EUFORGEN/EUFGIS)	94			
12	Öffentlichkeitsarbeit	96			

Abkürzungsverzeichnis

Abkürzung	Bedeutung
AWG Teisendorf	Bayerisches Amt für Waldgenetik, Teisendorf
BB	Brandenburg
BLAG-FGR	Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“
BLE	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
BMEL	Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
BMUV	Bundesministerium Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz
BT-FVI	Betriebsteil Forstplanung, Versuchswesen und Informationssysteme (LFoA MV)
BWI	Bundeswaldinventur
BW	Baden-Württemberg
BY	Bayern
CGRFA	Kommission für genetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (<i>Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture</i>)
DAS	Deutsche Anpassungsstrategie an den Klimawandel
DDG	Deutsche Dendrologische Gesellschaft e.V.
DNA	Desoxyribonukleinsäure (<i>deoxyribonucleic acid</i>)
DVFFA	Deutscher Verband Forstlicher Forschungsanstalten
EFI	Europäisches Forstinstitut (<i>European Forest Institute</i>)
EU	Europäische Union
EUFGIS	Europäisches Informationssystem für forstgenetische Ressourcen (<i>European Information System on Forest Genetic Resources</i>)
EUFORGEN	Europäisches Programm für forstgenetische Ressourcen (<i>European Forest Genetic Resources Programme</i>)
FAO	Welternährungsorganisation (<i>Food and Agriculture Organization of the United Nations</i>)
FAWF	Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz
FFK Gotha	Forstliches Forschungs- und Kompetenzzentrum, Gotha
FGR	Forstgenetische Ressourcen
FGRDEU	Nationales Inventar forstgenetischer Ressourcen

Abkürzung	Bedeutung
FNR	Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V.
FoGZ	Forstliches Genressourcenzentrum
FoVDV	Forstvermehrungsgut-Durchführungsverordnung
FoVG	Forstvermehrungsgutgesetz
FoVHgV	Forstvermehrungsgut-Herkunftsgebietsverordnung
FoVZV	Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung
FoWiTa	Forstwissenschaftliche Tagung
FPRN	Förderprogramm Nachwachsende Rohstoffe
FVA BW	Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg
Gbs	Genotypisierung durch Sequenzierung (<i>genotyping by sequencing</i>)
GPA	Globaler Aktionsplan (<i>Global Plan of Action</i>)
HE	Hessen
HMLUWFJH	Hessische Ministerium für Landwirtschaft und Umwelt, Weinbau, Forsten, Jagd und Heimat
ISO	Isoenzym-Analyse
IT	Informationstechnologie
KfN	Kompetenzzentrum für forstliche Nebenproduktion
LFE	Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde
LFoA MV	Landesforstanstalt Mecklenburg-Vorpommern
LWF	Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft
MCPFE	Ministerkonferenz zum Schutz der Wälder in Europa (heute Forest Europe) (<i>Ministerial Conference on the Protection of Forests in Europe</i>)
MKUEM RLP	Ministerium für Klimaschutz, Umwelt, Energie und Mobilität Rheinland Pfalz
ML Niedersachsen	Niedersächsisches Ministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz
MLV	Ministerium für Landwirtschaft, und Verbraucherschutz des Landes Nordrhein-Westfalen
MRL Baden-Württemberg	Ministerium für Ernährung, Ländlichen Raum und Verbraucherschutz
MV	Mecklenburg-Vorpommern
NFP	Nationaler Fokus Punkt (<i>National Focal Point</i>)
NI	Niedersachsen
NW	Nordrhein-Westfalen

Abkürzung	Bedeutung
NW-FVA	Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt
OECD	Organisation für wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung (<i>Organisation for Economic Co-operation and Development</i>)
RP	Rheinland-Pfalz
SBS	Staatsbetrieb Sachsenforst
SH	Schleswig-Holstein
SL	Saarland
SN	Sachsen
SNP	Einzelnukleotid-Polymorphismus (<i>Single Nucleotide Polymorphism</i>)
ST	Sachsen-Anhalt
STMELF	Bayerische Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten
SoW-FGR	Weltzustandsbericht über forstgenetische Ressourcen (<i>State of the World's Forest Genetic Resources</i>)
TH	Thüringen
Thünen-Institut	Johann Heinrich von Thünen-Institut
WBBGR	Wissenschaftlicher Beirat für Biodiversität und Genetische Ressourcen beim BMEL
ZüF	Zertifizierungsring für überprüfbare forstliche Herkunft Süddeutschland e.V.

Vorwort

Der Berichtszeitraum des vorgelegten Tätigkeitsberichtes der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ (BLAG-FGR) endete mit dem Jahr 2023. Nach einer Reihe von Jahren mit Extremwetterereignissen, insbesondere Sommertrockenheit und Hitze, steht die Waldwirtschaft in Deutschland vor großen Herausforderungen mit Blick auf Wiederbewaldung und Waldumbau. Ziel ist es, in Zeiten des Klimawandels die Wälder fit für die Zukunft zu machen. Dazu gilt es, die Anpassungsfähigkeit der Wälder in Deutschland zu stärken und ihre Ökosystemleistungen zu sichern. Neben der Suche nach Alternativbaumarten rückt die innerartliche genetische Variation als Basis für Angepasstheit und Anpassungsfähigkeit in den Fokus. Gleichzeitig findet eine Diskussion über die Chancen und Risiken eines unterstützten Genflusses (assisted migration) statt. Sowohl zu Alternativbaumarten wie auch zur innerartlichen genetischen Variation hat die BLAG-FGR in den vergangenen Jahren wichtige Empfehlungen entwickelt. Die genetische Mannigfaltigkeit von Individuen und Populationen ist und bleibt im Zusammenspiel mit der Vielfalt der Arten die Voraussetzung für Anpassungsprozesse an Umweltänderungen. Erhaltung und nachhaltige Nutzung vielfältiger forstgenetischer Ressourcen sind somit wesentliche Schlüsselemente für die zukünftige Stabilität, Produktivität und Leistungsfähigkeit unserer Wälder.

Der vorliegende Tätigkeitsbericht 2019 - 2023 der BLAG-FGR fasst den aktuellen Stand der Maßnahmen zur Erhaltung und Nutzung forstgenetischer Ressourcen in Deutschland zusammen. Das vorhandene Potenzial forstgenetischer Ressourcen sollte systematisch genutzt und entwickelt werden, um die Zukunft des Waldes und seiner Leistungen aktiv zu sichern und zu fördern.

Die nachfolgende Wortwolke (Abbildung 1-1) stellt die Themen dar, welche aus Sicht der Mitglieder der BLAG-FGR die Arbeit der Gruppe in den vergangenen fünf Jahren geprägt haben. Neben der genetischen Vielfalt als einer der drei Ebenen der Biodiversität stehen die Themen Herkunftsempfehlungen zur Sicherung der Anpassungsfähigkeit, der Nachhaltigkeit und der Rohstofffunktion im Zentrum. Samenplantagen und Saatguterntebestände sind dabei wichtige Instrumente, um geeignetes Vermehrungsgut für eine multifunktionale Bewirtschaftung bereitzustellen. In den letzten Jahren hat das genetische Monitoring als Baustein eines Biodiversitätsmonitorings im Wald an Bedeutung gewonnen. Es soll die notwendigen Informationen für ein adaptives Management in Zeiten des Klimawandels bereitstellen. Erhaltung und Nutzung forstgenetischer Ressourcen gehören dabei untrennbar zusammen und bedingen sich gegenseitig.

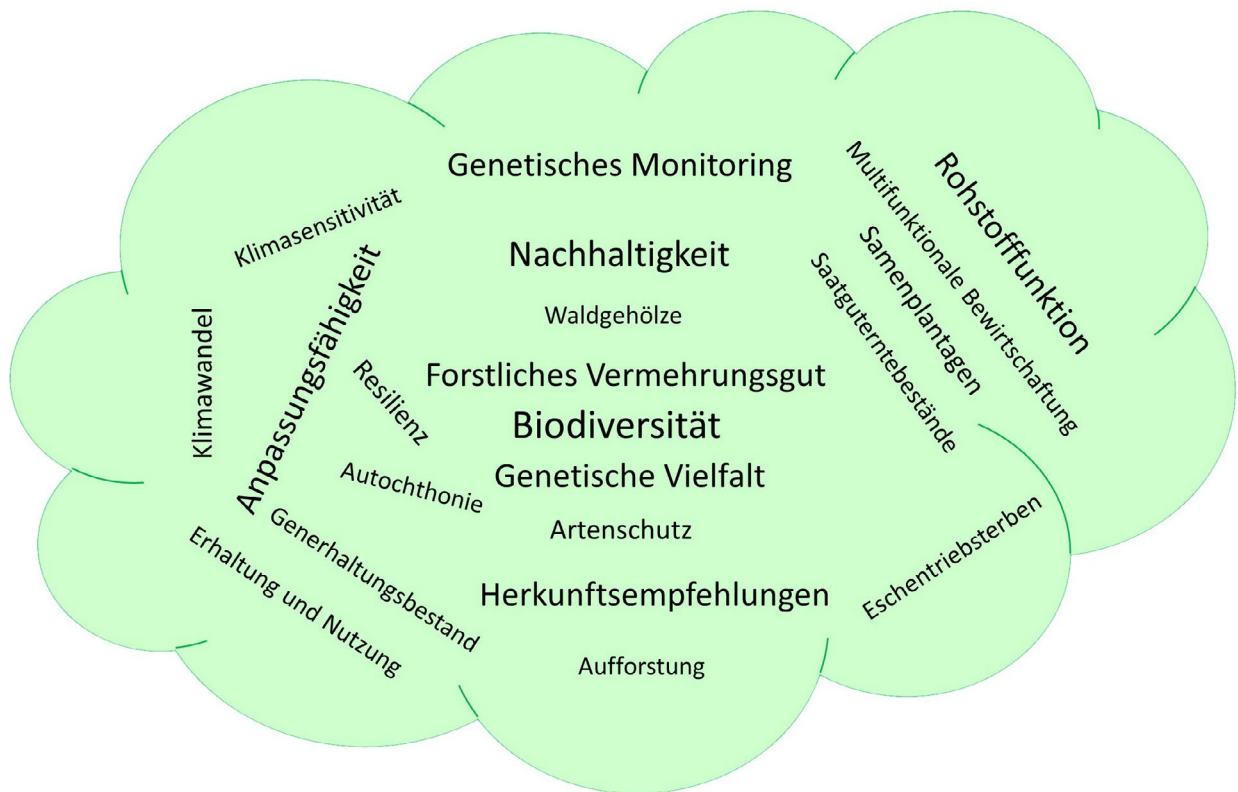


Abbildung 1-1: Wortwolke „Themen der BLAG-FGR“.

1 Aufgaben und Ziele

Die Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ (BLAG-FGR) koordiniert seit 1985 im Auftrag der Forstchefkonferenz bzw. der Waldbaureferenten des Bundes und der Länder die Umsetzung aller Maßnahmen zur Erhaltung und Nutzung forstgenetischer Ressourcen und Forschungsaktivitäten in der Bundesrepublik Deutschland zur Erhaltung der biologischen Vielfalt als Voraussetzung für die Anpassungs- und Leistungsfähigkeit der Baum- und Straucharten.

Die im Jahr 2000 verabschiedete und 2010 aktualisierte Neufassung des Konzeptes zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (Nationales Fachprogramm forstlicher Genressourcen, Paul et al. 2010) sieht eine regelmäßige Festlegung spezifischer Arbeitsschwerpunkte zu dessen Umsetzung vor.

Die BLAG-FGR ist das Koordinierungsgremium für die Umsetzung der Maßnahmen und Forschungsaktivitäten zur Evaluierung und Erhaltung der genetischen Vielfalt der Wälder. Gleichzeitig nimmt sie die Funktion eines Fachausschusses zu Fragen der Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstgenetischer Ressourcen wahr und ist auch Mitglied im „Wissenschaftlichen Beirat für Biodiversität und Genetische Ressourcen“ beim Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL).

Die Umsetzung der Maßnahmen erfolgt im Rahmen des Nationalen Fachprogramms forstlicher Genressourcen nach abgestimmten Arbeitsschwerpunkten in fünfjährigen Arbeits-

phasen auf der Grundlage des bisher erreichten Arbeitsstandes und unter Berücksichtigung der Möglichkeiten der in der BLAG-FGR vertretenden Institutionen der Länder und des Bundes.

Im Berichtszeitraum war die Arbeit auf folgende Schwerpunkte ausgerichtet:

- Umsetzung von Handlungsempfehlungen zur Ausweisung von Generhaltungseinheiten (Kapitel 3)
- Bewahrung der Biodiversität in den Wäldern – Auswirkungen der Waldbewirtschaftung (Kapitel 4)
- Evaluierung eines möglichen Änderungsbedarfs des Forstvermehrungsgutgesetzes (FoVG) (Kapitel 5)
- Handlungsempfehlungen für alternative Baumarten im Klimawandel aus forstgenetischer Sicht (Kapitel 6)
- Konzept für Samenplantagen für alternative Baumarten (Kapitel 7)
- Zusammenarbeit auf europäischer Ebene (Kapitel 11)
- Berichterstattung und Öffentlichkeitsarbeit (Kapitel 12 und 13)

Im Berichtszeitraum hatte Herr Dr. Wolf (Sachsen) bis zum Frühjahr 2023 den Vorsitz der Arbeitsgruppe inne. Im Anschluss wählte das Gremium Herrn Dr. Kleinschmit (Baden-Württemberg) zum Vorsitzenden.

Die Geschäftsstelle der BLAG-FGR befindet sich beim Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt der Bundesanstalt für

Landwirtschaft und Ernährung (BLE) und wird durch Frau Dr. Haverkamp repräsentiert. Die BLAG-FGR führt in der Regel jährlich zwei Arbeitstreffen durch.

Der vorliegende Tätigkeitsbericht umfasst den Zeitraum von 2019 - 2023. Die Erhebung der Daten zum Sachstand der Erhaltungsmaßnahmen der Länder und des Bundes erfolgte zum Stichtag 31.12.2022. Zusätzlich wird auf der Internetseite des Nationalen Inventars forstlicher Genressourcen FGRDEU (<https://fgrdeu.genres.de/>) über den aktuellen Sachstand zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen informiert.

Zitierte Literatur

Paul, M.; Hinrichs, T.; Janßen, A.; Schmitt, H.-P.; Soppa, B.; Stephan, B.R.; Dörflinger, H. (2010): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Aktualisierte Neuauflage, Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz, Bonn. 83 S.

I Sachstandsbericht

2 Zusammenfassung der Maßnahmen zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen von Baum- und Straucharten

Die Erfassung und Ausweisung von Wäldern, Beständen, Baumgruppen und Einzelbäumen als Generhaltungseinheiten durch die Länder sind die Grundlage für eine an den Erhaltungszielen ausgerichtete Bewirtschaftung sowie für die Durchführung von weiteren Maßnahmen zur weitgehenden und dauerhaften Erhaltung der forstlichen Genressourcen. In einer Generhaltungseinheit sollte die zu erhaltende Baumart gefördert und gepflegt werden, so alt wie möglich sein und, wenn es die Ausgangslage zulässt, natürlich verjüngt werden. Ist eine natürliche Verjüngung nicht möglich, sollte die Verjüngung durch Saat und Pflanzung mit Vermehrungsgut erfolgen, das ausschließlich in dem betreffenden Bestand gewonnen wurde oder aus entsprechenden Samenplantagen stammt, wie zum Beispiel im Falle von seltenen Baumarten.

Die nachhaltige Sicherstellung der Leistungen der Wälder für heutige und künftige Generationen kann in der Waldverjüngung durch mehrere Elemente sichergestellt werden:

- die Gewinnung von forstlichem Vermehrungsgut entsprechend des Forstvermehrungsgutgesetzes (FoVG),
- die Verwendung von standortgerechtem, genetisch angepasstem und anpassungsfähigem sowie identitätsgesichertem Vermehrungsgut,
- die Berücksichtigung von forstgenetischen Erkenntnissen in der Waldverjüngung sowie
- die *In-situ*-Erhaltung forstlicher Genressourcen.

Durch die Integration der *In-situ*-Erhaltungsmaßnahmen in den Forstbetrieb können die

Ziele der forstlichen Generhaltung kostengünstig in breitem Umfang erreicht werden.

Ex-situ-Erhaltungsmaßnahmen ergänzen die vorgenannten Ansätze, indem spezielle Erhaltungspflanzungen mit Vermehrungsgut definierter Ursprungs und definierter genetischer Zusammensetzung angelegt werden, Samenplantagen zur Produktion hochwertigen Vermehrungsgutes aufgebaut oder besondere Saatgutpartien in Genbanken eingelagert werden. *In-situ*- und *Ex-situ*-Erhaltungsmaßnahmen haben jeweils andere Potenziale und ergänzen sich.

Bei Maßnahmen zur Erhaltung forstlicher Genressourcen wird zwischen den Baumarten, welche den Regelungen des Forstvermehrungsgesetzes unterliegen, sonstigen Baumarten und Straucharten unterschieden. Für Erstere existieren mit dem FoVG und den zugehörigen Vorschriften verbindliche Rahmenbedingungen für die Erhaltungsarbeit. Dies gilt so nicht für die übrigen Baum- und Straucharten, auch wenn viele der Vorgaben analog angewendet werden sollten, um die genetische Vielfalt und damit die Anpassungsfähigkeit auch bei diesen Arten sicherzustellen.

2.1 Baumarten des FoVG

Tabelle 2-1:
Liste der Baumarten und künstlichen Hybriden, die der Richtlinie 1999/105/EG (FoVG zu § 2 Nr. 1) unterliegen.

Botanischer Name	Deutscher Name
<i>Abies alba</i> Mill.	Weiß-Tanne
<i>Abies cephalonica</i> Loud.	Griechische Tanne*
<i>Abies grandis</i> Lindl.	Küsten-Tanne
<i>Abies pinsapo</i> Boiss.	Spanische Tanne*
<i>Acer platanoides</i> L.	Spitz-Ahorn

Botanischer Name	Deutscher Name
<i>Acer pseudoplatanus</i> L.	Berg-Ahorn
<i>Alnus glutinosa</i> (L.) Gaertn.	Schwarz-Erle (Rot-Erle)
<i>Alnus incana</i> (L.) Moench	Grau-Erle
<i>Betula pendula</i> Roth	Sand-Birke
<i>Betula pubescens</i> Ehrh.	Moor-Birke
<i>Carpinus betulus</i> L.	Hainbuche
<i>Castanea sativa</i> Mill.	Edel-Kastanie
<i>Cedrus atlantica</i> (Endl.) Manetti	Atlas-Zeder*
<i>Cedrus libani</i> A. Richard	Libanon-Zeder*
<i>Fagus sylvatica</i> L.	Rot-Buche
<i>Fraxinus angustifolia</i> Vahl	Schmalblättrige Esche*
<i>Fraxinus excelsior</i> L.	Esche (Gewöhnliche Esche)
<i>Larix decidua</i> Mill.	Europäische Lärche
<i>Larix kaempferi</i> (Lamb.) Carr.	Japanische Lärche
<i>Larix sibirica</i> (Muenchh.) Ledeb.	Sibirische Lärche*
<i>Larix x eurolepis</i> Henry	Hybridlärche
<i>Picea abies</i> (L.) Karst.	Fichte (Gewöhnliche Fichte)
<i>Picea sitchensis</i> (Bong.) Carr.	Sitka-Fichte
<i>Pinus brutia</i> Ten.	Kalabrische Kiefer*
<i>Pinus canariensis</i> C. Smith	Kanaren-Kiefer*
<i>Pinus cembra</i> L.	Zirbel-Kiefer*
<i>Pinus contorta</i> Dougl. ex Loud.	Dreh-Kiefer*
<i>Pinus halepensis</i> Mill.	Aleppo-Kiefer (See-Kiefer) *
<i>Pinus leucodermis</i> Ant.	Schlangenhaut-Kiefer*
<i>Pinus nigra</i> Arnold	Schwarz-Kiefer
<i>Pinus pinaster</i> Ait.	Strand-Kiefer*
<i>Pinus pinea</i> L.	Pinie*
<i>Pinus radiata</i> D. Don	Monterey-Kiefer*

Botanischer Name	Deutscher Name
<i>Pinus sylvestris</i> L.	Wald-Kiefer (Gewöhnliche Kiefer)
<i>Populus</i> spp.	Pappeln (alle Arten und künstlichen Hybriden)
<i>Prunus avium</i> L.	Vogel-Kirsche (außer zur Verwendung im Obstbau)
<i>Pseudotsuga menziesii</i> (Mirb.) Franco	Douglasie
<i>Quercus cerris</i> L.	Zerr-Eiche*
<i>Quercus ilex</i> L.	Stein-Eiche*
<i>Quercus petraea</i> (Mattuschka) Liebl.	Trauben-Eiche
<i>Quercus pubescens</i> Willd.	Flaum-Eiche*
<i>Quercus robur</i> L.	Stiel-Eiche
<i>Quercus rubra</i> L.	Rot-Eiche
<i>Quercus suber</i> L.	Kork-Eiche*
<i>Robinia pseudoacacia</i> L.	Robinie
<i>Tilia cordata</i> Mill.	Winter-Linde
<i>Tilia platyphyllos</i> Scop.	Sommer-Linde

Baumarten, die für die Forstwirtschaft im Inland bisher keine Bedeutung hatten, sind in Tabelle 2-1 mit einem „*“ markiert. Für diese Baumarten sind keine Herkunftsgebiete ausgewiesen. Im Zuge der Erhaltung forstlicher Genressourcen werden aber auch diese Baumarten berücksichtigt; im Berichtszeitraum waren dies *Abies pinsapo*, *Pinus contorta*, *Quercus cerris* und *Quercus pubescens*.

In-situ-Erhaltung

Zum Stichtag 31.12.2022 sind in Deutschland 7.176 Waldbestände von 30 Baumarten, die dem FoVG unterliegen (darunter alle 28 Baumarten, die für die Wald- und Forstwirtschaft in

Deutschland eine hohe Bedeutung haben) mit einer Fläche von ca. 34.268 Hektar sowie 10.709 Einzelbäume erfasst und für die *In-situ*-Erhaltung ausgewiesen (Tabelle 2-3). Gegenüber dem vorherigen Berichtszeitraum hat sich die Fläche damit um etwa 6.400 Hektar erhöht, die Anzahl der gemeldeten *In-situ*-Individuen dagegen um 3.291 verringert.

Da zum Ende des Berichtszeitraumes die Ergebnisse der vierten Bundeswaldinventur (BWI4) noch nicht vorlagen, dienen die Ergebnisse der Baumartenanteile der dritten Bundeswaldinventur (BWI3) als Bezugsgröße. Danach entspricht die Fläche der für Generhaltungszwecke *in situ* erfassten Waldbestände der FoVG-Baumarten 0,31 % der gesamten Holzbodenfläche Deutschlands, die laut BWI3 10,9 Millionen Hektar beträgt (BWI3 2014). Den größten Anteil nimmt dabei mit rund 37 % die Rot-Buche (*Fagus sylvatica*) ein, gefolgt von den beiden Eichenarten, Stiel- und Trauben-Eiche (*Quercus petraea*, *Q. robur*), mit zusammen rund 20 %.

Über 72 % der registrierten *In-situ*-Bestände entfallen sowohl in der Anzahl (5.292) wie auch in der Flächenbelegung (77,6 %) auf die Laubbaumarten. Innerhalb der Gruppe der 18 FoVG-Laubbaumarten machen die drei oben genannten Arten einen Anteil von rund 47,5 % an der Anzahl der Bestände und fast 75 % an der anteiligen Fläche aus. Unter den 10 Nadelbaumarten stehen Wald-Kiefer (*Pinus sylvestris*) und Fichte (*Picea abies*) sowie Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*), erwartungsgemäß für die meisten Vorkommen, sowohl was die Anzahl der Einzelnennungen (1.972) als auch den gemeinsamen Flächenumfang (ca. 82 %) betrifft.

Die Bestände der anderen Laubbaumarten mit hoher Lebensdauer wie die Ahornarten (*Acer platanoides*, *A. pseudoplatanus*), die Esche (*Fraxi-*

nus excelsior) und die Lindenarten (*Tilia cordata*, *T. platyphyllos*) nehmen 6,5 %, die der anderen Laubbaumarten mit niedriger Lebensdauer wie die Birken- und Erlenarten (z. B. *Betula pendula*, *Alnus glutinosa*), die Hainbuche (*Carpinus betulus*) sowie die Pappelarten (*Populus* spp.) weitere 10,8 % (darunter die Schwarz-Pappel (*Populus nigra*) mit 2,1 %) der *In-situ*-Gesamtfläche ein.

Bei den Nadelbaumarten betragen die Anteile bei Wald-Kiefer 9,9 %, bei Fichte 6 % und aller anderen Nadelbaumarten 6,5 % an den *In-situ*-Generationsbeständen.

Bei den für die *In-situ*-Erhaltung registrierten Einzelbaumvorkommen wird die Liste von der Vogel-Kirsche (*Prunus avium*) mit 29,2 % (3.127), sowie der Weiß-Tanne (*Abies alba*) angeführt. Dahinter folgen die Pappelarten (*Populus* spp.) mit je rund 19 % und 18 % (2.084 bzw. 2.020, davon alleine für die Schwarz-Pappel 2.000 Meldungen) sowie der Spitz-Ahorn (*Acer platanoides*), Esche und Berg-Ahorn (*Acer pseudoplatanus*) mit zusammen etwa 12 % (1.279).

Saatguterntbestände als genetische Ressourcen

Mit Stand vom 31.12.2022 sind in der Kategorie „Ausgewählt“ insgesamt 14.123 Erntebestände mit einer reduzierten Fläche von 100.432 Hektar zugelassen (Tabelle 2-5). Bezogen auf die Gesamtfläche entfallen davon 60 % auf die Laubbaumarten Rot-Buche (über 30 %) und die Eichen-Arten (annähernd 30 %) sowie ebenso über 30 % auf die Nadelbaumarten Wald-Kiefer (12 %), Fichte (10 %), Douglasie (4,6 %) und Weiß-Tanne (3,6 %) (Abbildung 2-1). Alle anderen dem FoVG unterliegenden Baumarten weisen einen Anteil von unter einem Prozent auf (Tabelle 2-5).

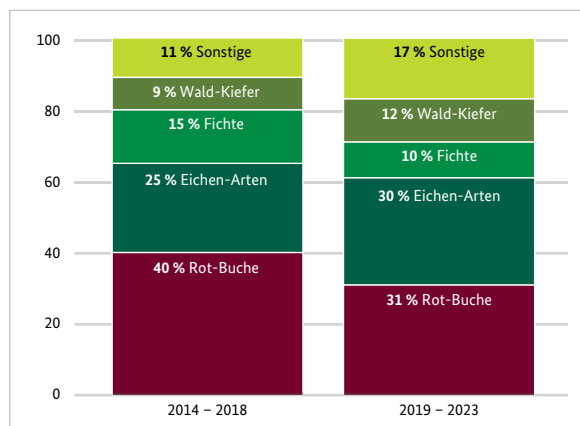


Abbildung 2-1: Anteil Baumarten an zugelassener Gesamtfläche der Erntebestände im vorhergehenden Berichtszeitraum 2014 - 2018 sowie aktuellen Berichtszeitraum 2019 - 2023. Kategorie „Ausgewählt“ zum Stand 31.12.2022.

Die 157 Zulassungseinheiten in der Kategorie „Geprüft“ entfielen zu 66 % auf Erntebestände mit 963 ha, zu 34 % auf Samenplantagen mit 168 Hektar. Gegenüber dem vorherigen Berichtszeitraum hat sich die Anzahl der Bestände in der Kategorie „Ausgewählt“ (aktuell 14.123) um rund 30 % verringert, gemessen an der Flächensumme um rund 40 % (aktuell 100.432 Hektar).

Vor allem bei Fichte und Esche haben sich Bestandesanzahl und Bestandesfläche ausgewählter Erntebestände um über 50 % gegenüber dem letzten Berichtszeitraum 2014 - 2018 erheblich reduziert. Dies ist mit Sicherheit auf die hohen Mortalitäten und der Ausbreitung von Schadorganismen bei diesen Baumarten in den letzten Jahren zurückzuführen. Auch die Rot-Buche büßte vor allem Bestandesfläche ein. Hier sind neben der zunehmenden Kalamität der letzten Trockenjahre auch der Verlust von Ernteflächen durch auflaufende, flächige Naturverjüngung als Ursachen zu nennen. Die Länder haben zudem ihre Aktivitäten erhöht, die in den Erntezulassungsregistern geführten Erntebestände zu bereisen und hinsichtlich Erntemöglichkeit und

Erntewürdigkeit zu beurteilen sowie daraufhin ggf. Zulassungen abzuerkennen.

Die deutliche Tendenz zu wärmetoleranteren Baumarten zeigt sich vor allem bei der Edel-Kastanie (*Castanea sativa*), dem Spitz-Ahorn, der Sand-Birke (*Betula pendula*), der Douglasie, aber auch Rot-Eiche (*Quercus rubra*) sowie der Küsten-Tanne (*Abies grandis*; bei der in südlichen Bundesländern hohe Ausfallraten festzustellen sind). Für diese Arten sind Flächenzunahmen zu verzeichnen, bis hin zur Verdopplung der Fläche zugelassener Erntebestände (Edel-Kastanie).

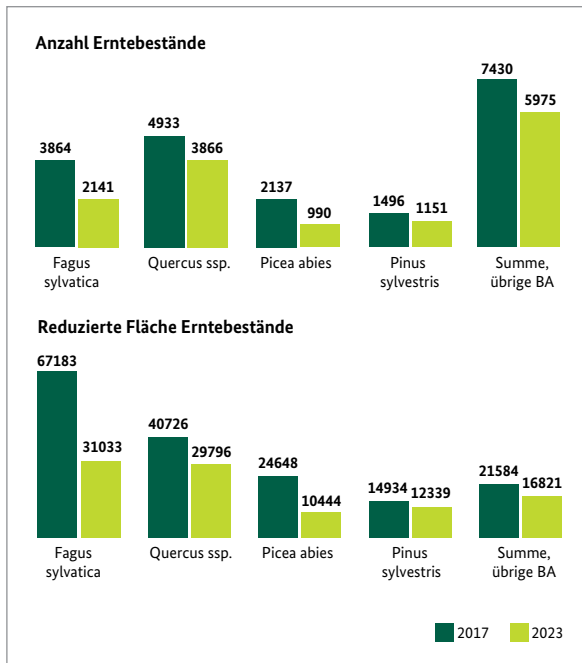


Abbildung 2-2:
Vergleich der Anzahl sowie reduzierten Bestandesfläche zugelassener Erntebestände des vorhergehenden (2018) und aktuellen Berichtszeitraumes (2023).

Für die Schwarz-Kiefer (*Pinus nigra*) der Unterart *austriaca* sind 91 Erntebestände der Kategorie „Ausgewählt“ auf einer Gesamtfläche von 489 Hektar registriert. Für die beiden anderen Unterarten *calabrica* und *corsicana* existieren 12 Ernteeinheiten auf 23 Hektar Fläche.

Die jährliche Statistik der BLE zur Saatgutern-te stellt die Erntemengen (ggf. umgerechnet auf Reinsaatgut) für die Baumarten dar, die dem FoVG unterliegen, gegliedert nach Kategorien (Tabelle 2-6). Die Statistik umfasst damit die forstlich wichtigsten Baumarten und lässt Vergleiche über lange Zeiträume zu. Sie spiegeln indirekt und recht grob auch die Nachfrage nach Arten wider und spielen für die Einschätzung der Verfügbarkeit v. a. von Eichenpflanzen mit entsprechendem zeitlichem Versatz eine Rolle.

Für weitere Arten gibt es keine umfassenden, aussagekräftigen Werte. Dies gilt insbesondere für seltenere Baum- und Straucharten, die gleichwohl in geringeren Stückzahlen gehandelt werden und aus Sicht der forstlichen Generhaltung, teils aber auch für einen gezielten Waldumbau, von Bedeutung sein können.

Allerdings muss die tatsächliche Erntemenge nicht unbedingt dem natürlichen Ernteangebot entsprechen: Besonders bei Arten, deren Saatgut langfristig lagerfähig ist, werden die natürlichen Erntemöglichkeiten häufig nur in Mastjahren genutzt (typisches Beispiel hierfür ist die Fichte). Baumarten, deren Saatgut sich kaum lagern lässt oder stark nachgefragt ist, weisen jedoch einen wesentlich engeren Zusammenhang von natürlichem Ernteangebot und tatsächlicher Erntemenge auf (z. B. Eichenarten, Berg-Ahorn, Douglasie, Edel-Kastanie). Aus dem Vergleich der Daten des letzten Berichtszeitraumes (2014 - 2018) mit dem aktuellen Berichtszeitraum (2019 - 2023) können zwar nur Tendenzen abgelesen werden, diese spiegeln aber dennoch zum größten Teil die zu beobachtenden Trends wider (Abbildung 2-3).

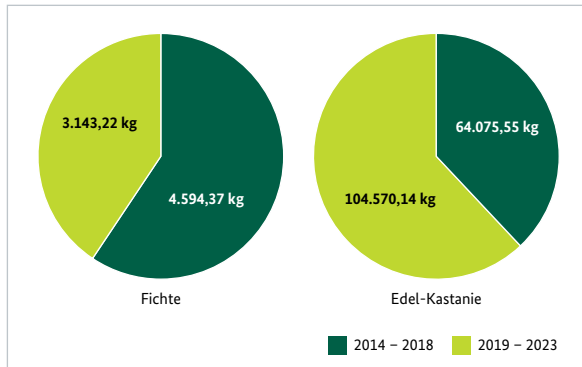


Abbildung 2-3:
Vergleich der Erntemengen (in kg) zwischen der Ernteperiode 2014 - 2018 und der Ernteperiode 2019 - 2023 für die Baumarten Fichte (links) und Edel-Kastanie (rechts).

Wie es sich bereits im letzten Berichtszeitraum andeutete, sind die Ernteaktivitäten bei der Baumart Esche mittlerweile vollkommen eingestellt worden. Überraschend ist, dass das Ernteaufkommen beim Berg-Ahorn noch nicht nennenswert zurückgegangen ist, obwohl die Baumart anfällig für Krankheiten ist. Ebenso ist das Ernteaufkommen bei der Küsten-Tanne im

Vergleich zum vorhergehenden Berichtszeitraum deutlich angestiegen, obwohl in den südlichen Landesteilen erhebliche Ausfälle zu beklagen sind. Es setzte sich insgesamt der Trend zu einer leicht verstärkten Nachfrage nach Saatgut von Nadelbaumarten fort, wobei die Weiß-Tanne besonders und ansteigend nachgefragt war. Auch die Erntemenge bei Schwarz-Kiefer ist leicht angestiegen, wohingegen die Nachfrage nach Fichtensaatgut rückläufig ist.

Gleichzeitig zeigt sich ein Trend zu wärmetoleranteren Laubbaumarten; hier hat vor allem die Edel-Kastanie deutlich zugenommen; aber auch Vogel-Kirsche, Hainbuche und Spitz-Ahorn werden stärker nachgefragt. Im langjährigen Vergleich und über viele Herkunftsgebiete hinweg ist die Saatguterntemenge von Stiel-, Trauben- und vor allem auch Rot-Eiche konstant bzw. zunehmend und bei Rot-Buche auf hohem Niveau gleichbleibend.

Tabelle 2-2:
Vergleich der Erntemengen (kg) der Berichtszeiträume 2014 - 2018 sowie 2019 - 2023 ansteigend für Baumarten mit über einem Prozentanteil am Gesamtaufkommen.

Baumart	Erntejahre	Anzahl Erntejahre	Kategorie Ausgewählt	Kategorie Qualifiziert	Kategorie Geprüft	Gesamtaufkommen	Prozent der Gesamternte
<i>Acer pseudoplatanus</i>	2014 - 2018	5	32.607,47	5.711,00	165,00	38.483,47	1,4
<i>Abies alba</i>	2014 - 2018	5	35.241,99	5.009,35		40.251,34	1,5
<i>Prunus avium</i>	2014 - 2018	5	24.789,58	22.330,33		47.119,91	1,7
<i>Castanea sativa</i>	2014 - 2018	5	61.030,55		3.045,00	64.075,55	2,3
<i>Quercus rubra</i>	2014 - 2018	5	231.582,27			231.582,27	8,4
<i>Fagus sylvatica</i>	2014 - 2018	5	342.665,03	1.606,87	14.467,25	358.739,15	13,1

Baumart	Erntejahre	Anzahl Erntejahre	Kategorie Ausgewählt	Kategorie Qualifiziert	Kategorie Geprüft	Gesamtaufkommen	Prozent der Gesamternte
<i>Acer pseudoplatanus</i>	2019 - 2023	5	26.594,18	6.266,57	360,00	33.221,25	1,0
<i>Abies alba</i>	2019 - 2023	5	25.235,48	37.255,18		62.490,66	2,0
<i>Prunus avium</i>	2019 - 2023	5	62.156,25	8.181,28		70.337,52	2,2
<i>Castanea sativa</i>	2019 - 2023	5	101.984,64	541,00	2.044,50	104.570,14	3,3
<i>Quercus rubra</i>	2019 - 2023	5	311.293,33			311.293,33	9,7
<i>Fagus sylvatica</i>	2019 - 2023	5	363.905,05	806,43	11.078,06	375.789,54	11,7
<i>Quercus robur</i>	2019 - 2023	5	838.093,40	14.267,55	7.615,01	859.975,96	26,9

Im Berichtszeitraum 2019 - 2023 wurde mit fast 3,2 Millionen Kilogramm ca. 450.000 kg mehr Saatgut geerntet, als im vorangegangenen Berichtszeitraum 2014 - 2018 (Tabelle 2-2). Aufgrund der teils extremen klimatischen Einflüsse auf die Fruchtreife in den Sommern des Berichtszeitraumes sowie praktischen Erfahrungen mit der abnehmenden Qualität der Früchte und Samen in dem Trockenjahr 2018 sind die Daten wohl nur eingeschränkt mit den Daten der Vorjahre vergleichbar.

Ex-situ-Erhaltung

Für die Generhaltung in *Ex-situ*-Lage wurden insgesamt 937 Bestände mit einer Gesamtfläche von 1.654 Hektar registriert. Hierbei dominieren Douglasie, Fichte und Rot-Buche. Gemeinsam stehen sie für 45 % der Posten und 62 % der Fläche. Die Baumarten Moor-Birke (*Betula pubescens*) und Edel-Kastanie finden sich in dieser Kategorie nicht wieder.

Pfropfungen

8.114 Pfropfungen für 21 FoVG-Arten sind gemeldet, die meisten entfallen auf die Baumart

Douglasie (3.737 = 46 %); weitere 23,5 % auf die Arten Wald-Kiefer und Sommer-Linde (*Tilia platyphyllos*), weitere rund 17 % auf die Arten Spitz-Ahorn, Trauben-Eiche, Edel-Kastanie; auch hier ist also ein deutlicher Trend zu eher wärme-liebenden Arten zu beobachten.

Samenplantagen

Zum Stichtag 31.12.2022 waren insgesamt 247 Samenplantagen von nahezu allen FoVG-Baumarten mit einer Gesamtfläche von 570 Hektar als Ausgangsmaterial für die Erzeugung von Forstvermehrungsgut der Kategorie „Qualifiziert“ registriert (Tabelle 2-5). Davon waren anzahlmäßig etwas mehr als die Hälfte Samenplantagen mit Nadelbaumarten (mit einer Fläche von über 63 %), der Rest Samenplantagen mit Laubbaumarten. Seit dem vorangegangenen Berichtszeitraum sind vor allem Samenplantagen für Douglasie (6 Neuanlagen), Sommer-Linde (5 Neuanlagen), Spitz-Ahorn, Weiß-Tanne, Moor-Birke (jeweils 3 Neuanlagen) und Vogel-Kirsche (2 Neuanlagen) hinzugekommen; bei der Fichte sind 3 Samenplantagenanlagen aufgelöst worden.

Es sind derzeit insgesamt 12.844 Klone und Familien als genetische Ressourcen in Samenplantagen gesammelt. Zusätzlich sind 11.315 Genotypen in 137 Klonarchiven zur langfristigen Erhaltung und Sicherung eingebracht.

Einlagerung von Vermehrungsgut

Saatgutlagerung: Von 25 FoVG-Arten mit 16.220 Posten ist ein Lagerbestand von zusammen 7.210 kg angelegt worden - schwerfrüchtige, kaum lagerfähige Baumarten wie die Eichen und Kastanien - sind hier nicht geeignet (Tabelle 2-4).

Pollenlagerung: Bei der Polleneinlagerung sind 11 Arten mit 2.236 Posten und zusammen 13.056 ccm gelistet (Tabelle 2-4); 75 % davon entfallen zu etwa gleichen Teilen auf 3 Arten (Lärche, Fichte und Douglasie).

Herkunftsversuche

Für die Baumarten, die dem FoVG unterliegen und von forstwirtschaftlicher Bedeutung sind, sind in Deutschland Herkunftsgebiete für Haupt-

und Nebenbaumarten ausgewiesen. Diese unterscheiden sich in Hinsicht auf ihre ökologischen Verhältnisse sowie in Einzelfällen durch ihre Höhenlage. Von den meisten der waldbaulich bedeutsamsten FoVG-Arten existieren in den einzelnen Bundesländern Versuchsflächen zur Überprüfung der Herkunftseignung. Keine Anlagen gibt es für Spitz-Ahorn (*Acer platanoides*), Grau-Erle (*Alnus incana*), Sand- und Moor-Birke, Hainbuche und Sommer-Linde sowie alle Pappelarten, außer für Schwarz-Pappel und die Kanadische Schwarz-Pappel (*Populus deltoides*). Für die meisten der genannten Arten sowie weiterer Arten sind allerdings bereits Initiativen und konkrete Maßnahmen für die Anlage von Herkunftsversuchen eingeleitet.

Genetische Untersuchungen

Von 25 Baumarten gibt es DNA- und isoenzymatischen Analysen. Lediglich für die Sitka-Fichte (*Picea sitchensis*), und die Flaum-Eiche (*Quercus pubescens*) existieren bislang keine genetischen Untersuchungen in Deutschland.

Tabelle 2-3:

Übersicht der Erhaltungsobjekte und Erhaltungsmaßnahmen für Baumarten, die dem FoVG unterliegen.

Baumart	In-situ-Bestände Anzahl	In-situ-Fläche (ha)	In-situ-Einzel- bäume	Ex-situ-Bestände Anzahl	Ex-situ-Fläche (ha)	Klone Archive	Klone Archive Fläche (ha)	Klone Archive Anzahl Klone	Herkunftsversuche	Genetische Untersuchung	
										DNA	ISO
<i>Abies alba</i>	175	494,25	2.084	30	19,79	1	1,10	88			
<i>Abies grandis</i>	87	87,46	5	7	5,37						
<i>Acer platanoides</i>	146	136,91	560	3	17,44	1	0,02				
<i>Acer pseudoplatanus</i>	359	572,29	318	36	42,12	23	5,16	1.371	x		x
<i>Alnus glutinosa</i>	404	1.052,98	52	3	2,00	1	1,40	254		x	
<i>Alnus incana</i>	12	27,82	5	6	11,40						

Baumart	In-situ-Bestände Anzahl	In-situ-Fläche (ha)	In-situ-Einzel- bäume	Ex-situ-Bestände Anzahl	Ex-situ-Fläche (ha)	Klone Archive	Klone Archive Fläche (ha)	Klone Archive Anzahl Klone	Herkunftsversuche	Genetische Untersuchung	
										DNA	ISO
<i>Betula pendula</i>	143	440,64	26	11	19,78			295		x	x
<i>Betula pubescens</i>	120	778,92	21					5			x
<i>Carpinus betulus</i>	251	654,10	166	13	38,50	1	0,10	12		x	
<i>Castanea sativa</i>	28	21,27	60								
<i>Fagus sylvatica</i>	1.045	12.838,11	286	107	397,31	1	0,20	26			
<i>Fraxinus excelsior</i>	420	1.071,34	401	11	6,68	9	13,50	472			
<i>Larix decidua</i>	173	402,38	52	84	107,59	10	5,80	794		x	
<i>Larix kaempferi</i>	123	274,92	6	2	3,30	8	1,70	204			
<i>Larix × eurolepis</i>	1	0,40		16	12,22	2	0,80	54		x	
<i>Picea abies</i>	315	2.069,89	110	154	297,80	16	16,64	1.070			
<i>Picea sitchensis</i>	8	19,30	4	1	1,00						
<i>Pinus nigra</i>	39	99,94	35	44	134,89						
<i>Pinus sylvestris</i>	485	3.376,55	94	42	52,26	17	9,03	2.966			
<i>Populus ssp.</i>	128	766,45	2.020	61	40,06	16	15,16	1.480			
<i>Prunus avium</i>	248	403,38	3.127	51	35,84	2	1,00	125		x	
<i>Pseudotsuga menziesii</i>	565	842,34	285	163	325,34	17	16,58	1.625	x	x	x
<i>Quercus petraea</i>	528	3.052,63	193	9	7,34	4	1,60	139			
<i>Quercus robur</i>	989	3.924,84	262	54	49,40	3	0,60	48			
<i>Quercus rubra</i>	159	310,09	52	5	9,70						
<i>Robinia pseudoacacia</i>	18	14,53	30	6	2,43			25			
<i>Tilia cordata</i>	214	359,85	190	14	11,40	1	1,20	100		x	
<i>Tilia platyphyllos</i>	74	99,75	253	2	2,69	3	0,26	162	x	x	
<i>Pinus contorta</i>	1	1,00	1								
<i>Quercus cerris</i>	9	73,52	11	1	0,50					x	
<i>Quercus pubescens</i>				1	0,20						

Tabelle 2-4:
Übersicht der Erhaltungsobjekte, Saatgutlagerung und Verwendung für Baumarten, die dem FoVG unterliegen.

Baumart	Saatgutlagerung (Posten)	Saatgutlagerung (Menge in kg)	Pollenlagerung (Posten)	Pollenlagerung (Menge in ccm)	Vegetativ Pfropfungen
<i>Abies alba</i>	57	1.525,87	4	18	139
<i>Abies grandis</i>	122	129,65			
<i>Acer platanoides</i>	2	45,40			500
<i>Acer pseudoplatanus</i>	44	111,73			86
<i>Alnus glutinosa</i>	368	112,82			102
<i>Alnus incana</i>	1	0,30			
<i>Betula pendula</i>	124	3,33			44
<i>Betula pubescens</i>	243	27,01			53
<i>Carpinus betulus</i>	13	164,92			
<i>Castanea sativa</i>					400
<i>Fagus sylvatica</i>	8	55,59			30
<i>Fraxinus excelsior</i>	347	313,96			34
<i>Larix decidua</i>	1.317	245,52	384	1.438	120
<i>Larix kaempferi</i>	311	42,59	178	1.086	15
<i>Larix × eurolepis</i>	30	6,62	9	35	
<i>Picea abies</i>	4.487	1.961,33	587	4.132	130
<i>Picea sitchensis</i>	2	0,49			
<i>Pinus nigra</i>	41	8,20			
<i>Pinus sylvestris</i>	4.163	1.685,74	341	2.668	1.005
<i>Populus ssp.</i>	131	0,35	37	278	46
<i>Prunus avium</i>	126	54,54			195
<i>Pseudotsuga menziesii</i>	4.061	560,89	496	2.656	3.737
<i>Quercus petraea</i>			103	456	454
<i>Quercus robur</i>			97	289	122
<i>Quercus rubra</i>					
<i>Robinia pseudoacacia</i>	64	33,06			

Baumart	Saatgutlagerung (Posten)	Saatgutlagerung (Menge in kg)	Pollenlagerung (Posten)	Pollenlagerung (Menge in ccm)	Vegetativ Pflopfungen
<i>Tilia cordata</i>	154	84,74			2
<i>Tilia platyphyllos</i>	3	35,47			900
<i>Abies pinsapo</i>	1	0,01			

Tabelle 2-5:
Übersicht über zugelassenes Ausgangsmaterial für forstliches Vermehrungsgut der Baumarten des FoVG (Stand 01.12.2022).

Baumart	Kategorie Ausgewählt		Kategorie Qualifiziert		Kategorie Geprüft			
	Erntebestände		Samenplantagen		Erntebestände		Samenplantagen	
	Anzahl	red. Fläche [ha]	Anzahl	red. Fläche [ha]	Anzahl	red. Fläche [ha]	Anzahl	red. Fläche [ha]
<i>Abies alba</i>	736	3.637,80	7	18,05				
<i>Abies grandis</i>	224	284,30	2	0,90				
<i>Acer platanoides</i>	111	110,09	5	6,40				
<i>Acer pseudoplatanus</i>	373	717,97	16	27,20			1	3,00
<i>Alnus glutinosa</i>	292	1.129,07	15	27,30	4	12,40	5	15,30
<i>Alnus incana</i>	10	7,12	2	1,00				
<i>Betula pendula</i>	108	215,62	6	4,90				
<i>Betula pubescens</i>	15	29,70	5	3,60			2	2,00
<i>Carpinus betulus</i>	186	719,09	2	4,60				
<i>Castanea sativa</i>	84	189,05	1	0,60	1	4,40		
<i>Fagus sylvatica</i>	2.141	31.032,76	3	7,40	11	220,70		
<i>Fraxinus excelsior</i>	440	1.235,70	7	15,30				
<i>Larix decidua</i>	587	1.826,35	22	46,66	5	15,80	12	27,40
<i>Larix kaempferi</i>	221	562,50	4	9,40			2	6,10
<i>Larix × eurolepis</i>					1	3,80	4	8,76
<i>Picea abies</i>	990	10.444,36	26	67,31	11	82,00	2	8,70
<i>Picea sitchensis</i>	8	18,20	1	1,00				
<i>Pinus nigra subsp. austriaca</i>	91	488,62	3	8,24				
<i>Pinus nigra subsp. calabrica</i>	5	7,00						

Baumart	Kategorie Ausgewählt		Kategorie Qualifiziert		Kategorie Geprüft			
	Erntebestände		Samenplantagen		Erntebestände		Samenplantagen	
	Anzahl	red. Fläche [ha]	Anzahl	red. Fläche [ha]	Anzahl	red. Fläche [ha]	Anzahl	red. Fläche [ha]
<i>Pinus nigra subsp. corsicana</i>	7	15,80						
<i>Pinus sylvestris</i>	1.151	12.338,52	37	125,35	19	176,50	16	79,20
<i>Populus</i>	19	20,50					3	0,40
<i>Prunus avium</i>	150	156,24	23	42,15				
<i>Pseudotsuga menziesii</i>	1.987	4.698,10	23	84,21	19	48,91	4	13,70
<i>Quercus petraea</i>	2.003	21.987,78	1	2,10	22	325,04	1	1,00
<i>Quercus robur</i>	1.405	6.756,33	7	15,10	11	73,20		
<i>Quercus rubra</i>	458	1.051,58						
<i>Robinia pseudoacacia</i>	35	112,03	3	1,70				
<i>Tilia cordata</i>	267	628,27	19	37,85			1	2,00
<i>Tilia platyphyllos</i>	19	11,70	7	12,00				

Tabelle 2-6:
Übersicht über die Mengen an geerntetem Saatgut der Baumarten des FoVG.

Baumart	Erntejahr	Aufkommen an Samen in kg (%-Anteil Samen in der Kategorie)			
		Kategorie Ausgewählt	Kategorie Qualifiziert	Kategorie Geprüft	Gesamtaufkommen
<i>Abies alba</i>	2018/19	18.048,40	2.940,57 (14,01)		20.988,97
	2019/20	778,18	90,59 (10,43)		868,77
	2020/21	17.614,59	1.755,82 (9,06)		1.9370,41
	2021/22	9.170,96	1.014,18 (9,96)		10.185,15
	2022/23	16.544,12	2.380,11 (12,58)		18.924,23
<i>Abies grandis</i>	2018/19	835,77			835,77
	2019/20	653,86	2.560,00 (79,65)		3.213,86
	2020/21	1.722,95			1.722,95
	2021/22	415,52	49,30 (10,61)		464,82
	2022/23	1.799,29	85,63 (4,54)		1.884,93

Baumart	Erntejahr	Aufkommen an Samen in kg (%-Anteil Samen in der Kategorie)			
		Kategorie Ausgewählt	Kategorie Qualifiziert	Kategorie Geprüft	Gesamt-aufkommen
<i>Acer platanoides</i>	2018/19	2.563,52	366,30 (12,50)		2.929,82
	2019/20	520,15	203,00 (28,07)		723,15
	2020/21	4.257,72	45,51 (1,06)		4.303,23
	2021/22	641,20	51,00 (7,37)		692,20
	2022/23	4.415,46	113,70 (2,51)		4.529,16
<i>Acer pseudoplatanus</i>	2018/19	7.478,30	1.607,39 (17,38)	165,00 (1,78)	9.250,69
	2019/20	3.291,70	670,30 (16,92)		3.962,00
	2020/21	8.070,86	1.630,52 (16,81)		9.701,38
	2021/22	3.894,27	669,85 (14,68)		4.564,12
	2022/23	3.859,05	1.688,51 (29,40)	195,50 (3,40)	5.743,06
<i>Alnus glutinosa</i>	2018/19	2,26	168,44 (98,68)		170,70
	2019/20	110,12	133,31 (50,21)	22,09 (8,32)	265,53
	2020/21	1,75	33,16 (94,99)		34,91
	2021/22	305,37	205,94 (29,38)	189,69 (27,06)	700,99
	2022/23	15,89	38,82 (40,85)	40,32 (42,43)	95,03
<i>Alnus incana</i>	2019/20	5,29			5,29
<i>Betula pendula</i>	2018/19	128,91	136,21 (51,38)		265,12
	2019/20	682,61	96,43 (12,38)		779,04
	2020/21	161,60	25,60 (13,68)		187,20
	2021/22	271,90	2,20 (0,80)		274,10
	2022/23	127,18	48,54 (27,62)		175,72
<i>Betula pubescens</i>	2018/19	93,62	142,00 (60,27)		235,62
	2019/20	127,67			127,67
	2020/21	54,53	26,60 (18,76)	60,69 (42,79)	141,82
	2022/23			35,64 (100,00)	35,64

Baumart	Erntejahr	Aufkommen an Samen in kg (%-Anteil Samen in der Kategorie)			
		Kategorie Ausgewählt	Kategorie Qualifiziert	Kategorie Geprüft	Gesamt-aufkommen
<i>Carpinus betulus</i>	2018/19	2.067,99	495,80 (19,34)		2.563,79
	2019/20	10.153,06	284,94 (2,73)		10.438,00
	2020/21	807,17			807,10
	2021/22	8.893,98	1.253,48 (12,35)		10.147,46
	2022/23	477,80			477,80
<i>Castanea sativa</i>	2018/19	9.345,85		752,00 (7,45)	10.097,85
	2019/20	13.859,86	20,00 (0,14)		13.879,86
	2020/21	25.358,06	21,00 (0,08)	595,50 (2,29)	25.974,56
	2021/22	25.498,13	370,00 (1,43)		25.868,13
	2022/23	27.922,74	130,00 (0,45)	697,00 (2,42)	28.749,74
<i>Fagus sylvatica</i>	2018/19	42.537,31	149,89 (0,34)	1.625,81 (3,67)	44.313,01
	2019/20	114.478,84	479,40 (0,41)	2.350,49 (2,00)	117.308,73
	2020/21	108.459,25	177,14 (0,16)	3.976,79 (3,53)	112.613,18
	2021/22	3.168,00		397,80 (11,16)	3.565,80
	2022/23	95.261,65		2.727,17 (2,78)	97.988,82
<i>Larix decidua</i>	2018/19	167,77	157,42 (29,65)	205,67 (38,74)	530,86
	2019/20	147,61	654,06 (63,21)	233,11 (22,53)	1.034,78
	2020/21	1.339,92	101,53 (7,04)		1.441,45
	2021/22	414,35	67,98 (12,60)	57,23 (10,61)	539,56
	2022/23	66,11	198,41 (55,81)	90,99 (25,59)	355,51
<i>Larix kaempferi</i>	2018/19	24,05	4,10 (14,56)		28,15
	2019/20	128,20	0,90 (0,70)		129,10
	2020/21	41,45	0,20 (0,48)		41,65
	2021/22	40,05	0,50 (1,23)		40,55
	2022/23		1,80 (100,00)		1,80

Baumart	Erntejahr	Aufkommen an Samen in kg (%-Anteil Samen in der Kategorie)			
		Kategorie Ausgewählt	Kategorie Qualifiziert	Kategorie Geprüft	Gesamt-aufkommen
<i>Larix × eurolepis</i>	2018/19			82,30 (100,00)	82,30
	2019/20			16,63 (100,00)	16,63
	2020/21			9,59 (100,00)	9,59
	2022/23			74,28 (100,00)	74,28
<i>Picea abies</i>	2018/19	722,69	45,82 (4,64)	218,45 (22,13)	986,96
	2019/20	24,75	45,56 (64,80)		70,31
	2020/21	775,35	574,83 (42,57)		1.350,18
	2022/23	580,05	155,72 (21,16)		735,77
<i>Picea sitchensis</i>	2019/20	24,15	4,20 (14,81)		28,35
	2020/21	6,12	3,30 (35,03)		9,42
	2021/22	2,73			2,73
	2022/23	22,15	3,50 (13,65)		25,65
<i>Pinus nigra</i>	2018/19		24,09 (100,00)		24,09
	2019/20	653,47	54,52 (7,70)		707,99
	2020/21	37,81	2,56 (6,34)		40,37
	2021/22	25,15	62,43 (42,11)		87,58
	2022/23	47,98	104,88 (68,61)		152,86
<i>Pinus sylvestris</i>	2018/19	21,02	299,62 (50,18)	276,46 (46,30)	597,11
	2019/20	269,14	430,31 (53,49)	104,99 (13,05)	804,45
	2020/21	26,18	234,22 (56,62)	153,27 (37,05)	413,67
	2021/22	40,06	231,61 (46,82)	222,98 (45,08)	494,65
	2022/23	32,10	557,78 (56,68)	394,15 (40,05)	984,03
<i>Populus Pappel-Hybriden</i>	2018/19	11,10		3,12 (21,92)	14,22
	2019/20	1.096,60			1.096,60
	2021/22	0,41			0,41
	2022/23	0,41		0,33 (44,44)	0,74

Baumart	Erntejahr	Aufkommen an Samen in kg (%-Anteil Samen in der Kategorie)			
		Kategorie Ausgewählt	Kategorie Qualifiziert	Kategorie Geprüft	Gesamt-aufkommen
<i>Prunus avium</i>	2018/19	7.615,05	6.463,21 (45,91)		14.078,26
	2019/20	1825,48	4.513,94 (71,20)		6.339,42
	2020/21	9.916,85	19.069,39 (65,79)		28.986,24
	2021/22	1.903,20	689,35 (26,59)		2.592,55
	2022/23	3.974,90	6.519,29 (62,12)		10.494,19
<i>Pseudotsuga menziesii</i>	2018/19	1.283,12	448,57 (24,79)	77,92 (4,31)	1.809,62
	2019/20	626,28	238,15 (26,30)	41,00 (4,53)	905,43
	2020/21	2.609,62	166,29 (5,99)	2,42 (0,09)	2.778,34
	2021/22	27,58	131,78 (77,68)	10,28 (6,06)	169,63
	2022/23	1.093,95	367,11 (23,04)	132,57 (8,32)	1.593,64
<i>Quercus petraea</i>	2018/19	414.329,90	2.472,16 (0,56)	26.492,12 (5,98)	443.294,18
	2019/20	147,60			147,60
	2020/21	284.630,40		13.798,35 (4,62)	298.428,75
	2021/22	28.556,95			28.556,95
	2022/23	514.187,9		15.116,86 (2,86)	529.304,81
<i>Quercus robur</i>	2018/19	413.800,00	5.998,00 (1,41)	6.213,39 (1,46)	426.011,39
	2019/20	174,79			174,79
	2020/21	225.647,90	3.978,80 (1,73)	903,22 (0,39)	230.529,92
	2021/22	6.760,45			6.760,45
	2022/23	191.710,26	4.290,75 (2,18)	498,40 (0,25)	196.499,41
<i>Quercus rubra</i>	2018/19	16.781,76			16.781,76
	2019/20	178.303,26			178.303,26
	2020/21	32.448,54			32.448,54
	2021/22	32.173,47			32.173,47
	2022/23	51.586,30			51.586,30

Baumart	Erntejahr	Aufkommen an Samen in kg (%-Anteil Samen in der Kategorie)			
		Kategorie Ausgewählt	Kategorie Qualifiziert	Kategorie Geprüft	Gesamtaufkommen
<i>Robinia pseudoacacia</i>	2018/19	8,80	815,70 (98,93)		824,50
	2019/20	593,00			593,00
	2021/22		33,64 (100,00)		33,64
	2022/23	290,00			290,00
<i>Tilia cordata</i>	2018/19	1.096,99	505,68 (27,76)	219,22 (12,03)	1.821,89
	2019/20	367,80	6,18 (1,65)		373,98
	2020/21	828,91	1.058,90 (54,58)	52,25 (2,69)	1.940,06
	2021/22	113,44	1.152,98 (89,06)	28,20 (2,18)	1.294,62
	2022/23	1.197,56	172,42 (12,59)		1.369,98
<i>Tilia platyphyllos</i>	2018/19	259,58	479,00 (64,85)		738,58
	2019/20	551,63	83,90 (13,20)		635,53
	2020/21	756,77	102,98 (11,98)		859,75
	2021/22	625,20	302,21 (32,59)		927,41
	2022/23	166,42	300,49 (64,36)		466,91

Zitierte Literatur

Bundeswaldinventur 2012 (BWI13), BMEL, www.bundeswaldinventur.de

2.2 Baumarten, die nicht dem FoVG unterliegen

In Deutschland wurden im Berichtszeitraum die genetischen Ressourcen von 78 heimischen und nicht heimischen Gehölzarten erfasst, die nicht dem FoVG unterliegen (Tabelle 2-7). Hierzu zählen einerseits Bestände und Einzelbäume am ursprünglichen natürlichen Standort (*in situ*), alle durch die Anlage von Samenplantagen und Klonarchiven realisierten *Ex-situ*-Erhaltungsobjekte, Vermehrungsmaßnahmen generativer oder vegetativer Art aus den zuvor genannten Quellen, sowie entsprechende Lagerbestände an Saatgut oder Pollenmaterial.

In-situ-Erhaltung

Von den *In-situ*-Vorkommen sind 46 Arten mit 2.090 Standorten und einer Gesamtfläche von 4.259 Hektar, sowie 62 Arten mit insgesamt 22.185 Individuen erfasst. Bei den *In-situ*-Beständen mit flächigem Vorkommen stechen die Flatter-Ulme (*Ulmus laevis*) und die Berg-Ulme (*Ulmus glabra*) mit der Anzahl an Posten und der jeweiligen Flächensumme hervor (534 Posten und 1.494 Hektar bzw. 476 Posten und 528 Hektar). An dritter Stelle stehen die Gemeine Traubenkirsche (*Prunus padus*) und Elsbeere (*Sorbus torminalis*) mit 135 bzw. 134 Vorkommensmeldungen. Die übrigen 42 Arten sind mit 1 bis 99 Posten angegeben. Wird nur die Gesamt

fläche zum Vergleich herangezogen, folgen die Wild-Birne (*Pyrus pyraster*) und Eibe (*Taxus baccata*) auf die mit Abstand größte Fläche der Ulmenarten.

Die häufigsten Einzelbaumvorkommen *in situ* gibt es für die Baumart Französischer Ahorn (*Acer monspessulanum*) mit 5.226, gefolgt vom Wild-Apfel (*Malus sylvestris*) mit 3.352 Individuen. Dabei sind 20 Arten *in situ* ausschließlich als Einzelbäume dokumentiert, darunter die Walnuss (*Juglans regia*) mit 30, die Echte Sumpfyzypresse (*Taxodium distichum*) mit 12 und der Silber-Ahorn (*Acer saccharinum*) mit 7, alle übrigen mit ein bis drei Einzelbäumen je Art.

Ex-situ-Erhaltung

Auf 226 Hektar Gesamtfläche sind 30 der Nicht-FoVG-Arten auch in *Ex-situ*-Maßnahmen vertreten. Registriert sind hier jeweils zwischen einer und 32 Flächen je Baumart, nur die Eibe hat mit 127 Flächen deutlich mehr und mit 66,9 Hektar auch den größten Flächenanteil (30 %). Die Eibe und fünf weitere Arten machen zusammen 161 Hektar und damit 71 % an diesen *Ex-situ*-Flächen aus: Wild-Birne, Vogelbeere (*Sorbus aucuparia*), Wild-Apfel, Flatter- und Berg-Ulme.

Durch Pfropfungen (insgesamt 1.086) wurden fünf Baumarten vegetativ vermehrt, hauptsächlich Wild-Apfel und Wild-Birne.

Samenplantagen

125 Samenplantagen sind für derzeit 19 Nicht-FoVG-Baumarten auf einer Gesamtfläche von 132 Hektar etabliert. Wild-Apfel, Wild-Birne und Elsbeere haben hier zusammen einen Flächenanteil von 60 %, mit 29, 23 und 19 Einzelanlagen. Daneben existieren 38 Klonarchive, in denen auf einer Fläche von zusammen 13,2 Hektar, die Ressourcen von 9 Arten gesichert werden.

Einlagerung von Vermehrungsgut

Der Einlagerungsstand an Saatgut zum 31.12.2022 umfasst 1.504 Einzelposten von 34 Arten mit einer Gesamtmenge von 602 kg, von denen alleine für die Edel-Tanne (*Abies procera*) 143 kg verbucht sind. Ein Anteil von 72 % dieser Posten ist auf nur sechs Arten verbucht, unter anderem z.B. die Eibe, Japanische Weiß-Birke (*Betula platyphyllos*) und Vogelbeere.

Von Walnuss und Schwarznuss (*Juglans nigra*) sind insgesamt 90 Einlagerungsposten an Pollen (442,4 ccm) als Vermehrungsressource gemeldet.

Genetische Untersuchungen

Ergebnisse von DNA-Analysen liegen für 16 Baumarten (v.a. *Ulmus*- und *Sorbus*arten) und solche von isoenzymatischen Analysen für 8 Baumarten vor.

Tabelle 2-7:

Übersicht der Erhaltungsobjekte und Erhaltungsmaßnahmen für Baumarten, die nicht dem FoVG unterliegen.

Name	In-situ-Bestände	In-situ-Fläche (ha)	In-situ-Einzelbäume	Ex-situ-Bestände Anzahl	Ex-situ-Fläche (ha)	Samenpl. Anzahl	Samenpl. Fläche (ha)	Sampl. Fam.+ Klone	K Ar
<i>Abies amabilis</i>									
<i>Abies concolor</i>			2						
<i>Abies firma</i>									
<i>Abies koreana</i>									
<i>Abies nordmanniana</i>	2	6,12	7						
<i>Abies procera</i>	4	2,46	1	3	3,26	1	1,10	38	
<i>Abies veitchii</i>									
<i>Acer campestre</i>	99	183,94	491	8	5,74	3	4,20	127	
<i>Acer monspessulanum</i>	56	10,50	5.226			1	0,02		
<i>Acer negundo</i>	1	9,82	3						
<i>Acer saccharinum</i>			7						
<i>Acer saccharum</i>			3						
<i>Aesculus hippocastanum</i>	11	2,89	46	1	1,00				
<i>Alnus viridis</i>	2	99,00			1,00			1	
<i>Betula platyphylla</i>									
<i>Carya cordiformis</i>			1						
<i>Carya glabra</i>				1	0,10				
<i>Carya ovata</i>	5	2,80	11	5	1,70				
<i>Carya tomentosa</i>			1	1	0,30				
<i>Chamaecyparis lawsoniana</i>	3	0,49	5						
<i>Chamaecyparis nootkatensis</i>			1						
<i>Chamaecyparis pisifera</i>			2						
<i>Corylus colurna</i>	1	1,83	6						
<i>Cryptomeria japonica</i>	2	0,20							
<i>Ginkgo biloba</i>			3						
<i>Juglans nigra</i>	1	0,10	12	5	3,65				
<i>Juglans regia</i>			30	12	7,10	2	1,40	19	
<i>Juglans x intermedia</i>				9	8,27				

Klone Archive	Klone Archive Fläche (ha)	Klone Archive Anzahl Klone	Lagerung Saatgut Posten	Lagerung Saatgut- menge (kg)	Lagerung Pollen Posten	Lagerung Pollen Menge (ccm)	Vegetativ Pfropfun- gen	Herkunfts- versuche	Genetische Untersuchung	
									DNA	ISO
								x		
			1	0,01						
			1	0,01						
			1	0,06						
			19	143,38				x		
			2	1,184						
			2	9,45					x	
			2	0,30					x	
			1	2,10						x
			220	4,992				x		
			1	40,00				x	x	
			3	0,46						
					68	350,1		x		
					22	92,3		x		
								x		

Name	In-situ-Bestände	In-situ-Fläche (ha)	In-situ-Einzelbäume	Ex-situ-Bestände Anzahl	Ex-situ-Fläche (ha)	Samenpl. Anzahl	Samenpl. Fläche (ha)	Sampl. Fam.+ Klone	K Ar
<i>Salix fragilis</i>	6	2,02	22						
<i>Salix pentandra</i>	2	1,76	14						
<i>Salix triandra</i>	22	31,58	52						
<i>Sciadopitys verticillata</i>									
<i>Sequoia sempervirens</i>			1						
<i>Sequoiadendron giganteum</i>	1	0,40	17	2	0,20				
<i>Sorbus aria</i>	1	0,05	29	4	3,80	5	3,60	94	
<i>Sorbus aucuparia</i>	94	41,90	158	13	19,50	6	6,50	398	
<i>Sorbus domestica</i>	3	1,10	1.741	7	2,88	8	8,09	220	
<i>Sorbus intermedia</i>	3	1,00	5	12					
<i>Sorbus latifolia</i>	8	32,00		1	0,50				
<i>Sorbus torminalis</i>	134	186,94	1.307	19	9,30	19	26,31	891	
<i>Taxodium distichum</i>			12	2	1,15				
<i>Taxus baccata</i>	69	431,48	1.683	127	66,93	4	3,30	307	
<i>Thuja occidentalis</i>	1	0,20	5						
<i>Thuja orientalis</i>			1						
<i>Thuja plicata</i>	40	15,46	30	3	0,83				
<i>Tsuga canadensis</i>	5	1,40	8						
<i>Tsuga heterophylla</i>	24	11,11	6						
<i>Ulmus glabra</i>	476	528,24	1.493	17	14,20	7	7,10	248	
<i>Ulmus laevis</i>	534	1494,25	1.496	32	14,20	3	4,40	371	
<i>Ulmus minor</i>	96	166,25	250	7	3,50	4	5,20	65	
<i>Ulmus pumila</i>				1	0,01				

2.3 Straucharten

Der Stand der Arbeiten in den einzelnen Bundesländern ist äußerst unterschiedlich. Da auch die Zuständigkeit für die Erfassung von Straucharten als Teil der gebietseigenen Gehölze nur in einzelnen Bundesländern bei den für das FoVG zuständigen Behörden liegt, ist eine vollständige Übersicht für die Straucharten über alle Bundesländer nicht möglich.

In-situ-Erhaltung

Zum Stichtag 31.12.2022 sind in Deutschland 2.766 Vorkommen von 63 Arten mit einer Fläche von ca. 1.684 Hektar sowie ca. 45.832 Einzelobjekte von 70 Arten erfasst und zur *In-situ*-Erhaltung am natürlichen Standort ausgewiesen (Tabelle 2-8). Zusammengenommen sind hinsichtlich der *In-situ-Erhaltung* 78 der insgesamt gelisteten 79 Straucharten vertreten. Davon gehören 14 Arten zur Gattung *Rosa*. Für die Kratzrose (*Rosa pseudoscrabriuscula*) wird als einzige Art kein *In-situ*-Standort gemeldet. Sie ist offiziell nur in einer Samenplantage mit einer Fläche von 0,1 Hektar vertreten.

Etwa die Hälfte der flächig erfassten *In-situ*-Bestände konzentrierte sich auf 7 Straucharten. Sie haben zusammengenommen einen Anteil von rund 60 % an der gemeldeten Gesamtfläche. Dabei führt die Schlehe (*Prunus spinosa*) die Liste mit 458 Einzelbeständen und in Summe einer Bestandsgröße von 235,15 Hektar an, flächenmäßig gefolgt von der Gewöhnlichen Hasel (*Corylus avellana*) mit 151,48 Hektar. Gemessen rein an der Anzahl erfasster *In-situ*-Bestände, schlägt nach der Schlehe, Schwarzer Holunder (*Sambucus nigra*) mit 202 Beständen an zweiter Stelle und der Zweigrifflige Weißdorn (*Crataegus laevigata*) mit 175 Beständen an dritter Stelle zu Buche.

Von den ausgewiesenen Arten haben 15 Arten einen Flächenanteil von 10 bis unter 100 Hektar, 25 Arten von 1 bis unter 10 Hektar und 16 Arten weniger als 1 Hektar.

Bei 17 Straucharten sind *In-situ*-Einzelbaum-Meldungen mit jeweils nur einem Exemplar gelistet, darunter beispielsweise die Besenheide (*Calluna vulgaris*), der Behaarte Ginster (*Genista pilosa*) oder die Bibernell-Rose (*Rosa pimpinellifolia*). 18 weitere Straucharten sind mit bis zu 10, 11 Straucharten mit bis zu 100 und 24 mit über 100 bis etwas über 9.000 Individuen aufgeführt. Dabei nimmt auch hier die Schlehe mit 9.191 gemeldeten Einzelbäumen mit Abstand den vordersten Rang ein, dahinter folgen die Gewöhnliche Felsenbirne (*Amelanchier ovalis*) mit 4.763 und der Blutroter Hartriegel (*Cornus sanguinea*) mit 4.342.

Arten bei denen nur ein oder wenige Individuen erfasst sind, können *in situ* nicht dauerhaft erhalten werden. Sollten diese Arten in der weiteren Erhaltungsarbeit berücksichtigt werden, müssten weitere Individuen oder besser noch Populationen erfasst werden, um die genetische Vielfalt zu erfassen und sichern zu können.

Ex-situ-Erhaltung

Zur Erhaltung von Straucharten an Standorten *ex situ* sind 80 Samenplantagen auf einer Gesamtfläche von rund 54 Hektar angelegt. Je nach Art gibt es zwischen einer und sieben Flächen, mit dem Pfaffenhütchen (*Euonymus europaeus*) an vorderster Stelle. Daneben sind einige wenige *Ex-situ*-Einheiten als Klonarchive deklariert, davon zwei für Wacholder (*Juniperus communis*) mit zusammen 0,88 Hektar und eine für den Gewöhnlichen Schneeball (*Viburnum opulus*) mit 0,20 Hektar. Dafür wird ein Bestand von 123 bzw. 75 Klonen genannt. Es gibt darüber hinaus Saatgutreserven (Einlagerungsstand zum

31.12.2022) von 114 kg von 18 Straucharten, bei insgesamt 169 Einzelposten. Der umfangreichste Lagerbestand ist für den Schwarzen Holunder mit 68 Posten angegeben, gefolgt vom Roten Holunder (*Sambucus racemosa*) mit 40 Posten. Auch mengenmäßig führt der Schwarze Holunder mit 21,48 kg die Liste an.

Genetische Untersuchungen

Für 6 Straucharten (z. B. das Pfaffenhütchen, den Blutroten Hartriegel und auch die wilde Schwarze Johannisbeere (*Ribes nigrum*)) liegen Ergebnisse von DNA-Untersuchungen vor.

Tabelle 2-8:
Übersicht der Erhaltungsobjekte und Erhaltungsmaßnahmen für Straucharten.

Name	In-situ-Bestände	In-situ-Fläche (ha)	In-situ-Einzelbäume	Samenpl. Anzahl	Samenpl. Fläche (ha)	Sampl. Fam+ Klone	Klonarchiv	Klonarchiv Fläche (ha)	Klonarchiv Anzahl Klone	Laagerung Saatgut Posten	Laagerung Saatgutmenge (kg)	Genetische Untersuchung
<i>Amelanchier ovalis</i>	62	2,90	4.763	1	0,02							
<i>Berberis vulgaris</i>	39	0,74	1.678	2	0,12					4	6,59	
<i>Betula nana</i>	2	0,02	1									
<i>Buxus sempervirens</i>	14	1,00	1.611	1	0,02	63						
<i>Calluna vulgaris</i>			1									
<i>Caragana arborescens</i>			1									
<i>Clematis vitalba</i>	1	4,27	3									
<i>Colutea arborescens</i>	1	9,82	4									
<i>Cornus alba</i>			3									
<i>Cornus mas</i>	15	0,41	549	1	0,02					1	1	
<i>Cornus sanguinea</i>	167	106,85	4.342	6	2,35	106				8	8,28	DNA
<i>Corylus avellana</i>	95	151,48		2	0,40	109						DNA
<i>Cotoneaster intergerrimus</i>	26	0,84	1.314	1	0,02							
<i>Crataegus laevigata</i>	175	73,37	1.508	4	31,48					1	2,07	

Name	In-situ-Bestände	In-situ-Fläche (ha)	In-situ-Einzelbäume	Samenpl. Anzahl	Samenpl. Fläche (ha)	Sampl. Fam + Klone	Klonarchive	Klonarchive Fläche (ha)	Klonarchive Anzahl Klone	Lagerung Saatgut Posten	Lagerung Saatgutmenge (kg)	Genetische Untersuchung
<i>Rosa micrantha</i>			2	1	0,20							
<i>Rosa pimpinellifolia</i>			1									
<i>Rosa pseudoscrabriuscula</i>				1	0,10							
<i>Rosa rubiginosa</i>	1	6,77	6	1	0,10							
<i>Rosa sheardii</i>	1	6,93	1									
<i>Rosa rubiginosa</i>	1	6,77		1	0,10							
<i>Rosa balsamica</i>	1	6,77		1	0,10							
<i>Rosa tomentosa</i>			2	1	0,10							
<i>Rosa villosa</i>	1	6,45										
<i>Salix phyllicifolia</i>	1	0,10	2									
<i>Salix aurita</i>	45	7,58	19	1	0,02							
<i>Salix cinerea</i>	42	15,23	17									
<i>Salix helvetica</i>	1	0,02	1									
<i>Salix myrsinifolia</i>			1									
<i>Salix purpurea</i>	6	8,99	16									
<i>Salix repens</i>	13	4,53	53									
<i>Salix viminalis</i>	22	34,66	49						4			
<i>Sambucus nigra</i>	202	120,19	719	5	2,90					68	21,48	
<i>Sambucus racemosa</i>	49	5,82	1.278	3	1,00					40	5,01	

Name	In-situ-Bestände	In-situ-Fläche (ha)	In-situ-Einzelbäume	Samenpl.-Anzahl	Samenpl. Fläche (ha)	Sampl. Fam+ Klone	Klonarchive	Klonarchive Fläche (ha)	Klonarchive Anzahl Klone	Laagerung Saatgut Posten	Laagerung Saatgutmenge (kg)	Genetische Untersuchung
<i>Spartium junceum</i>	1	1,62	9									
<i>Spiraea salicifolia</i>			1									
<i>Symphoricarpos albus</i>	6	5,49	12									
<i>Ulex europaeus</i>	4	0,04	1									
<i>Vaccinium uliginosum</i>	1	1,10	1									
<i>Viburnum lantana</i>	49	3,24	2.525	1	0,02					1	3,66	
<i>Viburnum opulus</i>	84	10,52	1.144	6	1,99		1	0,2	75	4	7,90	
<i>Vitis vinifera</i>	2	0,01	8	1	0,02							

2.4 Übersicht der nationalen Erhaltungsbestände für das europäische Erhaltungsprogramm forstgenetischer Ressourcen (EUFORGEN)

Die europäischen Erhaltungsaktivitäten werden im Rahmen des Europäischen Programms für forstgenetische Ressourcen (*European Forest Genetic Resources Programme* - EUFORGEN) koordiniert und arbeitsteilig umgesetzt. EUFORGEN hat das Ziel, die Erhaltung und nachhaltige Nutzung forstlicher genetischer Ressourcen zum Wohle gegenwärtiger und künftiger Generationen zu fördern. Mit dem Europäischen Informationssystem für forstgenetische Ressourcen (*European Information System on Forest Genetic Resources* - EUFGIS) werden forstgenetische Ressourcen im paneuropäischen Raum dokumentiert.

Für die Auswahl geeigneter Erhaltungsbestände entsprechend der Vorgaben von EUFORGEN sind die Bundesländer verantwortlich. Die Meldungen der Erhaltungsbestände erfolgt über den Nationalen Fokus Punkt (NFP) der teilnehmenden Länder. Um den unterschiedlichen Vorgaben der Bundesländer in Hinsicht auf die Integrität der Daten nachzukommen, können die Erhaltungsbestände vom NFP jederzeit aktualisiert oder auch ohne Begründung auf Wunsch der Bundesländer gelöscht werden.

Mit Stand Dezember 2023 sind in der Datenbank über 3.212 Erhaltungsbestände von 107 Baumarten aus 35 Ländern erfasst. Deutschland ist in der Datenbank derzeit mit 131 Erhaltungsbeständen verteilt auf 22 Baumarten vertreten. Allerdings wird die Auswahl der Baumarten und die Ausweisung der Erhaltungsbestände für EUFGIS von den Bundesländern unterschiedlich gehandhabt, wodurch die Baumarten, wie in Tabelle 2-9 dokumentiert, unterschiedlich repräsentiert sind.

Tabelle 2-9:
Übersicht der nationalen Erhaltungsbestände für das europäische Erhaltungsprogramm (Kapitel 11).

Baumart	Anzahl der Bestände	BB	BY	BW	HE	MV	NI	NW	RP	SN	SH	ST	TH
<i>Fagus sylvatica</i> Rot-Buche	24	1	5	5	2	2	2		1	2	1	1	2
<i>Picea abies</i> Gewöhnliche Fichte	13		3	3			3			1	1		2
<i>Quercus petraea</i> Trauben-Eiche	11	2	1		1	1	2		1			1	2
<i>Pinus sylvestris</i> Wald-Kiefer	10	1	2	1		1	3			1		1	
<i>Abies alba</i> Weiß-Tanne	8		1	4			1				1		1
<i>Populus nigra</i> Schwarz-Pappel	8	1	6							1			
<i>Quercus robur</i> Stiel-Eiche	8		1	2			2			1	1	1	
<i>Sorbus torminalis</i> Elsbeere	7	1		1	1	1	1					1	1
<i>Fraxinus excelsior</i> Gewöhnliche Esche	6	1	1	1			1	1					1
<i>Prunus avium</i> Vogel-Kirsche	6			1			1	1		1	1		1
<i>Taxus baccata</i> Eibe	5		2							1			2

II. Arbeitsschwerpunkte der BLAG-FGR im Berichtszeitraum

3 Umsetzung von Handlungsempfehlungen zur Ausweisung von Generhaltungseinheiten

Überprüfung der Kriterien zur Ausweisung von In-situ-Generhaltungseinheiten

Eine wichtige Grundlage für die *In-situ*-Erhaltung forstgenetischer Ressourcen über möglichst lange Zeiträume hinweg ist die konkrete Ausweisung von Beständen als Generhaltungseinheiten in der Verantwortung der forstlichen Versuchsanstalten der Länder. Bevor ein Bestand als

In-situ-Generhaltungseinheit ausgewiesen wird, muss abgewogen werden,

- ob die Ressource erhalten werden sollte, weil dadurch genetisch bedingte Eigenschaften (tatsächlicher oder potenzieller genetischer Wert) gesichert werden können (Erhaltungswürdigkeit),
- wie dringlich es ist, eine solche Maßnahme einzuleiten (Erhaltungsdringlichkeit) und

ob die Maßnahme erfolgsversprechend ist, d.h. ob die Ressource fähig ist, an ihrem natürlichen Standort längerfristig zu überleben (Erhaltungsfähigkeit).

Allerdings wird die Ausweisung von Generhaltungseinheiten in den einzelnen Bundesländern unterschiedlich gehandhabt. Bereits im vorangegangenen Berichtszeitraum wurde daher eine Vereinheitlichung der Vorgehensweise bei der Erfassung und Ausweisung von *In-situ*-Generhaltungseinheiten als notwendig erachtet. Hierfür wurden ein Konzept zu Handlungsempfehlungen (<https://www.genres.de/fachgremien/blag-forstliche-genressourcen-forstsaatgutrecht/empfehlungen-und-veroeffentlichungen/ausweisung-von-generhaltungseinheiten>) mit wichtigen Mindestkriterien erarbeitet, die u.a. die Empfehlungen des europäischen Netzwerkes zur Erhaltung forstlicher Genressourcen EUFORGEN berücksichtigen.

Im aktuellen Berichtszeitraum sollten sowohl die Praxistauglichkeit als auch die Kriterien anhand bereits ausgewiesener Generhaltungseinheiten überprüft werden. Aufgrund der Vielzahl der in den letzten Jahrzehnten bundesweit *in situ* ausgewiesenen Generhaltungseinheiten konzentrierten sich die „Nachkontrollen“ (Tabelle 3-1) auf die Generhaltungsbestände (Kategorie 2 der Handlungsempfehlungen) der Baumarten Rot-Buche (*Fagus sylvatica*) und Eibe (*Taxus baccata*), die im Europäischen Informationssystem für forstgenetische Ressourcen (EUFGIS) gelistet bzw., die Bestandteil des Programms zum genetischen Monitoring sind.

Wichtige Prüfkriterien waren neben der grundsätzlichen Bewertung der Erhaltungsdring-

lichkeit, Erhaltungswürdigkeit und Erhaltungsfähigkeit u.a. das Mindestalter, um reproduktive Prozesse zu ermöglichen, die realisierte Verjüngungswürdigkeit, die Vitalität, die räumliche Isolation bei hybridisierenden Arten und ggf. das Vorliegen von populationsgenetischen Analysen.

Die Ergebnisse aus den überprüften Beständen zeigen, dass die Kriterien weitgehend praktikabel sind und die meisten Bestände den Anforderungen genügen. Aufgrund unterschiedlicher Vitalitätszustände ist die Erhaltungsdringlichkeit unterschiedlich, bzw. die Bestände verloren in zwei Fällen ihren Status als Generhaltungseinheiten. Auf das Kriterium der „Autochthonie“ sollte aufgrund der ungenauen Nachprüfbarkeit verzichtet werden, zumal die aktuelle Vitalität (Angepasstheit) und die genetische Diversität (Anpassungsfähigkeit) weitaus höher zu bewerten sind. Die unterschiedlichen Ausweisungshistorien haben dazu geführt, dass die genetischen Analysen teilweise mit unterschiedlichen Markersystemen erfolgten. Hier sollten künftig einheitliche Analysekampagnen der wertvollsten Bestände unter der Koordination der BLAG-FGR länderübergreifend initiiert werden.

Die meisten dieser Bestände haben aufgrund ihrer besonderen Eigenschaften eine Mehrfachfunktion z. B. als Saatguternte- und Monitoringbestand oder als Naturwald. Die Übernahme der bestätigten Generhaltungseinheit in die Waldfunktionskartierung als „Wald mit besonderer Bedeutung für die Generhaltung“ ist noch nicht in allen Bundesländern erfolgt, sollte aber im Zuge der Honorierung von Ökosystemleistungen künftig stärker berücksichtigt werden.

Tabelle 3-1:

Anhand von Mindestkriterien überprüfte Bestände der Rot-Buche und Eibe zur Eignung als Generhaltungseinheiten (Anzahl geprüft/davon geeignet); Basis der Prüfung waren die Einträge der beteiligten Bundesländer in EUFGIS (siehe auch Kapitel 11).

Bundesland	Fagus sylvatica	Taxus baccata
Baden-Württemberg	5/4	4/4
Bayern	5/5	2/2
Brandenburg	2/2	
Rheinland-Pfalz	1/1	
Mecklenburg-Vorpommern	2/2	
Niedersachsen	3/1	
Sachsen	2/2	1/1

4 *Bewahrung der Biodiversität in den Wäldern – Auswirkungen der Waldbewirtschaftung*

Durch die Klimawandel bedingten Umweltänderungen und Extremwetterereignisse rücken die Resilienz und Anpassungsfähigkeit der Wälder zunehmend in den Fokus einer breiten Öffentlichkeit und der Waldbewirtschaftenden. Tendenziell sind eine hohe Resilienz und eine hohe Anpassungsfähigkeit der Wälder erwünscht, um negative Effekte von raschen Umweltveränderungen abzupuffern. Die Empfehlung von Handlungsoptionen wird unter anderem dadurch erschwert, dass die Prognosen über die zu erwartenden Änderungen gewissen Unschärfen unterliegen. Neben der Risikostreuung über Mischbestände mit verschiedenen Baumarten, welche jeweils etwas andere Standortansprüche haben, kommt der innerartlichen genetischen Vielfalt als Basis von Anpassbarkeit und Anpassungsfähigkeit eine zentrale Bedeutung zu und damit der Frage, welche Auswirkungen forstliches Management auf die genetische Vielfalt von Baumarten als Teil der Biodiversität hat.

Seitdem die ersten Genmarker für Untersuchungen zur genetischen Vielfalt von Bäumen genutzt werden, sind auch Studien zu Auswirkungen verschiedener forstlicher Maßnahmen auf die genetische Zusammensetzung von Baumpopulationen durchgeführt worden (Ledig 1992). Neben experimentellen Ansätzen

wurden auch Simulationsstudien genutzt (Degen et al. 2006, Ng et al. 2009, Blanc-Jolivet and Degen 2014). Die Ergebnisse einer Vielzahl von Untersuchungen sind in einigen sehr detaillierten Reviews zusammengefasst (Finkeldey and Ziehe 2004, Ratnam et al. 2014, Aravanopoulos 2018). In der folgenden Zusammenstellung werden wichtige Ergebnisse aufgezeigt und vor dem Hintergrund aktueller Kenntnisse zu den Genomen und der komplexen genetischen Architektur der meisten Merkmale neu bewertet und eingeordnet. Schließlich ist die Frage nach sinnvollen Zielgrößen der genetischen Vielfalt bei Baumpopulationen anzusprechen und hierbei das Spannungsfeld zwischen genetischer Variation als Basis der Anpassungsfähigkeit und einer bestimmten genetischen Zusammensetzung als Garant der Anpassbarkeit zu untersuchen.

Wie wurde die genetische Vielfalt in den Studien gemessen?

Erst in jüngster Zeit ist es möglich, für einige wichtige Laubbaumarten mit relativ kleinen Genomen (z.B. Pappel, Buche, Eiche, Esche) die gesamte genetische Information von Bäumen zu einem realistischen Preis (80-200 Euro je Individuum) im Rahmen von Gesamtgenomsequenzierungen zu erfassen. Hierbei werden dann genetische Unterschiede zwischen Bäumen

an mehreren Millionen Stellen im Genom ermittelt (Plomion et al. 2016, Sollars et al. 2017). Die allermeisten Arbeiten der letzten 20 Jahre nutzten für genetische Untersuchungen sog. Mikrosatelliten als Genmarker. Hierbei wird die genetische Vielfalt eines Baumes an 5 bis 20 sehr variablen Stellen im Genom untersucht. Dabei handelt es sich in der Regel um sogenannte neutrale Marker, deren Variation nicht ursächlich mit einem phänotypischen Merkmal assoziiert ist. Einige neuere Arbeiten untersuchten die genetische Variation an einigen hundert Einzelnukleotiden (eng. Abkürzung SNPs) im Genom (Degen et al. 2023). Wichtig ist auch die Frage, welcher Teil im Genom untersucht wurde, da es Unterschiede in der Art der Weitergabe an die Nachkommen gibt (Zellkern = bi-parentale Vererbung, Plastiden = uniparentale Vererbung) und damit unterschiedliche Prozesse die genetische Variation beeinflussen. Die meisten Arbeiten untersuchten genetische Vielfalt im Zellkern, der den mit Abstand größten Teil des Genoms ausmacht. Neben der Art der gewonnenen Rohdaten muss bei einem Vergleich der Studien auch die Stichprobenstrategie, die Art der Datenaufbereitung und die verwendeten statistischen Maße der genetischen Vielfalt beachtet werden. Maße wie die mittlere Anzahl verschiedener Allele oder die mittlere Heterozygotie sind relativ unempfindlich, wohingegen Maße, die die Kombination der Allele an mehreren Genorten und daraus abgeleitete Größen (z.B. Verwandtschaftsgrade oder effektive Populationsgröße) nutzen, empfindlicher sind für Einflüsse auf das genetische System von Populationen. Bei den empfindlicheren Maßen, wie etwa der genetisch bestimmten effektiven Populationsgröße, muss allerdings auf die richtige räumliche Skala der untersuchten Individuen (Ausdehnung der Populationen) geachtet werden (Fady and Bozcano 2021, Santos-del-Blanco et al. 2022). Sonst unterschätzt man die tatsächlichen Werte und

überschätzt ggf. die negative Auswirkung kleinräumiger forstlicher Maßnahmen.

Kunstverjüngung versus Naturverjüngung

Kontrovers wird die Frage diskutiert, ob die künstliche Verjüngung von Baumbeständen im Vergleich zur Naturverjüngung zu einer Reduktion der genetischen Vielfalt führt. Die Ergebnisse aus empirischen Studien hierzu sind nicht einheitlich. So gibt es einige Arbeiten, die keinen messbaren Unterschied in der genetischen Vielfalt von naturverjüngten und kunstverjüngten Beständen gefunden haben (Thomas et al. 1999, Iwasaki et al. 2019, Degen et al. 2021). Daneben gibt es Untersuchungen, die Nachteile der Naturverjüngung insbesondere im Hinblick auf zunehmende Verwandtschaft und Inzucht sowie gesteigerte Verklonung der Bestände aufgezeigt haben (Jolivet and Degen 2011, Liesebach and Schneck 2012) und wir finden Arbeiten, die eine geringere genetische Diversität im Ausgangsmaterial der Kunstverjüngung beobachteten (Konnert and Ruetz 2006).

Die genetische Vielfalt der Naturverjüngung hängt von mehreren Faktoren ab: Anzahl reproduzierender Bäume mit Beitrag zur Verjüngung, Verjüngungszeitraum, Familienstrukturen im Ausgangsbestand, räumliche Verbreitung der Pollen und Samen (Genfluss) einschließlich Polleneintrag aus größeren Entfernungen sowie die Synchronisation der Blühzeiträume.

Ähnlich ist die Situation bei Saatgut für die Kunstverjüngung. Falls das Saatgut nur von wenigen Bäumen stammt, engt das den Genpool des Saatguts ein. In Deutschland stammt der ganz überwiegende Teil des forstlichen Vermehrungsgutes für die Kunstverjüngung

aus zugelassenen Saatguterntebeständen. Bei der Zulassung der Bestände gibt es Mindestanforderungen an die Anzahl an reproduzierenden Bäumen im Bestand und für die Saatguternte gibt es Vorgaben zur Mindestanzahl an Saatgutbäumen (in der Regel > 20 Bäume). Ein kleinerer Teil des Vermehrungsgutes stammt aus Samenplantagen. Eine Ausnahme ist die Wald-Kiefer, bei der der überwiegende Teil des Saatgutes aus Samenplantagen stammt. Für die genetische Vielfalt des Materials aus Samenplantagen ist die effektive Populationsgröße entscheidend. Sie wird kontrolliert durch die Anzahl an Klonen und deren Wiederholungen (Ramets) in der Samenplantage. Zudem spielt das Ausmaß der Verwandtschaft zwischen den Klonen sowie der Anteil an Polleneintrag von außerhalb der Samenplantage eine Rolle. Bei der Erzeugung von forstlichem Vermehrungsgut in der Baumschule gibt es zudem wahrscheinlich Unterschiede in der Selektionsintensität und Richtung im Vergleich zur Naturverjüngung (Finkeldey and Ziehe 2004).

Bei der Produktion von Saatgut in Samenplantagen und in Beständen konnte bei Elternschaftsanalysen häufig ein hoher Anteil an effektiven Pollen von außerhalb beobachtet werden (Torimaru et al. 2012, Lesser and Jackson 2013, Eusemann and Liesebach 2021). Dieser Polleneintrag von außen erhöht in der Regel die genetische Vielfalt und reduziert gleichzeitig in der Samenplantage den erwarteten genetischen Gewinn der Zielmerkmale.

Gerade bei den seltenen Nebenbaumarten sollte eine ausreichend große Anzahl fruktifizierender Altbäume beachtet werden. Je nach räumlicher Verteilung und Effektivität der Pollenverbreitung kann das Saatgut ansonsten eine reduzierte genetische Vielfalt aufweisen (Blanc-Jolivet and Degen 2014). Für diese seltenen Neben-

baumarten ist die Saatguternte in genetisch kontrolliert vielfältig zusammengesetzten Samenplantagen eine gute Möglichkeit die genetische Vielfalt des Saatgutes sicherzustellen.

Durchforstungen und Holzeinschlag

Alle Maßnahmen, die zu einer Reduktion der Populationsgröße führen, haben einen zufälligen, ungerichteten und reduzierenden Einfluss auf die genetische Vielfalt (genetische Drift). Dazu zählen auch alle Maßnahmen der Stammreduktion im Rahmen von Durchforstung und Holzeinschlag (Rajora et al. 2000). Entscheidend ist hier die Frage, in welcher räumlichen Ausdehnung, auf welche Individuenzahlen die Populationen reduziert werden und ob ggf. durch Kunstverjüngung bzw. Naturverjüngung wieder neues, genetisch diverses Pflanzmaterial eingebracht wird. Viele Baum- und Straucharten haben sehr große Populationen mit Tausenden von Individuen, die miteinander im Paarungskontakt stehen. In diesen Fällen ist eine örtliche und zeitlich begrenzte Reduktion der Populationsgröße irrelevant. Besonders kritisch werden Reduktionen für die Erhaltung der genetischen Diversität (Anzahl verschiedener Allele), die die Populationsgröße dauerhaft unter 200 reproduktiv isolierten Individuen bringen (Gregorius 1980, Krusche and Geburek 1991, Lawrence et al. 1995).

Viele Studien konnten keine negativen Auswirkungen des Holzeinschlages und anschließender Verjüngung auf die genetische Vielfalt in der Folgegeneration finden (Robledo-Arnuncio et al. 2004, Rajendra et al. 2014, Westergren et al. 2015). In einer sehr umfangreichen Studie zur Auswirkung der Bewirtschaftungsintensität bei der Rot-Buche in Europa auf die genetische Vielfalt der Bestände konnten Buitveld et al. (2007) keine systematischen gene-

tischen Unterschiede identifizieren. In Arbeiten zum Paarungssystem windbestäubter Baumarten zeigte sich zumeist eine hohe Robustheit gegenüber einer Reduktion der Stammzahlen. Das Niveau der genetischen Vielfalt und der Anteil Fremdbefruchtungen im Saatgut, das nach einer Stammzahlreduktion produziert wird, bleibt bis auf extreme Eingriffsstärken hoch (Morgante et al. 1991, Stoehr 2000). In einigen wenigen Arbeiten insbesondere in Nordamerika zeigte sich, dass die Reduzierung der potenziellen Elternbäume für die spätere Verjüngung durch den Holzeinschlag („*Shelterwood forestry*“) zu einem Verlust an genetischer Vielfalt in der Folgegeneration führen kann (Adams et al. 1998).

In der Vergangenheit sind mit Hilfe von Genmarkern vereinzelt auch gerichtete genetische Effekte durch Durchforstungen und Holzeinschlag nachgewiesen worden (Hosius 1993, Hertel and Kohlstock 1994, Hussendörfer and Konnert 2000). Diese Untersuchungen nutzten zumeist nur wenige Genmarker und es ist vor dem Hintergrund der polygenen Architektur der meisten Merkmale völlig offen, ob und in welche Richtung die genetische Vielfalt insgesamt beeinflusst wurde.

Führt die Forstpflanzenzüchtung zur dauerhaften Reduktion der genetischen Vielfalt der Bäume?

Die Züchtung von Bäumen hat die Optimierung von Zielmerkmalen (u.a. Wüchsigkeit, Toleranzen und Resistenzen) zum Ziel. Dazu werden die Individuen, welche Nachkommen produzieren oder als Ausgangsmaterial für eine klonale Vermehrung dienen, mit Blick auf das Zielmerkmal ausgewählt. Für einen limitierten Zeitraum wird auf einer begrenzten Fläche das züchterisch verbesserte Pflanzgut angebaut. In der intensivsten Form der forstlichen Züchtung

werden dann mit Eliteklonen Plantagen aufgebaut (z.B. Eukalyptus, Pappeln), die nach relativ kurzen Umtriebszeiten genutzt werden. Häufig erreichen die Bäume in solchen Plantagen nicht das reproduktive Alter und können daher die Umgebung nicht über Pollen- und Samenverbreitung beeinflussen. Moderne Zuchtprogramme kontrollieren die effektive Populationsgröße und damit die genetische Vielfalt und das Niveau der Verwandtschaft der Zuchtpopulation. Bei den meisten Baumarten in Europa sind die Zuchtprogramme erst am Anfang und die Anbaufläche ist relativ klein. Für Baumarten, bei denen es bereits länger Zuchtprogramme gibt, z.B. Strand-Kiefer (*Pinus pinaster*) in Frankreich (Bouffier et al. 2008) und Japanische Sichelanne (*Cryptomeria japonica*) in Japan (Iwasaki et al. 2019) konnte keine Reduktion der genetischen Vielfalt im Vergleich zu züchterisch unbehandelten Beständen gefunden werden. Das jeweilig für den Anbau bestimmte Pflanzenmaterial der Zuchtprogramme hat insbesondere bei der Verwendung von wenigen Eliteklonen in vielen Fällen eine hohe individuelle genetische Vielfalt (hohe Heterozygotie) jedoch als Kollektiv eine geringere genetische Vielfalt. Diese Unterschiede sind bei der Verwendung von Pflanzenmaterial aus Samenplantagen nicht so deutlich. Werden in einer Samenplantage Plusbäume aus sehr unterschiedlichen Regionen zusammengeführt, dann kann das Saatgut auch genetisch diverser als in den Vergleichsbeständen sein.

Was ist eine sinnvolle Zielgröße für genetische Vielfalt in Baumbeständen?

Zunächst muss hervorgehoben werden, dass Bäume im Vergleich zu anderen Organismengruppen eine relative hohe genetische Vielfalt haben (Hamrick et al. 1992), allerdings variiert das Niveau der genetischen Diversität teils er

heblich zwischen verschiedenen Arten und ist auf der Ebene der Erbsubstanz (der Nukleotidabfolge) geringer als bei einer neutralen Evolution (ohne gerichtete Selektion) erwartet (Savolainen and Pyhäjärvi 2007). Für das hohe Niveau der genetischen Vielfalt werden zwei unterschiedliche Erklärungen angeführt, die sich nicht zwingend gegenseitig ausschließen: a) Bäume haben ein hohes Niveau an genetischer Vielfalt, damit sie sich als ortsfeste, langlebige Organismen an wechselnde Umweltbedingungen anpassen können, oder b) Bäume haben Eigenschaften, die eine Anhäufung genetischer Vielfalt begünstigen (Chen et al. 2017). Ihre Langlebigkeit führt zur Akkumulation von Mutationen in jedem Individuum. Darüber hinaus reduzieren große Populationen und Fremdbefruchtung das Risiko der zufälligen genetischen Einengung (Drift).

Genetische Vielfalt ist für die Anpassungsfähigkeit wichtig, daneben ist aber auch eine spezielle genetische Anpassung an die örtlichen Umweltbedingungen bei Bäumen sehr ausgeprägt (Savolainen et al. 2007). Die lokale Anpassung beruht auf bestimmten Genotyp- und Allelhäufigkeiten an den relevanten Genorten (Lopez-Arboleda et al. 2021). Aktuell ergeben sich auch bei verschiedenen Baumarten aus genomweiten Studien zu Genotyp-Umwelt-Assoziationen immer mehr Hinweise auf diese lokale genetische Anpassung, die mit Häufigkeitsunterschieden bei sehr vielen Allelen einhergehen (Capblancq et al. 2023, Eckert and Neale 2023, Mueller et al. 2023, Yuan et al. 2023).

Hieran zeigt sich, dass maximale Durchmischung zur Generierung maximaler genetischer Diversität sicherlich keine Handlungsempfehlung sein kann. Ein wahlloses Durchmischen verschiedener Saatgutquellen würde die lokale genetische Anpassung gefährden.

Zwischen den Baumarten gibt es erhebliche Unterschiede in der Genomgröße (Savolainen and Pyhäjärvi 2007). Die meisten Laubbaumarten haben relativ kleine Genome (Rot-Buche und Esche < 0,7 Gbs) wohingegen die Nadelbaumarten riesige Genome aufweisen (Fichte > 20 Gbs). Das bedeutet eine Fichte kann über 33-mal mehr genetische Information speichern als eine Buche. Der Unterschied in der Genomgröße geht einher mit großen Unterschieden in der Anzahl an repetitiven Elementen. Das heißt im Genom der Fichte gibt es viel mehr identische DNA-Sequenzabschnitte, die in vielen Kopien an zahlreichen Stellen im Genom vorkommen, als es bei der Rot-Buche der Fall ist. Eine offene Frage ist dabei, ob die genetische Vielfalt bei Bäumen mit großen Genomen, vielen repetitiven Elementen und vielfachen Chromosomsätzen stabiler ist gegenüber Einengungen.

Viele Baumarten sind in der Lage, sich vegetativ zu vermehren (z.B. Weiden und Pappeln). In natürlichen Wäldern können ganze Bestände nur aus einem oder wenigen Klonen bestehen. Das bemerkenswerteste Beispiel ist der Aspen Klon „Pando“, der in den USA im Bundesstaat Utah eine Fläche von 40 Hektar einnimmt und ein Alter von ca. 14.000 Jahren hat (DeWoody et al. 2008). Solche natürlichen Klonwälder haben eine geringe genetische Vielfalt und sind aber offensichtlich bestens an die Umwelt angepasst. Insbesondere von gefährdeten Tierarten wissen wir auf der anderen Seite, dass geringe genetische Vielfalt und hohe Inzucht ein wichtiger Faktor zur Steigerung des Aussterberisikos sind (Frankham 2005).

Als praktische Konsequenz ergibt sich, dass die genetische Vielfalt mit ihrer vorhandenen geographischen Differenzierung erhalten werden sollte, solange sich keine Hinweise auf eingeschränkte Fitness finden. Maximal mögliche

genetische Diversität durch Mischung sollte vermieden werden, da dadurch auch lokal nicht angepasste Genotypen eingebracht würden. Gerade in Zeiten von Klimawandel mit sich rasch verändernden Bedingungen der Wachstums-umgebung kann eine gezielte Anreicherung mit Varianten aus den südlich angrenzenden Vorkommen des natürlichen Verbreitungs-gebietes allerdings die Evolutionsmechanismen der Anpassung unterstützen. Insofern gilt es, für die jeweilige Population eine Balance zu finden zwischen aktueller Angepasstheit und Anpassungsfähigkeit an sich verändernde Umweltbedingungen.

Warum führten forstwirtschaftliche Maßnahmen nur in seltenen Fällen zu einer genetischen Einengung?

Auf die Frage gibt es zwei mögliche Antworten:

1. Unsere bisherigen Ansätze zur Abschätzung der Auswirkungen forstlicher Maßnahmen waren nicht sensitiv genug. In den vergangenen Jahren kamen hauptsächlich hoch variable Mikrosatelliten-Genmarker für solche Studien zum Einsatz. Aggregierte Maße wie „mittlere Heterozygotie“ oder „durchschnittliche Anzahl an Allelen“ sind bei solchen Genmarkern extrem unempfindlich. Zukünftig lassen sich mit genomweiten Re-sequenzierungsansätzen oder dem Einsatz von großen SNP-Chips viel empfindlichere Methoden einsetzen, um Beeinträchtigungen im genetischen System von Arten zu messen (z.B. Vergleich von Kopplungsungleichgewichten im Genom, Anzahl Haploblöcke, „runs of homozygotes“, exaktes genomweites Messen der effektiven Populationsgröße).
2. Das genetische System der meisten Baumarten ist außerordentlich robust und kann bis auf extreme Eingriffe das Niveau der ge-

netischen Vielfalt auf hohem Niveau halten. Hierfür spricht die enorme Größe der Baumpopulationen, die zumeist windbestäubt über viele Kilometer im Paarungskontakt stehen und Mechanismen haben, die ein hohes Maß an Fremdbestäubungen erwirken.

Baumpopulationen sind in fast allen Fällen deutlich größer als einzelne forstliche Abteilungen (Bestände), da sie über größere Entfernungen im Paarungskontakt stehen. Eine Gefährdung der genetischen Vielfalt durch forstwirtschaftliche Maßnahmen ist daher nur bei großflächigen Beeinträchtigungen über längere Zeiträume zu erwarten. Kritischer dürfte die Situation für seltenere Baum- und Straucharten sein.

Es besteht weiterer Forschungsbedarf, was die optimale Balance zwischen lokaler Angepasstheit und notwendiger genetischer Vielfalt einer Baumart - in Zeiten der klimawandelbedingten Standortveränderungen - ist. Wann und in welchem Ausmaß wird ein aktives Management der genetischen Ressourcen neben einer reinen *In-situ*-Erhaltung erforderlich?

Schlussfolgerungen und Empfehlungen

Waldbaumarten sind anders als landwirtschaftliche Arten nicht domestiziert und weisen ein hohes Maß an genetischer Vielfalt auf, welche auch robust gegenüber Veränderungen der Populationsgröße im Rahmen einer Waldwirtschaft ist.

Die meisten bis heute veröffentlichten Untersuchungen zu genetischen Markern und ihrer Variation nutzen sogenannte neutrale Marker, welche i.d.R. nicht und nicht ursächlich mit phänotypisch beobachtbarer Variation assoziiert sind.

Empfehlungen zur Förderung der genetischen Vielfalt und Sicherung von Anpassbarkeit und Anpassungsfähigkeit

- Möglichst in Vollmastjahren Saatgut ernten, wenn eine große Anzahl an Bäumen fruktifiziert;
- Saatgut von vielen Bäumen ernten;
- Gerade bei vermutlich natürlich verjüngten Ausgangsbeständen auf eine gleichmäßige Verteilung der beernteten Bäume im gesamten Ausgangsbestand Wert legen;
- Saatguterntebestände und Samenplantagen mit Hilfe molekulargenetischer Marker mit Blick auf ihre genetische Vielfalt und das Niveau der Verwandtschaft charakterisieren;
- Erhaltung vorhandener geographischer Differenzierung von genetischer Vielfalt, solange sich keine Hinweise auf eingeschränkte Fitness finden;
- In Zeiten des Klimawandels Unterstützung der Evolutionsmechanismen durch eine gezielte Anreicherung mit Varianten aus den südlich/südöstlich angrenzenden Vorkommen des natürlichen Verbreitungsgebietes;
- Vermeidung großflächiger Pflanzung von nur wenigen Genotypen aus Züchtungsprogrammen;
- Vermeidung der Begründung von Beständen durch Vermehrungsgut von nur wenigen beernteten Bäumen;
- Vermeidung wahllosen Durchmischens verschiedener Saatgutquellen zur Generierung maximaler genetischer Diversität.

Zitierte Literatur

- Adams, W. T.; Zuo, J. H.; Shimizu, J. Y.; Tappeiner, J. C. (1998): Impact of alternative regeneration methods on genetic diversity in coastal douglas-fir. *Forest Science* 44:390-396.
- Aravanopoulos, F. A. (2018): Do silviculture and forest management affect the genetic diversity and structure of long-impacted forest tree populations? *Forests* 9:14.

Blanc-Jolivet, C.; Degen, B. (2014): Using simulations to optimize genetic diversity in *Prunus avium* seed harvests. *Tree Genetics & Genomes* 10:503-512.

Bouffier, L.; Raffin, A.; Kremer, A. (2008): Evolution of genetic variation for selected traits in successive breeding populations of maritime pine. *Heredity* 101:156-165.

Buiteveld, J.; Vendramin, G. G.; Leonardi, S.; Kamer, K.; Geburek, T. (2007): Genetic diversity and differentiation in European beech (*Fagus sylvatica* L.) stands varying in management history. *Forest Ecology and Management* 247:98-106.

Capblancq, T.; Lachmuth, S.; Fitzpatrick, M.C.; Keller, S. R. (2023): From common gardens to candidate genes: exploring local adaptation to climate in red spruce. *New Phytologist* 237:1590-1605.

Chen, J.; Glémin, S.; Lascoux, M. (2017): Genetic diversity and the efficacy of purifying selection across plant and animal species. *Molecular Biology and Evolution* 34:1417-1428.

Degen, B.; Blanc-Jolivet, C.; Mader, M.; Yanbaeva, V.; Yanbaev, Y. (2023): Introgression as an important driver of geographic genetic differentiation within European white oaks. *Forests* 14:2279.

Degen, B.; Blanc, L.; Caron, H.; Maggia, L.; Kremer, A.; Gourlet-Fleury, S. (2006): Impact of selective logging on genetic composition and demographic structure of four tropical tree species. *Biological Conservation* 131:386-401.

Degen, B.; Yanbaev, Y.; Blanc-Jolivet, C.; Lanbaev, R.; Bakhtina, S.; Mader, M. (2021): Genetic comparison of planted and natural *Quercus robur* stands in Russia. *Silvae Genetica* 70:8.

DeWoody, J.; Rowe, C. A.; Hipkins, V. D.; Mock, K. E. (2008): "PANDO" lives: molecular genetic evidence of a giant aspen clone in central Utah. *Western North American Naturalist* 68:493-497.

Eckert, A. J.; Neale, D. B. (2023): Probing the dark matter of environmental associations yields novel insights into the architecture of adaptation. *New Phytologist* 237:1479-1482.

Eusemann, P.; Liesebach, H. (2021): Small-scale genetic structure and mating patterns in an extensive sessile oak forest (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.). *Ecology and Evolution* 11:7796-7809.

Fady, B.; Bozzano, M. (2021): Effective population size does not make a practical indicator of genetic diversity in forest trees. *Biological Conservation* 253:2.

Finkeldey, R.; Ziehe, M. (2004): Genetic implications of silvicultural regimes. *Forest Ecology and Management* 197:231-244.

Frankham, R. (2005): Genetics and extinction. *Biological Conservation* 126:131-140.

- Gregorius, H. R. (1980): The probability of losing an allele when diploid genotypes are sampled. *Biometrics* 36:643-652.
- Hamrick, J. L.; Godt, M. J. W.; Sherman-Broyles, S. L. (1992): Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. Pages 95-124 in *Population Genetics of Forest Trees: Proceedings of the International Symposium on Population Genetics of Forest Trees* Corvallis, Oregon, USA, July 31–August 2, 1990. Springer.
- Hertel, H.; Kohlstock, N. (1994): Different genetic structures of 2 morphological types of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) *Silvae Genetica* 43:268-272.
- Hosius, B. (1993): Wird die genetische Struktur eines Fichtenbestandes von Durchforstungseingriffen beeinflusst? *Forst und Holz* 48:306–308.
- Hussendörfer, E.; Konnert, M. (2000): Untersuchungen zur Bewirtschaftung von Weisstannen- und Buchenbeständen unter dem Aspekt der Erhaltung genetischer Variation. *For. Snow Landsc. Res.* 75:187-204.
- Iwasaki, H.; Uchiyama, K.; Kimura, M.; Saito, Y.; Hakamata, T.; Ide, Y. (2019): Impact of a tree improvement program on the genetic diversity of sugi (*Cryptomeria japonica* D Don) plantations. *Forest Ecology and Management* 448:466-473.
- Jolivet, C.; Degen, B. (2011): Spatial genetic structure in wild cherry (*Prunus avium* L.): II. Effect of density and clonal propagation on spatial genetic structure based on simulation studies. *Tree Genetics & Genomes* 7:541-552.
- Konnert, M.; Ruetz, W. (2006): Genetic aspects of artificial regeneration of Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii*) in Bavaria. *European Journal of Forest Research* 125:261-270.
- Krusche, D.; Geburek, T. (1991): Conservation of forest gene resources as related to sample size. *Forest Ecology and Management* 40:145-150.
- Lawrence, M. J.; Marshall, D. F.; Davies, P. (1995): Genetics of genetic conservation. I. Sample size when collecting germplasm. *Euphytica* 84:89-99.
- Ledig, F. T. J. O. (1992): Human impacts on genetic diversity in forest ecosystems. 87-108.
- Lesser, M. R.; Jackson, S. T. (2013): Contributions of long-distance dispersal to population growth in colonising *Pinus ponderosa* populations. *Ecology Letters* 16:380-389.
- Liesebach, H.; Schneck, V. (2012): Chloroplast DNA variation in planted and natural regenerated stands of black locust (*Robinia pseudoacacia* L.). *Silvae Genetica* 61:27-35.
- Lopez-Arboleda, W. A.; Reinert, S.; Nordborg, M.; Korte, A. (2021): Global genetic heterogeneity in adaptive traits. *Molecular Biology and Evolution* 38:4822-4831.
- Morgante, M.; Vendramin, G. G.; Rossi, P. (1991): Effects of stand density on outcrossing rate in 2 Norway spruce (*Picea abies*) populations *Canadian Journal of Botany-Revue Canadienne De Botanique* 69:2704-2708.
- Mueller, N. A.; Gessner, C.; Mader, M.; Blanc-Jolivet, C.; Fladung, M.; Degen, B. (2023): Genomic variation of a keystone forest tree species reveals patterns of local adaptation and future maladaptation. 2023.2005. 2011.540382.
- Ng, K. K. S.; Lee, S. L.; Ueno, S. (2009): Impact of selective logging on genetic diversity of two tropical tree species with contrasting breeding systems using direct comparison and simulation methods. *Forest Ecology and Management* 257:107-116.
- Plomion, C.; Aury, J. M.; Amselem, J.; Alaeitabar, T.; Barbe, V.; Belser, C.; Berges, H.; Bodenès, C.; Boudet, N.; Boury, C.; Canaguier, A.; Couloux, A.; Da Silva, C.; Duplessis, S.; Ehrenmann, F.; Estrada-Mairey, B.; Fouteau, S.; Francillon, N.; Gaspin, C.; Guichard, C.; Klopp, C.; Labadie, K.; Lalanne, C.; Le Clainche, I.; Leple, J. C.; Le Provost, G.; Leroy, T.; Lesur, I.; Martin, F.; Mercier, J.; Michotey, C.; Murat, F.; Salin, F.; Steinbach, D.; Faivre-Rampant, P.; Wincker, P.; Salse, J.; Quesneville, H.; Kremer, A. (2016): Decoding the oak genome: public release of sequence data, assembly, annotation and publication strategies. *Molecular Ecology Resources* 16:254-265.
- Rajendra, K. C.; Seifert, S.; Prinz, K.; Gailing, O.; Finkeldey, R. (2014): Subtle human impacts on neutral genetic diversity and spatial patterns of genetic variation in European beech (*Fagus sylvatica*). *Forest Ecology and Management* 319:138-149.
- Rajora, O. P.; Rahman, M. H.; Buchert, G. P.; Dancik, B. P. (2000): Microsatellite DNA analysis of genetic effects of harvesting in old-growth eastern white pine (*Pinus strobus*) in Ontario, Canada. *Molecular Ecology* 9:339-348.
- Ratnam, W.; Rajora, O. P.; Finkeldey, R.; Aravanopoulos, F.; Bouvet, J. M.; Vaillancourt, R. E.; Kanashiro, M.; Fady, B.; Tomita, M.; Vinson, C. (2014): Genetic effects of forest management practices: Global synthesis and perspectives. *Forest Ecology and Management* 333:52-65.
- Robledo-Arnuncio, J. J.; Smouse, P. E.; Gil, L.; Alía, R. (2004): Pollen movement under alternative silvicultural practices in native populations of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in central Spain. *Forest Ecology and Management* 197:245-255.
- Santos-del-Blanco, L.; Olsson, S.; Budde, K. B.; Grivet, D.; González-Martínez, S. C.; Alía, R.; Robledo-Arnuncio, J. J. (2022): On the feasibility of estimating contemporary effective population size (N_e) for genetic conservation and monitoring of forest trees. *Biological Conservation* 273.
- Savolainen, O.; Pyhäjärvi, T. (2007): Genomic diversity in forest trees. *Current Opinion in Plant Biology* 10:162-167.
- Savolainen, O.; Pyhäjärvi, T.; Knürr, T. (2007): Gene flow and local adaptation in trees. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics* 38:595-619.
- Sollars, E. S. A.; Harper, A. L.; Kelly, L. J.; Sambles, C. M.; Ramirez-Gonzalez, R. H.; Swarbreck, D.; Kaithakottil, G.; Cooper, E. D.; Uauy, C.; Havlickova, L.; Worswick, G.; Studholme, D. J.; Zohren, J.; Salmon, D. L.; Clavijo, B. J.; Li, Y.; He,

- Z. S.; Fellgett, A.; McKinney, L. V.; Nielsen, L. R.; Douglas, G. C.; Kjaer, E. D.; Downie, J. A.; Boshier, D.; Lee, S.; Clark, J.; Grant, M.; Bancroft, I.; Caccamo, M.; Buggs, R. J. A. (2017): Genome sequence and genetic diversity of European ash trees. *Nature* 541:212-+.
- Stoehr, M. U. (2000): Seed production of western larch in seed-tree systems in the southern interior of British Columbia. *Forest Ecology and Management* 130:7-15.
- Thomas, B. R.; Macdonald, S. E.; Hicks, M.; Adams, D. L.; Hodgetts, R. B. (1999): Effects of reforestation methods on genetic diversity of lodgepole pine: an assessment using microsatellite and randomly amplified polymorphic DNA markers. *Theoretical and Applied Genetics* 98:793-801.
- Torimaru, T.; Wennström, U.; Lindgren, D.; Wang, X. R. (2012): Effects of male fecundity, interindividual distance and anisotropic pollen dispersal on mating success in a Scots pine (*Pinus sylvestris*) seed orchard. *Heredity* 108:312-321.
- Westergren, M.; G. Bozic, G.; Ferreira, A.; Kraigher, H. (2015): Insignificant effect of management using irregular shelterwood system on the genetic diversity of European beech (*Fagus sylvatica* L.): A case study of managed stand and old growth forest in Slovenia. *Forest Ecology and Management* 335:51-59.
- Yuan, S.; Shi, Y.; Zhou, B. F. Liang, Y. Y.; Chen, X. Y.; An, Q. Q.; Fan, Y. R.; Shen, Z.; Ingvarsson, P. K.; Wang, B. S. (2023): Genomic vulnerability to climate change in *Quercus acutissima*, a dominant tree species in East Asian deciduous forests. *Molecular Ecology* 32:1639-1655.

5 *Evaluierung eines möglichen Änderungsbedarfs des FoVG*

Die BLAG-FGR hat das Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) einer kritischen inhaltlichen Analyse unterzogen. Das FoVG ist seit dem 01. Januar 2003 in Kraft und hat sich grundsätzlich bewährt. Davon unbenommen haben sich im täglichen Vollzug, durch Entwicklungen in Waldbau und Technik, durch grundlegende Organisationsänderungen in den Forstverwaltungen sowie durch Änderungen des Naturschutzrechtes fachliche und rechtliche Unzulänglichkeiten und Veränderungsbedarf ergeben, die zusammen genommen eine Änderung des FoVG rechtfertigen könnten.

Vorgehen

Die BLAG-FGR hat sich darauf verständigt, die Aufgabe schrittweise zu bearbeiten. Im ersten Modul wurden rein fachliche Sachverhalte gesammelt. Bereits in diese Phase gingen auch fachliche Hinweise von anderen Arbeitsgruppen (z.B. Gruppe der Kontrollbeauftragten für forstliches Vermehrungsgut der Länder, gemeinsamer Gutachterausschuss) ein. Für die Bearbeitung der Aufgabenstellung konnte auf Vorschläge der Versuchsanstalten aus Bayern, Rheinland-Pfalz, Nordwestdeutschland und des Thünen-Instituts zurückgegriffen werden. Ebenso gingen Hinweise des Sprechers der Gruppe der Kontrollbeauftragten für forstliches Vermehrungsgut der Länder und der Länderkontrollbeauftragten aus Sachsen-Anhalt, Hessen, Niedersachsen mit ein. Auch ein Papier des Gemeinsamen Gutachterausschusses für forstliches Vermehrungsgut (gGA) aus dem Jahr 2017 wurde der BLAG-FGR zur Verfügung gestellt.

In einem nächsten Schritt wurden die eingegangenen Vorschläge systematisiert und den einzelnen Rechtsgrundlagen zugeordnet. Ziel war es von Anfang an, den Rahmen einer möglichen Umsetzung der inhaltlichen Änderungsvorschläge mit zu beachten. Diese Zusammenstellung ging als Entwurf Ende des Jahres 2021 an das Referat für Rechtsangelegenheiten der Abteilung 5 des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL).

Innerhalb der Beteiligten bestand weitestgehend Einvernehmen, dass sich die BLAG-FGR prioritär mit einer Novellierung der betroffenen Verordnungen beschäftigen sollte. Das bewährte FoVG sollte in seiner vorliegenden Form zunächst nicht behandelt werden.

Dieser Prozess wird aktuell überlagert durch die Initiative der EU, das Forstvermehrungsgutrecht künftig auf Grundlage einer EU-Verordnung zu regeln. Im Zeitraum der Erstellung des vorliegenden Berichtes ist dieser Prozess noch nicht abgeschlossen, so dass die künftigen Rechtsgrundlagen nicht absehbar sind. Die von der BLAG-FGR erarbeiteten Zusammenstellungen können allerdings auch für die inhaltliche Ausgestaltung möglicher künftiger Rechtsgrundlagen mit herangezogen werden.

Einige ausgewählte inhaltliche Aspekte

Einen breiten Raum nahmen in der Diskussion die dem Gesetz unterliegenden Baumarten ein. Einigkeit bestand darin, dass im Zuge des Klimawandels weitere Baumarten eine Rolle spielen

werden, die aktuell nicht dem deutschen Vermehrungsgutrecht unterliegen (z. B. Elsbeere (*Sorbus torminalis*), Flatter-Ulme (*Ulmus laevis*)). Weiterhin sollten die sogenannten „Sternchenbaumarten“ (Tabelle 2-1) mit in das deutsche Vermehrungsgutrecht aufgenommen werden. Diese Baumarten unterliegen europäischen Regelungen wurden aber mit dem Inkrafttreten des FoVG im Jahre 2002 damals für die Forstwirtschaft in Deutschland als nicht bedeutungsvoll eingeschätzt. Deshalb gibt es für diese Baumarten in Deutschland keine Herkunftsgebiete und somit keine ausgewiesenen Forstsaatgutbestände (z.B. Libanon-Zeder (*Cedrus libani*), Zirbel-Kiefer (*Pinus cembra*), Flaum-Eiche (*Quercus pubescens*), Zerr-Eiche (*Quercus cerris*)).

Darüber hinaus werden künftig bislang in deutschen Wäldern seltene Baumarten eine zunehmende waldbauliche Bedeutung erlangen, weshalb auch hier aus Sicht der BLAG-FGR forstvermehrungsgutrechtliche Regelungen notwendig sind. Dabei handelt es sich beispielsweise um Arten der Gattungen Sorbus, Juglans, Ulmus, Thuja, Tsuga oder Arten wie Eibe (*Taxus baccata*), Nordmanns-Tanne (*Abies nordmanniana*) und Orient-Buche (*Fagus orientalis*). Die rechtlichen Wege und Möglichkeiten der Erweiterung der Baumartenliste wurden noch nicht abschließend geprüft und sollten Gegenstand der Arbeit der einzuberufenden Gruppe Forstvermehrungsgutrecht sein.

Seitens der Kontrollbeauftragten wurde auf notwendige Ergänzung der Forstvermehrungsgut-Durchführungsverordnung (FoVDV) hingewiesen, die aufgrund der voranschreitenden Digitalisierung notwendig wird. In dieser Verordnung sollten die rechtlichen Grundlagen für die elektronische Buchführung geschaffen werden.

Intensiv wurden außerdem Fragen der Zulassung von Erntebeständen und Samenplantagen diskutiert. Betroffen ist die Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung (FoVZV). Hier ging es um das Mindestalter und die Mindestgrößen von Zulassungseinheiten. Auf Grundlage aktueller forstgenetischer Untersuchungen sollten diese baumartenspezifisch angepasst werden. Der Grundtenor lag dabei auf einer Erhöhung der Anzahl notwendiger Samenbäume in zugelassenen Beständen zur Sicherung der genetischen Vielfalt in der nächsten Generation als eine Voraussetzung für die Reaktionsfähigkeit in Zeiten des Klimawandels. Eine Fragmentierung von windbestäubten Erntebeständen sollte ebenfalls verhindert werden, um einen möglichst große Pollenwolke zu gewährleisten.

Eine kritische Betrachtung erfuhr ebenfalls die Forstvermehrungsgut-Herkunftsgebietsverordnung (FoVHgV). So sind unterschiedliche Höhenstufen innerhalb eines Herkunftsgebietes schwer erklärbar und die Suche nach Möglichkeiten dies zu ändern, wäre erstrebenswert.

In Zuge der Zusammenstellung wurden von der BLAG-FGR auch Vorschläge zu möglichen Harmonisierungen innerhalb der EU entwickelt.

Weiteres Vorgehen

Das weitere Vorgehen hängt grundlegend vom Ergebnis des aktuellen Gesetzgebungsverfahrens der EU ab, da möglicherweise völlig neue rechtliche Grundlagen geschaffen werden. Diese müssen dann dahingehend betrachtet werden, wie die von der BLAG-FGR erarbeiteten inhaltlichen Vorstellungen abbildbar und lösbar sind.

6 Handlungsempfehlungen für alternative Baumarten im Klimawandel aus forstgenetischer Sicht

Im Zuge des Klimawandels ist es ein grundsätzliches Ziel, die Kontinuität der Ökosystemleistungen der Wälder, wie Rohholzproduktion, Klimaschutz-, Erholungs- und Naturschutzleistung sicherzustellen. Insbesondere sollen ihre Kohlenstoff-Speicherfähigkeit sowie ihr Potenzial, die Ansprüche von Gesellschaft und Wirtschaft in gewohntem Maße befriedigen zu können, erhalten werden. Bei der Wiederbewaldung und beim Waldumbau lassen sich in der Verjüngungsphase gezielt anpassungsfähigere Herkünfte und Baumarten einbringen.

Vor diesem Hintergrund erteilten die Waldbaufereferenten des Bundes und der Länder im Oktober 2019 der BLAG-FGR zwei Arbeitsaufträge: (1) Einteilung der für Deutschland relevanten Baumarten und Identifizierung von Arten im Klimawandel sowie (2) Erarbeitung eines länderübergreifenden Konzepts zur Anlage von Vergleichsanbauten (Herkunftsversuche) für alternative Baumarten im Klimawandel. Das Ergebnis (Liesebach et al. 2021) wurde den Waldbaufereferenten im Oktober 2022 vorgestellt und zustimmend zur Kenntnis genommen. Auf der Basis dieses Konzepts wurde die BLAG-FGR beauftragt, ein Samenplantagenkonzept zu entwickeln (Kapitel 7).

Identifizierung von Arten im Klimawandel

An Hand von Expertenwissen, wissenschaftlichen Veröffentlichungen, Konzepten, Erfahrungswissen und Versuchsergebnissen wurden 101 Baumarten identifiziert, von denen neun als potenziell zukunftsfähig erachtet werden. Hierzu gehören Hainbuche (*Carpinus betulus*), Winter-Linde (*Tilia cordata*), Spitz-Ahorn (*Acer platanoides*), Flaum-Eiche (*Quercus pubescens*), Nordmanns-Tanne (*Abies nordmanniana*), Orient-Buche (*Fagus orientalis*), Atlas-Zeder (*Cedrus atlantica*) sowie Elsbeere (*Sorbus torminalis*) und Baum-Hasel (*Corylus colurna*), die vorrangig für die länderübergreifende Identifizierung von zukunftsfähigen Baumarten in den Aktivitäten des Bundes und der Länder zur Anpassung der Wälder an den Klimawandel berücksichtigt werden sollten.

Darüber hinaus sollten die Tannen-, Kiefern- und Eichenarten aus dem europäischen und nicht europäischen Umfeld jeweils in einer Art und Regionen in Anbauversuchen untersucht werden. Dabei werden die Herkünfte der Arten einer Gattung auf einer Fläche zufällig angeordnet und verglichen. Unabhängig von der Liste mit Baumarten von deutschlandweiter Bedeutung können regionale Unterschiede weiterhin berücksichtigt werden.

Länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten

Auf Grundlage der Liste potenziell geeigneter Baumarten für die Anpassung der Wälder an den Klimawandel wurde ein gemeinsames Versuchskonzept für Vergleichsanbauten zur Identifikation zukunftsfähiger Baumarten entwickelt. Das Konzept soll in Zukunft die Vergleichbarkeit der Ergebnisse gewährleisten sowie die Aussagekraft und Repräsentativität der Ergebnisse gegenüber einem nicht abgestimmten Vorgehen erhöhen.

Das erarbeitete Versuchskonzept greift auf das Handbuch von Liesebach et al. (2017) zurück, das für Feldversuche der Forstpflanzenzüchtung erarbeitet wurde. Viele der dort behandelten Aspekte treffen auch auf die Versuchsflächenanlage mit alternativen Baumarten zu, jedoch ist hier eine andere Gewichtung bzw. Spezifizierung vorzunehmen.

Für die neun Baumarten wurde ein Konzept zur Anlage von deutschlandweiten Vergleichsanbauten (Herkunftsversuchen) erarbeitet sowie Handlungs- und Forschungsbedarf sowie Risiken bei der Umsetzung aufgezeigt. Für die praktische Anwendung sollen Verwendungs- und Herkunftsempfehlungen abgeleitet und geeignete Quellen von Vermehrungsgut benannt werden können.

Zitierte Literatur

Liesebach, M.; Arenhövel, W.; Janßen, A.; Karopka, M.; Rau, H.-M.; Schirmer, R.; Schneck, D.; Schneck, V.; Steiner, W.; Schüler, S.; Wolf, H. (2017): Planung, Anlage und Betreuung von Versuchsflächen der Forstpflanzenzüchtung. Handbuch für die Versuchsanstellung. Thünen Report 49, 80 S. https://www.thuenen.de/media/publikationen/thuenen-report/Thuenen-Report_49.pdf

Liesebach, M.; Wolf, H.; Beez, J.; Degen, B.; Erley, M.; Haverkamp, M.; Janßen, A.; Kätzel, R.; Kahlert, K.; Kleinschmit, J.; Lemmen, P.; Paul, M.; Voth W. (2021): Identifizierung von für Deutschland relevanten Baumarten im Klimawandel und länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten – Empfehlung der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ zu den Arbeitsaufträgen der Waldbaureferenten. Thünen Working Paper 172: 51 S. https://www.thuenen.de/media/publikationen/thuenen-workingpaper/ThuenenWorkingPaper_172.pdf

7 Samenplantagenkonzept für alternative Baumarten

Der Klimawandel, die Erhaltung der Biodiversität und die Bereitstellung des Rohstoffes Holz stellen die Forstwirtschaft in Deutschland vor große Herausforderungen. Dabei haben der kontinuierliche Waldumbau und die Wiederbewaldung der Kalamitätsflächen eine zentrale Bedeutung. Entscheidend für den ökologischen wie wirtschaftlichen Erfolg von Alternativbaumarten ist die Verfügbarkeit und Verwendung von geeignetem Saat- und Pflanzgut, da die Übernahme einer Naturverjüngung nicht überall möglich bzw. sinnvoll ist. Aufgrund des fortschreitenden Klimawandels ist auch zukünftig mit Kalamitäten und einem entsprechenden folgenden Pflanzenbedarf zu rechnen. Die Pläne zur Waldmehrung erfordern vermehrt Saat- und Pflanzgut. Aus diesem Grund ist die nachhaltige, effektive und effiziente Bereitstellung von geeignetem Saatgut auch von Misch- und Nebenbaumarten eine dringliche Aufgabe der Daseinsfürsorge.

Derzeit wird der überwiegende Anteil von Saatgut in Erntebeständen gewonnen. Der Vorteil dieser Variante der Saatgutgewinnung liegt bei vielen Baumarten in der Vielzahl der theoretisch zur Verfügung stehenden Bestände und damit auch in der potenziellen genetischen Vielfalt des Saatguts. In der Praxis wird diese Vielfalt nur eingeschränkt wirksam, wenn häufig die gleichen (leicht erreichbaren) Bestände und Bäume für die Saatguternte berücksichtigt werden bzw. wenn in den Beständen starke Familienstrukturen bestehen. Vor allem bei den bisher weniger berücksichtigten Nebenbaumarten ist die Anzahl vorhandener Erntebestände in Deutschland

zum Teil gering (Wolf et al. 2022). Damit einher geht das Risiko eingeschränkter genetischer Vielfalt auf Grund geringer Populationsgrößen in den existierenden Erntebeständen. Im Zuge des seit mehreren Jahrzehnten stattfindenden Waldumbaus erhöht sich kontinuierlich der Anteil von strukturierten Mischbeständen. Dies ist grundsätzlich erfreulich, mindert aber die effektiven Erntemöglichkeiten. Auch die Stilllegung von Waldflächen hat diesen Effekt.

Die mit dem Klimawandel einhergehende Zunahme von Wetterextremen wie langanhaltenden Trockenphasen, sehr hohen Temperaturen oder dem Auftreten von Spätfrösten führte in den vergangenen Jahren zu einer massiven Beeinträchtigung der Fruktifikation der Waldbäume trotz mehrfach vielversprechenden Blütenansatzes. Hinzu treten Kapazitätsengpässe der Forstsamen- und Forstpflanzenbetriebe, die im Gesamtergebnis zu einer unbefriedigenden Versorgungslage mit Forstvermehrungsgut bei vielen Arten und Herkünften geführt haben.

Samenplantagen sichern die genetische Vielfalt, Qualität, Herkunftssicherheit und Verfügbarkeit geeigneten Vermehrungsgutes. Sie stellen ein geeignetes, national wie international anerkanntes Instrument dar, um hochwertiges, in seinen genetischen Eigenschaften verbessertes Forstsaatgut mit großer genetischer Vielfalt zu produzieren. Samenplantagen können ein weiterer Baustein bei der Bewältigung der Herausforderungen sein, die der Klimawandel, die Erhaltung der Biodiversität und die Bereitstellung

des Rohstoffes Holz für die Forstwirtschaft in Deutschland mit sich bringen. Aufbauend auf der BLAG-FGR Empfehlung zu Alternativbaumarten im Klimawandel (Liesebach et al. 2021) hat die BLAG-FGR den Sachstand in Bezug auf forstliche Samenplantagen in Deutschland überregional analysiert, eine Lückenanalyse durchgeführt sowie Empfehlungen für die Anlage weiterer Samenplantagen abgeleitet. Als Datengrundlage standen die Nationale Liste für zugelassenes Ausgangsmaterial zur Erzeugung von Forstvermehrungsgut der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE; Stand 30.06.2022) und die Ergebnisse einer Umfrage bei den Institutionen der BLAG-FGR zum Sachstand 31.12.2020 zur Verfügung.

Deutschland sind zum Berichtszeitpunkt ca. 620 Samenplantagen von 52 Baum- und 25 Straucharten vorhanden. Bei den Baumarten entfallen 75 % der vorhandenen Samenplantagen auf die Baumarten, die dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) unterliegen. Bei den FoVG-Baumarten können ebenso wie bei den Nicht-FoVG-Baumarten Schwerpunktarten und -regionen beobachtet werden. Insbesondere für die zur Wiederbewaldung und zum Waldumbau im Klimawandel besonders interessanten „Alternativbaumarten“ existieren nur wenige bzw. fehlen für Deutschland geeignete Saatgutquellen und/oder Samenplantagen. Im Falle nicht gebietseigener Baumarten ist die Ausstattung mit Samenplantagen mit Ausnahme der Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) ebenfalls übersichtlich. Die Verteilung der Samenplantagen über das Bundesgebiet bei den Straucharten weist regionale Schwerpunkte auf, ohne dass einzelnen Arten Priorität eingeräumt wurde.

Auswertung der vorgelegten Ergebnisse gibt die BLAG-FGR folgende Kernempfehlungen ab:

Aufbau und Betreuung von Samenplantagen sind eine langfristige Investition und Bestandteil der Daseinsvorsorge; insbesondere in Zeiten von Klimawandel und notwendigem Waldumbau.

- Bestehende Samenplantagen sollten Bundesländer übergreifend in die Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen mit hoher Priorität aufgenommen und beerntet werden.
- Der Aufbau, die Pflege und die Entwicklung von Samenplantagen ist eine Daueraufgabe, die qualifiziertes unbefristetes Personal (Gärtnerinnen und Gärtner, Baumschulmeister und -meisterinnen, Techniker und Technikerinnen und Wissenschaftler und Wissenschaftlerinnen) sowie Priorität bei der Bereitstellung geeigneter Flächen erfordert.
- Das Material von Verbundvorhaben wie FitForClim/AdaptForClim sollte durch den koordinierten gemeinsamen Aufbau von Samenplantagen in Wert gesetzt werden; Samenplantagen für weitere Arten sollten auf Basis der Empfehlungen der BLAG-FGR (Artenliste) Bundesländer übergreifend aufgebaut werden.
- Die Dokumentation und Nachvollziehbarkeit des verwendeten Samenplantagen-Vermehrungsgutes ist eine notwendige Grundlage, um wissenschaftliche Empfehlungen zu überprüfen (Qualitätssicherung) und Erkenntnisse aus der Praxis nutzbar zu machen. Daher sollten der Ursprung bzw. die Herkunft des Materials bei Pflanzung und Saat adäquat und langfristig auswertbar dokumentiert werden.
- Die BLAG-FGR empfiehlt darüber hinaus einen koordinierten Aufbau von Samenplantagen für die heimischen Eichenarten (*Quercus petraea*, *Q. robur*), Hainbuche (*Carpinus betulus*), Spitz-Ahorn (*Acer platanoides*), Sommer-Linde (*Tilia platyphyllos*), Schwarz-Kiefer (*Pinus nigra*), Küsten-Tanne (*Abies grandis*), Feld-Ahorn (*Acer campestre*) und Flatter-Ulme (*Ulmus laevis*).

Hierzu hat die BLAG-FGR Ende 2023 den weitergehenden Auftrag von den Waldbaureferenten des Bundes und der Länder erhalten, (1) Samenplantagen der o.g. Arten zu sichten und ggf. neu aufzubauen; (2) eine Übersicht über Samenplantagen in den Nachbarländern inkl. einer Bewertung ihrer Eignung für Deutschland zu erstellen. Außerdem sollen (3) für Baumarten, für welche bisher nicht genügend Wissen zum Aufbau von Samenplantagen existiert (z.B. südosteuropäische Eichen- und Tannenarten), Herkunftsversuche zur Analyse ihrer Anbauwürdigkeit etabliert werden. Die Umsetzung dieses Auftrages wird Teil des Arbeitsprogramms der kommenden Berichtsperiode 2024 - 2028 sein.

Zitierte Literatur

Liesebach, M.; Wolf, H.; Beez, J.; Degen, B.; Erley, M.; Haverkamp, M.; Janßen, A.; Kätzel, R.; Kahlert, K.; Kleinschmit, J.; Lemmen, P.; Paul, M.; Voth W. (2021): Identifizierung von für Deutschland relevanten Baumarten im Klimawandel und länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten – Empfehlung der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ zu den Arbeitsaufträgen der Waldbaureferenten. Thünen Working Paper 172: 51 S. https://www.thuenen.de/media/publikationen/thuenen-workingpaper/ThuenenWorkingPaper_172.pdf

Wolf, H.; Eisenhauer, D.-R.; Baumann, M.; Gemballa, R. (2022): Erschließung und Bereitstellung von forstlichem Vermehrungsgut - Voraussetzung für die Realisierung des Anpassungsprozesses von Wald und Forstwirtschaft an den Klimawandel. Vortrag Fachkongress 6. KWF-Thementage 2022, 32.03.-02.04.2022, Jessen (Sachsen-Anhalt).

8 Aktivitäten der Bundesländer

Neben den koordinierten Aktivitäten der BLAG-FGR führen die Bundesländer zahlreiche Maßnahmen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen aus. Sie dienen der Umsetzung des Nationalen Fachprogramms forstlicher Genressourcen und werden hier exemplarisch zusammengefasst dargestellt.

8.1 Baden-Württemberg

Die Aktivitäten in Bezug auf die Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressourcen im Zeitraum 2019 - 2023 in Baden-Württemberg umfassten verschiedene Schwerpunkte. Ein wesentlicher Teil der Arbeiten erfolgte auch im Rahmen der Kooperation mit dem Amt für Waldgenetik (AWG Teisendorf) in Bayern. Mithilfe von molekulargenetischen und genomischen Methoden wurde unter anderem der Frage der Artidentität, genetischen Vielfalt, innerartlichen Struktur und lokalen Anpassung diverser Waldbaumarten nachgegangen. Darüber hinaus wurden Genotypen ausgelesen und vegetativ oder generativ vermehrt. Nachzuchten von Sämlingen aus Einzelstamm- oder Bestandesabsaaten dienen der Überprüfung für deren Eignung als Quellen von Vermehrungsgut für die Begründung klimafitter Wälder. Die Maßnahmen fanden im Rahmen von drittmittelfinanzierten nationalen und internationalen Verbundprojekten, sowie als Teil der durch das Land finanzierten Forschung oder zur Erfüllung hoheitlicher Aufgaben statt. Neben der Beteiligung in Kooperation mit den BLAG-FGR Mitgliedern an großen drittmittelfinanzierten Verbundprojekten (FraxGen und RubraSelect, beide Waldklimafonds; siehe auch

Kapitel 9) hat sich die im Berichtszeitraum insbesondere mit folgenden Themen befasst:

„Trockeneichen“ als Saatgutquelle für klimafitte Wälder?

Der Frage der Anpassung von Eichenpopulationen und Individuen auf trockenen Standorten widmeten sich die Waldklimafonds-Projekte AQUAREL (Anpassung der Eichen auf Reliktstandorten) und AQUAREL II sowie das grenzüberschreitende BiodivERsA-Projekt ACORN. Im Rahmen des AQUAREL-Projekts wurden 63 Bestände der Trauben-, Flaum- und Stiel-Eiche untersucht. Davon wurden 25 Bestände in Baden-Württemberg und weitere 9 in Frankreich (Elsass) beprobt. Das AWG Teisendorf übernahm als Projektpartner die Analyse molekularer Marker aus der Kern- und Chloroplasten-DNA im Labor, um die Artidentität, sowie die innerartliche genetische Struktur und Vielfalt zu ermitteln. Zu den Schwerpunkten gehörte eine Analyse basierend auf genomweiter Sequenzierung. In 25 Untersuchungsflächen der Trauben-Eiche aus Baden-Württemberg, dem Elsass und Rheinland-Pfalz wurde einzelstamm- oder bestandesweise Saatgut gewonnen. Dendrochronologische und physiologische Ansätze (durchgeführt durch den Projektpartner FAWF) ergänzen die Studien. Mit 60 Einzelstamm- und weiteren 12 Bestandesabsaaten werden vier Parallelflächen einer Nachkommenschaftsprüfung angelegt. Im ACORN-Projekt erweitern sich die Untersuchungen in andere europäische Länder wie Österreich, die Schweiz, Griechenland und die Türkei (insgesamt mehr als 120 Untersuchungsbestände der Stiel-, Trauben- und

Flaum-Eiche). Die Ergebnisse des Projekts sollen Grundlagen für Empfehlungen zum Saatguttransfer (*assisted migration*) liefern.

Klimasensitive Bestände der Buche und Tanne

Im Rahmen des „Notfallplans für den Wald in Baden-Württemberg“ des baden-württembergischen Ministeriums für Ernährung, Ländlichen Raum und Verbraucherschutz wurden Bestände der Rot-Buche und Weiß-Tanne mit Blick auf eine erhöhte Klimasensitivität analysiert. Je 18 Saatguterntebestände der Weiß-Tanne und Rot-Buche wurden genetisch und dendrochronologisch untersucht, wobei Bestände auf gut wasserversorgten Böden solchen auf trockenen Standorten gegenübergestellt wurden. Die genetischen Analysen umfassten sowohl selektiv neutrale als auch anpassungsrelevante molekulare Marker. Parallel zu dieser Untersuchung fand das Waldklimafonds-Projekt sensFORclim (Projektkoordination AWG Teisendorf) statt. Die genetischen Ergebnisse, aber auch die anderen Ansätze wurden zwischen den beiden Projekten eng abgestimmt und standardisiert.

Erhalt seltener und Nebenbaumarten und deren Genetik

Im Projekt „Erhalt seltener Baumarten und deren Genetik“, gefördert durch das baden-württembergische Ministerium für Ernährung, Ländlichen Raum und Verbraucherschutz, wurden, parallel zu Projekten in Bayern, Bestände sowohl phänotypisch ausgewertet als auch genetisch untersucht. Des Weiteren wurden neue Vorkommen identifiziert und als Saatguterntebestände vorgeschlagen und teilweise auch zugelassen. Herausragende Phänotypen wurden vegetativ und / oder generativ vermehrt. Die Aktivitäten umfassten die Auslese und teilweise

Vermehrung von 170 Plusbäumen bei Spitz-Ahorn, 146 bei Feld-Ahorn, 72 bei Sommer-Linde und 67 bei Flatter-Ulme. Vorkommen dieser Arten wurden molekular-genetisch untersucht. Es folgt die Anlage von Samenplantagen, um die Versorgung mit hochwertigem Vermehrungsgut langfristig zu gewährleisten. Weitere molekular-genetische Untersuchungen fanden bei Eibe und Speierling statt. Bei der Elsbeere wurden eine neue Samenplantage mit 98 Klonen und parallel dazu ein Klonarchiv mit 30 dieser Klone angelegt. Als nächste seltene Baumarten werden Flaum-Eiche und Hainbuche bearbeitet.

Weitere Tätigkeiten und hoheitliche Aufgaben

Zusätzlich zu den vorher beschriebenen Tätigkeiten wurden zahlreiche andere Maßnahmen ergriffen, die ganz oder teilweise dem Erhalt genetischer Waldgenressourcen dienen. Bei Weiß-Tanne wurden zwei Flächen mit Nachkommenschaftsprüfungen karpatischer Tannen angelegt. Bei der Douglasie wurde im Nachgang der Projekte FitForClim und AdaptForClim eine Fläche mit Nachkommen wichtiger Erntebestände und Samenplantagen begründet. Bei der Stiel-Eiche entstand eine Samenplantage mit Plusbäumen aus oberrheinischen Beständen, die in bisherigen Drittmittelprojekten (QREG, Wahyklas, FitForClim) molekulargenetisch erforscht wurden. Zudem wurde eine Versuchsfläche angelegt, um herausragende Klone der Hybridnuss (*Juglans × intermedia*) zu testen. Im Rahmen hoheitlicher Aufgaben wurden außerdem im molekulargenetischen Labor Proben der Baumarten Tulpenbaum, Schwarz-Pappel und Zerr-Eiche analysiert, um unter anderem Fragen der Herkunft, der genetischen Vielfalt und der Klonzugehörigkeit nachzugehen.

8.2 Bayern

Erhaltung und Nutzung heimischer Baumarten

Bei der Rot-Buche konnten in den Generhaltungszonen G4-G5 neben zwei bereits untersuchten Populationen weitere acht Generhaltungsaspiranten untersucht werden. Nach der Bewertung der Erhaltungswürdigkeit und Erhaltungsfähigkeit wird in Absprache mit den Waldbesitzenden die Ausweisung der Generhaltungsobjekte vorgenommen. Des Weiteren wurden sieben Generhaltungsaspiranten und drei Samenplantagen der Weiß-Tanne aus den Generhaltungszonen G3-G5 genetisch analysiert. Im Rahmen des Projekts Oberlandeiche wurden bei Lokalvorkommen der Stiel-Eiche aus höheren Lagen des Alpenvorlandes räumlich genetische Strukturen sowie die genetische Ausstattung des Untersuchungskollektivs analysiert. Um die genetischen Ergebnisse später bewerten zu können, wurden fünf weitere Populationen der Stiel-Eiche in Südbayern als Vergleichspopulationen ausgewählt und bewertet. Ein weiterer Fokus wurde auf die genetische Charakterisierung und die Entnahmen von nicht zuordenbaren Genotypen von bestehenden Samenplantagen der Weiß-Tanne, Sommer-Linde, Winter-Linde, Elsbeere, Feld-Ahorn, Vogel-Kirsche, Berg-Ahorn und Europäische Lärche vorgenommen. Ein besonderes Augenmerk wurde auf die Untersuchung der viel diskutierten seltenen heimischen Baumarten gerichtet. Gerade bei diesen Baumarten ist die Auswahl von geeigneten Saatgutquellen entscheidend für den zukünftigen Anbauerfolg und die Anpassungsfähigkeit. Viele dieser Baumarten unterliegen nicht dem FoVG, dadurch ergibt sich ein hohes Risiko für die Versorgung mit hochwertigem und herkunftssicherem Vermehrungsgut. Im Rahmen des Projektes P034 - Erarbeitung von Herkunfts-

empfehlungen für Feld-Ahorn, Flatter-Ulme, Eibe und Speierling erfolgte die Aufnahme und Bewertung von geeigneten Beständen in Bayern. Anschließend wurden im Rahmen von wissenschaftlichen Untersuchungen forstgenetische Erkenntnisse gewonnen, die als Grundlage für die Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressourcen dieser Baumarten genutzt werden (z.B. für Flatter-Ulme: Kavaliauskas et al. 2022, Šeho et al. 2021, Elsbeere: Kavaliauskas et al. 2021, Baier et al. 2017, Feldahorn: Fussi et al. 2021 und Eibe: Šeho et al. 2022, Rau et al. 2022). Bei diesen Baumarten ist es dringend erforderlich, weitere Erhaltungssamenplantagen anzulegen. Im Rahmen des Projekts AcCarTi – erfolgte die Überarbeitung von Herkunftsempfehlungen und -gebieten sowie Verbesserung der Erntebasis für die Baumarten Spitz-Ahorn, Hainbuche und Sommer-Linde auf genetischer Grundlage. Anhand der genetischen Vielfaltsparameter wird ein Vorschlag für die Ausweisung von Saatguterntebeständen und Erhaltungsbeständen mit hoher genetischer Variabilität zur Sicherung der Anpassungsfähigkeit erarbeitet (Šeho et al. 2022, Rau et al. 2023, Kavaliauskas et al. 2023). Es ist es geplant, für alle drei Projektbaumarten Samenplantagen aufzubauen und dadurch die Erhaltung sowie die Nutzung aktiv zu fördern.

Bewertung der Anpassungsfähigkeit und Resistenz

Den Fragen, unter welchen Standorts- und Umweltbedingungen in Hinsicht auf klimarelevante bodenphysikalische Parameter die zugelassenen Erntebestände wachsen, wurde im Rahmen des Forschungsprojekts sensFORbeech nachgegangen. Es ist unverzichtbar, zu prüfen, inwieweit lokale Forstgenressourcen heimischer Hauptbaumarten eine besondere Klimatoleranz aufweisen. Diese werden durch eine Kombination von ökologischen Nischenmodellen mit

Methoden der Resilienzforschung sowie der Populationsgenetik untersucht, um besonders klimaangepasste Herkünfte zu identifizieren. Im Projekt „Quo vadis Pollen?“ erfolgten Untersuchungen zur (effektiven) Pollenausbreitung und Pollen- und Samenqualität als Beitrag zur Generhaltung bei der vom Eschentriebsterben bedrohten Esche in Abhängigkeit ihres Gesundheitszustandes (Eisen et al. 2023). Das Projekt Erfassung epigenetischer Muster zur Bewertung des Resistenzpotenzials der Esche gegenüber dem Eschentriebsterben trägt durch die Erforschung von epigenetischen Mustern zum Verständnis der direkten Anpassungsfähigkeit und der phänotypischen Plastizität von Bäumen gegenüber einem Stressfaktor bei. Das grundlegende Resistenzpotenzial der Esche gegenüber dem Eschentriebsterben wird somit genauer beurteilt werden können und kann in Handlungsempfehlungen zum Umgang mit dem Eschentriebsterben einfließen.

Alternative Baumarten und Herkünfte im Klimawandel

Neben den heimischen Eichenarten werden zunehmend auch mediterrane Eichenarten diskutiert, die langfristig als Alternativbaumarten zu einer Erweiterung der Baumartenpalette für besonders trocken Standorte beitragen können. Das Ziel des Projektes „Bewertung der Anbau-eignung von Herkünften der drei mediterranen Eichenarten Flaum-Eiche (*Quercus pubescens*), Ungarischer Eiche (*Quercus frainetto*) und Zerr-Eiche (*Quercus cerris*) in Süddeutschland“ („QPFC“) ist es, eine Grundlage zu schaffen, um mögliche trockenheits- und dürrerotolerante Eichenarten langfristig auf heimischen Standorten zu untersuchen. Zur Verbesserung der Saatgutversorgung alternativer Baumarten fördert das Bayerische Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten das Projekt

„Saatgut alternativer Baumarten für Bayern“ durch Abordnung eines Forstbeamten an das AWG. Des Weiteren wurde der Fokus auf die Herkunftssicherung bei alternativen Baumarten und Herkünften gerichtet. So konnte bei der rumänischen Weiß-Tannen Samenplantage Avrig eine Herkunftskontrolle mittels genetischer Marker vorgenommen werden (Šeho et al. 2022). Bei Schwarz-Kiefern in Deutschland erfolgte aus zwei Populationen eine taxonomische Identifizierung von Unterarten (Šeho et al. 2024). Bei der Atlas-Zeder konnte Ende Oktober 2021 nördlich von Carcassonne, Frankreich ein Probelauf einer ZüF-Ernte durchgeführt werden (Geiger et al. 2022).

8.3 Brandenburg

Generhaltung in situ

Im Berichtszeitraum lag ein Schwerpunkt der Erhaltung forstlicher Genressourcen in den nicht staatlichen Wäldern (NLW=“Nicht-Landeswald“). Aufgrund der naturräumlichen Gliederung Brandenburgs und der Verteilung der Waldbesitzverhältnisse liegen 67,9 % der Waldflächen mit wertvollen forstgenetischen Ressourcen außerhalb des Landeswaldes im Privat- und Körperschaftswald. Vor diesem Hintergrund wurde ein Förderprogramm im Rahmen der Walderhaltungsabgabe für die Erhaltung von genetisch wertvollen Gehölzbeständen für diese Eigentümergruppen erarbeitet. Der finanziellen Förderung von 93 Generhaltungsobjekten (Berichtszeitraum) im NLW gingen fachliche Beratungen sowie Schulungsveranstaltungen zu den Zielsetzungen und Maßnahmen der Generhaltung voraus.

Generhaltung ex situ

Um künftig die *Ex-situ*-Maßnahmen zur Erhaltung seltener Baumarten räumlich zu konzentrieren, wurde vom Landesbetrieb Forst Brandenburg eine ehemalige private Baumschulfläche (ca. 30 Hektar) angekauft. Hier wurden *Ex-situ*-Erhaltungsbestände für Esche, Elsbeere, Wild-Birne, Wild-Apfel, Sommer-Linde, Spitz-Ahorn, Schwarznuss und Baum-Hasel angelegt. In den Trockenjahren 2018 - 2021 wurde ein Teil der Gehölzbestände durch physiologische Untersuchungen zur Trockenstresstoleranz begleitet.

Genetisches Monitoring

Das langjährige genetische Monitoringprogramm der Trauben-Eiche im Generhaltungswald „Fünfeichen“ wurde durch die beiden Dauerbeobachtungsflächen der Rot-Buche (Weltnaturerbe Grumsiner Forst, Forstbetrieb Beerenbusch), die im Rahmen des Waldklimafonds-Projektes „GenMon“ eingerichtet wurden, fortgesetzt. Zusätzlich wurden vier Buchenbestände im Forstrevier Sauen (Eigentümer Stiftung August Bier) in das Monitoringprogramm integriert. Da es sich nachweislich um Balkan-Herkünfte handelt, lag der Schwerpunkt der jährlichen Aufnahmen auf der Phänologie des Blattaustriebs und der Vitalität der Bäume vor dem Hintergrund der Dürresommer seit 2018.

Auswertung von Herkunftsversuchen zur Trauben-Eichen und Rot-Buche

Die in früheren Berichtszeiträumen angelegten Herkunftsversuche der Trauben-Eiche sowie ein im Fläming eingerichteter Herkunftsversuch mit Rot-Buche des Thünen-Institutes wurden vor dem Hintergrund des Klimawandels, insbesondere der Trockenstress- und (Spät-)Frost-

toleranz, erneut ausgewertet. Bemerkenswert ist der Befund, dass sich angesichts multifaktorieller Stressfaktoren keine einzelne Herkunft mit besonderen Resistenzeigenschaften herauskristallisiert, sondern dass in fast allen Herkünften einige Einzelbäume mit besonderen Anpassungsfähigkeiten überzeugen.

Alternativbaumarten und -herkünfte

Parallel zur wissenschaftlichen Begleitung der Herkunftsversuche, lag ein besonderer Forschungsschwerpunkt in der Bewertung der Anpassungsfähigkeit ausgewählter Generhaltungs- und Saatgutbestände der Rot-Eiche. Mit Hilfe genetischer Marker konnten die amerikanischen Ursprungsregionen eingegrenzt werden. Auf sechs Saatguterntebeständen wurden die genetischen Analysen durch physiologische Untersuchungen begleitet, die den Einfluss standörtlicher Mangelbedingungen auch für die Rot-Eiche auf trocken-nährstoffarmen Grenzstandorten herausstellten.

8.4 Hessen, Niedersachsen, Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein

Die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) ist gemäß ihres Gründungspapiers zuständig für die praxisnahe forstliche Forschung und die Beratung aller Waldbesitzarten in den Ländern Schleswig-Holstein, Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Hessen (Trägerländer). Die anstehenden Aufgaben zur Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressourcen werden zunehmend länderübergreifend und für alle Eigentumsformen betrachtet. Die Arbeiten werden regelmäßig zwischen den Trägerländern in der Arbeitsgruppe der Darrleiter und Saatgutbeauftragten abgestimmt. Die Treffen finden im jährlichen Turnus statt. Der Austragungsort wechselt

dabei, um spezifische Fragestellungen vor Ort diskutieren zu können.

Das Thema der Verfügbarkeit von geeignetem forstlichem Vermehrungsgut rückte in den letzten Jahren vermehrt in den Vordergrund. Neben den Aufgaben im Rahmen der Holzproduktion richtet sich der Fokus zunehmend auch auf Ziele der Biodiversität, wie aktiver Arten- und Biotopschutz. Dabei spielen Samenplantagen, Mutterquartiere, Saatgutlager und erfasste, gesicherte Genressourcen als Grundlage eine besondere Rolle.

Die Witterung der letzten Jahre war geprägt von anhaltenden Trockenperioden. Auch aufgrund sturmbedingter Bruchschäden entwickelte sich in der Folge flächendeckend ein massiver Befall von Schadinsekten an mehreren Baumarten, insbesondere der Fichte. Darin lagen die größten Herausforderungen für die Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressourcen.

Am Rande sei noch erwähnt, dass im Berichtszeitraum, wie in allen Bereichen des öffentlichen Lebens in Zeiten der Corona-Krise auch das Genressourcenmanagement vor erheblichen und ungewöhnlichen Herausforderungen stand.

Erfassung und Erhaltung von Genressourcen

Die Erfassung und Erhaltung von forstlichen Genressourcen in den letzten fünf Jahren fand weitgehend vor dem Hintergrund der von den Trägerländern geforderten Neuanlagen von Samenplantagen statt. Ausnahmen von dieser fokussierten Erfassung und Erhaltung waren akut gefährdete Ressourcen mit hoher Erhaltungsdringlichkeit, wie zum Beispiel eine Anlage zur Erhaltung der Brockenfichte. Die planmäßige Erfassung von Genressourcen zielte daher auf Vorkommen, in denen nachfolgend Plusbäume für

die Anlage von Samenplantagen ausgewählt werden können. Das betraf Vorkommen der Weiß-Tanne, der Edel-Kastanie und des Feld-Ahorns, die nach ihrer Erfassung und Evaluierung in den Erhaltungsbestand der registrierten Genressourcen aufgenommen wurden.

Gegenwärtig entwickelt sich auch ein Interesse an alternativen Baumarten zur Stabilisierung der Wälder im Klimawandel. Die Verfügbarkeit entsprechenden Vermehrungsgutes ist in diesem Zusammenhang ein wichtiger Aspekt. Es geht um bislang wenig genutzte Provenienzen heimischer Arten, um bisher seltene Arten und um nichtheimische Arten. Dabei besteht in vielen Fällen hinsichtlich der Anbauwürdigkeit solcher „Alternativen“ noch ein erheblicher Forschungsbedarf. Um der Forstwirtschaft relativ kurzfristig praktische Handlungsoptionen zur Verfügung stellen zu können, sollen bereits bestehende und bewährte Vorkommen solcher Arten für die Auswahl von Plusbäumen und die Anlage von Samenplantagen genutzt werden.

Ein Arbeitsschwerpunkt im Bereich Erhaltung bildete die Übernahme von genetischen Material und Anlagen aus abgelaufenen Projekten zur weiteren Erhaltung und Nutzung, die nun schrittweise in den regulären Betrieb integriert werden müssen. Zu den Routinearbeiten gehören die laufende Evaluierung von Erhaltungsflächen und die gezielte Nachzucht von Erhaltungsobjekten.

Die Forstgenbank hat nach wie vor eine große Bedeutung für die Erhaltung forstlicher Genressourcen und für die Sicherung von Saatgutreserven. Die hierfür genutzten Kühlanlagen der Abteilung Waldgenressourcen wurden im Berichtszeitraum komplett erneuert. Somit stehen jetzt geeignete, moderne Kühlanlagen für die

Langzeitlagerung von Forstsämereien zur Verfügung.

Die Erweiterung des Artenspektrums für praktische Arbeiten der Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressourcen erfordern die Entwicklung bzw. die Etablierung neuer Vermehrungsmethoden. So konnte die in Polen entwickelte Methode zur Eibenstratifizierung erfolgreich etabliert werden. Damit ist es nun möglich, das gesicherte Erhaltungsmaterial der fruktifizierenden Eibenplantage effektiv in die Praxis zu überführen und so Erhaltung und Nutzung genetischer Ressourcen in betrieblichen Routinen umzusetzen. In diesem Zusammenhang wurden auch durch Einbindung externer Expertise neue Veredelungsmethoden für Edel-Kastanien etabliert.

Ein weiterer Schwerpunkt besteht in der Entwicklung eines Genarchivs von nahezu 20 Hektar Größe zur Erhaltung von über 20 Arten und Gattungen von Bäumen und Sträuchern, welches auch ein Reservoir für die Gewinnung von Saatgut, Reisern und Stechhölzern darstellt. Neben verschiedenen Samenplantagen befinden sich unter den Anlagen Mutterquartiere für Weidenarten und auf Artreinheit geprüfte Schwarz-Pappel verschiedener Flusssysteme, die durch regelmäßige Nutzung erhalten bleiben.

Nachhaltige Nutzung genetischer Ressourcen – Samenplantagen

Die nachhaltige Nutzung forstlicher Genressourcen konzentrierte sich in den letzten Jahren vorwiegend auf die Anlage, Bewirtschaftung und Beerntung von Samenplantagen.

Die NW-FVA betreut in den Trägerländern über 200 Plantagen auf einer Fläche von ca. 400 Hektar mit über 50 Baum- und Straucharten. Alle

Trägerländer haben gleichsam den Zugriff auf die nach 2006 angelegten Samenplantagen. Die damit verbundenen Aufgaben und Möglichkeiten sind somit immer vor den Hintergrund des Länderverbundes zu sehen. Die mit der Gründung der NW-FVA beabsichtigten Synergien werden an dieser Stelle sehr direkt praktisch wirksam, da das Samenplantagenetz zunehmend ein gemeinsames Projekt aller Trägerländer darstellt.

Die Samenplantagen unterliegen einem strengen Qualitätsmanagement. Verschiedene Parameter (z.B. Artreinheit, Klonidentifikation) werden routinemäßig durch genetische Analysen geprüft. Samenplantagen stellen Intensivbewirtschaftungsflächen dar, auf denen Forstschutzmaßnahmen üblicherweise notwendig sind. Besonders in den letzten Jahren waren kurzfristig aufwändige Maßnahmen notwendig, um gefährdete Anlagen zu retten. Schon kleinste Mengen Totholz können zum Verlust einer ganzen Plantage führen. Dies zu verhindern war auch deswegen eine Herausforderung, da es in den betroffenen Betrieben viel größere Schadflächen gab, und es schon eines besonderen Bewusstseins und Aufwandes bedurfte, die verhältnismäßig kleinflächigen Schadereignisse auf den Samenplantagen zu bereinigen. Viele Anlagen konnten so durch Sofortmaßnahmen in Zusammenarbeit mit den Betrieben gerettet werden. Aber es gingen auch einige verloren. Wo es sich anbot, wurden die Rettungsmaßnahmen mit der anstehenden Verjüngung des Netzes verbunden, in dem das gerettete Material verschiedener Samenplantagen in eine neue Plantage überführt werden konnte. Dieses Vorgehen wurde beispielsweise bei der Lärche (s. u.) angewandt.

Ein weiterer Schwerpunkt war die naturschutzfachliche Inwertsetzung der Samenplantagen. Das Wort „Plantage“ suggeriert eine gewisse

„Naturferne“ und „Künstlichkeit“ die in der praktischen Umsetzung so nicht gegeben ist. Durch die konsequente Umsetzung der pflanzennahen Pflege bei den üblichen weiten Pflanzverbänden (5 m x 5 m) konnten Blühstreifen entstehen, die der Samenplantage gewisse Eigenschaften verleihen, die der naturschutzfachlichen Bedeutung von „temporären Grünland“, „Offenlandbiotop“ oder evtl. auch einem „Lichten Wirtschaftswald mit Habitatkontinuität“ entsprechen können. So kann bei entsprechender Bewirtschaftung die Bedeutung von Samenplantagen für die Biodiversität neben der Erhaltung und Nutzung genetischer Ressourcen auch um die Komponente des Arten- und Biotopschutzes auf der Fläche erweitert werden. Es ist vorgesehen, diese naturschutzfachlich relevanten Prozesse auf Samenplantagen künftig wissenschaftlich zu untersuchen.

Die Trockenjahre des Berichtszeitraumes veranlassten, über Fragen zur Bewässerung von Samenplantagen nachzudenken. Als Intensivbewirtschaftungsanlagen, die bereits vor ihrer Etablierung auf der Fläche mit erheblichen Kosten verbunden sind, erscheint bei solch extremer Trockenheit wie in den vergangenen Jahren eine Bewässerung zur Förderung des Anwuchses unbedingt notwendig. Die dazu notwendigen Ressourcen sind vorzuhalten. Die Erfolge der Bewässerung in den vergangenen Trockenjahren sprechen dafür, wie auch die Schäden an einzelnen Anlagen durch nicht erfolgte Bewässerung.

Systematische Erneuerung des Samenplantagennetzes

Neben dem Neuaufbau von Samenplantagen steht die NW-FVA vor der Aufgabe, das bestehende Netz von Samenplantagen zu verjüngen. Das betrifft besonders die Samenplantagen mit Wald-Kiefer, Europäischer Lärche,

Schwarz-Erle und Wildobstarten. Dabei rücken zunehmend auch Fragen der technologischen Optimierung in den Vordergrund.

Eine reine Duplizierung der vorhandenen Anlagen erscheint nicht zielführend, da ein Großteil der älteren Samenplantagen aus den 60er und 70er Jahren stammt. In dieser Zeit wurde mit geringeren als den heute üblichen und notwendigen Klonanzahlen gearbeitet. Es hat sich als sehr praktisch erwiesen, passende Klone von verschiedenen vorhandenen Samenplantagen in einer Neuanlage zusammen zu führen und damit die Anzahl der Klone systematisch zu erhöhen. Die in den letzten Jahren erneuerten Lärchenplantagen hatten dabei ein Verhältnis von 3:1. In der Praxis bedeutet dies, dass üblicherweise das Material von 3 älteren Samenplantagen in einer neuen Samenplantage zusammengeführt wird.

Neuanlage von Samenplantagen

Im Berichtszeitraum wurden u.a. Samenplantagen mit Wald-Kiefer, Schwarz-Erle, Europäischer Lärche, Schwarzem und Rotem Holunder angelegt. Hervorzuheben ist ein länderübergreifendes Projekt von Bayern, Sachsen und der NW-FVA zur Anlage von Höhenkiefer-Samenplantagen. Neben den zuständigen Einrichtungen der Länder war hier auch ein kommunaler Waldbesitzer involviert, welcher das genetische Material zur Verfügung stellte.

Bei der Neuanlage von Samenplantagen rücken neben genetischen Fragestellungen zunehmend auch Fragen der technologischen Optimierung in den Vordergrund. Gemeinsam mit dem Land Sachsen-Anhalt ist es gelungen, eine Vereinbarung zur mittelfristigen Sicherung bzw. Reservierung geeigneter Flächen für die Anlage von Samenplantagen zu treffen. Mit den übrigen

Trägerländern wird an ähnlichen Vorhaben gearbeitet.

IT und genetisches Informationssystem

Für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung forstlicher Genressourcen bedarf es einer geeigneten digitalen Infrastruktur. Es kann als Erfolg gewertet werden, dass es der NW-FVA gelungen ist, nun auch das Land Hessen in das Erntezulassungsregister der NW-FVA einzubinden. Für zugelassenes Ausgangsmaterial nach FoVG als wichtiger Bestandteil forstlicher Genressourcen steht damit ein einheitliches und kompaktes Tool für die Trägerländer zur Verfügung, dessen Funktionalitäten weiter über die für ein Register gesetzlich geforderten Parameter hinausgehen. Der technologische Support und die Weiterentwicklung des Programms erfolgt durch die NW-FVA. Die inhaltliche Verantwortung liegt bei den zuständigen Stellen der Trägerländer mit denen es einen intensiven fachlichen Austausch gibt.

Einen weiteren Schwerpunkt stellte in den letzten Jahren die Entwicklung eines genetischen Informationssystems für die Abteilung Waldgenressourcen dar. Die systemanalytischen Arbeiten sind abgeschlossen. Mit dem anstehenden Abschluss der Programmierung wird künftig die digitale Grundlage eines modernen Genressourcenmanagements zur Verfügung stehen.

Einbeziehung Dritter

Dem steigenden Aufwand, der sich aus der bereits erwähnten gestiegenen Bedeutung und dem erhöhten Bedarf an forstlichen Samenplantagen ergibt, ist unter den aktuellen Bedingungen nur durch die Einbindung Dritter gerecht zu werden. Deshalb wurden erhebliche Anstrengungen unternommen um zusätzliche Akteure in die

Prozesse einzubinden. Bei der Unterhaltung des Samenplantagenetzes entfalteten die abgeschlossenen mittelfristigen Rahmenverträge mit externen Firmen zur regelmäßigen Pflege nun erstmals ihre Wirkung. Die zahlreichen Veredelungen für die Neuanlagen wären ohne die Erweiterung durch externe Kapazitäten nicht möglich gewesen.

Die NW-FVA betrat aber auch Neuland mit der Einbindung privater Waldbesitzer bei der Anlage von forstlichen Samenplantagen durch ein Pilotprojekt zur *Public-Private-Partnership*. Für die nächsten Jahre sind weitere Vorhaben in dieser Richtung geplant.

Charakterisierung forstlicher Genressourcen

Die genetische Charakterisierung von Waldbeständen ist Bestandteil der Erhaltung und nachhaltigen Nutzung von forstlichen Genressourcen. Genetische Analysen spielen sowohl für Forschungszwecke als auch für praktische Anwendungen eine Rolle. Wichtige Themenbereiche im Berichtszeitraum waren die feste Einrichtung von genetischen Monitoring-Flächen, Studien an seltenen Baumarten und Nebenbaumarten, genetisches Qualitätsmanagement in Samenplantagen und genetische Ressourcen der Douglasie in den Trägerländern der NW-FVA. Ferner kommt der *In-vitro*-Vermehrung zur vegetativen Vermehrung von Forstpflanzen eine immer größere Bedeutung zu.

Mit dem genetischen Langzeitmonitoring wird das Ziel verfolgt, den Zustand und die räumlich-zeitlichen Veränderungen genetischer Vielfalt und der dazugehörigen Mechanismen in Waldbaum-Populationen zu erfassen. Für zwei Buchenbestände in Niedersachsen und Hessen als auch einen Fichtenbestand auf dem Brocken im Harz ist damit die Basis für ein Dauer

beobachtungssystem geschaffen worden. Hier soll künftig die Wirkung verschiedener Einflussfaktoren (Klimawandel, waldbauliche Behandlung, Verjüngungsstrategien etc.) auf die Anpassungsfähigkeit von Baumpopulationen abgeschätzt und bewertet werden (Höltken et al. 2020; Höltken et al. 2021).

Aufgrund des Klimawandels sind in den letzten Jahren verstärkt seltene Baumarten bzw. Nebenbaumarten in den Fokus der Untersuchungen gerückt. Da menschliche Eingriffe die Populationen in den letzten Jahrhunderten stark dezimiert haben, unterliegt die Erhaltung bzw. der Aufbau überlebensfähiger Populationen an der NW-FVA eines genetischen Qualitätsmanagements. Das betrifft *In-situ*- als auch *Ex-situ*-Vorkommen (z.B. Samenplantagen). Dabei ist aber nicht nur die genetische Vielfalt zu berücksichtigen, sondern auch der Einfluss der Hybridisierung mit Kultursorten. Davon betroffen sind diejenigen Arten/Gattungen, aus denen züchterisch ertragreiche Sorten für den Obstanbau hervorgegangen sind (*Prunus*, *Malus*, *Pyrus*). Insbesondere beim Wild-Apfel (*Malus sylvestris*) hat sich gezeigt, dass die Vermischung des Genpools mit Kultursorten (genetische Introgression) erheblich zur Gefährdung der Art- und Ökosystemintegrität der Wildform beiträgt. So gehen dem Wild-Apfel u.a. seine typischen Anpassungseigenschaften als Auwaldbaumart verloren (Ahl et al. 2021). Untersuchungen zum Einfluss von Kulturformen auf die Wuchseigenschaften der Vogel-Kirsche (*Prunus avium*) sind derzeit in Bearbeitung (Höltken et al. 2023).

Genetische Analysen werden auch im Rahmen des genetischen Qualitätsmanagements von Samenplantagen wirksam. Dazu zählen die Überprüfung von Klonverteilungsplänen ebenso wie die Identifizierung der Artzugehörigkeit, z. B. beim Wildobst oder der Schwarz-Pappel. Ergeb-

nisse dieser Analysen bilden danach die Grundlage für Pflegearbeiten in den Samenplantagen, wie z. B. die Entnahme von nicht zuzuordnenden Klonen (durchgewachsene Unterlagen, Anflug etc.). Nach diesem Berichtszeitraum stehen genetische Daten für nunmehr insgesamt 30 Baumarten in 146 Samenplantagen an der NW-FVA zur Verfügung.

Zu den Daueraufgaben zählen auch biochemisch-genetische Analysen von Saatgutbeständen und Samenplantagen der Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*). Neben Aussagen zur genetischen Vielfalt der Bestände erhält man auch Hinweise auf eher unerwünschte Inlandsherkünfte. Die Untersuchungen belegen, dass Vermehrungsgut aus Samenplantagen für die forstliche Praxis vorrangig zu empfehlen ist. Dieses Material verspricht aufgrund der Zusammenstellung geeigneter Provenienzen nicht nur gute Wuchseigenschaften, sondern vor allem eine besonders hohe genetische Vielfalt und damit Anpassungsfähigkeit. Derzeit stehen genetische Informationen zu 139 Saatgutquellen der Douglasie (Saatguterntebestände und Samenplantagen) zur Verfügung (Höltken und Steiner 2021; Höltken et al. 2022)

In den letzten Jahren erfährt die *In-vitro*-Kulturtechnik an der NW-FVA eine Renaissance. Diese Methode der Vegetativvermehrung diente bislang ausschließlich der Bereitstellung von Forstpflanzen mit charakterisierten Eigenschaften, die in großer Zahl und zu gewünschten Zeitpunkten produziert werden können. Künftig wird auch verstärkt Pflanzenmaterial für experimentelle Zwecke für die Bearbeitung physiologisch-genetischer Fragestellungen benötigt. Der Einfluss von Genetik und Umwelt auf bestimmte physiologische Eigenschaften und damit die Konstanz von Merkmalen kann nur durch die Erzeugung erbgleicher Individuen

eindeutig bestimmt werden (Reproduzierbarkeit der Versuchsdaten durch klonale Wiederholbarkeit des Genotyps). Die Produktion von Versuchsgliedern je Individuum soll damit unbegrenzt und unabhängig von Jahreszeiten möglich sein. Auf diese Weise können ganzjährig Versuchspflanzen produziert und in ihrer jeweiligen Lebensphase für die Versuchsdurchgänge synchronisiert werden. Diese Methode bietet erhebliche Potenziale zur Effizienzsteigerung und zeitlichen Beschleunigung von Forschungs- und Züchtungsvorhaben, was in Anbetracht des hohen Veränderungsdrucks durch die Dynamik des Klimawandels von großer Bedeutung ist (Höltken et al. 2023).

8.5 Mecklenburg-Vorpommern

Die Landesforstanstalt Mecklenburg-Vorpommern (LFoA MV) agiert im Rahmen eines Programms zur Erfassung, Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der Forstlichen Genressourcen auf Grundlage des Bundeskonzeptes. Das Landeskonzept befindet sich in Überarbeitung. Eine Entwurfsfassung liegt vor.

Das Forstliche Versuchswesen der LFoA MV ist für die wissenschaftliche Bearbeitung des Programms zu den Waldgenressourcen zuständig. Das wesentliche Ziel der Forschungsarbeit sind Erkenntnisse, die für den Erhalt einer an die örtlichen Bedingungen angepassten biologischen Vielfalt in den Wäldern Mecklenburg-Vorpommerns genutzt werden können.

Über verschiedene Einzelprojekte zu ausgewählten Gehölzarten liegen Daten zu den Genressourcen im Land vor, die in einer neuen Datenbank zusammengeführt werden sollen. Begonnen wurde mit dem Aufbau dieser neuen Datenbank. Die Datenbank wird Ende 2023 fertiggestellt sein und dient zukünftig als Grund-

lage für die Aktualisierung und Erweiterung des vorhandenen Datenbestandes.

Das Kompetenzzentrum für forstliche Nebenproduktion (KfN) der LFoA MV erzeugt Pflanzen zum Erhalt der Waldgenressourcen, einschließlich der gebietseigenen Gehölzarten.

Aus Kapazitätsgründen konnte im Forstlichen Versuchswesen der LFoA MV nicht das ganze Spektrum des Konzeptes zu den Waldgenressourcen abgearbeitet werden, sondern nur ausgewählte Projekte, die insbesondere der Erhaltung seltener heimischer Gehölzarten sowie der nachhaltigen Nutzung der Waldbaumarten dienen. Auch externe Kooperationen wurden genutzt, wie z. B. mit der Humboldt-Universität zu Berlin und mit dem Thünen-Institut für Forstgenetik Großhansdorf, um spezielle Projekte zu bearbeiten.

Berichtszeitraum wurde die Arbeit in den geförderten Waldklimafonds-Projekten „FitForClim“, „AdaptForClim“, „GenMon“ und „ResEsche/FraxMon“ fortgesetzt.

Projekt „AdaptForClim“ wurden Plusbaumsammlungen für Wald-Kiefer, Douglasie und Berg-Ahorn angelegt, gepflegt und teilweise ergänzt. Mit dem Thünen-Institut werden im Rahmen des Projektes „OptiSaat - Samenplantagen der Zukunft“ jeweils eine Samenplantage für Wald-Kiefer und Douglasie neu angelegt.

Das im Rahmen des Projektes „GenMon“ gestartete genetische Monitoring wurde mit Aufnahmen für die Rot-Buche auf der GenMon-Fläche (Rügen/Fahrnitzer Berge) fortgeführt.

Im Rahmen des Forschungsprojektes ResEsche wurden in Zusammenarbeit mit dem Thünen-Institut für Forstgenetik eine Pflopfings-Samen-

plantage bestehend aus widerstandsfähigen Eschen-Plusbäumen sowie eine Nachkommen-schaftsprüfung angelegt und seit 2020 auf ihren Gesundheitszustand untersucht, mit Ziel der späteren Erzeugung von hochwertigem Eschen-saatgut.

Ein neuer Arbeitsschwerpunkt war die Beteiligung am Förderprojekt Superhybrid (*Juglans*) der Humboldt-Universität Berlin mit der Anlage von zehn Versuchspflanzungen in Mecklenburg-Vorpommern.

Genetische Charakterisierungen wurden genutzt, um zum einen gebietsheimische Gehölze und zum anderen die Vielfalt und Herkünfte der waldbaulich genutzten Baumarten sicher ansprechen sowie Vitalitätsfragen klären zu können. Solche Untersuchungen wurden außerhalb der oben genannten Projekte für die Rot-Buche (BuVit), Edel-Kastanie und die Eichen durchgeführt.

Im Rahmen der Forschung an Baumarten, die sich möglicherweise durch besondere Stabilität gegenüber den aktuellen Klimaveränderungen auszeichnen, erfolgten in Zusammenarbeit mit dem Sachgebiet Waldbau genetische Untersuchungen an Beständen von Edel-Kastanie in Mecklenburg-Vorpommern.

Forstliche Genressourcen wurden auch für die Gehölzart Schwarznuss erfasst, die ebenfalls als besonders klimastabil gilt. Für die Eibe wurde mit der Anlage eines Klonarchives zum Erhalt der gebietsheimischen Herkünfte begonnen.

Die Zuordnung der Waldfunktion „Waldgenobjekt“ für Generhaltungsbestände wurde fortgesetzt.

Die LFOA MV betreibt in Jatznick eine Forstsa-mendarre, wo das Saatgut von Forstpflanzen und gebietseigenen Gehölzen bearbeitet und ein-gelagert werden kann. Da die vorhandenen tech-nischen Möglichkeiten die sehr langfristige Ein-lagerung von Saatgut derzeit nicht ermöglichen, wurde nach einer Alternative gesucht. Im Rah-men der Initiative für unseren Wald in Mecklen-burg-Vorpommern wurde die Erarbeitung eines Konzeptes zum Aufbau einer Forstgenbank in Auftrag gegeben. Dieses Konzept liegt nun vor. Im Ergebnis wird in den Forstämtern der LFOA MV perspektivisch mit der Anlage von Wald-gärten begonnen. Das sind Anpflanzungen von ausgewählten Nebenbaum- und Straucharten, die auf geeigneten Waldflächen oder als Wald-innenränder angelegt, gepflegt und beerntet werden. Für die Flächenanlage erfolgt eine brei-te Streuung über das Land Mecklenburg-Vor-pommern, so dass eine möglichst große Risiko-streuung erreicht wird.

8.6 Nordrhein-Westfalen

Im Bundesland Nordrhein-Westfalen erfüllt der Landesbetrieb Wald und Holz Nordrhein-West-falen eine Vielzahl von Aufgaben bzgl. der Er-haltung und Förderung gehölzgenetischer Res-sourcen. Einen Großteil der Aufgabenstellungen übernimmt das Sachgebiet Forstgenetik/Forst-vermehrungsgut im Team Waldbau des Zen-trums für Wald und Holzwirtschaft in Arns-berg. Es gab im Berichtszeitraum 2019 - 2023 verschiedene Arbeitsschwerpunkte des Sach-gebietes, welche an dieser Stelle näher erläutert werden.

Herkunftsempfehlungen

Die Herkunftsempfehlungen für Baum- und Straucharten in Nordrhein-Westfalen wurden im Jahr 2023 im Rahmen einer Arbeitsgruppe unter

Einbeziehung von Fachleuten weiterer Institutionen und Bundesländer aktualisiert und vollständig überarbeitet. Eine Veröffentlichung erfolgt im Jahr 2024 und soll den Waldbesitzenden zeitgemäße Empfehlungen für die Auswahl geeigneter Herkünfte bei der Wiederbewaldung der zahlreichen Kalamitätsflächen bieten.

Samenplantagen

Für die Erstellung eines Konzeptentwurfs im Jahr 2023 für die Bewirtschaftung der Samenplantagen in Nordrhein-Westfalen (2024 - 2033) wurden zunächst das Verzeichnis sowie die Anlagepläne sämtlicher Samenplantagen aktualisiert. Der Landesbetrieb Wald und Holz Nordrhein-Westfalen verfügt gegenwärtig über 63,05 Hektar Samenplantagen, wovon 42,45 Hektar auf Baumarten entfallen, die dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) unterliegen und 20,60 Hektar auf Baum- und Straucharten, die nicht dem FoVG unterliegen. Es existieren 24 Samenplantagen von 14 dem FoVG unterliegenden Baumarten. Für die nicht dem FoVG unterliegenden Baum- und Straucharten gibt es 50 Samenplantagen von 30 Arten. Ziel ist es, die vorhandenen Plantagen zu verjüngen und durch bisher fehlende, geeignete Herkünfte und Arten für den Klimawandel gemäß der bundesweit durchgeführten Sachstandsanalyse der BLAG-FGR bzgl. der existierenden Samenplantagen (vergleiche Kapitel 7) zu ergänzen. Im Kontext der forstlichen Generhaltung wurden Ergänzungspflanzungen in Samenplantagen von Stiel-Eiche (slawonische Herkunft), Berg-Ulme, Eibe, Schwarz-Pappel sowie diverser Weidenarten durchgeführt.

Erhaltung forstlicher Genressourcen

Im Sinne der Erhaltung und Förderung wertvoller genetischer Ressourcen in Nordrhein-

Westfalen wurden im Berichtszeitraum mehrere regionale Projekte durchgeführt. Es wurden in den Regionalforstämtern Arnsberger Wald und Hochstift lokal vorkommende Bestände der Trauben-Eiche beerntet, um nach erfolgter Lohnanzucht die regionalen Herkünfte wieder am Ursprungsort auszupflanzen und somit die Ausgangsbestände zu fördern und zu erhalten (ca. 80.000 Pflanzen). Ähnliche Projekte erfolgten durch vegetative Vermehrungsmaßnahmen in Wacholderheiden im Münsterland sowie im Rahmen des Förderprogramms „Grüne Infrastruktur“ in natürlichen Vorkommen diverser Arten von Wildrosen im Sauerland. Es erfolgten ebenfalls Ergänzungspflanzungen durch vegetative Vermehrung der Gewöhnlichen Hasel der „Nieheimer Flechthecken“. Dieses Naturschutzprojekt diente der Bewahrung eines 350 Jahre alten Kulturerbes in Nordrhein-Westfalen. Weiterhin wurden zahlreiche Meldungen von artreinen Schwarz-Pappeln genetisch untersucht und die Klone im bestehenden Mutterquartier der Schwarz-Pappel integriert, um die genetische Ausstattung dieser in Nordrhein-Westfalen bedrohten Baumart zu sichern.

Weitere Arbeitsschwerpunkte

Aufgrund der aktuell hohen Anzahl an Kalamitätsflächen in den Wäldern Nordrhein-Westfalens hat sich die Anzahl an zugelassenen Saatguterntebeständen verringert. Daher fand ein waldbesitzübergreifender Aufruf zur Meldung neuer potenzieller Erntebestände statt, welcher zu verstärkten Bereisungen der Kommission für die Zulassung neuer Saatguterntebestände führte, so dass zahlreiche neue Bestände in das Erntezulassungsregister aufgenommen werden konnten. Zudem wurde im Sommer 2023 eine Zulassungsbereisung der Gütegemeinschaft für forstliches Vermehrungsgut e.V. (DKV) im südwestlichen Teil des Bundeslandes organisiert, so

dass Nordrhein-Westfalen zehn neue Sonderherkünfte ausweisen konnte.

Innerhalb des Aufgabenbereiches der Herkunftsversuche erfolgte in Kooperation mit dem Thünen-Institut im internationalen Buchen-Herkunftsversuch von 1993/1995 am Niederrhein eine vollständige Datenaufnahme sowie eine Bestandespflanze. Im Rahmen der bundesweiten Nachkommenschaftsprüfung der Weiß-Tanne durch die Arbeitsgruppe der Länderinstitutionen für Forstpflanzenzüchtung wurde auch im Sauerland eine Versuchsfläche mit 16 verschiedenen Herkünften in Nordrhein-Westfalen angelegt.

8.7 Rheinland-Pfalz

Die Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft (FAWF) und speziell das darin integrierte Forstliche Genressourcenzentrum (FoGZ) erfüllt verschiedene Aufgaben zur Erhaltung und Förderung der Biodiversität und der genetischen Vielfalt in den rheinland-pfälzischen Wäldern. Schwerpunkte sind neben der forstlichen Forschung auch der Wissenstransfer von Forschungsergebnissen in die Praxis, seien es die staatlichen Forstämter, die Waldbesitzenden oder eine interessierte Öffentlichkeit. Darüber hinaus ist das FoGZ in der Tradition der Samenklinge Elmstein ein Garant für die Bereitstellung und Lieferung von herkunftsgesichertem, hochwertigem Vermehrungsgut. Zunehmend wurden im Berichtszeitraum Fragestellungen zur Verwendung seltenerer heimischer - aber auch nicht heimischer Baumarten - an das FoGZ herangetragen.

Schwerpunkte im Berichtszeitraum

Die bereits im vorangegangenen Berichtszeitraum umfassend dargestellten Waldklimafonds-

Projekte „FitForClim“, „AdaptForClim“ und „GenMon“ wurden weiterbearbeitet und überwiegend abgeschlossen. Rheinland-Pfalz beteiligt sich mit mehreren Versuchsanlagen an den Projekten, allerdings befinden sich darunter einzelne, mittlerweile durch Trockenheit und Käferbefall, abgängige Monitoringflächen.

Darüber hinaus führte das FoGZ das Modell- und Demonstrationsvorhaben „Etablierung einer Standardmethode zur Untersuchung genetischer und spezifischer adaptiver Differenzierung von Herkünften am Beispiel der Straucharten Schlehe und Haselnuss“ in Bezug auf Flächenpflege und Monitoring sowie Felddatenerhebungen fort. Die Versuchsfläche soll dauerhaft erhalten bleiben.

Die in Rheinland-Pfalz angelegte Gesamtfläche an Samenplantagen beträgt bereits über 100 Hektar und beinhaltet 26 Baum- sowie 28 Straucharten auf 42 Standorten. Im Berichtszeitraum wurde begonnen, Grundlagen für den Aufbau weiterer Samenplantagen zu schaffen. Es erfolgte eine Kartierung und Bereisung sämtlicher Vorkommen der Schwarz-Kiefer über 80 Jahre sowie Aufnahme und Bonitiering eines Anbauversuches mit Schwarz-Kiefer. Ebenso wurden vitale Plusbäume der Ess-Kastanie aus Kernwüchsen ausgewählt und teilweise bereits abgepfropft. Es wurden genetische Untersuchungen zur Artreinheit der in Rheinland-Pfalz auf trockensten Standorten vital vorkommenden Französischen Ahorne im Vergleich mit französischen Vorkommen im Quercy sowie zu Abstammungsverhältnissen und der genetischen Diversität von Baum-Haseln auf einer Aufzuchtungsfläche im Forstamt Kusel veranlasst.

Im Rahmen der seit 2004 bestehenden Kooperation zwischen der FAWF und der *Administration de la Nature et des Forêts Luxembourg* erfolgten Schulungen wurden

gemeinsame kooperative Projekte zur Erhaltung und Förderung der genetischen Vielfalt von Baum- und Straucharten in Luxemburg durchgeführt.

Nach der Hospitation eines Kollegen des *Tree Seed Centers* Butare/ Ruanda Afrika am FoGZ in 2019 wurde die Zusammenarbeit fortgeführt. Vor allem bei der Aufarbeitung von Saatgut erfolgte technische Beratung, die dazu führte, dass in Ruanda moderne Saatgutreinigungsmaschinen angeschafft wurden.

Die Aufnahme vor allem nationaler gemeinsamer Herkunftsversuche für Douglasie und Vogel-Kirsche wurde durchgeführt. Die Neuanlage einer Versuchsfläche für eine nationale Nachkommenschaftsprüfung der Baumart Weiß-Tanne wurde umgesetzt.

Erste Testaussaaten zu Libanon-Zeder, Atlas-Zeder, Baum-Hasel, Flaum-Eiche, Zerr-Eiche, Schwarz-Kiefer, Manna-Esche erfolgten im Kamp Antonihof. Zum größten Teil werden die daraus nachgezogenen Pflanzen für Versuchsaufbauten genutzt, um Erfahrungen im Umgang mit diesen „ergänzenden“ Baumarten sammeln zu können.

8.8 Sachsen

Generhaltungsmaßnahmen

Im Rahmen der laufenden Pflege und Entwicklung von *Ex-situ*-Generhaltungsanlagen sind Samenplantagen und Genarchive verschiedener Arten aufgenommen, die Klone mithilfe von Genmarkern genotypisiert und die Zusammensetzung der Anlagen genetisch überprüft worden. Auf der Grundlage der Ergebnisse wurden die Flächen entsprechend ihrer Zielstellung gepflegt, indem z.B. wilde Gehölz

sukzession, durchgewachsene Pfropf-Unterlagen usw. entnommen, Ausfälle nachgebessert oder die Ramets zurückgeschnitten wurden: Wild-Apfel, Vogel-Kirsche, Winter-Linde, Berg-Ahorn, Trauben-Eiche.

Fortschreibung Erhaltungsprogramm Weiß-Tanne (*Abies alba*)

In den 90er Jahren erfolgte in Sachsen Anlage von sechs Erhaltungssamenplantagen der Weiß-Tanne. Zwei dieser Samenplantagen sind seit 2016 zugelassen und werden regelmäßig beerntet. Die anderen Flächen werden auf eine mögliche Zulassung hin entwickelt.

Fortschreibung Erhaltungsprogramm Schwarz-Pappel (*Populus nigra*)

Nach der Erfassung der sächsischen Vorkommen der Schwarz-Pappel seit 2005 und der Ausweisung von Erntebeständen wurden zwei Bestände auch im Berichtszeitraum regelmäßig beerntet, Pflanzen angezogen und verschiedenen Praxispartnern für die Wiedereinbringung zur Verfügung gestellt. Die Erntebestände sind inzwischen überaltert und abgängig und deshalb in ihrem Fortbestand zunehmend gefährdet. Ein Versuch, den wichtigsten Erntebestand *in situ* durch Pflanzung generativ erzeugter Nachkommen aus diesem Bestand zu verjüngen, scheitert bisher an Interessenskonflikten (Naturschutzbehörde, Eigentümer). Aus diesem Grund werden aktuell Vorbereitungen für die Anlage einer Schwarz-Pappel-Erhaltungssamenplantage getroffen.

Erhaltungsprogramm Gewöhnlicher Wacholder (*Juniperus communis*)

In der Lausitz wurden im Projekt „Wildobst“ (2012 - 2017, BLE 2810BM025) verstreut stehende

Wacholder genetisch charakterisiert, vegetativ vermehrt und 122 Klone in einer Samenplantage gesammelt, die zugleich als Genarchiv dient. 2021 wurde erstmals Saatgut geerntet und für die Wiederausbringung zur Verfügung gestellt.

Erhaltung der Lausitzer Tieflandsfichte (*Picea abies*)

Zur Erhaltung einer regionalen Population der Fichte (Lausitzer Tieflandsfichte) wurden bereits in früheren Jahren verschiedene Maßnahmen durchgeführt (genetische Charakterisierung, Anlage einer Samenplantage). 2022 wurde in Zusammenarbeit mit dem Bundesforstbetrieb Lausitz auf dem Truppenübungsplatz Lausitz ein Erntebestand der Baumart einzelbaumweise beerntet und das Saatgut in der Genbank eingelagert.

Samenplantagen-Vorhaben

Im Jahr 2023 startete am Referat Forstgenetik, Forstpflanzenzüchtung des Staatsbetriebs Sachsenforst (SBS) ein Vorhaben zur Anlage neuer sowie auch zur Überführung bereits vorhandener, noch nicht zugelassener Samenplantagen. Das Vorhaben basiert auf einem Erlass des Sächsischen Staatsministeriums für Energie, Klimaschutz, Umwelt und Landwirtschaft und zielt auf die Erhöhung des Anteils von forstlichem Vermehrungsgut aus Samenplantagen ab.

Zunächst wird der Fokus auf Winter-Linde und Berg-Ahorn gelegt, bei denen herangewachsene neue Samenplantagen in die reguläre Nutzung überführt und zur Zulassung gebracht werden, weiterhin auf Spitz-Ahorn und Hainbuche, bei denen es bisher kaum Vorarbeiten gab. Allen vier Arten wird für den Waldumbau deutschlandweit unter Bedingungen des Klimawandels hohe Bedeutung beigemessen.

8.9 Thüringen

Die Landesforstanstalt ThüringenForst nimmt in diesem Bundesland die Aufgaben der Erhaltung und Förderung forstgenetischer Ressourcen wahr. Federführend ist innerhalb der Landesforstanstalt das Forstliche Forschungs- und Kompetenzzentrum Gotha (FFK Gotha). Bei der Umsetzung von Maßnahmen zur Erhaltung und Förderung forstgenetischer Ressourcen berät und unterstützt das FFK Gotha die Thüringer Forstämter und über diese den Privat- und Körperschaftswald. Durch die eigene, dem FFK Gotha angegliederte Forstsamendarre Fischbach sowie die betriebseigene Forstbaumschule Breitenworbis wird über den Weg einer weitgehend eigenständigen Saatguternte, Saatgutaufbereitung und Pflanzenanzucht die Erhaltung forstgenetischer Ressourcen gewährleistet.

Das FFK Gotha betreut 19 Samenplantagen für in Summe 15 Baumarten. Aktuell wird der Aufbau von fünf zusätzlichen Samenplantagen für Weiß-Tanne, Wald-Kiefer, Spitz-Ahorn, Vogel-Kirsche und Feld-Ahorn vorangetrieben, um eine gesicherte Saatgutversorgung für Baumarten, deren Bedeutung zukünftig infolge der Klimaänderungen mit hoher Wahrscheinlichkeit zunehmen wird. Die Neuanlage weiterer Samenplantagen ist in Planung.

Ein weiterer Schwerpunkt war der Beitritt und somit die aktive Beteiligung beim Erntezulassungsregister „EZR-B“, an dem neben Bayern die Bundesländer Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen und Sachsen beteiligt sind. Damit werden die Anforderungen an eine Digitalisierung, effektive Nutzung und Verfügbarkeit von Daten zu forstgenetischen Ressourcen erfüllt. Durch die verschiedenen Benutzerrollen können alle Ansprüche des Gesetzgebers in Bezug auf die Erzeugung von forst

lichem Vermehrungsgut in einem Workflow erfüllt und eine effektive Nutzung des Systems für alle involvierten Stellen gewährleistet werden.

Weitere Arbeitsschwerpunkte im Berichtszeitraum:

- Unterstützung der länderübergreifenden Projekte „sensForClim“, „Fraxmon“ und „Forgenius“;
- Sicherstellung der zwei Versuchsflächen im bundesweiten Provenienzversuch mit Weiß-Tanne, der 2015 etabliert wurde,
- kontinuierliche Prüfung, Ausweisung und Zulassung von neuen Ernteobjekten,

Neuanlage einer Nachkommenschaftsprüfung von Weiß-Tanne im Rahmen einer bundesweiten Initiative,

- Neuanlage eines kombinierten Herkunfts- und Artenversuchs zur Trauben-Eiche, bei dem zusätzlich zu verschiedenen Trauben-Eichen-Herkünften aus Deutschland ausgewählte europäische und nicht-europäische Eichen-Arten verwendet wurden sowie
- Sensibilisierung für bzw. Kompetenzaufbau zum Themenkomplex im Rahmen der Ausbildung für den gehobenen und höheren Forstdienst sowie über Fort- und Weiterbildung der Beschäftigten der Landesforstanstalt und für den Privat- und Körperschaftswald.

9 Forstgenetische Forschungsvorhaben und Forschungsschwerpunkte 2019 - 2023

In den vergangenen fünf Jahren haben die Mitgliedsinstitutionen der BLAG-FGR sehr unterschiedliche Themen im Rahmen drittmittelfinanzierter Forschungsförderung bearbeitet (Tabelle 10-1). Die Spannweite der Themen reichte von klassischen Erhaltungsvorhaben über die Entwicklung und Anwendung molekular-genetischer Verfahren bis zur züchterischen Bearbeitung als Beiträge zur Beschreibung und Nutzung forstgenetischer Ressourcen. Grundsätzlich handelt es sich um praxisbezogene Forschungsprojekte mit länderspezifischem, aber auch länderübergreifenden Fokus. Insbesondere bei den länderübergreifenden Vorhaben über

nahm die BLAG-FGR die Organisation der Kooperation und die Abstimmung der Aufgabenschwerpunkte zwischen den Partnern wie zum Beispiel im Falle des Verbundvorhabens „Erhalt der Esche als Wirtschaftsbaumart (FraxforFuture)“.

Die Bereitstellung der Fördermittel erfolgte in der Hauptsache durch die Bundesministerien für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) und für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz (BMUV) aufgrund entsprechender Beschlüsse des Deutschen Bundestages.

Tabelle 10-1:
Projekte und Forschungsvorhaben mit BLAG-FGR Beteiligung.

Projekt Akronym / Kurztitel	Projekttitel	Mittelgeber	Projektstart	Projektende	Projektpartner aus der BLAG-FGR
AcCarTi www.awg.bayern.de/260348/index.php	Überarbeitung von Herkunftsempfehlungen und -gebieten sowie Verbesserung der Erntebasis für die Baumarten Spitzahorn, Hainbuche und Sommerlinde auf genetischer Grundlage	STMEL	2021	2022	AWG Teisendorf
ACORN www.acorn-biodiversa.net	Verbundprojekt BiodivERsA: Saatgutidentifizierung für anpassungsfähige Eichenwälder im Klimawandel	BiodivERsA-Projekt	2021	2024	FVA BW

Projekt Akronym / Kurztitel	Projekttitel	Mittelgeber	Projektstart	Projektende	Projektpartner aus der BLAG-FGR
AdaptForClim www.fitforclim.de	Grundlagen und Strategien zur Bereitstellung von hochwertigem und anpassungsfähigem forstlichen Vermehrungsgut im Klimawandel	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2017	2021	NW-FVA, AWG Teisendorf, LFE, Sachsenforst, LFoA MV, FVA BW, FAWF, Thüringenforst, Wald und Holz NRW, Thünen-Institut
AQUAREL www.fva-bw.de/projekte/projekt/1384-herkunft-und-anpassung-der-eichen-auf-reliktstandorten www.awg.bayern.de/215989/index.php	Anpassung der Traubeneiche auf Reliktstandorten	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2019	2021	AWG Teisendorf, FAWF
BucheTIG www.thuenen.de/de/fachinstitute/forstgenetik/projekte/aktuelle-projekte/buchetig	Forschungsschwerpunkt Genetik und Dendroökologie der Rotbuche – Trockenstress, <i>In-vitro</i> -Kultur und Genomik	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2022	2025	Thünen-Institut
CorCed www.awg.bayern.de/185944/index.php	Anbaueignung von Herkünften der Atlaszeder, Libanonzeder und Baumhasel in Deutschland	FPNR BMEL	2015	2020	AWG Teisendorf, FVA BW
DroughtMarkers www.nw-fva.de/forschen/projekte/droughtmarkers	Entwicklung genetischer Marker zur Analyse von Anpassungen an Trockenstress bei Trauben-Eiche (<i>Quercus petraea</i>) und Buche (<i>Fagus sylvatica</i> L.)	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2020	2023	NW-FVA
EpiFrax www.awg.bayern.de/307499/index.php	Erfassung epigenetischer Muster zur Bewertung des Resistenzpotenzials der Esche gegenüber dem Eschentriebsterben	STMELF	2022	2023	AWG Teisendorf
EpiGen www.nw-fva.de/forschen/projekte/epigen	Untersuchung von genetischer, epigenetischer und phänotypischer Variation in Douglasien-Nachkommenschaften aus deutschen Saatguterntebeständen und aus Originalherkünften Teilvorhaben 2: Untersuchung von phänotypischer Variation in Douglasien-Nachkommenschaften	FPNR BMEL	2020	2023	NW-FVA

Projekt Akronym / Kurztitel	Projekttitel	Mittelgeber	Projektstart	Projektende	Projektpartner aus der BLAG-FGR
FichteTrockenheit https://www.thuenen.de/de/fachinstitute/waldoekosysteme/projekte/waldoekologie/projekte-waldoekologie/fichte-trockenheit	Trockenheitsgefährdung und Anpassungspotenzial unterschiedlicher Fichtenpopulationen	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2015	2020	Thünen-Institut, LFE
FraxforFuture	Gemeinsam für den Erhalt der Esche	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2020	2024	
FraxforFuture, FraxGen https://www.fraxforfuture.de/verbuede/fraxgen https://www.nw-fva.de/forschen/projekte/fraxgen https://www.awg.bayern.de/259799/index.php	Genetik und Züchtung der Esche vor dem Hintergrund des Eschentriebsterbens	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2020	2024	AWG Teisendorf, NW-FVA, Sachsenforst, Thünen-Institut
FraxforFuture, FraxMon https://fraxforfuture.dev.wwl-web.de/verbuede/fraxmon	Monitoring der Eschenbestände, d.h. laufende Überwachung der Schadentwicklung. Grundlagen für Managementkonzepte und flächenbezogene Überlegungen zum Umgang mit der Esche als Wirtschaftsbaumart.	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2020	2024	LFE, NW-FVA, ThüringenForst, LFoA MV
FraxforFuture, FraxVir https://www.awg.bayern.de/293984/index.php https://fraxforfuture.dev.wwl-web.de/verbuede/fraxvir	Detektion, Charakterisierung und Analysen zum Auftreten von Viren und dem Eschentriebsterben in Sonderbeständen von <i>Fraxinus excelsior</i> – eine Ergänzungsstudie zum Demonstrationsprojekt FraxForFuture	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2021	2024	AWG Teisendorf
FitForClim https://www.fitforclim.de	Bereitstellung von leistungsfähigem und hochwertigem Forstvermehrungsgut für den klima- und standortgerechten Wald der Zukunft	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2014	2019	NW-FVA, AWG Teisendorf, LFE, Sachsenforst, LFoA MV, FVA BW, FAWF, Thüringenforst, Wald und Holz NRW, Thünen-Institut
GenMon https://www.gen-mon.de	Einrichtung eines genetischen Monitorings für Buche und Fichte zur Bewertung der genetischen Anpassungsfähigkeit gegenüber Umweltveränderungen	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2016	2020	BLAG-FGR

Projekt Akronym / Kurztitel	Projekttitel	Mittelgeber	Projektstart	Projektende	Projektpartner aus der BLAG-FGR
GenMon Weiterführung		Landesmittel	2019	fortlaufend	AWG Teisendorf, LFE, NW-FVA, FAWF, Thünen-Institut, LFoA MV, ThüringenForst, Sachsenforst
GenTree https://www.gentree-h2020.eu/ https://www.awg.bayern.de/188348/index.php	Verbesserung der Bewirtschaftung und nachhaltigen Nutzung forstgenetischer Ressourcen in Europ	EU Horizon 2020	2016	2020	Thünen-Institut, AWG Teisendorf
GenVarBuche https://www.nw-fva.de/forschen/projekte/genvarbuche	Genomweite gen. Variation bei der Rotbuche (<i>Fagus sylvatica</i> L.) und ihre Assoziation mit Umweltvariablen und phänotypischen Merkmalen – Gen. Basis der Anpassung und Erhaltung anpassungsrelevanter Variation im Hinblick auf den Klimawandel. Teilvorhaben 2: Differenzierung von Buchenherkünften an anpassungsrelevanten phänotypischen Merkmalen	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2020	2023	NW-FVA
Hainbuche https://www.thuenen.de/de/fachinstitute/forstgenetik/projekte/aktuelle-projekte/hainbuche	Die Hainbuche eine Alternativbaumart im Klimawandel - Initiierung eines Herkunftsversuchs	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2021	2025	Thünen-Institut
Herkunft https://www.thuenen.de/de/fachinstitute/forstgenetik/projekte/aktuelle-projekte/herkunft	Neues Testverfahren zur Bestimmung der Herkunft von forstlichem Vermehrungsgut in Europa	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2017	2021	Thünen-Institut
Herkunftsempfehlungen seltene Baumarten https://www.fva-bw.de/aktuelles/artikel/seltene-baumarten-und-ihre-genetik-erhalten	Erarbeitung von Herkunftsempfehlungen und Verbesserung der Erntebasis für die seltenen Baumarten	MLR Baden-Württemberg	2018	2025	FVA BW
HerKüTaSaat https://www.nw-fva.de/forschen/projekte/herkuetafaat	Entwicklung genetischer Methoden zur Bestimmung der Herkunft und des adaptiven Potenzials von Küstentanne (<i>Abies grandis</i>) in Deutschland als Basis für Auswahl und Aufbau hochwertiger Saatgutquellen	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2021	2024	NW-FVA

Projekt Akronym / Kurztitel	Projekttitel	Mittelgeber	Projektstart	Projektende	Projektpartner aus der BLAG-FGR
IKSP Alternativbaumarten https://www.nw-fva.de/forschen/projekte/iksp-anbauwuerdigkeit	Anbauwürdigkeit und ökologische Zuträglichkeit alternativer Baumarten in Hessen	HMLUWFJH	2022	2024	NW-FVA
KirEiGen https://www.nw-fva.de/forschen/projekte/kireigen-1	Auswertung vorhandener genetischer und phänologischer Daten aus niedersächsischen Vorkommen der Vogelkirsche und zum Eichenartenkomplex 1) Auswirkungen von Genfluss zwischen Kultur- und Wildkirsche, 2) Entwicklung von <i>In-vitro</i> -Methoden zur Anzucht von Prüfgliedern verschiedener heimischer Eichenarten und deren Hybriden für spätere physiologisch-genetische Untersuchungen	ML Niedersachsen	2022	2024	NW-FVA
Klimawald 2100	Stressphysiologie und Waldbau der Buche	MKUEM RLP	2023	2025	FAWF
LIFEGENMON https://www.awg.bayern.de/114635/index.php	Life for European Forest Genetic Monitoring System (LIFE13 ENV/SI/000148)	EU-Life-Programm, Bayerische Forstverwaltung	2014	2020	AWG Teisendorf
MetaEiche https://www.waldklimafonds.de	Klärung der Wirt-Parasit Interaktionen für Mehltau-Eiche sowie pathophysiologische Charakterisierung der Krankheit. Identifizierung von weniger anfälligen Provenienzen und Individuen	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2021	2024	FAWF
OakZones https://www.nw-fva.de/forschen/projekte/oakzones	Dynamische Verwendungszonen für den Anbau von Trauben-Eichen 2.0	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2021	2026	NW-FVA
OptiSaat https://www.thuenen.de/de/fachinstitute/forstgenetik/projekte/aktuelle-projekte/optisaat	Anlage von Samenplantagen zur Produktion von hochwertigem Vermehrungsgut in Nordostdeutschland	Waldklimafonds BMEL/BMUV	2021	2025	LFoA MV, LFE, Thünen-Institut
P034 https://www.awg.bayern.de/222818/index.php	Erarbeitung von Herkunftsempfehlungen für Feldahorn, Flatterulme, Eibe und Speierling	STMELF	2018	2020	AWG Teisendorf
P079 https://www.awg.bayern.de/269763/index.php	Nährstoffsicherung mittels Pioniervegetation als Teil eines Katastrophenmanagements	STMELF	2020	2023	AWG Teisendorf
PreBNuT https://www.fnr.de/index.php?id=11150&fkz=2219NR145 www.nw-fva.de/forschen/projekte/prebnut	Verbesserung von Qualität, Ertrag und Klimaanpassung der Wal- und Schwarznuss (Gattung <i>Juglans</i>) durch intra- und interspezifische Kreuzungszüchtung	FPNR BMEL	2020	2023	NW-FVA

Projekt Akronym / Kurztitel	Projekttitel	Mittelgeber	Projektstart	Projektende	Projektpartner aus der BLAG-FGR
QFPC https://www.awg.bayern.de/260393/index.php	Bewertung der Anbaueignung von Herkünften der drei mediterranen Eichenarten Flaumeiche, Ungarische Eiche und Zerreiche in Süddeutschland	STMELF	2021	2025	AWG Teisendorf, FVA BW
ResEsche https://www.thuenen.de/de/fachinstitute/forstgenetik/projekte/abgeschlossene-projekte/resesche	Erhalt der Gemeinen Esche (<i>Fraxinus excelsior</i> L.) durch Anlage einer Samenplantage bestehend aus Klonen mit hoher Resistenz gegenüber dem Verursacher des Eschentriebsterbens	FPNR BMEL	2016	2021	Thünen-Institut, LFOA MV
Riegelahorn https://www.thuenen.de/de/fachinstitute/forstgenetik/projekte/abgeschlossene-projekte/riegelahorn	Erarbeitung biotechnologischer Methoden zur Identifizierung, Erhaltung, Vermehrung und Nutzung selektierter Riegelahorn-Bäume für die Wertholzproduktion	Landwirtschaftliche Rentenbank	2015	2019	Thünen-Institut, NW-FVA
RubraSelect https://www.rubraselect.de	Auslese und Charakterisierung von hochwertigem Vermehrungsgut bei Roteiche (<i>Quercus rubra</i> L.) unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz. Einleitung eines Züchtungsprogrammes durch Auswahl und Beerntung von Plusbäumen	Waldklimafonds BMEL/BMU	2021	2024	LFE, NW-FVA, Sachsenforst, Thünen-Institut
sensFORbeech https://www.awg.bayern.de/310001/index.php	Klimasensitivität forstlicher Genressourcen der Buche in Bayern	STMELF	2022	2023	AWG Teisendorf
sensFORclim https://www.awg.bayern.de/258538/index.php https://www.waldwissen.net/de/waldwirtschaft/waldbau/waldgenetik/anpassung-an-klima-und-boden-bestimmt-die-eignung-von-herkuenften	Klimasensitivität von Forstgenressourcen in Deutschland	Waldklimafonds BMEL/BMU	2020	2023	AWG Teisendorf, Sachsenforst, Thüringen-Forst
Spirke	Erfassung und genetische Charakterisierung von Moorkiefern	STMELF	2015	2021	AWG Teisendorf
SpitzAhorn https://www.thuenen.de/de/fachinstitute/forstgenetik/projekte/aktuelle-projekte/spitzahorn	Beurteilung von Anpassungsfähigkeit und Wuchsleistung beim Spitz-Ahorn (<i>Acer platanoides</i>)	FPNR BMEL	2020	2024	Thünen-Institut
SUSTREE https://www.awg.bayern.de/201144/index.php	Forstliches Saatgut über Grenzen hinweg	Interreg Central Europe	2016	2019	AWG Teisendorf

Projekt Akronym / Kurztitel	Projekttitel	Mittelgeber	Projektstart	Projektende	Projektpartner aus der BLAG-FGR
TransFi https://www.awg.bayern.de/279386/index.php	Etablierung eines Transferversuchs mit regionalen Fichtenprovenienzen als Grundlage für die genetische Langzeitbeobachtung im Bayerischen Wald	STMELF	2020	2022	AWG Teisendorf
Trockenresiliente Fichte	Untersuchung von Assoziationen zwischen genetischer Variation in Kandidatengen und Anfälligkeit gegenüber Borkenkäferbefall und Trockenstress bei der Fichte	MLV	2019	2020	Wald und Holz NRW
Trockenstresstolerante Saatguterntebestände https://www.fva-bw.de/top-meta-navigation/fachabteilungen/waldnaturschutz/notfallplan-projekte/trockenstresstolerante-saatguterntebestaende https://www.fva-bw.de/top-meta-navigation/fachabteilungen/waldnaturschutz/notfallplan-projekte/trockenstresstolerante-saatguterntebestaende	Trockenstresstolerante Saatguterntebestände von Buche, Tanne und Fichte	MLR Baden-Württemberg	2020	2021	FVA BW
VitaDou https://www.nw-fva.de/forschen/projekte/vitadou	Pathophysiologische Charakterisierung der rußigen Douglasenschütte, Ableitung von Merkmalen für weniger anfällige Herkünfte, Identifizierung von weniger anfälligen Herkünften und Individuen	FPNR BMEL	2022	2024	NW-FVA, FAWF, FVA BW
WeltWaldZukunft https://www.nw-fva.de/forschen/projekte/weltwald-zukunft	Inventur und Entwicklungsplan für das Arboretum Bad Grund	ML Niedersachsen	2022	2024	NW-FVA
WertHolz www.nw-fva.de/forschen/projekte/wertholz https://www.thuenen.de/de/fachinstitute/forstgenetik/projekte/aktuelle-projekte/wertholz	Strategien zur Erzeugung von Wertholz. Teilvorhaben 2: Sammlung, Erhaltung und <i>In-vitro</i> -Vermehrung von Wertholzbäumen mit besonderen Holzmerkmalen	FPNR BMEL	2021	2024	Thünen-Institut, NW-FVA

10 Koordination und Kooperation

Den Rahmen für die nationale Koordination liefert das „Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“ (Nationales Fachprogramm forstlicher Genressourcen, Paul et al. 2010). Die BLAG-FGR koordiniert im Auftrag der Forstchefkonferenz bzw. der Waldbaureferenten des Bundes und der Länder seit 1985 die Umsetzung der Maßnahmen des Konzeptes sowie Forschungsaktivitäten zur Erhaltung der biologischen Vielfalt auf forstgenetischer Ebene. Im Berichtszeitraum hat die BLAG-FGR hierzu insgesamt zehn Sitzungen durchgeführt.

Neben den in den Kapiteln 3 - 7 genannten Themen wurden die folgenden Schwerpunkte bearbeitet:

Status der Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen

Die Erhaltung und nachhaltige Bewirtschaftung der Wälder weltweit sowie der Wiederaufbau degradierter und zerstörter Wälder sind ein wichtiges globales Ziel und daher eine zentrale Herausforderung für die internationale Staatengemeinschaft, so auch für Deutschland. Sie begründet sich durch die Bedeutung der vielfältigen Ökosystemdienstleistungen der Wälder für die Gesellschaft. Das zentrale internationale Koordinations- und Verhandlungsgremium für die biologische Vielfalt für Ernährung und Landwirtschaft ist die Kommission für genetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (CGRFA) der Welternährungsorganisation FAO.

Die CGRFA befasst sich mit allen Komponenten der biologischen Vielfalt, die für Ernährung und Landwirtschaft von Bedeutung sind. Das beinhaltet neben Nutzpflanzen, Nutztieren, genutzten Baumarten, aquatischen Lebewesen, Mikroorganismen und Wirbellosen auch die Vielfalt aller nicht domestizierten Arten, die die Produktion ermöglichen – zum Beispiel Bestäuber oder Bodenorganismen. Querschnittsfragen wie der Zugang zu genetischen Ressourcen und der gerechte Vorteilsausgleich, Biotechnologie sowie Monitoring und Indikatoren werden ebenfalls von der Kommission behandelt.

Mit ihrem mehrjährigen Arbeitsprogramm legt die CGRFA Ziele und Meilensteine zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der Agrobiodiversität fest. Im Jahr 2017 hat die CGRFA die Erstellung des zweiten Weltzustandsberichts über forstgenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (SoW-FGR-2) beschlossen. Zudem stand das zweite Monitoring des Globalen Aktionsplans für die Erhaltung, nachhaltige Nutzung und Entwicklung von forstgenetischen Ressourcen (GPA-FGR) an. Die Globalen Aktionspläne beschreiben Handlungsempfehlungen für die Umsetzung auf Mitgliedsstaaten-, regionaler und globaler Ebene.

Die BLAG-FGR hat im Jahr 2020 den Entwurf des zweiten Nationalen Berichtes als Zulieferung für die Erstellung des SoW-FGR-2 für das BMEL erstellt und die entsprechenden Informationen für das zweite Monitoring des GPA-FGR zur Ver-

fügung gestellt vorgelegt. Die Veröffentlichung des zweiten Weltzustandsberichts über forstgenetische Ressourcen sowie des Monitoringberichts des Globalen Aktionsplans sind von der CGRFA für 2024 vorgesehen.

Genetische Untersuchungen im Rahmen der vierten Bundeswaldinventur

Die BLAG-FGR hat sich dafür eingesetzt, dass die vierte Bundeswaldinventur (BWI4) um eine genetische Inventur erweitert wird. Bei den Aufnahmen der Bundeswaldinventur wurden 2021 – 2022 erstmalig für die Hauptbaumarten (Rot-Buche (*Fagus sylvatica*), Gewöhnliche Fichte (*Picea abies*), Wald-Kiefer (*Pinus sylvestris*) jeweils 1.000 Trakte, Stiel- und Trauben-Eiche (*Quercus robur*, *Quercus petraea*) jeweils 300 Trakte und Weiß-Tanne (*Abies alba*) und Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) jeweils 200 Trakte) Proben für genetische Untersuchungen gewonnen. So wurden insgesamt 20.000 Proben genetisch analysiert.

Die Verteilung der Trakte auf die Bundesländer erfolgte proportional zur Präsenz der Baumarten gemäß der BWI3. Die Probennahme wurde vom Thünen-Institut finanziert, koordiniert und die Proben wurden dort zentral erfasst, aufbereitet und eingelagert. Bei der Auswahl der Trakte wurden die Bundesländer beteiligt. Spätere genetische Untersuchungen an den Proben sollen im Rahmen zusätzlicher Projekte ebenfalls mit Beteiligung der Bundesländer möglichst umfangreich die genetische Zusammensetzung in großen Bereichen des Genoms der Arten untersuchen. Als Methode kommt hierfür nach jetzigem Stand der Einsatz von DNA-Chips oder Ansätze zur DNA-Sequenzierung („*genotyping by sequencing*“) in Frage. Die Ergebnisse der genetischen Untersuchungen sollen u.a. genutzt werden, um:

Vorrangflächen für die Generhaltung (ggf. auch Reduzierung bereits ausgewiesener Flächen) zu identifizieren,

- lokale Anpassung der Baumbestände an biotische und abiotische Schadfaktoren einzuschätzen und
- die Ausweisung von Herkunftsgebieten für forstliches Vermehrungsgut aufgrund von direkten genetischen Daten zu bewerten und ggf. zu korrigieren.

Wissenschaftlicher Beirat für Biodiversität und Genetische Ressourcen beim BMEL (WBBGR)

Die Interessen von Wald und Forstwirtschaft im Rahmen der Biologischen Vielfalt werden in diesem 2003 gegründeten Gremium durch die bzw. den jeweilige/n Vorsitzende/n der BLAG-FGR vertreten. In den Berichtszeitraum fiel das zwanzigjährige Jubiläum des Gremiums, welches am 26. Mai 2023 im BMEL in Berlin begangen wurde. Der WBBGR war an der Erstellung von verschiedenen Stellungnahmen beteiligt, insbesondere der gemeinsamen Stellungnahme mit dem Wissenschaftlichen Beirat für Waldpolitik zu „Wege zu einem effizienten Waldnaturschutz in Deutschland“ und der Kurzstellungnahme zu „Synergien nutzen: Für die Beteiligung des BMEL an der neuen Nationalen Biodiversitätsstrategie“.

Nationale Strategie für die Erhaltung und Förderung der genetischen Ressourcen für Landwirtschaft und Ernährung

Die BLAG-FGR hat sich mit Stellungnahmen und Formulierungsvorschlägen an der Überarbeitung der „Nationalen Strategie für die Erhaltung und Förderung der genetischen Ressourcen für Landwirtschaft und Ernährung“ des BMEL beteiligt. Die Besonderheiten der Er

haltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen *in situ* und *ex situ*, in Abgrenzung zur Erhaltung und Nutzung landwirtschaftlicher Genressourcen machen aus Sicht der BLAG-FGR eine separate Betrachtung forstlicher Genressourcen im Rahmen einer nationalen Strategie notwendig.

Deutsche Anpassungsstrategie an den Klimawandel (DAS) hier Indikator „Erhaltung forstgenetischer Ressourcen“

Die BLAG-FGR liefert die Daten für den Indikator „Erhaltung forstgenetischer Ressourcen“ der „Deutschen Anpassungsstrategie an den Klimawandel“. Die Daten für diesen Indikator basieren auf den *In-situ*- und *Ex-situ*-Erhaltungsmaßnahmen der Bundesländer und der Ressortforschung (Thünen-Institut). Da die Flächen der Erhaltungsmaßnahmen nur einen Anhaltspunkt für den Stand der Erhaltung forstgenetischer Ressourcen liefern, wird sich die *Ad-hoc*-Expertengruppe „Indikatoren“ der BLAG-FGR auch

weiterhin mit der Entwicklung eines aussagekräftigen Indikators befassen.

Erstellung des Tätigkeitsberichtes der BLAG-FGR

Die Waldbaureferenten des Bundes und der Länder haben nach der Vorlage des Sachstands der Maßnahmen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Deutschland (2014 - 2018) keine Änderungswünsche zum Format geäußert, so dass dieses Format auch für den Berichtszeitraum 2019 - 2023 Anwendung finden soll. Hierzu hat die BLAG-FGR den Sachstand der Erhaltungsmaßnahmen der Bundesländer zum 31.12.2022 festgestellt, ausgewertet und im vorliegenden Bericht 2019 - 2023 zusammengefasst.

Zitierte Literatur

Paul, M.; Hinrichs, T.; Janßen, A.; Schmitt, H.-P.; Soppa, B.; Stepfan, B.R.; Dörflinger, H. (2010): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Aktualisierte Neuauflage, Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz, Bonn. 83 S.

11 Einbindung der Tätigkeiten der BLAG-FGR in die europäische Koordinierung zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen (EUFORGEN/ EUFGIS)

EUFORGEN (*European Forest Genetic Resources Programme*) ist ein Kooperationsprogramm von europäischen Ländern zur Förderung der Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressourcen. Es dient als Plattform für paneuropäische Aktivitäten und bringt Wissenschaftler und Wissenschaftlerinnen, Vertreter und Vertreterinnen der forstlichen Praxis, Politiker und Politikerinnen sowie diverse Interessenvertreter zusammen. EUFORGEN wurde im Oktober 1994 als Element zur Umsetzung der Resolution S2 (*Conservation of Forest Genetic Resources*) der Ministerkonferenz zum Schutz der Wälder in Europa von Straßburg (MCPFE, heute *Forest Europe*) gegründet. Die Aktivitäten von EUFORGEN werden mit Beiträgen der Mitgliedsländer und zusätzlich mit Projektmitteln finanziert. Ein Lenkungsausschuss (Steering Committee) fällt die wichtigen Entscheidungen. Er besteht aus Nationalen Koordinatoren der Mitgliedsländer. Für Deutschland ist Herr Dr. B. Degen (Thünen-Institut) vom BMEL als Nationaler Koordinator benannt worden. EUFORGEN unterhält ein Sekretariat, das seinen Sitz am Regionalbüro des Europäischen Forstinstituts (EFI) in Barcelona (Spanien) hat.

Das Hauptziel von EUFORGEN besteht darin, die Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressourcen in Europa als ein Teil der nachhaltigen Forstwirtschaft zu fördern. Fast alle Baum- und Straucharten Europas haben ein natürliches Verbreitungsgebiet, das mehrere Länder umfasst. Dies unterstreicht anschaulich die Bedeutung eines europäischen Ansatzes bei der Generhaltung.

Die konkreten Ziele in der aktuellen Phase VI von EUFORGEN (2020 - 2024) sind:

- Wissensaustausch mit beteiligten Akteuren zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen. Hierunter gehören die Erhaltung und Weiterentwicklung des EUFGIS-Systems (siehe unten), Berichterstattung zum Thema auf EU-Ebene und Kommunikation über der Bedeutung der forstlichen Generhaltung in Richtung Politik und forstliche Praxis.
- Koordination und Monitoring der Erhaltung forstgenetischer Ressourcen auf europäischer Ebene. Hierbei geht es um die Umsetzung und Aktualisierung gesamteuropäischer Gener

haltungsstrategien sowie um die nachhaltige Nutzung forstgenetischer Ressourcen. Es soll u.a. sichergestellt werden, dass wir für alle relevanten Baumarten ein europaweites Netz an Generhaltungsbeständen haben.

- Förderung der angemessenen Nutzung forstgenetischer Ressourcen durch Handlungsempfehlungen für die forstliche Praxis.

Frau K. Liepe sowie die Herren Dr. P. Eusemann, Dr. M. Liesebach und V. Schneck vom Thünen-Institut wurden als deutsche Experten und Expertinnen für verschiedene EUFORGEN-Arbeitsgruppen vom Nationalen Koordinator benannt.

Das Europäische Informationssystem für forstgenetische Ressourcen (*European Information System on Forest Genetic Resources - EUFGIS*) hat die Aufgabe, die Dokumentation forstgenetischer Ressourcen im paneuropäischen Raum zu verbessern. EUFGIS wird im Rahmen

von EUFORGEN weiterentwickelt und gepflegt. Die Datenbank dient als Dokumentationsplattform für Nationale Inventare zu forstlichen Genressourcen und soll die praktische Generhaltung und ein nachhaltiges Forstmanagement in Europa unterstützen.

Die Meldungen der Erhaltungsbestände erfolgt über den Nationalen Fokus Punkt (NFP) der teilnehmenden Länder. In Deutschland wird diese Funktion von Frau Dr. M. Haverkamp (BLE) wahrgenommen. Die Erhaltungsbestände können vom NFP jederzeit aktualisiert oder auch gelöscht werden.

Mit Stand 31.12.2023 sind in der Datenbank über 3.212 Erhaltungsbestände von 107 Baumarten aus 35 Ländern erfasst. Deutschland ist in der Datenbank derzeit mit 130 Erhaltungsbeständen verteilt auf 22 Baumarten vertreten (Tabelle 2-9).

12 Öffentlichkeitsarbeit

Mit der Sicherung der biologischen Vielfalt der Waldlebensräume wird ein wesentlicher Beitrag zur nachhaltigen Sicherung der Nutz- und Schutzfunktionen der Wälder geleistet. Im Zusammenhang mit dem prognostizierten Klimawandel gewinnt dieses Thema zunehmend an Bedeutung, entsprechend steigt auch das Interesse der Öffentlichkeit zu Fragen der Biodiversität. Neben den Fachleuten ist es zunehmend die Bevölkerung, die solche Zusammenhänge kritisch hinterfragt.

In diesen Kontext ordnen sich auch die Aktivitäten der BLAG-FGR ein.

Im Berichtszeitraum gab es Veranstaltungen zu den „Waldgenressourcen“, die zum einen die Vielfalt der Waldgehölzarten abdecken, was auch Projekte zum Erhalt gefährdeter Waldgehölze einschließt. Zum anderen nehmen die Bemühungen um die Sicherung und Nutzung der innerartlichen Vielfalt deutlich zu, um so die Basis für einen klima- und standortgerechten Wald zu sichern, wie u. a. Förderprojekte auf Bundesebene, z. B. „FraxforFuture“ oder „FitForClim/AdaptForClim“ (Kapitel 9), aber auch spezielle genetische Untersuchungen zeigen.

Zum Wissenstransfer gab es sowohl für seltene und gefährdete Arten als auch zur Baumartenwahl im Klimawandel zahlreiche Veranstaltungen. Auch die Aktion „Baum des Jahres“ wurde genutzt, um Arten, wie Moor-Birke (*Betula pubescens*), Rot-Buche (*Fagus sylvatica*), Stechpalme (*Ilex aquifolium*), Robinie (*Robinia pseudoacacia*) und Flatter-Ulme (*Ulmus laevis*), aus Sicht der forstlichen Genressourcen genauer zu betrachten.

Die Sicherung und Verbesserung der innerartlichen biologischen Vielfalt, insbesondere auch aus Sicht der Nutzung dieses Aspektes bei der Gewinnung von Forstvermehrungsgut und in der Forstpflanzenzüchtung, stand im Mittelpunkt vieler Veranstaltungen. In diesem Zusammenhang wurde auch kommuniziert, dass die sichere und nachhaltig hohe Erzeugung des nachwachsenden Rohstoffes Holz gleichzeitig zur Milderung der Folgen des Klimawandels (CO₂-Speicherung) beitragen kann. Aus dieser Sicht gelangt ebenfalls die Nutzung von Kurzumtriebsplantagen für die Erzeugung von Energieholz zunehmend in den Fokus.

Des Weiteren fanden im Berichtszeitraum die 6. und 7. Tagung der Sektion Forstgenetik/ Forstpflanzenzüchtung im DVFFA vom 16. - 18. September 2019 bzw. 12. - 14. September 2022 im Rahmen der Charta Holz 2.0 in Dresden bzw. Ahrensburg statt. Die jeweils zweieinhalb-tägigen Veranstaltungen, die mit einer halbtägigen Exkursion verbunden ist, sind eine wichtige Plattform für den Austausch zwischen Wissenschaft und Praxis. Auf der 6. Tagung in Dresden wurde eine gemeinsame Erklärung „Forstliches Vermehrungsgut für den Wald im Klimawandel“, verabschiedet, die Problemfelder und Handlungsbedarf aus Sicht der Teilnehmenden zusammenfasst. Die Arbeitsgruppe „Ressource Wald und Holz“ der Charta für Holz 2.0 hat das Thema auch aufgegriffen und eine Empfehlung zur „Stärkung der Forstpflanzenzüchtung“ vorgelegt (https://www.charta-fuer-holz.de/file-admin/charta-fuer-holz/dateien/aktivitaeten/Empfehlungen_AG_Ressource_Empfehlung_Pflanzenzuechtung.pdf).

Neben den hier aufgeführten nationalen und internationalen Aktivitäten werden auch die Printmedien (Kapitel 14) und die digitalen Medien für die Information der Öffentlichkeit und den Wissenstransfer zu dem Thema Genressourcen im Wald genutzt.

Die Internetseiten der BLAG-FGR, die von der BLE gepflegt werden, liefern umfassende Informationen zur Tätigkeit der Arbeitsgruppe. Diese Seiten beinhalten die Darstellung des Konzeptes, nach dem die BLAG-FGR arbeitet, die Sachstands- und Tätigkeitsberichte, in denen die Aktivitäten der Mitglieder dargestellt sind, sowie Informationen zu weiteren Themen (<https://www.genres.de/fachgremien/blag-forstliche-genressourcen-forstsaatgutrecht/>).

Beispielhaft werden einige Veranstaltungen aufgeführt, an denen Mitglieder der BLAG-FGR mitgewirkt haben:

2019

- Workshop von Vertretern der Sektionen Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung, Waldbau und Waldschutz des DVFFA im Rahmen der Charta Holz 2.0. Freising, 18.-19.02.2019.
- Dienstbesprechung der Kontrollbeauftragten für forstliches Vermehrungsgut der Länder. St. Martin, 28.05.2019. Vortrag: Eiche = Eiche? Auf die Herkunft kommt es an.
- 10. Arnsberger Waldforum: Wald der Zukunft. Möglichkeiten und Lösungen für den Wald im Klimawandel, Arnsberg, 14.09.2019.
- 6. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung im DVFFA „Forstpflanzenzüchtung für die Praxis“. Dresden, 16.-18.09.2019.

2020

- Abschluss-Symposium des Waldklimafond-Projekts „GenMon“ unter dem Motto „Genetische Systeme von Waldbäumen im zeitlichen und räumlichen Wandel“, Freising, 03.03.2020.

2021

- Session „Forstliche Genressourcen im Klimawandel“ bei der FoWiTa 2021. Virtuell 15.09.2021.
- Abschluss-Symposium zum Thema Erhaltung und Nutzung seltener heimischer Baumarten im Klimawandel, Steigerwald-Zentrum, Bayern, 13.10.2021.

2022

- Kuratorium für Forstliche Forschung Bayern, 26. Statusseminar, Beitrag zum Thema Herkunftsempfehlungen für heimische Exoten, 30.03.2022.
- Technical Working Group of the OECD Forest Seed and Plant Scheme. Ahrensburg, 10.-11.05.2022.
- Commission working group on plants, animals, food and feed: Section Forest reproductive material. Ahrensburg/Großhansdorf, 11.-12.05.2022.
- 7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung im DVFFA und Deutsche Dendrologische Gesellschaft (DDG) „Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen“. Ahrensburg, 12.-14.09.2022.
- Waldklimafonds-Tagung Workshop; 2: Bäume der Zukunft - Baumartenwahl im Klimawandel. 11.-12.10.2022.

2023

- Workshop Seed Orchard Design. Waldsieversdorf, 21.-22.02.2023.
- Workshop mit Fachexperten auf dem Gebiet der Herkunftsempfehlungen anlässlich der Aktualisierung der Herkunftsempfehlungen der Baum- und Straucharten für Nordrhein-Westfalen. Arnsberg, 09.03.2023.
- Frühjahrskolloquium „Forstgenetische Forschung für den Wald von Morgen - Ergebnisse und Herausforderungen“ des Kompetenzzentrums für Wald und Forstwirtschaft des SBS, 18.04.2023.
- Wissenschaftliche Tagung „Die Zukunft der Buche im Klimawandel“. Würzburg, 10.-11.05.2023
- Tagung zur Gehölzphysiologie der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung im DVFFA und Deutsche Dendrologische Gesellschaft (DDG). Gotha, 13.-14.06.2023.
- LWF – Online-Tagung zur Moorbirke, Baum des Jahres 2023, 26.07.2023.
- Session „Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung“ auf der FoWiTa 2023. Dresden, 11.09.2023.

13 Neue Entwicklungen und Ausblick

Die Tätigkeiten der BLAG-FGR zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland richten sich an den gegebenen natürlichen, gesellschaftlichen und rechtlichen Rahmenbedingungen aus. Im Berichtszeitraum haben sich unterschiedliche Entwicklungen ergeben, die Auswirkungen auf die Aktivitäten der BLAG-FGR haben und nachfolgend beschrieben werden. Hierzu gehören die Extremwetterereignisse mit den Herausforderungen der Wiederbewaldung und des Waldumbaus oder das Auftreten neuer Schaderreger.

Anpassung an den Klimawandel

Die Extremwetterereignisse der Jahre 2018 folgende und die daraus resultierenden Notwendigkeiten zur Wiederbewaldung und zum Waldumbau haben die Bedeutung von aktiver Verjüngung und der Wahl von geeignetem forstlichem Vermehrungsgut stark betont. Die Suche nach anpassungsfähigem Vermehrungsgut ist verbunden mit dem Wunsch die Wälder zukunftsfähig zu gestalten und auch zukünftig die verschiedenen Ökosystemleistungen des Waldes nutzen zu können.

Diese erhöhte Nachfrage nach geeignetem Vermehrungsgut und der richtigen Strategie zur Stärkung der Anpassungsfähigkeit der Wälder wird auch in den kommenden Jahren bestehen bleiben. Auf die Forstgenetik werden große Hoffnungen gesetzt. Die Herausforderungen sind enorm, da die Klimaprojektionen je nach

zugrundeliegendem Modell und Szenarium sehr unterschiedlich und regional sehr variabel sind. Hier gilt es im Rahmen der BLAG-FGR die verschiedenen Maßnahmen zu bewerten und Empfehlungen zu entwickeln. Insbesondere die Auswahl und Bereitstellung geeigneten Vermehrungsgutes zur Stärkung der Anpassungspotenziale der Wälder spielt eine zentrale Rolle. Das im Kapitel 7 in den Grundzügen skizzierte Samenplantagenkonzept wird hierzu einen wesentlichen Beitrag leisten. Gleichzeitig muss aber auch betont werden, dass der Aufbau neuer Samenplantagen ein bis zwei Jahrzehnte dauert, bis entsprechendes Vermehrungsgut produziert wird. Insofern ist auch die Berücksichtigung der Waldgenetik bei der nachhaltigen Bewirtschaftung (Kapitel 4) wichtig, um auch heute schon die Anpassungsfähigkeit der Wälder zu stärken.

Bei der Dimension der Klimaänderungen ist weiterhin die Einbindung in europäische Ansätze über das Europäische Programm für forstgenetische Ressourcen (EUFORGEN) wichtig. So könnten Genressourcen für Mitteleuropa aus südlichen und südöstlichen Gebieten von großer Bedeutung sein und umgekehrt mitteleuropäische Regionen als Standorte für *Ex-situ*-Erhaltungsmaßnahmen südlicher Saatgutquellen relevant werden.

Flankiert werden sollen die Maßnahmen zur nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen durch den systematischen Ausbau des genetischen Monitorings als Beitrag zu einem Bio

diversitätsmonitoring im Wald. Die ersten Ergebnisse aus der Pilotstudie des genetischen Monitorings im Rahmen der BWI4 haben gezeigt, welche wichtigen Informationen sich aus dem Monitoring für ein adaptives Management ergeben.

Akute Gefährdung der Gewöhnlichen Esche (*Fraxinus excelsior*)

Das Eschentriebsterben hat weite Teile des Eschenvorkommens in Europa erfasst. Das im Jahr 2024 auslaufende Verbundprojekt Fraxfor-Future, gefördert von den Bundesministerien für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) und für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz (BMUV) aufgrund eines entsprechenden Beschlusses des Deutschen Bundestages hat einen grundlegenden Beitrag zur Erhaltung der Esche als Wirtschaftsbaumart geleistet. Da komplexe Herausforderungen wie das Eschentriebsterben aber nicht im Rahmen einer dreijährigen Projektförderung gelöst werden können, ist hier eine Finanzierung eines Folgeprojektes auch nach Wegfall des Waldklimafonds dringend notwendig. An der Entwicklung eines entsprechenden Antrages ist die BLAG-FGR aktiv beteiligt. Es gilt weiterhin sowohl auf nationaler als auch auf europäischer Ebene alle Kräfte zu bündeln, damit resistentes Vermehrungsgut gewonnen wird und damit die genetische Vielfalt dieser ökologisch wichtigen Baumart erhalten bleibt (*In-situ-* und *Ex-situ-*Generhaltungsmaßnahmen).

In der Phase 2024 - 2028 soll sich die BLAG-FGR schwerpunktmäßig mit den folgenden Themen befassen: 1. Entwicklung und Umsetzung eines Samenplantagenkonzeptes für Alternativbaumarten und Anlage von Herkunftsversuchen zu südosteuropäischen Alternativbaumarten; 2. Weiterentwicklung des Nationalen Fach

programms und 3. Weiterentwicklung des genetischen Monitorings als Beitrag zum Nationalen Biodiversitätsmonitoring im Wald (NaBioWald).

Diese werden den Waldbaureferenten des Bundes und der Länder als Arbeitsprogramm der BLAG-FGR für die kommenden Jahre zur Bestätigung vorgeschlagen.

Entwicklung und Umsetzung eines Samenplantagenkonzeptes für Alternativbaumarten und Anlage von Herkunftsversuchen zu südosteuropäischen Alternativbaumarten (Kapitel 7)

Die Arbeit zu Alternativbaumarten im Klimawandel als eines der zentralen Themen der BLAG-FGR muss fortgesetzt werden. Die BLAG-FGR koordiniert den Aufbau von Samenplantagen und die Anlage von Herkunftsversuchen entsprechend des Beschlusses der Forstchefkonferenz bzw. der Waldbaureferenten des Bundes und der Länder. Hierbei handelt es sich um ein mehrjähriges Programm, welches zum einen von den verfügbaren Ressourcen abhängt, wie auch von der Verfügbarkeit geeigneten Ausgangsmaterials zum Aufbau von Samenplantagen und zur Anlage von Herkunftsversuchen.

Weiterentwicklung des Nationalen Fachprogramms

Das aktuelle Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen wurde ursprünglich unter dem Eindruck des Waldsterbens 1.0 im Jahr 1987 in seiner ersten Version veröffentlicht und im Jahr 2000 überarbeitet. In Summe hat sich das Konzept bewährt (siehe die Fortschrittsberichte der BLAG-FGR seit dieser Zeit). Nach anfänglichem Fokus auf

die wirtschaftlich bedeutsamen Hauptbaumarten wurden die Aktivitäten auf alle weiteren Baumarten und Straucharten ausgedehnt, so dass heute eine breite Basis forstgenetischer Ressourcen erfasst ist (Kapitel 2) und sowohl *in situ* wie auch *ex situ* erhalten wird. Die Extremwetterereignisse der vergangenen Jahre haben die Herausforderungen durch den Klimawandel in das Bewußtsein der Waldbewirtschaftenden gerückt und damit auch die Nachfrage nach klimaangepasstem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut verstärkt. Dies ist Chance und Herausforderung für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung forstlicher Genressourcen zugleich.

Nach nunmehr fast 40 Jahren Erhaltung forstlicher Genressourcen muss aber auch das der Arbeit zugrundeliegende Fachprogramm einer kritischen Würdigung unterzogen und an die weiterentwickelten Rahmenbedingungen angepasst werden. Die überarbeitete Nationale Strategie für die Erhaltung und Förderung der genetischen Ressourcen für Landwirtschaft und Ernährung bildet dabei den aktuellen politischen Rahmen mit konkreten Anregungen für eine Konzeptüberarbeitung. Die Weiterentwicklung des Nationalen Fachprogramms wird ein weiterer Schwerpunkt der Arbeit der BLAG-FGR in den kommenden Jahren sein.

Weiterentwicklung des genetischen Monitorings als Beitrag zum Nationalen Biodiversitätsmonitoring im Wald (NaBioWald)

Eine Arbeitsgruppe aus Vertreterinnen und Vertretern von Ressorteinrichtungen des Bundes und der Länder im Bereich Forstwirtschaft und Naturschutz hat Thesen zur Entwicklung eines nationalen Biodiversitätsmonitorings im Wald entwickelt (Bolte et al. 2022). Die BLAG-FGR hat

sich in den folgenden Diskussionsprozess eingebracht und die Prinzipien eines genetischen Monitorings nicht nur für Forstgehölze skizziert (Degen et al. unveröffentlicht). Mit Hilfe von wiederkehrenden genetischen Inventuren soll die genetische Diversität innerhalb der Arten in einem deutschlandweiten Monitoring-Netz erfasst, die genetische Unterschiedlichkeit zwischen Populationen gemessen und treibende Kräfte für die Veränderungen in der genetischen Zusammensetzung abgeleitet werden. Die Ergebnisse des genetischen Monitorings liefern wichtige Informationen für Strategien und Maßnahmen zum Erhalt der genetischen Vielfalt. Das genetische Monitoring ergänzt einen ansonsten auf Arten und Artengruppen fokussierenden Ansatz eines Nationalen Biodiversitätsmonitorings im Wald um diese für die Anpassung an sich ändernde Umweltbedingungen so wichtige Ebene der biologischen Vielfalt.

Die BLAG-FGR wird zum einen im Rahmen der Überarbeitung des Nationalen Fachprogramms die Bedeutung des genetischen Monitorings herausarbeiten und sich weiterhin in den laufenden Abstimmungsprozess zu Zielen und Methodik eines Nationalen Biodiversitätsmonitorings im Wald für die Abbildung der Ebene der genetischen Vielfalt als Teilaspekt der Biodiversität einbringen.

Weiterhin ist eine zentrale Datenhaltung von genetischen Informationen (z.B. GenMon, FraxGen) für weitere Auswertungen und Berichtspflichten von wesentlicher Bedeutung.

Zitierte Literatur

Bolte, A.; Ammer, Ch.; Kleinschmit, J.; Kroihner, F.; Krüger, I.; Meyer, P.; Michler, B.; Müller-Kroehling, St.; Sanders, T.; Sukopp, U. (2022): Nationales Biodiversitätsmonitoring im Wald. *Natur und Landschaft* 97 (8): 398-401, DOI:10.19217/NuL2022-08-04.

14 Veröffentlichungen des Bundes und der Bundesländer zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstgenetischer Ressourcen

Ahl, L.; Aas, G.; Walentowski, H.; Höltken, A.M.; Feulner M. (2021): Niche differentiation between *Malus sylvestris* and its hybrid with *Malus domestica* indicated by plant community, soil and light. *Journal of Vegetation Science* 32 (5): e13078. doi.org/10.1111/jvs.13078.

Arab, L.; Seegmueller, S.; Kreuzwieser, J.; Eiblmeier, M.; Dannemann, M.; Rennenberg, H. (2022): Significance of current weather conditions for foliar traits of old-growth sessile oak (*Quercus petraea* Lieb.) trees. *Trees* 36: 777-791.

Arab, L.; Seegmüller, S.; Kreuzwieser, J.; Dannemann, M.; Eiblmeier, M.; Albasher, G.; Alfarraj, S.; Rennenberg, H. (2020): Foliar traits of sessile oak (*Quercus petraea* Liebl.) seedlings are determined by site properties rather than seed origin. *Trees* 40: 1648-1667.

Ardao River, E.; CAO, H.; Becker, F.; Bilela-Eckert, S.; Braun, A.; Brückner, M.; de Abreu, I.; Erbacher, J.; Feussner, I.; Feußner, K.; Gailing, O.; Hofmann, M.; Kätzel, R.; Kelly, A.A.; Kleinschmit, J.; Kormann, J.; Lamprecht, N.; Liepe, K.; Liesenbach, M.; Löffler, S.; Neophytou, C.; Riedel, D.; Schildbach, M.; Steiner, W.; Töppe, M.; Tröber, U.; Watermeier,

M.; Wolf, H. (2023) Roteiche im Klimawandel: Grundlagen zur Züchtung unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz (RubraSelect Projekt). *Thünen Rep* 105: 244-256.

Ayan, S.; Yücedağ, C.; Šeho, M. (2021): Le cèdre du Liban en Turquie: une espèce prometteuse pour le reboisement et la réhabilitation forestière sous la contrainte du changement climatique. *Forêt méditerranéenne*, t. XLII, n 2: 175-188.

Ayan, S.; Yücedağ, C.; Šeho, M. (2022): Die Libanon-Zeder im Klimawandel – Erfahrungen aus der Türkei. <https://www.waldwissen.net/de/waldwirtschaft/waldbau/pflanzenanzucht/die-libanon-zeder-im-klimawandel-erfahrungen-aus-der-tuerkei>.

Bajc, M.; Aravanopoulos, F.; Westergren, M.; Fussi, B.; Kavaliauskas, D.; Alizoti, P.; Kiourtsis, F.; Kraigher, H. (2020): Handbuch zum Forstgenetischen Monitoring (LifeGenMon). <http://doi.org/10.20315/SFS.167>.

Bäucker, C.; Liesebach, H. (2019): Weiterer DNA-Nachweis für einen monumentalen Solitär: Der Berg-Ahorn (*Acer pseudoplatanus* L.) im Ham

- burger Hirschpark. Mitt Dtsch Dendrol Ges 104:122-126.
- Bäucker, C.; Liesebach, H. (2021): Geriegelter Bergahorn - ein besonders wertvolles Holz. Bündnerwald 74 (1): 26-29.
- Bäucker, C.; Liesebach, H.; Liesebach, M. (2023): Das Potential des Spitz-Ahorns besser nutzen: Einblicke in die Pflanzenanzucht für die Anlage von Feldversuchen. Thünen Rep 105: 226-237.
- Bäucker, C.; Schneck, V.; Liesebach, H. (2020): Versuchsanlagen mit in vitro vermehrten Riegelahornpflanzen für die Zulassung von Wertholzklonen nach FoVG. Thünen Rep 76: 155-167.
- Belyaeva, I.V.; Dutton, C.; Govaerts, R.H.A.; Liesebach, H.; McGinn, K.; Steenackers, M.; Taylor, G.; Pickett, J. (2020): Verification of names for certain *Populus* L. clones (Salicaceae) commonly grown in the United Kingdom. Skvortsovia 6(3):87-116, DOI:10.51776/2309-6500_2020_6_3_87.
- Benavides, R.; Carvalho, B.; Bastias, C.C.; López-Quiroga, D.; Mas, A.; Cavers, S.; Gray, A.; Albet, A.; Alía, R.; Ambrosio, O.; Aravanopoulos, F.; Avanzi, C.; Avramidou, E.; Bagnoli, F.; Barbas, Catherine Bastien, Frédéric Bernier, Henry Bignalet, Damien Bouic, William Brunetto, Jurata Buchovska, E.; Cabanillas-Saldaña, A.M.; Cheval, N.; Climent, J.M.; Correard, M.; Cremer, E.; Danusevičius, D.; Dauphin, B.; Denou, J.-L.; Dokhelar, B.; Dourthe, R.; Farsakoglou, A.-M.; Fonti, P.; Ganopoulos, I.; García del Barrio, J.M.; Gilg, O.; Gonzalez-Martinez, S.; Graf, R.; Grivet, D.; Gugerli, F.; Hartleitner, C.; Heer, K.; Hollenbach, E.; Hurel, A.; Issehut, B.; Jørgen, F.; Jorge, V.; Jouineau, A.; Kappner, J.-P.; Kärkkäinen, K.; Kesälähti, R.; Knutzen, F.; Kujala, S.T.; Kumpula, T.; Labriola, M.; Lalanne, C.; Lambert, J.; Lascoux, M.; Le Provost, G.; Liesebach, M.; Malliarou, E.; Marchon, J.; Mariotte, N.; Martínez-Sancho, E.; Matesanz, S.; Meischner, H.; Michotey, C.; Milesi, P.; Morganti, S.; Myking, T.; Nilsen, A.E.; Notivol, E.; Opgenoorth, L.; Østreg, G.; Pakull, B.; Piotti, A.; Plomion, C.; Poinot, N.; Pringarbe, M.; Puzos, L.; Pyhäjärvi, T.; Raffin, A.; Ramírez-Valiente, J.A.; Rellstab, C.; Richter, S.; Robledo-Arnuncio, J.J.; Savolainen, O.; Schneck, V.; Scotti, I.; Semerikov, V.; Sønstebo, J.H.; Spanu, I.; Thevenet, J.; Tollefsrud, M.M.; Turion, N.; Vendramin, G.G.; Villar, M.; Westin, J.; Fady, B.; Valladares, F. (2021): The GenTree Leaf Collection: Inter- and intra-specific leaf variation in seven forest tree species in Europe. *Global Ecol Biogeogr.* 30: 590-597. <https://doi.org/10.1111/geb.13239>.
- Birgit, R.; Kögler, A.; Morgenstern, K.; Brückner, M.; Weber, B.; Heitkam, T.; Seibt, K.M.; Tröber, U.; Meyer, M.; Wolf, H.; Schmidt, T.; Krabel, D. (2021): Application of retrotransposon-based Inter-SINE Amplified Polymorphism (ISAP) markers for the differentiation of common poplar genotypes. *Can. J. For. Res.*: 1-14. DOI: 10.1139/cjfr-2020-0209.
- Blanc-Jolivet, C.; Bakhtina, S.; Yanbaev, R.; Yanbaev, Y.A.; Mader, M.; Guichoux, E.; Degen, B. (2020): Development of new SNPs loci on *Quercus robur* and *Quercus petraea* for genetic studies covering the whole species' distribution range. *Conserv Genet Resources* 12: 597-600. DOI:10.1007/s12686-020-01141-z.
- Blanc-Jolivet, C.; Mader, M.; Liesebach, H.; Kersten, B.; Degen, B. (2022): A set of nuclear SNP loci derived from single sample double digest RAD and from pool sequencing for large-scale genetic studies in the European beech *Fagus sylvatica*. *Conserv Genet Resources* 14 (2): 151-153. DOI:10.1007/s12686-022-01256-5.
- Bleh, J. & Seegmüller, S. (2022): Charakterisierung der sommerlichen Stressabwehr von Trauben

eichen (*Quercus petraea* Liebl.). Allgemeine Forst- und Jagdzeitung 192: 1-13.

Bolte, A.; Sanders, T.G.M.; Natkhin, M.; Czajkowski, T.; Chakraborty, T.; Liesebach, H.; Kersten, B.; Mader, M.; Liesebach, M.; Lenz, C.; Lautner, S.; Löffler, S.; Kätzel, R. (2021) Junge Fichten aus trockenen Regionen leiden weniger unter Trockenstress. Eberswalde: Thünen-Institut für Waldökosysteme, Project Brief Thünen Inst 2021/16: 2 S. DOI:10.3220/PB1622452332000.

Bolte, A.; Sanders, T.; Natkhin, M.; Czajkowski, T.; Chakraborty, T.; Liesebach, H.; Kersten, B.; Mader, M.; Liesebach, M.; Lenz, C.; Lautner, S.; Löffler, S.; Kätzel, R.; (2021): Coming from dry regions Norway spruce seedlings suffer less under drought. Project Brief Thünen Institute of Forest Ecosystems 2021/16: 2 pp.

Bolte, A.; Ammer, Ch.; Kleinschmit, J.; Kroiher, F.; Krüger, I.; Meyer, P.; Michler, B.; Müller-Krohling, St.; Sanders, T.; Sukopp, U. (2022): Nationales Biodiversitätsmonitoring im Wald. Natur und Landschaft 97 (8): 398-401. DOI:10.19217/NuL2022-08-04.

Brügmann, T.; Fladung, M. (2019): Genom-Editierung in Bäumen. AFZ Der Wald 74 (5): 16-18.

Brügmann, T.; Zahn, V.; Fendel, A.; Zebbedies, S.; Sievers, A.J.; Becker, D.; Fladung, M. (2023): Neue biotechnologische Methoden für Gehölze. Thünen Rep 105: 6-8.

Cremer, E.; Luckas, M.; Rau, B.; Janßen, A. (2019): Aspekte zur Genetik und zum Vermehrungsgut der Flatterulme. LWF Wissen 83: 13-18.

Dacasa-Rüdinger, M. C.; Wolf, H. (2020): Zielkonflikte sind vermeidbar: über die Selektion von Trockenstress toleranten Genotypen in Züchtungsprogrammen mit Lärche und Douglasie. Thünen Rep 76: 94-99. DOI:10.3220/REP1584625360000.

Daur, N.; Schmitz, F.; Volz, H-A.; Emde, F.A.; Großheim, C; Bolte, A.; Degen, B.; Rock, J.; Schwärzel, K.; Berendes, K.-H.; Bräsicke, N.; Frühauf, C.; Leppelt, T.; Heitkamp, F.; Steiner, W.; Hartebrodt, C.; Hengst, Y.; Jacob, A.; Hamburger, J.; Becher, R.; Riestenpatt, D.; Wittich, L.; Heinitz, M.; Roggendorf, N.; Mönkemeyer, R.; Rohde, T.; Stoll, S.; Rüping, U.; Mrosek, T.; Petercord, R.; Ehrhart, H.-P.; Schüler, G.; Wilhelm, G.; Emde, A.; Eisenhauer, D.-R.; Geißler, C.; Hipler, U.; Hackenberg, M.; Nieberg, W. (2023): Wälder und ihre Bewirtschaftung im Klimawandel: Handlungsempfehlungen auf Grundlage des Maßnahmenprogramms zur Umsetzung der Agenda Anpassung von Land- und Forstwirtschaft sowie Fischerei und Aquakultur an den Klimawandel. Bericht der BLAG ALFFA. 51 S. https://www.ble.de/SharedDocs/Downloads/DE/Klima-Energie/BLAG-ALFFA/Waelder-und-ihre-Bewirtschaftung-im-Klimawandel.pdf?__blob=publication-File&v=2.

Degen, B. (2020): Forstpflanzenzüchtung in Deutschland im internationalen Vergleich - Erreichtes, Potentiale, Grenzen. Thünen Rep 76: 260-266.

Degen, B. (2022): GDA-NT 2021 - a computer program for population genetic data analysis and assignment. Conserv Genet Resources 14 (4): 347-350. DOI:10.1007/s12686-022-01283-2.

Degen, B.; Blanc-Jolivet, C.; Bakhtina, S.; Ianbaev, R.; Yanbaev, Y.A.; Mader, M.; Nürnberg, S.; Schröder, H. (2021): Applying targeted genotyping by sequencing with a new set of nuclear and plastid SNP and indel loci for *Quercus robur* and *Quercus petraea*. Conserv Genet Resources 13: 345-347. DOI:10.1007/s12686-021-01207-6.

Degen, B.; Müller, N. A. (2023): Produktion von höherwertigem Saatgut in Buchenbeständen mit Hilfe von Genomanalysen. Thünen Rep 105: 128-133.

- Degen, B.; Müller, N. A. (2023) A simulation study comparing advanced marker-assisted selection with genomic selection in tree breeding programs. *G3 Genes Genomes Genetics* 13(10):jkad164, DOI:10.1093/g3journal/jkad164.
- Degen, B.; Blanc-Jolivet, C.; Mader, M.; Yanbaeva, V.; Yanbaev, Y. (2023) Introgression as an important driver of geographic genetic differentiation within European white oaks. *Forests* 14(12):2279, DOI:10.3390/f14122279.
- Degen, B.; Müller, N. A. (2023) SNPscan breeder – a computer program to test genomic tools in breeding programs. *Silvae Genetica* 72(1):126-131, DOI:10.2478/sg-2023-0013.
- Degen, B.; Yanbaev, Y.; Ianbaev, R.; Blanc-Jolivet, C.; Mader, M.; Bakhtina, S. (2022) Large-scale genetic structure of *Quercus robur* in its eastern distribution range enables assignment of unknown seed sources. *Forestry* 95(4):531-547, DOI:10.1093/forestry/cpac009.
- Degen, B.; Yanbaev, Y. A.; Mader, M.; Ianbaev, R.; Bakhtina, S.; Schröder, H.; Blanc-Jolivet, C. (2021) Impact of gene flow and introgression on the range wide genetic structure of *Quercus robur* (L.) in Europe. *Forests* 12:1425, DOI:10.3390/f12101425.
- Eilzer, F.; Winkler, L.; Wolf, H.; Mellert, K. H. (2023): Untersuchungen zur Trockentoleranz von Erntebeständen der Baumarten Rot-Buche, Gemeine Fichte und Weiß-Tanne sowie deren Nachkommenschaften mit unterschiedlichen Methoden im Projekt sensFORclim. *Thünen Rep* 105: 43-51. DOI:10.3220/REP1681451577000.
- Eisen, A.-K.; Fussi, B.; Jochner-Oette, S. (2022): Die Zukunft der Esche im Auwald. *Auenmagazin* (21): 4-9.
- Eisen, A.-K.; Fussi, B.; Šikoparija, B.; Jochner-Oette, S. (2022): Aerobiological Pollen Deposition and Transport of *Fraxinus excelsior* L. at a Small Spatial Scale. *Forests*, 13, 424, <https://doi.org/10.3390/f13030424>.
- Eisold, A.M.; Bäucker C.; Liesebach, H.; Schneck, V. (2023): Geriegelte Werthölzer - Vermehrung und genetische Charakterisierung. *Thünen Rep* 105: 164-169.
- Eusemann P.; Kätzel R.; Becker F.; Liesebach H. (2021): Der genetische Fußabdruck der Verjüngungsphase - Einblicke in die Geschichte zweier alter Buchenbestände in Brandenburg. *Eberswalder Forstl SchrR* 71: 86-93.
- Eusemann P.; Liesebach H. (2021): Small-scale genetic structure and mating patterns in an extensive sessile oak forest (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.). *Ecol Evol* 11 (12): 7796-7809. DOI:10.1002/ece3.7613.
- Eusemann P.; Liesebach H. (2022): Verjüngung der Traubeneiche in naturnahen Beständen. *AFZ Der Wald* 77 (5): 24-28.
- Eusemann, P.; Kätzel, R.; Becker, F.; Liesebach, H. (2021): Der genetische Fußabdruck der Verjüngungsphase – Einblicke in die Geschichte zweier alter Buchenbestände in Brandenburg. *Eberswalder Forstliche Schriftenreihe, Band 71*: 86-93.
- Faust, K.; Tubes, M.; Schirmer, R.; Šeho, M. (2020): Lindenblättrige Birke – eine Alternative im Klimawandel? *AFZ-Der Wald* 75 (16): 14-18.
- Feulner, M.; Schulze-Bierbach, A.; Urbon, T.; Fussi, B.; Aas, G. (2022): Bestimmbar nur mit Blüte – Genetisch abgesicherte morphologische Merkmale zur Unterscheidung von Wildapfel (*Malus sylvestris*), Hausapfel (*Malus × domestica*) und ihren Hybriden. *Berichte der Bayerischen Botanischen Gesellschaft* 92: 113-128. <https://www.researchgate.net/publication/371226159>.

- Fischer, F.; Šeho, M.; Götz, B. (2019): Die Schwarzkiefer – eine Alternative für Brandenburg? AFZ-Der Wald 74 (16): 26-30.
- Forster, M.; Falk, W.; Reger, B.; Blaschke, M.; Dimke, P.; Enzenbach, B.; Ewald, J.; Franz, Ch.; Kanold, A.; Kudernatsch, T.; Lauterbach, M.; Lutze, M.; Müller-Kroehling, St.; Petercord, R.; Rothkegel, W.; Ruppert, O.; Schreiber, K.; Stöger, A.; Stöger, W.; Šeho, M.; Tretter, St.; Triebenbacher, C.; Weber, K. (2019): Praxishilfe Klima-Boden-Baumartenwahl. Hrsg. Bayerische Landesanstalt für Wald- und Forstwirtschaft: 110 S.
- Forster, M.; Falk, W.; Reger, B.; Mellert, K. H.; Kunz, J.; Šeho, M.; Schmidt, O.; Klemmt, H.-J. (2021): Weiterer Band der LWF-Praxishilfe „Klima-Boden-Baumartenwahl“. LWF aktuell 128: 52-53.
- Fussi, B. (2020): So hat die Esche eine Chance! LWF aktuell 126: 60-61.
- Fussi, B.; Kavaliauskas, D.; Šeho, M. (2019): Molecular differentiation of Turkish and Common hazels (*Corylus colurna* L. and *Corylus avellana* L.) using multiplexed nuclear microsatellite markers. *Annals of Forest Research* 62 (2): 173 – 182. DOI: 10.15287/afr.2019.1709.
- Fussi, B.; Rau, B.; Kavaliauskas, D.; Šeho, M. (2021): Verbesserung der Erntebasis beim Feldahorn. AFZ/Der Wald 76 (8): 18-21.
- Geiger, J.; Jenner, R.; Šeho, M. (2022): Saatgut alternativer Baumarten für Bayern. LWF aktuell 3: 8-10.
- Geiger, J.; Mellert, K.-H.; Šeho, M. (2022): Kurzportrait Orientbuche (*Fagus orientalis* Lipsky). <https://www.waldwissen.net/de/waldwirtschaft/waldbau/kurzportrait-orientbuche-fagus-orientalis-lipsky>.
- Gömöry, D.; Himanen, K.; Tollefsrud, M.M.; Uggla, C.; Kraigher, H.; Bordács, S.; Alizoti, P.; A'hara, S.; Frank, A.; Proschowsky, G.F.; Frýdl, J.; Geburek, T.; Guibert, M.; Ivankovic, M.; Jurse, A.; Kennedy, S.; Kowalczyk, J.; Liesebach, H.; Maaten, T.; Pilipovic, A.; Proietti, R.; Schneck, V.; Servais, A.; Skulason, B.; Sperisen, C.; Wolter, F.; Yüksel, T.; Bozzano, M. (2021): Genetic aspects linked to production and use of forest reproductive material (FRM): Collecting scientific evidence for developing guidelines and decision support tools for effective FRM management. Barcelona: Euforgen Secretariat: 216 S. <https://www.euforgen.org/publications/publication/genetic-aspects-linked-to-production-and-use-of-forest-reproductive-material-frm/>.
- Gouker, F.E.; Difazio, Sp.; Bubner, B.; Zander, M.; Smart, L.B. (2019) Genetic diversity and population structure of native, naturalized, and cultivated *Salix purpurea*. *Tree Genetics Genomes* 15: 47. DOI:10.1007/s11295-019-1359-0.
- Haane, A.; Kienlein, S.; Ludwig, A.; Schirmer, R.; Stimm, B. (2021): Das Fruktifikationsgeschehen von Eiche für Bayern in den Jahren 1965 bis 2003. *Forstliche Forschungsberichte München*, 221: 47-61.
- Hamberger, J. (2022): AK Forstgeschichte: Buche im Fokus. AFZ/Der Wald 77 (21): 42.
- Hamberger, J. (2022): Hans Carl von Carlowitz heute. AFZ/Der Wald 77 (23): 48-50.
- Hamberger, J.; Šeho, M.; Wimmer, N. (2021): Erste Blicke auf den Zukunftswald. *Bayerisches Landwirtschaftliches Wochenblatt* 44: 58-59.
- Heimpold, C.; Rieckmann, C.; Liesebach, M. (2019): Neues aus der Forstpflanzenzüchtung für die Praxis: Sechste Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 16. bis 18. September in Dresden. *Holz Zentralbl.* 145 (44): 962-964.

- Hoffmann, Y.-D.; Mellert, K.-H.; Šeho, M. (2022): Bewährte Buchen-Herkünfte – in Zeiten des Klimawandels noch die beste Wahl? Waldwissen.net, <https://waldwissen.net/de/waldwirtschaft/waldbau/waldgenetik/sensforbeech>.
- Hofmann, M.; Grotehusmann, H.; Schneck, V. (2020): Robinie - eine Option für den Klimawandel? - Erste Ergebnisse einer Klonprüfung. Thünen Rep 76: 211-221.
- Höltken, A.M.; 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.). Thünen Rep 76: 230-245.
- Höltken, A.M.; Hardtke, A.; Steiner, W. (2021): Anpassungspotenziale heimischer Baumarten. In: Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Hessisches Ministerium für Umwelt, Klimaschutz, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (Hrsg.), Waldzustandsbericht 2021 für Hessen. S. 30–33. doi.org/10.5281/zenodo.5569170.
- Höltken, A.M.; Hofmann, M.; Steiner, W. (2022): Douglasie ist nicht gleich Douglasie - zur Bedeutung von Herkünften und genetischen Ressourcen. In: Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Ministerium für Wirtschaft, Tourismus, Landwirtschaft und Forsten des Landes Sachsen-Anhalt (Hrsg.), Waldzustandsbericht 2022 für Sachsen-Anhalt. S. 39–42 (doi.org/10.5281/zenodo.7152959).
- Höltken, A.M.; Steiner, W. (2021): Genetische Ressourcen der Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) in Nordwestdeutschland: Erkenntnisse aus 15 Jahren Inventur. Allgemeine Forst- und Jagdzeitung 192 (7/8): 159–172. doi.org/10.23765/afjz0002083.
- Höltken, A.M.; Opfermann, N.; Fehrenz, S. (2023): Hybridisierung und genetische Introgression: Bedeutung für Waldbau, Forstpflanzenzüchtung und Naturschutz. In: Liesebach M. (Hrsg.), Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen: 7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 12. bis 14. September 2022 in Ahrensburg: Tagungsband, Thünen Report, Bd. 105. Braunschweig, S. 134–152.
- Huber, G.; Šeho, M. (2021): Alternative Baumarten für Mitteleuropa – Eine Forschungsreise zur Atlaszeder nach Algerien und Marokko. Forstliche Forschungsberichte München 219: 97-111.
- Hübner, Ch.; Heitz, R.; Lüpke, M.; Fussi, B.; Thurm, E.; Uhl, E. (2019): Die Edelkastanie – ist sie die Rettung? LWF aktuell 123: 32-35.
- Janßen, A.; Šeho, M. (2019): Alternative Baumarten und Herkünfte im Klimawandel – Das Vorgehen in Bayern. proWALD, November 2019: 16-19.
- Janßen, A.; Šeho, M. (2021): Alternative Libanon-Zeder!? AFZ- Der Wald 76 (4): 44-45.
- Janßen, A.; Šeho, M.; Ruppert, O.; Rotkegel, W.; Klemmt, H.-J. (2022): Bestandsbegründung legt Basis für Vielfalt. Holzzentralblatt (38): 651-652.
- Janßen, A.; Šeho, M.; Schirmer, R.; Tretter, S.; Pratsch, S. (2019): Praxisanbauversuche: Bewertung alternativer Baumarten in Bayern. AFZ-DerWald 74 (5): 24-27.
- Karbstein, K.; Gockel, S.; Frischbier, N.; Kahlert, K.; Konnert, M.; Profft, I. (2021): „Hochlagenfichten“ in Mitteleuropa – ein zusammenfassender Beitrag zur phänotypischen und (epi)genetischen Differenzierung innerhalb *Picea abies* (L.) H. KARST. Allg. Forst- und Jagdzeitung (9/10): 197-212.

- Karopka, M.; Cremer, E.; Kavaliauskas, D.; Forreiter, L. (2019): Die Spirke in süddeutschen Mooren. *AFZ-Der Wald* 74 (4): 14-17.
- Kätzel R.; Liesebach M.; Becker F.; Löffler S. (2021): Zur physiologischen Differenzierung der Rot-Buche am Beispiel einer Fläche des „Internationalen Herkunftsversuches 1996/98“ im Fläming. *Eberswalder Forstl. SchrR* 71: 68-85.
- Kätzel R.; Liesebach M.; Haverkamp M.; Tröber U.; Wolf H. (2019): Genetische Ressourcen der Flatterulme erhalten und nutzen. *AFZ Der Wald* 74 (24): 17-21.
- Kätzel, R.; Becker, F.; Kanter, G.; Hlawati, N.; Löffler, S. (2019): Herkunftsversuche als Bewährungsprobe bei Witterungsextremen: Südosteuropäische Herkünfte der Trauben-Eiche (*Quercus petraea*) in Brandenburg - Eine erste Auswertung. *Eberswalder Forstliche Schriftenreihe*, Band 67: 81-98.
- Kätzel, R.; Becker, F.; Zywotteck, N.; Zander, M.; Heydeck, P.; Löffler S. (2019): Entwicklung potenziell resistenter Eschenklone. *AFZ-Der Wald* 74 (18/19): 11-14.
- Kätzel, R.; Liesebach, M.; Becker, F.; Löffler, S. (2021): Zur physiologischen Differenzierung der Rot-Buche am Beispiel einer Fläche des „Internationalen Herkunftsversuches 1996/98“ im Fläming. *Eberswalder Forstliche Schriftenreihe*, Band 71: 68-85.
- Kätzel, R.; Löffler, S.; Becker, F. (2020): Untersuchungen zur Klimaanpassung südosteuropäischer Herkünfte der Trauben-Eiche (*Q. petraea*) in Brandenburg - Eine erste Auswertung. *Thünen-Report* 76: 23-36.
- Kavaliauskas, D.; Danusevičius, D.; Fussi, B.; Žalcauskas, R. (2022): DNA markers reveal genetic association between the sea-side Lithuanian and Bavarian Scots pine populations. *Baltic Forestry* 28 (2): 652. <https://doi.org/10.46490/BF652>.
- Kavaliauskas, D.; Fussi, B.; Rau, B.; Šeho, M. (2022): Assessing genetic diversity of European white elm (*Ulmus laevis* Pallas) in Bavaria as an indicator for in-situ conservation and sustainable use of the species genetic resources. *European Journal for Forest Research*. <https://doi.org/10.1007/s10342-022-01509-w>.
- Kavaliauskas, D.; Rau, B.; Fussi, B.; Šeho, M. (2021): Erhaltung und Förderung des Speierlings in Bayern. *AFZ-Der Wald* 76 (16): 12-15.
- Kavaliauskas, D.; Šeho, M.; Baier, R.; Fussi, B. (2021): Genetic variability to assist in the delineation of provenance regions and selection of seed stands and gene conservation units of wild service tree (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) in southern Germany. *European Journal of Forest Research*. <https://doi.org/10.1007/s10342-020-01352-x>.
- Kembrytė, R.; Danusevičius, D.; Buchovska, J.; Baliuckas, V.; Kavaliauskas, D.; Fussi, B.; Kempf, M. (2021): introductions of forest trees: the case of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Lithuania. *European Journal of Forest Research*. <https://doi.org/10.1007/S10342-020-01341-0>.
- Kersten B.; Rellstab C.; Schröder H.; Brodbeck S.; Fladung M.; Krutovsky Kv.; Gugerli F. (2022): The mitochondrial genome sequence of *Abies alba* Mill. reveals a high structural and combinatorial variation. *BMC Genomics* 23: 776: DOI:10.1186/s12864-022-08993-9.
- Kölken, A.M.; Eusemann, P.; Kersten, B.; Liesebach, H.; Kahlert, K.; Karopka, M.; Kätzel, R.; Kuchmer, O.; Leinemann, L.; Rose, B.; Töber, U.; Wolf, H.; Voth, W.; Kunz, M.; Fussi, B. (2020): Das Verbundprojekt GenMon: Einrichtung eines eigenständigen Langzeit-Monitorings in

- Buchenbeständen (*Fagus sylvatica* L.). Thünen-Report 76: 230-244.
- Kormann J.M.; Liesebach M; Liepe K.J. (2023): Provenances from introduced stands of Northern Red Oak (*Quercus rubra* L.) outperform those from the natural distribution. *Forest Ecol Manag* 531: 120803. DOI:10.1016/j.foreco.2023.120803.
- Kormann J.M.; Liesebach M; Liepe K.J. (2023): Wachstum der Roteiche (*Quercus rubra* L.) in zwei Herkunftsversuchsserien in Deutschland. *Thünen Rep* 105: 257-266.
- Kunz, J.; Mellert, K.-H.; Forster, M.; Falk, W.; Šeho, M.; Reger, B.; Klemmt, H.-J.; Blaschke, M.; Dimke, P.; Enzenbach, B.; Ewald, J.; Hahn, A.; Kanold, A.; Kudernatsch, Th.; Lauterbach, M.; Lutze, M.; Müller-Kroehling, St.; Rothkegel, W.; Ruppert, O.; Schmidt, O.; Schreiber, K.; Stöger, W.; Tretter, St.; Triebenbacher, C. (2020): Praxishilfe Klima-Boden-Baumartenwahl Band II. Hrsg. Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft: 124 S.
- Kvesić, S.; Hodčć, M.; Ballian, D.; Gömöry, D.; Fussi, B. (2020): Genetic variation of a widespread subdominant tree species (*Acer campestre* L.) in Bosnia and Herzegovina. *Tree Genetics & Genomes* 16: 82. <https://doi.org/10.1007/s11295-020-01473-9>.
- Lange C.; Knoche D.; Hanschke R.; Löffler S.; Schneck V. (2022): Physiological performance and biomass growth of different black locust origins growing on a post-mining reclamation site in Eastern Germany. *Forests* 13 (2): 315. DOI:10.3390/f13020315.
- Lange C.; Knoche D.; Schneck V.; Anders A. (2021): Die Robinie - Anbauversuch unter schwierigen Bedingungen. *AFZ Der Wald* 76 (2): 24-29.
- Lange, C.; Kätzel, R. (2017): Der kleine Unterschied macht's – Klonprüfung zur Trockenstresstoleranz von Robinien (Ergebnisse des FNR-Projektes – FastWOOD 3. Eberswalder Forstliche Schriftenreihe, Band 64: 37-44.
- Lange, C.A.; Knoche, D.; Hanschke, R.; Löffler, S.; Schneck, V. (2022): Physiological Performance and Biomass Growth of Different Black Locust Origins Growing on a Post-Mining Reclamation Site in Eastern Germany. *Forests* 13: 315. <https://doi.org/10.3390/f13020315>.
- Liepe, K.J.; Van Der Maaten, E.; Van Der Maaten-Theunissen, M.; Liesebach, M. (2022): High phenotypic plasticity, but low signals of local adaptation to climate in a large-scale transplant experiment of *Picea abies* (L.) Karst. in Europe. *Front Forests Glob Change* 5: 804857. DOI:10.3389/ffgc.2022.804857.
- Liepe, K.J.; Mittelberg, H.S.; Liesebach, M. (2020): Der IUFRO-Fichtenherkunftsversuch von 1964/68 - Eine erste abschließende Auswertung der deutschen Flächen nach Herkunftsgruppen. *Thünen Rep* 76: 60-72.
- Liesebach, H.; Liepe, K.J.; Bäucker, C. (2021): Towards new seed orchard designs in Germany - A review. *Silvae Genetica* 70 (1): 84-98. DOI:10.2478/sg-2021-0007.
- Liesebach H.; Liepe K.J.; Bäucker C. (2023): Neue Samenplantagen für Deutschland - Empfehlungen auf Basis internationaler Erkenntnisse. *Thünen Rep* 105: 274-281.
- Liesebach H.; Schneck D. (2022): Flowering behavior of clones in a Norway maple (*Acer platanoides*) seed orchard and mating system analysis using nuclear SSR markers. *Eur J Forest Res* 141: 561-569. DOI:10.1007/s10342-022-01459-3.
- Liesebach H.; Stridde O. (2020): Die Schiffer-Robinie (*Robinia pseudoacacia* L.) in Koblenz als

- Naturdenkmal. Mitt Dtsch Dendrol Ges 105: 129-132.
- Liesebach H.; Wojacki J.; Pakull B.; Eusemann P. (2020): Genetische Diversität von Douglasien-saatgut aus zugelassenen Erntebeständen und Samenplantagen - Schlussfolgerungen für die Praxis. Thünen Rep 76: 246-259.
- Liesebach, M. (2020): „Variation“ der Herkunftsempfehlungen in einem föderalen Staat. Thünen Rep 76: 274-284.
- Liesebach, M. (2020): Es gibt wieder mehr Hoffnung für die Esche. Holz Zentralbl. 146 (4): 59.
- Liesebach, M. (2021): Die Genressourcen der Stechpalme erhalten und nutzen. AFZ Der Wald 76 (24): 21-24.
- Liesebach, M. (2021): Forstpflanzenzüchtung gewinnt an Bedeutung. In: Seeling, U. (ed) Forst Holz & Jagd Taschenbuch 2022. München: Deutscher Landwirtschaftsverl: 211-215.
- Liesebach, M. (ed) (2020): Forstpflanzenzüchtung für die Praxis: 6. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 16. bis 18. September 2019 in Dresden; Tagungsband. Thünen Rep 76: 296 S. DOI:10.3220/REP1584625360000.
- Liesebach, M. (ed) (2023): Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen: 7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 12. bis 14. September 2022 in Ahrensburg; Tagungsband. Thünen Rep 105: 318 S. DOI:10.3220/REP1681451577000.
- Liesebach, M.; Jablonski E.J. (2021): Die Sorten der Robinien (*Robinia L.*). Mitt Dtsch Dendrol Ges 106: 63-92.
- Liesebach M.; Liepe K.J. (2019): Forstpflanzenzüchtung in Deutschland im Aufwind: Entwicklung und aktuelle Herausforderungen. Pro-Wald (5): 4-7.
- Liesebach M.; Liepe K.J. (2022): Reichen die Herkunftspotenziale heimischer Baumarten im Klimawandel? In: 38. Osnabrücker Baumpflegetage. Berlin; Hannover: Patzer: 57-63.
- Liesebach, M.; Liepe, K.J.; Seho M.; Kätzel R.; Becker F.; Löffler S. (2023): Ergebnisse aus dem Internationalen Buchenherkunftsversuch 1996/98 von den Versuchsflächen in Deutschland. Thünen Rep 105: 97-127.
- Liesebach M.; Rieckmann C. (2021): Mammutbäume - eine Option im Klimawandel für die Forstwirtschaft in Deutschland? Mitt Dtsch Dendrol Ges 106: 93-107.
- Liesebach; M., Rose B.; Wolf H. (2019): Die Genressourcen der Edelkastanie erhalten und nutzen. AFZ Der Wald 74 (21): 40-43.
- Liesebach, M.; Schneck, D. (2022): Herkunftangaben für alternative Baumarten möglich. AFZ Der Wald 77 (22): 36-40.
- Liesebach, M.; Schneck, D. (2023): Herkunftangaben bei alternativen Baumarten - derzeit und künftig. Thünen Rep 105: 302-310.
- Liesebach, M.; Schneck, V. (2020): Die Genressourcen der Robinie erhalten und nutzen. AFZ Der Wald 75 (20): 16-20.
- Liesebach, M.; Tröber, U. (2023): Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von morgen: Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung im DVFFA. Naturverband (2): 44-45.
- Liesebach, M.; Wolf, H.; Beez, J.; Degen, B.; Erley, M.; Haverkamp, M.; Janßen A.; Kätzel, R.; Kahler, K.; Kleinschmit, J.; Paul, M.; Voth, W. (2021): Identifizierung von für Deutschland relevanten

- Baumarten im Klimawandel und länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten - Empfehlungen der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ zu den Arbeitsaufträgen der Waldbaureferenten. Thünen Working Paper 172: 51 S. DOI:10.3220/WP1617712541000.
- Mader, M.; Blanc-Jolivet, C.; Kersten, B.; Liesebach, H.; Degen, B. (2022): A novel and diverse set of SNP markers for rangewide genetic studies in *Picea abies*. *Conserv Genet Resources* 14 (3): 267-270. DOI:10.1007/s12686-022-01276-1.
- Mader, M.; Liesebach H.; Liesebach; M.; Kersten, B.; (2019): The complete chloroplast genome sequence of *Fagus sylvatica* L. (Fagaceae). *Mitochondrial DNA Part B* 4 (1): 1818-1819. DOI:10.1080/23802359.2019.1612712.
- Mader, M.; Schroeder, H.; Schott, Th.; Schöning-Stierand, K.; Montalvão, A.; Liesebach, H.; Liesebach, M.; Fussi, B.; Kersten, B. (2020): Mitochondrial Genome of *Fagus sylvatica* L. as a Source for Taxonomic Marker Development in the Fagales. *Plants* 9: 1274. DOI:10.3390/plants9101274.
- Möhring, M.; Becker, F.; Lautner, S.; Kätzel, R. (2019): Wundreaktionen nach Kambiumbeprobung. *AFZ-Der Wald* 74 (4): 20-23.
- Martínez-Sancho, E.; Slámová, L.; Morganti, S.; Grefen, C.; Carvalho, B.; Dauphin, B.; Rellstab, C.; Gugerli, F.; Opgenoorth, L.; Heer, K.; Knutzen, F.; von Arx, G.; Valladares, F.; Cavers, S.; Fady, B.; Alia, R.; Aravanopoulos, F.; Avanzi, C.; Bagnoli, F.; Barbas, E.; Bastien, C.; Benavides, R.; Bernier, F.; Bodineau, G.; Bastias, C.C.; Charpentier, J.-P.; Climent, J.M.; Corréard, M.; Courdier, F.; Danusevicius, D.; Farsakoglou, A.-M.; del Barrio, J.M.G.; Gilg, O.; González-Martínez, S.C.; Gray, A.; Hartleitner, C.; Hurel, A.; Jouineau, A.; Kärkkäinen, K.; Kujula, S.; Labriola, M.; Lascoux, M.; Lefebvre, M.; Lejeune, V.; Le-Provost, G.; Liesebach, M.; Malliarou, E.; Mariotte, N.; Matesanz, S.; Michotey, C.; Milesi, P.; Myking, T.; Notivol, E.; Pakull, B.; Piotti, A.; Plomion, C.; Pringarbe, M.; Pyhäjärvi, T.; Raffin, A.; Ramirez-Valiente, J.A.; Ramskogler, K.; Robledo-Arnuncio, J.; Savolainen, O.; Schüler, S.; Semerikov, V.; Spanu, I.; Thévenet, J.; Tollefsrud, M.M.; Turion, N.; Veisse, D.; Vendramin, G.; Villar, M.; Westin, J.; Fonti, P. (2020): The GenTree Dendroecological Collection, tree-ring and wood density data from seven tree species across Europe. *Scientific Data* 7, 1: 1-7. DOI:10.1038/s41597-019-0340-y.
- Mataruga, M.; Piotti, A.; Daničić, V.; Cvjetković, B.; Fussi, B.; Konner, M.; Vendramin, G.; Aleksić, J. (2020): Towards the dynamic conservation of Serbian spruce (*Picea omorika*) western populations. *Annals of Forest Science* 77: 1. <https://doi.org/10.1007/s13595-019-0892-1>.
- Mellert, K.-H.; Janßen, A.; Šeho, M. (2021): Anpassung an Klima und Boden bestimmt die Eignung von Herkünften. *LWF aktuell* (4): 43-45.
- Mellert, K.-H.; Janßen, A.; Šeho, M. (2021): Wo finden wir Alternativherkünfte der Buche für den Klimawandel? *AFZ-DerWald* 76 (24): 16-20.
- Mellert, K.-H.; Šeho, M. (2022): Anbaueignung von Orientbuche an Rotbuchen-Marginalstandorten in Süddeutschland. <https://www.waldwissen.net/de/waldwirtschaft/waldbau/waldgenetik/anbaueignung-von-orientbuche>.
- Mellert, K.-H.; Šeho, M. (2022): Suitability of *Fagus orientalis* Lipsky at marginal *Fagus sylvatica* L. forest sites in Southern Germany. *iForest* 15: 417-423. <https://doi.org/10.3832/ifer4077-015>.
- Memišević Hodžić, M.; Fussi, B.; Gömöry, D.; Balian, D. (2021): Genetic variability of pedunculate oak (*Quercus robur* L.) at the Mediterranean margin of the distribution range. *Ukrainian Journal of Ecology* 11 (6): 31-40. DOI:10.15421/2021_218.

- Mittelberg, H.S.; Liepe, K.J.; Liesebach H.; Liesebach, M. (2023): Die Hainbuche und ihr Potenzial für den Wald. *Thünen Rep* 105: 238-243.
- Mosca, E.; Cruz, F.; Gomes-Garrido, J.; Bianco, L.; Rellstab, Ch.; Brodbeck, S.; Csilléry, K.; Fady, B.; Fladung, M.; Fussi, B.; Gömöry, D.; Gonzales-Martinez, S.; Grivet, D.; Gut, M.; Hansen, O.; Heer, K.; Kaya, Z.; Krutovsky, K.; Kersten, B.; Liepelt, S.; Opgenoorth, L.; Sperisen, Ch.; Ullrich, K.; Vendramin, G.; Westergren, M.; Ziegenhagen, B.; Alioto, T.; Gugerli, F.; Heinze, B.; Höhn, M.; Troggio, M.; Neale, D. (2019): A Reference Genome Sequence for the European Silver Fir (*Abies alba* Mill.): A Community-Generated Genomic Resource. *Genes/Genomes/Genetics*. <https://www.g3journal.org/content/9/7/2039>.
- Neophytou, C.; Braun, A.; Semizer-Cuming, D.; Fussi, B.; Mück, I.; Schlosser, F.; Seegmüller, S.; Michiels, H.-G. (2020): Angepasste Eichen auf Reliktstandorten. Eine zukünftige Quelle für forstliches Vermehrungsgut? *Thünen Report* 76: 37-48.
- Niemczyk, M.; Przybysz, P.; Przybysz, K.; Karwanski, M.; Kaliszewski, A.; Wojda, T.; Liesebach, M.; (2019) Productivity, growth patterns, and cellulose pulp properties of hybrid aspen clones. *Forests* 10: 450. DOI:10.3390/f10050450.
- Opgenoorth, L.; Dauphin, B.; Benavides, R.; Heer, K.; Alizoti, P.; Martínez-Sancho, E.; Alía, R.; Ambrosio, O.; Audrey, A.; Aunón, F.; Avanzi, C.; Avramidou, E.; Bagnoli, F.; Barbas, E.; Bastias, C.; Bastien, C.; Ballesteros, E.; Beffa, G.; Bernier, F.; Bignalet, H.; Bodineau, G.; Bouic, D.; Brodbeck, S.; Brunetto, W.; Buchovska, J.; Buy, M.; Cabanillas-Saldana, A.; Carvalho, B.; Cheval, N.; Climent, J.; Correard, M.; Cremer, E.; Danusevičius, D.; Del Cano, F.; Denou, J.-L.; Di Gerardi, N.; Dokheilar, B.; Ducouso, A.; Nilsen, A.; Farsakoglou, A.-M.; Fonti, P.; Ganopoulos, I.; García Del Barrio, J.; Gilg, O.; González-Martínez, S.; Graf, R.; Gray, A.; Grivet, D.; Gugerli, F.; Hartleitner, Ch.; Hollenbach, E.; Hurel, A.; Issehut, B.; Jean, F.; Jorge, V.; Jouineau, A.; Kappner, J.-P.; Kärkkäinen, K.; Kesälahti, R.; Knutzen, F.; Kujala, S.; Kumpula, T.; Labriola, M.; Lalanne, C.; Lambertz, J.; Lascoux, M.; Lejeune, V.; Le-Provost, G.; Levillain, J.; Liesebach, M.; López-Quiroga, D.; Meier, B.; Malliarou, E.; Marchon, J.; Mariotte, N.; Mas, A.; Matesanz, S.; Meischner, H.; Michotey, C.; Milesi, P.; Morganti, S.; Nievergelt, D.; Notivol, E.; Ostreng, G.; Pakull, B.; Perry, A.; Piotti, A.; Plomion, Ch.; Poinot, N.; Pringarbe, M.; Puzos, L.; Pyhäjärvi, T.; Raffin, A.; Ramírez-Valiente, J.; Rellstab, Ch.; Remi, D.; Richter, S.; Robledo-Arnuncio, J.; San Segundo, S.; Savolainen, O.; Schueler, S.; Schneck, V.; Scotti, I.; Semerikov, V.; Slámová, L.; Sønstebø, J.; Spanu, I.; Thevenet, J.; Tollefsrud, M.; Turion, N.; Vendramin, G.; Villar, M.; Von Arx, G.; Westin, J.; Fady, B.; Myking, T.; Valladares, F.; Aravanopoulos, F.; Cavers, St. (2021): The GenTree Platform: growth traits and tree-level environmental data in 12 European forest tree species. *GigaScience* 10: 1-13. DOI:10.1093/gigascience/giab010.
- Pakull, B.; Eusemann, P.; Wojacki, J.; Ahnert, D.; Liesebach, H. (2021): Genetic diversity of seeds from four German Douglas fir (*Pseudotsuga menziesii*) seed orchards. *Eur J Forest Res* 140: 1543-1557. DOI:10.1007/s10342-021-01419-3.
- Pakull, B.; Wojacki, J.; Eusemann, P.; Fussi, B.; Ahnert, D.; Liesebach, H. (2023): Sexual reproduction in two mixed stands of coastal and interior Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco) in Germany. *Eur J Forest Res* 142 (1): 175-182. DOI:10.1007/s10342-022-01514-z.
- Past, F.; Schneck, V.; Bubner, B.; Schrader, M.; Röhe, P. (2022): Chancen für eine gefährdete Baumart. *Land Forst* 175 (19): 44-46.
- Past, F.; Schrader, M.; Bubner, B.; Schneck, V.; Röhe, P. (2021): Forschungsprojekt „ResEsche“ - Chance für die Baumart Esche. *AFZ Der Wald* 76 (8): 12-16.

- Petkova, K.; Molle, E.; Konnert, M.; Knutzen, F. (2019): Comparing German and Bulgarian provenances of European beech (*Fagus sylvatica* L.) regarding survival, growth and ecodistance. *Silva Balcanica*, 20 (2): 27-48. DOI: 10.6084/m9.figshare.9929087.
- Quambusch, M.; Bäucker, C.; Haag, V.; Meier-Dinkel, A.; Liesebach, H. (2021): Growth performance and wood structure of wavy grain sycamore maple (*Acer pseudoplatanus* L.) in a progeny trial. *Ann Forest Sci* 78 (1): 15. DOI:10.1007/s13595-021-01035-6.
- Quegwer, J.; Reim, S.; Höfer, M.; Proft, A.; Tröber, U. (2023): Etablierung und Evaluierung von Säm-
lingssamenplantagen als Beitrag zum Erhalt von *Malus sylvestris* im Osterzgebirge. *Thünen Rep* 105: 218-225. DOI:10.3220/REP1681451577000.
- Rau, B.; Kavaliauskas, D.; Fussi, B.; Šeho, M. (2021): Erhaltung der Eibe in Bayern. *AFZ-DerWald* 76 (12): 19-22.
- Reiche, B.; Kögler, A.; Morgenstern, K.; Brückner, M.; Weber, B.; Heitkam, T.; Seibt, K. M.; Tröber, U.; Meyer, M.; Wolf, H.; Schmidt, T.; Krabel, D. (2021): Application of retrotransposon-based Inter-SINE Amplified Polymorphism (ISAP) markers for the differentiation of common poplar genotypes. *Can. J. For. Res.*: 1-14. DOI: 10.1139/cjfr-2020-0209.
- Rieckmann, C.; Schneck, V.; Liepe, K.J.; Liesebach, H.; Liesebach, M. (2021): Neue Zuchtpopulationen bei Douglasie und Kiefer. *AFZ Der Wald* 76 (11): 25-29.
- Rieckmann, C.; Schneck, V.; Liesebach, M. (2020): Ein Vergleich von Absaaten europäischer Hybridlärchen-Samenplantagen. *Thünen Rep* 76:100-118.
- Rudow, A.; Westergren, M.; Buiteveld, J.; Burianek, V.; Cengel, B.; Cottrell, J.; De Dato, G.; Järve, K.; Kajba, D.; Kelleher, Ct.; Lefèvre, F.; Liesebach, M.; Nagy, L.; Stojnic, S.; Yrjänä, L.; Villar, M.; Bozzano, M. (2020): Decision support tool for the management of dynamic genetic conservation units: European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN). Barcelona: European Forest Institute, 104 S. <https://www.euforgen.org/publications/publication/decision-support-tool-for-the-management-of-dynamic-genetic-conservation-units/>.
- Schildbach, M.; Hoffmann, M. (2023): Hybridpappeln im Klimawandel - Ergebnisse einer Pappelklonprüfung des Projekts FastWOOD. *Thünen Rep* 105: 32-42. DOI:10.3220/REP1681451577000.
- Schirmer, R. (2020): Griechische Buchen für Unterfranken? *LWF aktuell* 126: 52-54.
- Schirmer, R. (2021): Spätfrostschäden bei Herkunftsversuchen. *Der Waldwirt* (1): 26.
- Schirmer, R. (2022): Saatguternte französischer Flaumeichen. *LWF aktuell* (2): 18 - 20.
- Schirmer, R.; Courbet, F. (2021): Atlaszedern in Frankreich – eine Erfolgsgeschichte. *AFZ-Der Wald* 76 (20): 16-20.
- Schirmer, R.; Cremer, E. (2020): Aspekte zu Vermehrung und Genetik der Robinie. *LWF Wissen* 84: 28-34.
- Schlosser, F.; Böhm, S.; Horder, N.; Seegmüller, S. (2022): Antioxidantienkapazität von Eichen - Gerbstoffe als wesentlicher Beitrag zur herkunftsspezifischen Antwort auf Trockenheit. *Centralblatt für das gesamte Forstwesen* 139: 73-94.
- Schneck, V. (2023): Nachkommenschaftsprüfungen bei der Wald-Kiefer (*Pinus sylvestris* L.). *Thünen Rep* 105: 153-163.

- Schneck, V.; Bubner, B.; Past, F.; Eisold, A.M. (2022): ResEsche - Ein Beitrag zur Rettung der Esche. Großhansdorf: Thünen-Institut für Forstgenetik, Project Brief Thünen- Inst. 2022/27: 2 S. DOI:10.3220/PB1658736221000.
- Schneck V.; Heimpold, C.; Liesebach, M. (2020): Aktuelle Ergebnisse der Züchtung von Hybridaspens (*Populus × wettsteinii* Hämet-Ahti). Thünen Rep 76:133-143.
- Schneck, D.; Kätzel, R.; Jander, C. (2020): (Wieder-) Einbringung der Weiß-Tanne (*Abies alba* Mill.) in die Wälder Brandenburgs. Thünen-Report 76: 126- 132.
- Schneider, B.; Hüttel, B.; Zübert, C.; Kube, M. (2020): Genetic variation, phylogenetic relationship and spatial distribution of ‘Candidatus Phytoplasma ulmi’ strains in Germany. Sci Rep 10: 21864. DOI:10.1038/s41598-020-78745-w.
- Schneider, B.; Kätzel, R.; Kube, M. (2020): Die Verbreitung der bakteriellen Vergilbung an Ulme. AFZ Der Wald 75 (20): 12-15.
- Schneider, B.; Kätzel, R.; Kube, M. (2020): Widespread occurrence of „Candidatus Phytoplasma ulmi“ in elm species in Germany. BMC Microbiol 20: 74. DOI:10.1186/s12866-020-01749-z.
- Schneider, B.; Kube, M. (2019): Occurrence of “Candidatus Phytoplasma ulmi” in native elm trees in Germany. Phytopathogen Mollicut 9 (1):51-52. DOI:10.5958/2249-4677.2019.00026.4.
- Schott, T.; Schröder, H.; Schöning-Stierand, K.; Kersten, B. (2019): The complete chloroplast genome sequence of *Pinus cembra* L. (Pinaceae). Mitochondrial DNA Part B 4 (2): 4202-4203. DOI:10.1080/23802359.2019.1693297.
- Schröder, H.; Nosenko, T.; Ghirardo, A.; Fladung, M.; Schnitzler, J.P.; Kersten, B. (2021): Oaks as beacons of hope for threatened mixed forests in Central Europe. Front Forests Glob Change 4: 670797. DOI:10.3389/ffgc.2021.670797.
- Šeho, M. (2019): Bäume für den Wald von morgen. Bayerisches Landwirtschaftliches Wochenblatt 10: 42-43.
- Šeho, M. (2019): Mögliche Alternativbaumarten für bayerische Wälder im Klimawandel. Intern Mitarbeitermagazin der Bayerischen Staatsforsten, Ausgabe 107: 14-15.
- Šeho, M. (2019): Kurzportrait Atlaszeder (*Cedrus atlantica* (Endl.) Manetti ex Carrière). https://www.waldwissen.net/waldwirtschaft/waldbau/wuh_atlaszeder/index_DE.
- Šeho, M. (2020) Die Libanonzeder – dürre-tolerante Baumart für trockene Standorte. AFZ-Der Wald 75 (12): 16-20.
- Šeho, M.; Tubes, M.; Faust, K. (2020): Kurzportrait Schwarzkiefer (*Pinus nigra* Arnold). Waldwissen.net, https://www.waldwissen.net/waldwirtschaft/waldbau/wuh_schwarzkiefer/index_DE.
- Šeho, M. (2021): Das unsichtbare Potential der Eiben-Naturverjüngung. Der Eibenfreund 27: 19-23.
- Šeho, M. (2021): Erhalt seltener heimischer Baumarten. Unser Wald (2): 15.
- Šeho, M. (2021): Neues Vorgehen beim Aufbau klimastabiler Wälder. Intern Mitarbeitermagazin der Bayerischen Staatsforsten, Ausgabe 120: 6-9.
- Šeho, M. (2022): Saatgut mit Brief und Siegel. Intern Beschäftigtenmagazin der Bayerischen Staatsforsten, Ausgabe 129: 13.
- Šeho, M.; Ayan, S.; Huber, G.; Kahveci, G. (2019): A Review on Turkish Hazel (*Corylus colurna* L.): A Promising Tree Species for Future Assisted Mi-

- gration Attempts. South-east Eur for 10 (1): early view. DOI: <https://doi.org/10.15177/seeфор.19-04>.
- Šeho, M.; Cremer, E.; Rau, B.; Kavaliauskas, D.; Fussi, B. (2021): Flatterulme – Herkunftsempfehlungen und Verbesserung der Erntebasis. AFZ-Der Wald 76 (4): 30-35.
- Šeho, M.; Fussi, B.; Kavaliauskas, D.; Teodosiu, M.; Janßen, A. (2022): Herkunftskontrolle mittels genetischer Marker am Beispiel Weißtanne. AFZ/Der Wald 77 (4): 24-27.
- Šeho, M.; Fussi, B.; Rau, B.; Kavaliauskas, D. (2022): Conservation and Sustainable Use of Forest Genetic Resources of English Yew (*Taxus baccata* L.) in Bavaria. *SilvaWorld*, 1 (1): 52-67. <https://doi.org/10.29329/silva.2022.462.06>.
- Šeho, M.; Janßen, A. (2019): Alternativbaumarten im Klimawandel. LWF aktuell 123: 19-22.
- Šeho, M.; Janßen, A. (2019): Neue Schwerpunkte und Herausforderungen im Klimawandel. AFZ-Der Wald 74 (5): 20-23.
- Šeho, M.; Janßen, A. (2020): Alternativbaumarten im Klimawandel – das bayerische Vorgehen aus forstgenetischer Sicht. Thünen Report 76: 222-229.
- Šeho, M.; Kavaliauskas, D.; Mellert, K. H.; Fussi, B. (2021): Elsbeeren aus Bayern. LWF aktuell 128: 40-42.
- Šeho, M.; Rau, B.; Fussi, B.; Kavaliauskas, D. (2022): Anpassungsfähigkeit und Erntebasis des Spitzahorns in Bayern. AFZ/Der Wald 77 (20): 15-18.
- Šeho, M.; Sommer, C.; Kohnle, U. (2021): Der internationale Buchenherkunftsversuch von 1996/1998: Wachstums- und qualitätsrelevante Merkmale unter unterschiedlichen Standorts- und Klimabedingungen in Süddeutschland. *Allg. Forst- und Jagdzeitung* (11/12): 243-261.
- Šeho, M.; Fady, B.; Roig, A.; Scotti-Saintagne, C. (2024): Die Schwarzkiefer aus zwei Populationen in Deutschland. *AFZ/Der Wald* 3: 29-33.
- Stojnić, S.; Avramidou, E.; Fussi, B.; Westergren, M.; Orlović, S.; Natović, B.; Trudić, B.; Kraigher, H.; Aravanopoulos, F.; Konnert, M. (2019): Assessment of Genetic Diversity and Population Genetic Structure of Norway Spruce (*Picea abies* (L.) Karsten) at Its Southern Lineage in Europe. Implications for Conservation of Forest Genetic Resources. *Forests*, 10: 258. DOI:10.3390/f10030258.
- Teodosiu, M.; Mihai, G.; Fussi, B.; Ciocirlan, E. (2019): Genetic diversity and structure of Silver fir (*Abies alba* Mill.) at the south-eastern limit of its distribution range. *Annals of Forest Research*, DOI: 10.15287/afr.2019.1436.
- Thurm E.A.; Liesebach, M.; Schneck, V.; Voth, W. (2023): Pflanzen wir Buchen unter Buchen? Anpassung von Baumarten im Klimawandel. *Immergrün: Forschung* (1, Frühling/Sommer 2023): 5-13.
- Tretter, S.T.; Janßen, A.; Schölch, M.; Stimm, B.; Hübner, C.H. (2019): „Trau! Schau! Wem?“ – Nichtheimische Baumarten in der Forstwirtschaft. LWF aktuell 123: 6-9.
- Trudić, B.; Avramidou, E.; Fussi, B.; Neophytou, C.H.; Stojnić, S.; Pilipović, A. (2021): Conservation of *Quercus robur* L. genetic resources in its south-eastern refugium using SSR marker system – a case study from Vojvodina province, Serbia. *Austrian Journal of Forest Science/Centralblatt für das gesamte Forstwesen*, 138 (2): 117-140.
- Ulrich, K.; Becker, R.; Behrendt, U.; Kube, M.; Ulrich, A. (2020): Selektion von Bakterien und Pilzen gegen das Eschentriebsterben. *AFZ Der Wald* 75 (12): 28-31.
- Vizcaino-Palomar, N.; Garzon, M. B.; Alia, R.; Giovannelli, G.; Huber, G.; Mutke, S.; Pastuszka, P.;

Raffin, A.; Sbay, H.; Šeho, M.; Vauthier, D.; Fady, B. (2019): Geographic variation of tree height of three pine species (*Pinus nigra* Arn., *P. pinaster* Aiton, and *P. pinea* L.) gathered from common gardens in Europe and North-Africa. *Annals of Forest Science* 76: 77. <https://doi.org/10.1007/s13595-019-0867-2>.

Wojacki, J.; Eusemann, P.; Ahnert, D.; Pakull, B.; Liesebach, H. (2019): Genetic diversity in seeds produced in artificial Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii*) stands of different size. *Forest Ecol Manag* 438: 18-24. DOI:10.1016/j.foreco.2019.02.012.

Wolf, H. (2020): Die Flatterulme – Baum des Jahres 2019. *Waldpost 2020 - Zeitung für Waldbesitzer in Sachsen*. Staatsbetrieb Sachsenforst, Pirna: 20-22.

Wolf, H. (2022): Die Hybridlärche – ihre Vermehrung und ihr Holz – Eine mögliche wertvolle Ergänzung des gebietseigenen Baumartenpotenzials. *Forstjournal* (Hrsg. Staatsbetrieb Sachsenforst) 3/22: 20-22.

Wolf, H. (2023): Ergebnisse der Hybridlärchen-Züchtung der letzten 10 Jahren – aus der Petrischale in das Sägewerk. *Thünen Rep* 105: 182-192. DOI:10.3220/REP1681451577000.

Wolf, H.: Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ (2020): Netzwerk Wildobst: Möglichkeiten und Grenzen der In-situ-Erhaltung von verwandten Wildarten am Beispiel von Wildobstarten in Wald und Forstwirtschaft. In: Böhnisch M, Bernhardt N (Hrsg.): Tagungsband einer Fachveranstaltung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft - ein neues Modul zur Stärkung des Artenschutzes“. *Julius-Kühn-Archiv* 466: 57-67.

Wolf, H.; Lange, C.; Ott, B. (2023): Reaktion ausgewählter Vogel-Kirschen-Klone aus In-vitro-Vermehrung auf Trockenheit. *Thünen Rep* 105: 90-96. DOI:10.3220/REP1681451577000.

Wolf, H.; Schneck, V.; Röhe, P. (2021): Die Hybridlärche – eine besonders schnellwachsende und standorttolerante Baumart. *Mitteilungen der Gesellschaft zur Förderung schnellwachsender Baumarten in Norddeutschland e.V.*, Heft 7/2021, 16 S.

Wolf, H.; Tröber, U.; Schildbach, M. (2021): Forstliche Genressourcen im Freistaat Sachsen. *Erhaltung, Förderung und nachhaltige Nutzung*. Vollständig überarbeitete Auflage, Schriftenreihe des Staatsbetriebes Sachsenforst, Heft 32, 76 S.

Wolf, H.; Liesebach, M.; Rogge, M.; Kätzel, R.; Paul, M. (2018): Die Genressourcen der Fichte erhalten und nutzen, Teil 1. *AFZ-DerWald* 73 (4): 10-13.

Wolf, H.; Liesebach, M.; Rogge, M.; Kätzel, R.; Paul, M. (2018): Die Genressourcen der Fichte erhalten und nutzen, Teil 2. *AFZ-DerWald* 73 (9): 10-12.

Yücedağ, C.; Özel, H. B.; Ayan, S.; Ducci, F.; Isajev, V.; Šeho, M. (2019): Growth characteristics of *Tilia tomentosa* Moench. from different districts in the regions of Marmara and Western Black Sea in Turkey. *Genetica* 51(2): 731-742.

Impressum

Herausgeberin

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Deichmanns Aue 29
53179 Bonn

Stand

Oktober 2024

Gestaltung

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Referat 611 – Behördenkommunikation

Bildnachweis

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Online-Bestellung

www.ble-medienservice.de

Diese Publikation wird von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung im Rahmen ihrer Öffentlichkeitsarbeit herausgegeben.

Die Publikation wird kostenlos abgegeben und ist nicht zum Verkauf bestimmt. Sie darf weder von Parteien noch von Wahlwerbenden oder Wahlhelfern während eines Wahlkampfes zum Zwecke der Wahlwerbung verwendet werden. Dies gilt für Bundestags-, Landtags- und Kommunalwahlen sowie für Wahlen zum Europäischen Parlament.



www.ble.de