

# Klimasensitivität von Buchenbeständen in Bayern - sensFORbeech

Muhidin Šeho, Devrim Semizer-Cuming, Barbara Fussi, Yves-Daniel Hoffmann, Gerhard Schmied, Enno Uhl, Karl-Heinz Mellert

*Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG), TU München, Lehrstuhl für Waldwachstumskunde*

## Hintergrund

Die Buche ist die wichtigste heimische Laubbaumart und wurde bis vor Kurzem noch als „sichere Bank“ im Klimawandel angesehen. Die gravierenden Schäden der letzten Trockenjahre, die nicht nur in den anfälligen Nadelholzbeständen, sondern auch bei der Buche eingetreten sind, haben die Forstwirtschaft aufgeschreckt und werfen die Frage auf, ob heimische und bewährte Herkünfte in Zeiten des Klimawandels tatsächlich noch die beste Wahl darstellen. Daher ist es unverzichtbar, zunächst zu prüfen, ob lokale bayerische Buchenherkünfte eine besondere Klimatoleranz aufweisen und zur Stabilisierung der Waldbestände verwendet werden können. Gemeinsam mit unserem Projektpartner der Technische Universität München – Lehrstuhl für Waldwachstumskunde (TUM-WWK) konnten im Rahmen von „senFORbeech“ nun die entsprechenden Standorte in Bayern verdichtet und mit neusten Methoden der Forstgenetik und der waldwachstumskundlichen Resilienzforschung untersucht werden. Das Projekt wurde durch das Bayerische Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten gefördert.

## Vorgehensweise

Für die Standortsstratifizierung und Auswahl von Untersuchungsbeständen werden Nischenmodelle verwendet, die anhand europäischer Forstinventurdaten mit makroökologischen Klimadaten (WorldClim) kalibriert wurden. Zur Stratifizierung wurde der mit einem Nischenmodell prognostizierte ökologische Raum in einen Optimums-, Intermediär- und Marginalbereich des künftigen Vorkommens aufgeteilt. Dabei wurde ein aus heutiger Sicht moderates Temperaturerhöhungsszenario (+2,5 °C gegenüber 1970 - 2000 vgl. EEA 2017) zugrunde gelegt. Die Wuchsgebiete 1 (Unterrainebene) und 4 (Fränkische Platte) bildeten die Hauptsuchkulisse für potenzielle Untersuchungsbestände. Die Ergebnisse der makroökologischen Modelle wurden mit lokalen Standortdaten abgeglichen, wobei der Wasserhaushalt und die Standortstrophie in wärmebegünstigten Gebieten und auf bodenbedingten Trockenstandorten zur Identifizierung solcher Bestände berücksichtigt wurden. In regionaler Nachbarschaft zueinander wurden Bestandspaare gebildet: ein Bestand auf mittleren Böden (marginaler Standort) und einer auf Böden mit geringer Wasserspeicherkapazität (submarginaler Standort). Auf diese Weise wurden 12 Bestände ermittelt und beprobt. Gleichzeitig wurden Genanalysen durchgeführt, Wachstums-, Zuwachs- und Resilienzparameter durch Jahrringanalysen gewonnen und der Boden unmittelbar neben dem beprobten Baum untersucht. Durch die interdisziplinäre Arbeitsweise können Zusammenhänge zwischen unterschiedlichen genetischen Merkmalen in den Blick genommen und die Reaktionsnormen innerhalb der untersuchten Baumart in Bezug auf relevante klimatische und bodenkundliche Faktoren erfasst werden.

## Projektziele

- Suche nach potenziellen klimaplastischen Saatguterntebeständen der Buche in Bayern anhand von Standortdaten und Nischenmodellen
- Auswahl und Beprobung entsprechender Bestände aus dem bay. Erntezulassungsregister und ggf. darüber hinaus im Staats-, Körperschafts- und Privatwald entlang eines definierten Standortgradienten (AWG)
- Untersuchung und Charakterisierung der Bestände mit modernen Verfahren der Genetik (AWG) und Dendroökologie (TUM-WWK)

## Erste Ergebnisse und Ausblick

Im Rahmen des Projektes konnten wichtige Erkenntnisse erzielt werden. Die Analyse der räumlich-genetischen Strukturen und genetischer Vielfaltsparameter wie genetische Vielfalt, Diversität und Differenzierung konnten erst nach Ende des Projekts fertiggestellt werden. Die untersuchten Buchenbestände zeigten keine räumlich-genetischen Strukturen, wie auch andere Studien mit einer vergleichbaren räumlichen Abdeckung zeigen. Die genetischen Vielfaltsparameter liegen im erwarteten Wertebereich und zeigten nur geringe Unterschiede zwischen den Beständen. Erste Analysen mit adaptiven Markern konnten erfolgreich durchgeführt werden. Dafür wurden SNP-Marker eingesetzt, die von Dr. Markus Müller und seinem Team im Rahmen des Projekts: „GenVarBuche - Genomweite genetische Variation bei der Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.) und ihre Assoziation mit Umweltvariablen und phänotypischen Merkmalen – Genetische Basis der Anpassung und Erhaltung anpassungsrelevanter Variation in Hinblick auf den Klimawandel“ entwickelt wurden. Die Ergebnisse zeigen signifikante Korrelationen der SNPs mit Umweltvariablen. SNP Nr. 1 und 10 sind die häufigsten Loci, die mit den Umweltvariablen korrelieren. Die signifikanten SNPs können mit Enzymen in Verbindung gebracht werden, die bei Pflanzenwachstum sowie dem Stoffwechsel, Akkumulation von Speicherproteinen, z. B. in Samen, aber auch bei der Mobilisierung von Speicherproteinen, eine Rolle spielen. Die retrospektive Studie liefert neue Einblicke in die Ursachen der Variabilität von Kronenschäden von Buchen nach wiederkehrendem, schwerem Trockenstress. Bei der Untersuchung der Wachstumsmuster von Buchen mit unterschiedlicher Kronenvitalität stellte sich ein abrupter Wachstumsrückgang von Bäumen heraus, welche im Sommer 2022 stark entlaubt waren. Dies ist als Reaktion auf die wiederholt ungünstigen Bedingungen ab 2018 zurückzuführen. Es wurden potenzielle Treiber der Variabilität der Kronenvitalität und des Wachstumsrückgangs untersucht und diese zeigten, dass kleinräumige Unterschiede im pflanzenverfügbaren Wasser und der Vitalität benachbarter Bäume wichtige Prädiktoren waren. Darüber hinaus wurde herausgefunden, dass eine reduzierte und asymmetrische Konkurrenz für die Baumvitalität und das relative Wachstum von Vorteil war. Insgesamt betonen die vorliegenden Ergebnisse einen kritischen Wachstumsrückgang von Buchen in Unterfranken und unterstreichen die Bedeutung von kleinräumigen Unterschieden in den Boden- und Bestandeseigenschaften für die Resistenz und Resilienz der Bäume. Es ist geplant, SNP-Daten von weiteren 18 Buchenpopulationen, die mit den gleichen adaptiven Markern analysiert wurde, bei der finalen Auswertung zu berücksichtigen und so die Ergebnisse aus Bayern zu überprüfen und zu erweitern.