

Die Schwarzkiefer aus zwei Populationen in Deutschland

Die Schwarzkiefer wird seit 1818 in Deutschland angebaut. Sie wird in Zeiten des Klimawandels zunehmend an Bedeutung gewinnen und schon jetzt als mögliche Alternative diskutiert [1, 2]. Entscheidend für den Anbauerfolg ist – wie bei allen heimischen und nicht heimischen Baumarten – die Wahl der geeigneten Herkunft. Zwischen den Schwarzkiefernherkünften gibt es deutliche Unterschiede im Wachstum und bei den qualitätsrelevanten Merkmalen [3].

TEXT: MUHIDIN ŠEHO, BRUNO FADY, ANNE ROIG, CAROLINE SCOTTI-SAINTAGNE

Nach dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) wird die Schwarzkiefer in drei Varietäten (847 varietas *austriaca*, 848 varietas *calabrica*, 849 varietas *corsicana*) eingeteilt. Dabei werden in Deutschland zwei Herkunftsgebiete (01 Norddeutsches Tiefland, 02 Süddeutschland) ausgewiesen. Eine Einteilung nach Unterarten wurde bisher nicht vorgenommen, sollte aber wegen des großen natürlichen Verbreitungsgebiets und der Anpassung der Populationen an die jeweils herrschenden Standorts- und Umweltbedingungen erfolgen.

Auch anhand von räumlich-genetischen Strukturen kann die Schwarzkiefer nach SCOTTI-SAINTAGNE et al. [4] in sechs Unterarten eingeteilt werden. Folgende Unterarten werden ausgewiesen: *Pinus nigra salzmannii*, *Pinus nigra laricio*, *Pinus nigra nigra*, *Pinus nigra pallasiana*, *Pinus nigra caramanica* und *Pinus nigra dalmatica*. *Pinus nigra caramanica* wird nach CAUDULLO et al. [5] der Unterart *Pinus nigra pallasiana* zugeordnet (Abb. 2).

In Bayern gibt es keine autochthonen Vorkommen, da Deutschland außerhalb des natürlichen Verbreitungsgebiets liegt. In Deutschland diente die Schwarzkiefer vor allem der Wiederbewaldung trockener Weidetriften, die sich häufig, aber nicht ausschließlich, auf Karbonatstandorten finden. Hierbei wurde die als frosthart geltende österreichische Schwarzkiefer (*Pinus nigra* ssp. *nigra*, var. *austriaca*) eingesetzt. Schwerpunkte liegen in Thüringen (Saaletal, Jena), im nördlichen Baden-Württemberg (Taubergrund) und auf der Fränkischen Platte in Unterfran-

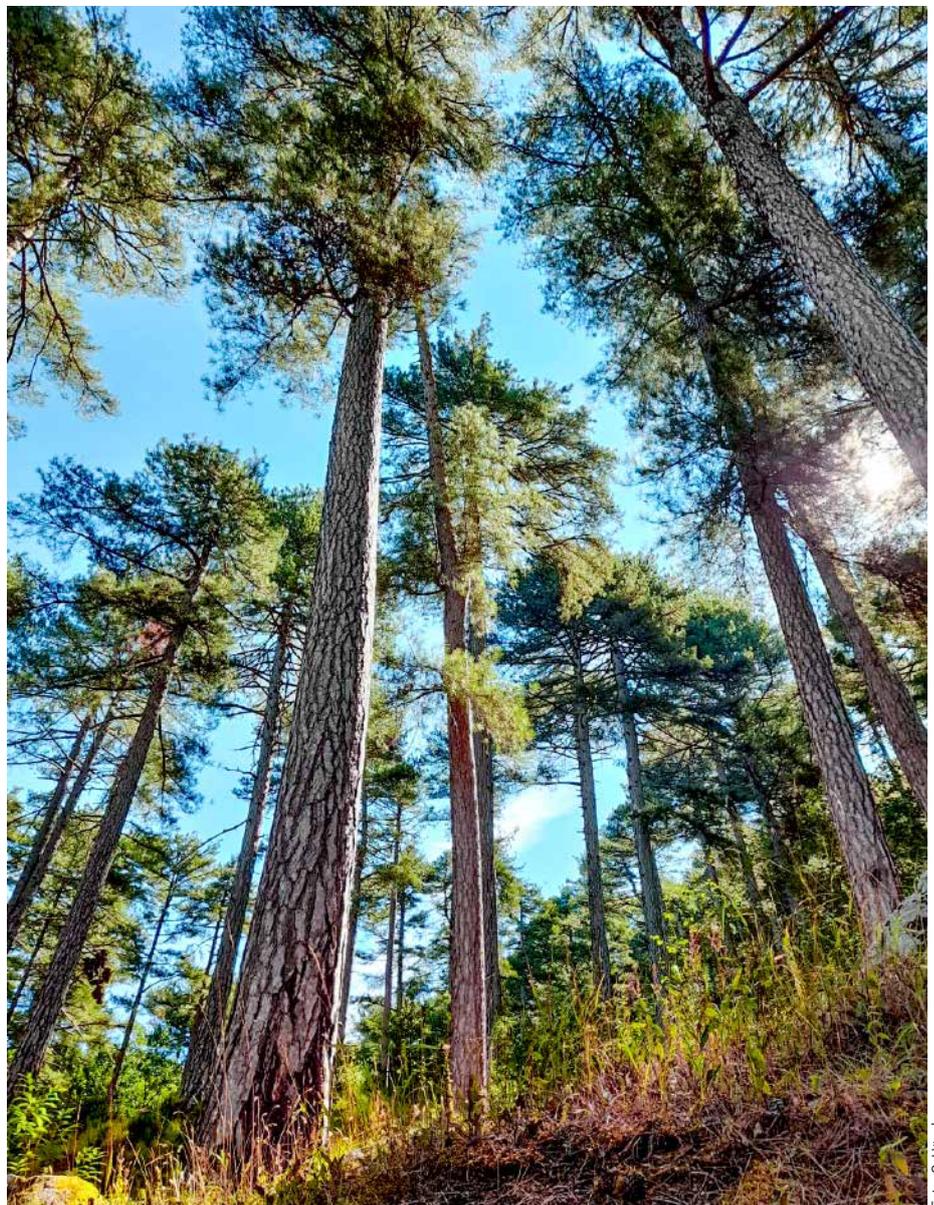


Foto: O. Hovelmann

Abb. 1: Die Schwarzkiefer wird im Klimawandel als Alternativbaumart diskutiert. Doch welche Unterarten eignen sich für welchen Standort?

Verbreitungsgebiet der Schwarzkiefer



Abb. 2: Natürliches Verbreitungsgebiet der Schwarzkiefer mit farblich markierten Unterarten nach [4]: **violett:** *Pinus nigra* subsp. *salzmannii*; **blau:** *Pinus nigra* subsp. *laricio*; **grün:** *Pinus nigra* subsp. *nigra*; **rot:** *Pinus nigra* subsp. *dalmatica*; **gelb:** *Pinus nigra* subsp. *pallasiana*

ken. Kleinere Schwarzkiefernplantagen sind in Bayern aus dem Fränkischen Jura oder der Münchner Schotterebene bekannt. Der Großteil der zugelassenen Erntebestände ist der Unterart *nigra* (var. *austriaca* – 847 02) zuzuordnen. Der Ursprung dieser Vorkommen dürfte in Österreich liegen, ist jedoch bei den meisten Beständen nicht dokumentiert. In den letzten Jahren zeigt sich neben den bekannten Waldschutzrisiken bei der Schwarzkiefer zunehmender Befall mit *Diplodia*-Triebsterben. Nach [6] kommt der Pilz nach der Trockenheit und befällt die geschwächten Koniferen. Bei Schwarzkiefern zeichnen sich bezüglich des Befalls erste Unterschiede ab, die mit der Trockenheitstoleranz einzelner Unterarten/Herkünfte zusammenhängen könnten.

Ziel dieses Gutachtens ist es, die in zwei verschiedenen Populationen in Deutschland (Bayern) gesammelten Proben mithilfe genetischer Profilierungsmethoden zu identifizieren, zu welcher Unterart und Varietät sie zugeordnet werden können. Diagnostische DNA-Marker [7] der verschiedenen Unterarten wurden verwendet, um jedes gesammelte Individuum der wahrscheinlichsten taxonomischen Identität zuzuordnen.

Probenahme

Die Probenahme an den 60 Bäumen wurde vom örtlichen Revierleiter in einem gepflanzten Waldbestand bei Leinach (L, Koordinaten 49.8508089 und 9.8108598) und auf einer Ver-

suchsfläche in Bayern durchgeführt. Das für diese Herkunft verwendete Pflanzmaterial wurde aus Saatgut der zugelassenen Samenplantage Mertenener Heide (P, Koordinaten 50.774722 und 6.811944) produziert. Mitte August 2021 wurde pro Baum ein Zweig gesammelt und an das französische nationale Institut für Landwirtschaft, Ernährung und Umwelt (INRAE), Abteilung für mediterrane Waldökologie (URFM), in Avignon, Frankreich, geschickt.

Genetische Analyse

Die von INRAE-URFM erhaltenen Proben wurden in Avignon aufbereitet, die DNA wurde mit Standardmethoden extrahiert [7]. Referenzproben von acht Bäumen wurden dem Genotypisierungssatz hinzugefügt, um einen Vergleich der Genotypisierungs-Reads mit der Referenzdatenbank zu ermöglichen.

Die 60 Individuen wurden durch die Methode des Längenpolymorphismus von 13 Mikrosatelliten-DNA-Markern gemäß dem in [7] beschriebenen Protokoll charakterisiert. Die resultierenden Genotypen wurden mit der URFM-Referenzdatenbank für Mikrosatelliten-

Schneller ÜBERBLICK

- » Die Schwarzkiefer wird zunehmend als mögliche Alternativbaumart im Klimawandel diskutiert [1, 2]
- » Die Wahl der richtigen Herkunft spielt dabei eine entscheidende Rolle für den Anbauerfolg
- » Anhand von räumlich-genetischen Strukturen kann die Schwarzkiefer in sechs Unterarten eingeteilt werden [4]
- » In der vorliegenden Untersuchung wurden die Varietäten *Pinus nigra nigra* var. *austriaca* und *Pinus nigra laricio* var. *calabrica* und *corsicana* verglichen

Genotypen von Schwarzkiefer verglichen, die repräsentative Individuen aller Schwarzkiefern-Unterarten enthält (Tab. 1, [4]). Zur weiteren Differenzierung werden die Unterarten *Pinus nigra pallasiana* und *Pinus nigra caramanica* separat behandelt.

Statistische Analysen

Es wurden vier unabhängige Methoden verwendet, um die räumlich-genetischen Muster zu beschreiben und darzustellen:

1. STRUCTURE,
2. GeneClass2 und
3. eine Hauptkomponentenanalyse (PCA), verdeutlicht durch das
4. Neighbor-Joining-Tree.

Die erste Zuordnungsmethode, die in der Software STRUCTURE [8] implementiert ist, basiert auf einem Bayes'schen Ansatz ohne vorgefasste Vorstellungen über die genetische Struktur der Individuen des Datensatzes. Es wurden mehrere Substruktur-niveaus getestet (von $k = 1$ bis $k = 14$; für jeden getesteten Wert von $K : 500.000$ Iterationen, 3 Wiederholungen). Die wahrscheinlichste Anzahl der genetischen Gruppen wurde anhand von zwei Kriterien ermittelt: dem Mittelwert des für jeden Wert von K berechneten Wahrscheinlichkeitsmaximums und dem Wert von ΔK [9].

Die zweite Zuordnungsmethode ist in der Software GeneClass2 [10] implementiert. Sie besteht darin, die Al-

Verwendete Unterarten

Tab. 1: Liste der in der genetischen Studie als Referenz verwendeten Unterarten (sub-species)

Unterarten (sub-species)	Provenances
<i>Pinus nigra</i> subsp. <i>laricio</i>	Korsika, Kalabrien
<i>Pinus nigra</i> subsp. <i>nigra</i>	Österreich, Rumänien
<i>Pinus nigra</i> subsp. <i>dalmatica</i>	Kroatien
<i>Pinus nigra</i> subsp. <i>pallasiana</i>	Zypern
<i>Pinus nigra</i> subsp. <i>caramanica</i>	Krim
<i>Pinus nigra</i> subsp. <i>salzmannii</i>	Frankreich

„Gerade bei trockenheits-toleranten nicht heimischen Baumarten wie Douglasie, Schwarzkiefer und Roteiche besteht Handlungsbedarf.“

MUHIDIN ŠEHO

lele der sechzig beprobten Bäume mit bekannten, für die Unterarten der Schwarzkiefer repräsentativen Referenzen zu vergleichen. Es wurde die Methode von [11] angewandt, um die Analyse durchzuführen. Das Ergebnis ist eine Zuordnungsstatistik (Score i, j in %; das ist das Verhältnis zwischen der Wahrscheinlichkeit von Baum i in der Referenzpopulation l und der Summe

der Wahrscheinlichkeiten über alle Referenzpopulationen). Für die Zuordnung eines Baum-Individuums zu einer Referenzpopulation wurde ein strenger Score von 95 % gewählt. Die Leistungsfähigkeit dieser Methode hängt stark von den verfügbaren Referenzpopulationen ab.

Die dritte Methode bestand aus einer Hauptkomponentenanalyse (PCA) und dem phylogenetischen Baum.

Die Hauptkomponentenanalyse (PCA) basiert auf Allelhäufigkeitsdaten, um die genetische Differenzierung zwischen allen beprobten Bäumen zusammenzufassen. Die Analyse fasst die Variation über die 13 Loci (212 Allele) zusammen und maximiert die Differenzierung der einzelnen Populationen auf den beiden ersten Achsen (Hauptkomponenten). Um die statistische Robustheit der erhaltenen Differenzierung zu bewerten, wurde dann der genetische Differenzierungsindex F_{st} unter Verwendung der Gleichungen von [12] berechnet und ein Neighbor-Joining-Tree mit dem R-Paket von ape erstellt.

Zuordnungsprüfung untersuchter Bäume

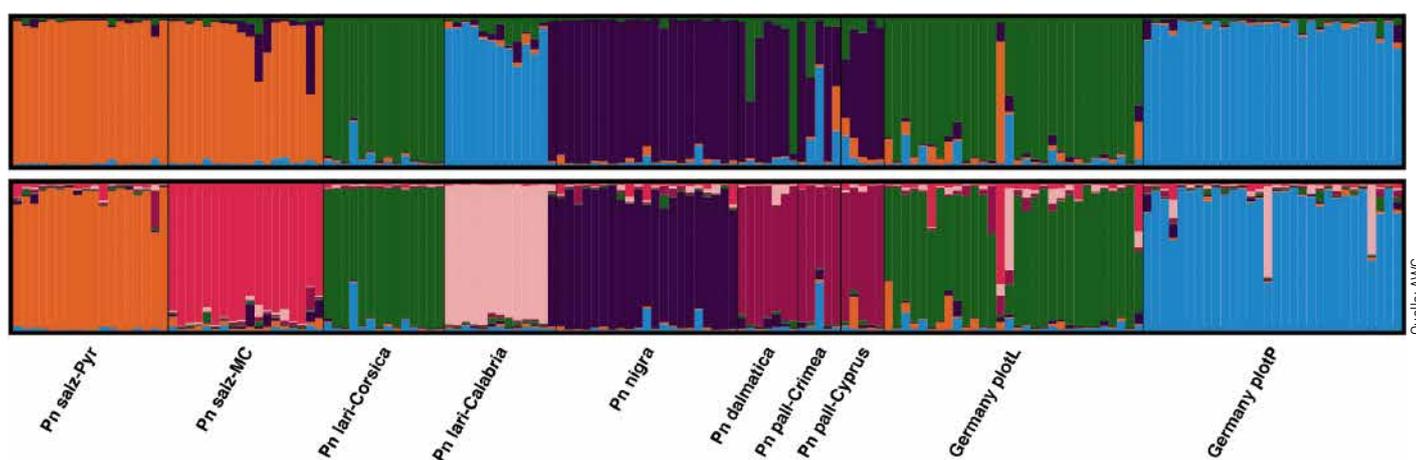
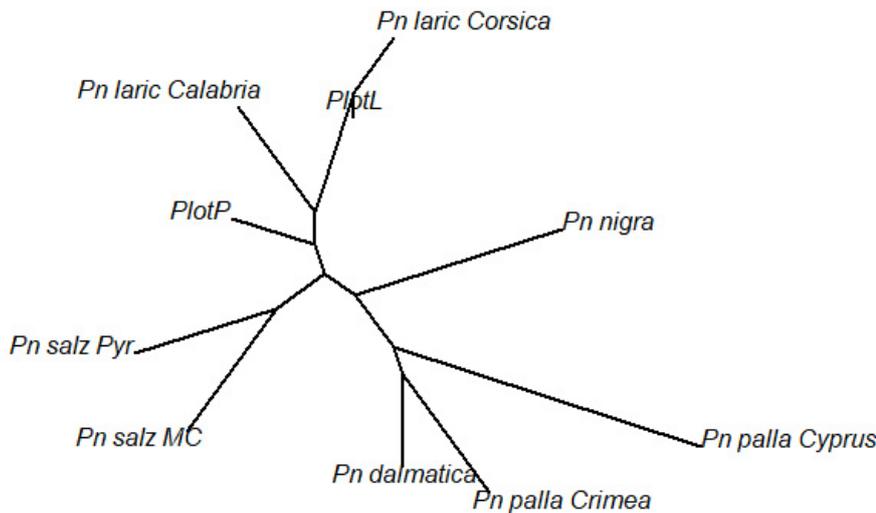


Abb. 3: Zuordnungsprüfung der untersuchten Bäume mit STRUCTURE für die zwei K -Werte K_4 (oben) und K_7 (unten), die in Deutschland beprobt wurden (Germany potL-Leinach, Germany plotP-Provenienz Mertener-Heide)

Neighbor-Joining-Tree unter Verwendung des R-Pakets ape



Quelle: AWG

Abb. 4: Die Distanzmatrix, die zur Erstellung des Baums verwendet wird, verwendet Fst, das mit den Gleichungen von [12] berechnet wurde.

Ergebnisse

Die wahrscheinlichste Anzahl der genetischen Cluster deutet darauf hin, dass $K = 4$ die wahrscheinlichste Anzahl von genetischen Gruppen ist. Das Vorhandensein einer kleinen Delta-K-Spitze bei $K = 7$ deutet auf das Vorhandensein einer zweiten Substruktur hin, die bei der Darstellung der Ergebnisse berücksichtigt wurde (Abb. 3).

Abb. 3 zeigt die genetische Zusammensetzung der 60 beprobten Bäume zusammen mit den Proben, die als Referenz aus der INRAE-URFM-Referenzdatenbank verwendet wurden. Jede Farbe steht für eine genetische Gruppe (vier Farben für $K = 4$, sieben für $K = 7$) und jeder vertikale Balken repräsentiert ein Individuum. Sie lassen sich zwei verschiedenen genetischen Gruppen zuordnen, wobei mehrere Bäume zwischen den Unterarten vermischt sind.

Für den Grad der Zugehörigkeit der zu bewertenden Individuen wurde ein strenger Schwellenwert von 0,8 verwendet, um Individuen ihrer taxonomischen Gruppe zuzuordnen, wie von [13] vorgeschlagen wird.

Die 60 Untersuchungsbäume lassen sich in zwei klare genetische Gruppen einteilen (Abb. 3). Die erste Gruppe von Bäumen (Leinach, Bäume 1 bis 30, in Blau) entspricht den in der Analyse verwendeten korsischen *Pinus nigra*-subsp.-*laricio*-Referenzen (robuste Ergebnisse sowohl für $K = 4$ als auch für $K = 7$). Die zweite Gruppe von Bäu-

men (Mertener-Heide, Bäume 31 bis 60, in Grün) entspricht den kalabrischen *Pinus nigra*-subsp.-*laricio*-Referenzen nur für $K = 4$. Die für $K = 7$ beobachtete Substruktur scheint auf eine kalabrische Herkunft hinzuweisen, die in den für die Studie verwendeten Referenzen nicht vertreten ist.

Von den 60 beprobten Bäumen waren 12 mutmaßliche Hybriden, wobei Baum L14_BM136 eng mit *Pinus nigra* subsp. *salzmannii* verwandt ist.

Für die grafische Darstellung der Ergebnisse wurde ein Neighbor-Joining-Tree verwendet. Abb. 4 zeigt, dass die geringste genetische Differenzierung zwischen Parzelle L (Leinach) und den Referenzpopulationen bei der korsischen *Pinus nigra*-subsp.-*laricio*-Gruppe liegt ($F_{st} = 0,01$; $F_{st} > 0,06$ bei anderen Referenzen). Die geringste genetische Differenzierung zwischen der Parzelle P (Mertener-Heide) und den Referenzpopulationen besteht bei der kalabrischen *Pinus nigra* subsp. *laricio*-Gruppe ($F_{st} = 0,06$; $F_{st} > 0,08$ bei anderen Referenzen).

Diskussion und Folgerungen

Die Schwarzkiefer wird zunehmend als mögliche Alternativbaumart im Klimawandel diskutiert [1, 2]. Die Wahl der richtigen Herkunft spielt dabei eine entscheidende Rolle für den Anbauerfolg. Anhand von räumlich-genetischen Strukturen kann die Schwarzkiefer in sechs Unterarten eingeteilt werden [4].

In der vorliegenden Untersuchung wurden die Varietäten *Pinus nigra nigra* var. *austriaca* und *Pinus nigra laricio* var. *calabrica* und *corsicana* verglichen. In verschiedenen Schwarzkiefer-Herkunftsversuchen konnten deutliche Unterschiede zwischen den Herkünften und Unterarten nachgewiesen werden [3, 14, 15, 16, 17].

In Deutschland werden nach FoVG für die Schwarzkiefer zwei Herkunftsgebiete ausgewiesen. Dabei werden zwei Unterarten und drei Varietäten berücksichtigt: Unterart *nigra*, var. *austriaca* (847) und Unterart *laricio*, var. *calabrica* und *corsicana* (848 und 849). Im Herkunftsgebiet 847 01 Norddeutsches Tiefland sind fünf Saatguterntebestände auf einer reduzierten Fläche von 10,2 ha und eine Samenplantage auf einer Fläche von 2,2 ha zugelassen. Im zweiten Herkunftsgebiet 847 02 Übriges Bundesgebiet sind 87 Saatguterntebestände auf einer Fläche von 483 ha zugelassen. Des Weiteren sind vier Samenplantagen auf einer Fläche von 4 ha zugelassen. Die meisten zugelassenen Ernteeinheiten werden der Unterart *nigra*, var. *austriaca* (847 02) zugeordnet. In beiden Herkunftsgebieten wurden nur einzelne Bestände der Unterart *laricio*, var. *calabrica* und *corsicana* (848 und 849) ausgewiesen.

Bei der Schwarzkiefer konnten in den letzten Jahren zunehmend Vitalitätsverluste durch den Befall mit *Diplodia*-Triebsterben beobachtet werden. Einzelne Herkünfte scheinen jedoch deutlich weniger Gefährdungen ausgesetzt. Im Leinacher Schwarzkieferwald wurden 30 Bäume beprobt, die keine Vitalitätsverluste zeigten. Daneben wurde eine Herkunft auf den Schwarzkiefern-Versuchsflächen beprobt, die sich durch ihr überdurchschnittliches Wachstum auszeichnet. Beide Populationen wurden bisher der *Pinus nigra nigra* zugeordnet. Bei beiden Populationen lag die Annahme vor, dass es sich um eine andere Unterart handelt, die mit den Trockenperioden der letzten Jahre besser zurechtkommt. Eine stichprobenartige Überprüfung von jeweils 30 Individuen sollte eine erste Übersicht liefern.

Die Ergebnisse der einzelnen taxonomischen Zuordnungen anhand der kombinierten Analyse ergaben, dass die 60 untersuchten Bäume größtenteils *Pinus*

nigra subsp. *laricio* zugeordnet werden können. Davon können 20 Bäume *Pinus nigra* subsp. *laricio* aus Korsika zugeordnet werden, 28 Bäume einer unbekannteren Herkunft von *Pinus nigra* subsp. *laricio*, wahrscheinlich aus Kalabrien und 12 Bäume sind mutmaßlich Hybriden. Die beiden Bestände, aus denen die Proben in Bayern gesammelt wurden, bilden zwei unterschiedliche genetische Gruppen, wobei Leinach eine allgemeine Verbindung zur korsischen Schwarzkiefernunterart *Pinus nigra* subsp. *laricio* var. *corsicana* und Mertener-Heide eine allgemeine Verbindung zur kalabrischen Schwarzkiefernunterart *Pinus nigra* subsp. *laricio* var. *calabrica* aufweist.

Eine mögliche Erklärung für dieses Ergebnis ist, dass die Plusbäume, die zur Anlage der beiden untersuchten Waldbestände verwendet wurden,

Literaturhinweise:

Download des Literaturverzeichnisses in der digitalen Ausgabe von AFZ-DerWald (<https://www.digitalmagazin.de/marken/afz-derwald>) sowie unter: www.forstpraxis.de/downloads

in einem oder mehreren Arboreten standen oder selbst bereits vermischt waren. Beide Ernteeinheiten sollten vollständig untersucht werden. Nach dem Vorliegen der Ergebnisse sollte über die weiteren Schritte mit den zuständigen Landesstellen nach FoVG beraten werden. Gerade bei trockenheitstoleranten nicht heimischen Baumarten (z. B. Douglasie, Schwarzkiefer, Roteiche) besteht Handlungsbedarf und es sollte eine genetische Überprüfung der zugelassenen Ernteeinheiten erfolgen. Neben der taxonomischen Zuordnung sollten die Bestände eine hohe genetische Vielfalt und Diversität aufweisen, damit eine Anpassung an die sich schnell ändernden Klimabedingungen erfolgen kann.

Beim Anbau der Schwarzkiefer sollte hochwertiges und herkunftssicheres Vermehrungsgut verwendet werden. Vor allem Vermehrungsgut der Kategorien „Geprüft“ und „Qualifiziert“, das aus Samenplantagen und Saatguterntebeständen stammt und am Markt verfügbar ist, sollte stärker genutzt werden. Für die Unterarten *nigra* und *laricio* sind ent-

sprechende Saatgutquellen in Deutschland und Frankreich vorhanden. In Bayern werden diese bereits in den neuen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen empfohlen und können verwendet werden.



Dr. Muhidin Šeho

muhidin.seho@awg.bayern.de

ist Leiter des Sachgebiets „Erhalten und Nutzen forstlicher Genressourcen“ beim Bayerischen Amt für Waldgenetik (AWG).

Bruno Fady, Anne Roig und **Caroline Scotti-Saintagne** arbeiten am INRAE-URFM in Frankreich. Ihr Spezialgebiet ist die Erforschung und Erhaltung der genetischen Vielfalt von Waldbäumen.

Pflanzmaschine



Große Demotour | Naturnah aufforsten und wiederbewalden

Nach dem großen Erfolg mit über 1.000 Besuchern im Rahmen der Demotour im letzten Jahr, setzen wir unsere Demotour 2024 fort. Der Moritz ist die Basis für naturnahes und nachhaltiges Aufforsten. Von der Flächenvorbereitung über die Saat sowie Pflanzung bis hin zur Pflege der Flächen überzeugt der ferngesteuerte Geräteträger mit seinen Möglichkeiten.

Die Forstraupe Moritz live im Einsatz:

- Forstfräse MAX
- Sä-Streifenfräse mit Pflug-Modul **NEU**
- Container-Pflanzmaschine Plantomat

28.02. - 07.03.2024

Informationen und Anmeldung unter:
www.pfanzelt.com



Forstfräse MAX



Sä-Streifenfräse

