

Bewertung von Erntebeständen der Hainbuche in Bayern

Die Hainbuche (*Carpinus betulus*) kommt in Bayern fast flächendeckend vor. Sie besiedelt ein breites Standortsspektrum, ist in höheren Lagen aber nicht anzutreffen. Im Rahmen des Projekts AcCarTi wurden jetzt 20 Bestände der Hainbuche in Bayern genetisch untersucht. Die ersten Ergebnisse zu den genetischen Vielfaltsparametern und die räumlich-genetische Struktur zwischen den zugelassenen und neuen Erntebeständen werden nachfolgend vorgestellt.

TEXT: DARIUS KAVALIAUSKAS, BERNHARD RAU, BARBARA FUSSI, MUHIDIN ŠEHO



Foto: B. Rau

Abb. 1: Schöne Schaftform eines Hainbuchen-Plusbaums

Die Hainbuche hat ein großes natürliches Verbreitungsgebiet in Mitteleuropa, von den Pyrenäen über einen südöstlichen Teil von England nach Dänemark und Südschweden, wo sie ihren nördlichsten Arealpunkt erreicht. Im Osten verläuft ihre Grenze durch Litauen, die Ukraine und Bulgarien bis ans Schwarze Meer, wobei sie aber süd-

liche und westliche Teile der Ukraine bzw. Rumäniens ausspart. Sie kommt im Kaukasus und im Elbrus-Gebirge sowie in der nördlichen Türkei entlang der Schwarzmeerküste vor. Im Elbrus-Gebirge steigt die Hainbuche sogar bis auf 2.300 m ü. NN. Die südliche Grenze bilden das nördliche Griechenland und der Süden Italiens [1].

In Bayern kommt sie fast flächendeckend vor, die höchsten Populationsdichten ihrer Verbreitung erreicht sie im Spessart-Odenwald, auf der Fränkischen Platte, im Fränkischen Keuper und Jura sowie in den wassergeprägten Lagen des Tertiären Hügellandes und der Schotterplatten- und Altmoränenlandschaft. Sie besitzt eine sehr weite Standortamplitude, fehlt aber in den höheren Lagen der Alpen und der ostbayerischen Mittelgebirge [2]. In den Alpen steigt die Hainbuche bis auf 1.100 m ü. NN und im Bayerischen Wald bis auf 700 m ü. NN. Die Hainbuche erreicht Baumhöhen von 28 m (Boratynski [1] berichtet von 32 m im polnischen Nationalpark Bialowieza und von 35 m im Kaukasus bei ca. 100 cm Brusthöhendurchmesser). Sehr häufig tritt ein unregelmäßiger Verlauf des Stammquerschnitts auf: die sogenannte Spannrückigkeit. Zieht sich diese bis in den oberen Bereich des Stammes, wird das oft als Holzfehler gewertet und Wertholz kann ausgeschlossen werden. In Herkunftsversuchen der niedersächsischen forstlichen Versuchsanstalt konnten erste Unterschiede beobachtet werden, wobei die Formeigenschaften sehr stark variierten [12].

Die Hainbuche ist vor allem eine wichtige Nebenbaumart, die wegen ihrer Schattenerträglichkeit, Wärme- und Trockenheitstoleranz und bodenverbessernden Eigenschaften gerne zur Eiche begründet wird. Ihre Wuchsleistungen bleiben hinter denen der Rotbuche und der Eiche zurück. Sie kann durchaus 150 bis 300 Jahre alt werden.

In Bayern zählt die Hainbuche zu den seltenen Laubböhlzern, die einen An-

teil von 5 % einnehmen. Daran ist sie nach Birke (25 %) und Schwarzerle (19 %) mit 14 % an dritter Stelle beteiligt [3]. Sie ist eine Baumart des subatlantischen bis subkontinentalen Klimabereichs, die ein sommerwarmes Klima bevorzugt. Im Winter erträgt sie an ihrer nördlichen und östlichen Grenze der Verbreitung Temperaturen bis -30 °C. Die durchschnittliche Temperatur im Januar beträgt für sie ca. -3 °C. Im Vergleich zur Buche erträgt sie etwas höhere Temperaturen von Juni bis August und bevorzugt eine stärkere kontinentale Tönung [2].

Die Hainbuche ist eine der wichtigsten Komponenten des Eichen-Linden-Hainbuchenwalds, sei es als Nebenbaumart oder in der herrschenden Schicht. Des Weiteren ist sie in vielen artenreichen Laubwald- oder Nadel-/Laubwaldgesellschaften vertreten.

Was im Rahmen des Projekts AcCarTi untersucht wurde

Das Ziel des Projekts AcCarTi war es, die Herkunftsempfehlungen und Herkunftsgebiete für die Baumarten Spitzahorn (*Acer platanoides*), Hainbuche und Sommerlinde (*Tilia platyphyllos* Scop.) auf genetischer Grundlage zu überarbeiten, um die Erntebasis zur Deckung des zukünftigen Bedarfs an Vermehrungsgut zu verbessern. Bei den ausgewiesenen Saatguterntebeständen ist eine deutliche räumliche Gruppierung zu erkennen: Im Norden, im Schwerpunkt der natürlichen Verbreitung, liegen auch die meisten Erntebestände.

Für die Hainbuche gibt es in Bayern 39 zugelassene Erntebestände (Stand Dezember 2021), von denen nur der Bestand 1-Lautertal im Herkunftsgebiet (HKG 03) liegt. Alle anderen Bestände liegen im HKG 04. Von diesen wurden 37 Bestände begangen und bewertet. Neben den 12 beprobten Beständen aus dem HKG 04 konnte auch der einzige Bestand aus dem HKG 03 (1-Lautertal) beprobt werden. Für die Baumart *Carpinus betulus* sind nach Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) ein Mindestalter von 50 Jahren und eine Mindestbaumzahl von 20 Bäumen vorgegeben, wovon 10 Bäume beerntbar sein sollen. Unter den beprobten Erntebeständen befanden sich zwei DKV-Sonderherkünfte: 17-Elchingen (Egualb) und 18-Finnin- gen (Riesalb).

„Die genetische Charakterisierung soll einen Überblick über die genetische Variabilität ermöglichen und räumlich-genetische Muster in Bayern aufzeigen.“

DARIUS KAVALIAUSKAS

In bestimmten Wuchsbezirken (WB), in denen keine oder wenige Ernteeinheiten liegen, konnten neue Vorkommen gefunden und beprobt werden, wie z. B. Wuchsgebiet (WG) 5 Fränkischer Keuper und Albvorland: 11-Forchheim (WB 5.5), 13-Puschen- dorf (WB 5.6) und 14-Arberg (WB 5.8). Ebenso der WB 6.2 Südl. Oberpfälzer Jura mit 15-Kelheim, der Teilwuchs- bezirk (TWB) 2.2/3 Mainspessart mit 9-Eschau und der TWB 14.4/2 Inn- Jungmoräne mit 19-Großkarolinen- feld. Hier konnte in Vorkommensgebie- ten ohne Erntebestände die Erntebasis

bei der Hainbuche verbessert werden. Leider gibt es im ostbayerischen Be- reich (HKG 03) noch eine unzureichen- de Ausstattung an Erntebeständen. Für eine mögliche Anlage einer ersten Sa- menplantage in Bayern konnten vor- erst 77 Plusbäume ausgewählt werden (Tab. 1).

Bei der Hainbuche wurden Blattpro- ben gewonnen und in einem Labor in der Schweiz analysiert. Aufgrund der zahlreichen vorhandenen Individuen konnte die Probenzahl von 50 Bäumen immer erreicht werden.

Nach folgenden Kriterien wurden Be- stände gesucht, ausgewählt und beprobt:

- *Mindestens 50 Bäume, davon mindes- tens 10 für die Saatguternte geeignet*
- *mindestens BHD > 20 cm oder Blüh- reife*
- *gute Vitalität und mittlere/gute Quali- tät*
- *Abstand zu schlecht veranlagten Beständen mind. 400 m*
- *die Vorkommen sollten autochthon oder bekannten Ursprungs sein*

In den Jahren 2021 und 2022 zeigten die untersuchten Vorkommen keine ausge- prägten Merkmale einer nachlassenden Vitalität durch Trockenheit, Insekten- oder Pilzschäden oder hohe Temperatu- ren. Bei der Rotbuche hingegen waren des Öfteren entsprechende Symptome zu erkennen, v. a. in Regionen, in denen auch in den Jahren zuvor Absterbeer- scheinungen aufgetreten sind.

Typische Bestände v. a. in Ober- und Unterfranken waren Eichen-Hainbu- chenbestände mit Mischbaumarten von Ahorn, Linde, Buche, Elsbeere, Kir- sche, Esche oder auch gepflanztem Na- delholz. In diesen Beständen hatte die Hainbuche überwiegend eine dienende Funktion zur Schaft- und Bodenpflege. Durch eine zunehmende Orientierung in der Pflege hin zu trockentoleran- ten Mischbaumarten wurden gute In- dividuen immer wieder begünstigt und gefördert. Im Ergebnis konnten diese Bäume in die Oberschicht mitwachsen. Die qualitativ gut veranlagten Stämme konnten auch an Dimension zulegen. Dauerte diese Phase der Hainbuchen- pflege schon eine längere Zeit an, gab es hier auch die besten Exemplare zu bewundern (Abb. 1).

Wenn Bestände für die Beprobung nicht ausgewählt wurden, waren in den meisten Fällen zu wenige Hainbuchen

Schneller ÜBERBLICK

- » **Im Rahmen des Projekts AcCarTi wur- den 20 Bestände der Hainbuche in Bayern genetisch untersucht**
- » **Für die genetischen Analysen werden 15 neu entwickelte Kernmikrosatelli- tenmarker verwendet**
- » **Erste Ergebnisse zu genetischen Viel- faldparametern sowie die räumlich- genetische Struktur zwischen den zugelassenen und neuen Erntebestän- den werden dargestellt**
- » **Ernte- und Erhaltungsbestände wer- den für Bayern empfohlen**

Vorkommen der Hainbuche

Tab. 1: Übersicht über die beprobten Vorkommen der Hainbuche

Nr.	Ort	Waldbesitzer	Anzahl Probebäume	Größe des Bestandes [ha]	reduz. Fläche [ha]	Anteil %	Anzahl > BHD 20	WB	Höhenlage	Alter	Plusbäume
1	Lautertal	SW	50	5,7	3,5	61,4	> 150	7.1	430-450	130	3
2	Sulzdorf	KW	50	34,8	8,0	23,0	> 200	5.4	370-410	70-160	4
3	Gräfendorf	PW	50	29,3	1,6	5,5	> 250	3.1/1	300-310	70-100	3
4	Sailershausen	PW	50	113,8	13,6	12,0	> 400	4.1	330-360	70-170	4
5	Karlstein am Main	PW	50	29,5	6,6	22,4	> 200	1.1	110-115	100-150	2
6	Karlstadt	KW	50	35,4	10,6	29,9	> 300	4.2	300-340	75-150	3
7	Bamberg	SW	50	8,5	3,0	35,3	> 250	5.7	250-280	100-120	2
8	Würzburg	SW	50	78,1	12,0	15,4	> 300	4.2	245-300	130	6
9	Eschau	KW	50	7,2	1,8	25,0	150	2.2/3	193-220	100-120	5
10	Ebrach	SW	50	32,8	5,2	15,9	> 250	5.2	350-400	80- 90	5
11	Forchheim	SW	50	13,5	4,0	29,6	250	5.5	260-270	90-110	6
12	Riedenheim	SW	50	23,2	4,0	17,2	> 200	4.2	320	140	7
13	Puschendorf	KW	50	3,5	0,9	25,7	> 100	5.6	320-360	100-120	4
14	Arberg	SW	50	10,0	1,5	15,0	150	5.8	450-485	90-110	4
15	Kelheim	SW	50	3,7	1,5	40,5	60	6.2	440-465	70- 90	3
16	Passau	SW	50	1,8	0,5	27,8	50	12.9/3	355-370	130	2
17	Elchingen DKV	SW	50	23,7	1,0	4,2	> 130	12.1	340-360	110	4
18	Finningen DKV	SW	50	28,5	3,0	10,5	> 250	6.3	470-550	100-120	4
19	Großkarolinenfeld	PW	50	2,7	0,4	14,8	80	14.4/2	475	bis 120	1
20	Freilassing	SW	50	28,5	2,7	9,5	> 250	14.4/3	410-420	70-150	7
	Summe			514,2	85,4	16,6				Summe	79

vorhanden. Andererseits wurde auch auf eine ausgeglichene räumliche Verteilung über die Vorkommensgebiete geachtet, sodass benachbarte Bestände nicht ausgewählt wurden.

Viele Hainbuchen-Vorkommen entstanden aus ehemaligen Stockausschlägen, die z. T. noch erkennbar waren. Diese Praxis der Nieder- und Mittel-

waldbewirtschaftung hat Baumarten wie Hainbuche, Feldahorn, Hasel oder Linde begünstigt. Hier war die Hainbuche oft mit hohen Anteilen in Gruppengröße beteiligt. Bestandesweise Ausformungen konnten auch festgestellt werden, waren aber vergleichsweise selten. In den allermeisten Fällen ist die Hainbuche einzeln bis truppweise beigemischt.

Die Hainbuche kann sich in vielen Beständen sehr gut natürlich verjüngen. Eine erhöhte Verbissbelastung mit einer Präferenz für die Hainbuche war nicht zu erkennen.

Auf schwierigeren Standorten mit einer stauenden Schicht wie z. B. auf Pseudogley findet die Hainbuche, meist zusammen mit der Eiche, auch noch ihre Anwendung, da sie die oberen Schichten intensiv durchwurzelt und sogar mit einigen wenigen Wurzeln in den stauenden Horizont eindringt.

Genetik

Begutachtung und Beprobung der Vorkommen

Um die genetischen Strukturen eines Vorkommens möglichst repräsentativ zu erfassen, wurde eine Stichprobe von 50 Bäumen pro Vorkommen für die genetische Untersuchung ausgewählt, die rasterförmig über das Vorkommen verteilt sind. Die relativ hohen Probenzahlen sind wichtig, um die genetischen Parameter (Struktur, Vielfalt und Diversität) richtig

Genetische Variationsparameter

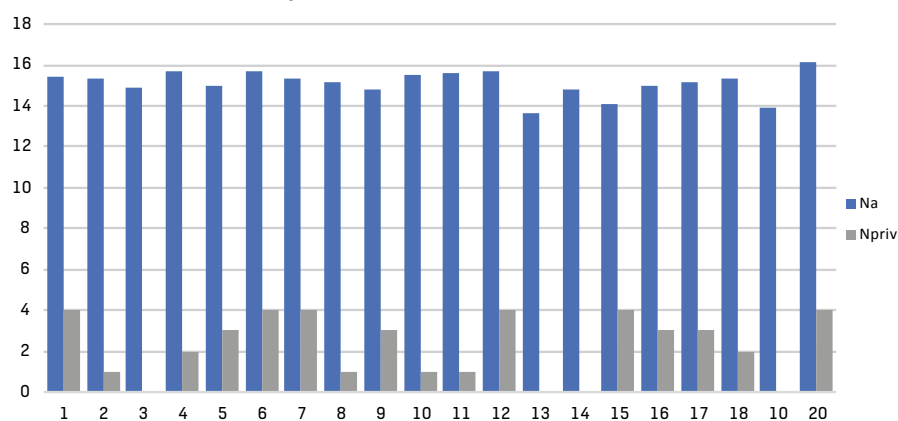


Abb. 2: Übersicht der genetischen Variationsparameter für die analysierten Vorkommen im Vergleich; N = Anzahl untersuchter Individuen; Na: genetische Vielfalt (mittlere Anzahl der Allele); Npriv: Anzahl der privaten Allele (R-Paket „polysat“)

Grafik: AWG

Genetische Strukturen untersuchter Hainbuchenvorkommen

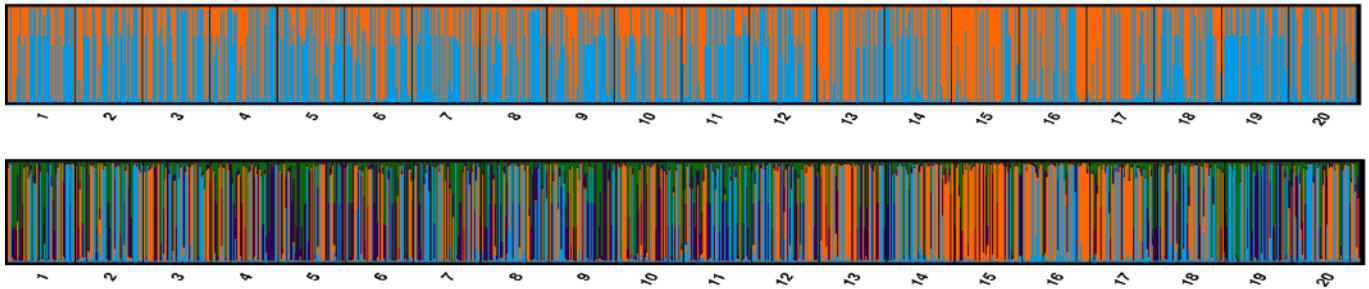


Abb. 3: Histogramm der genetischen Strukturen der 20 Hainbuchenvorkommen in Bayern, ermittelt mit dem Programm STRUCTURE 2.3.4. und basierend auf der Bayesschen Clusterbildung

Grafik: AWG

interpretieren zu können. Vor den Beprobungen der Vorkommen wurde die Zustimmung der Waldbesitzenden eingeholt. In den Fällen, in denen ein Vorkommen auf mehrere Waldbesitzer verteilt ist, wurde das Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG) bei der Einholung der Zustimmungen durch die zuständigen Revierleiter der Ämter für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten (AELF) unterstützt. Bei Beprobungen in Naturschutzgebieten wurde vorab eine Ausnahme genehmigung der jeweiligen höheren Naturschutzbehörde beantragt und die untere Naturschutzbehörde informiert.

Ergebnisse der genetischen Analysen an Hainbuche

Die genetische Charakterisierung soll einen Überblick über die genetische Variabilität ermöglichen sowie räumlich-genetische Muster in Bayern aufzeigen. Daraus sollen Empfehlungen

für Maßnahmen zur Erhaltung und Nutzung dieser Baumart abgeleitet werden. 15 neu entwickelte DNA-Marker (Mittelberg et al., Thünen-Institut, unveröffentlicht) wurden erstmals für eine populationsgenetische Untersuchung der Hainbuche in Bayern eingesetzt. Da die Hainbuche eine oktaploide (= einen achtfachen Chromosomensatz enthaltende) Baumart ist, ist die Bewertung ihrer genetischen Variation und Struktur nicht so einfach wie bei anderen, diploiden Baumarten wie z. B. der Sommerlinde. Im Rahmen dieser Arbeit werden die ersten Ergebnisse der genetischen Variationsstudie der Hainbuche in Bayern vorgestellt. Die Anzahl der Allele (N_a) schwankte zwischen 13,67 (Population 13-Puschendorf) und 16,13 (Population 20-Freilassing) mit einem Gesamtdurchschnitt von $N_a = 15,1$.

Die höchste Anzahl an privaten Allelen wurde in den Populationen 1-Lautertal, 6-Karlstadt, 7-Bamberg, 12-Riedenheim, 15-Kelheim, 20-Freilassing ($N_{priv} = 4$) beobachtet (Abb. 2).

Räumlich-genetische Strukturen

Zur Bestimmung möglicher Cluster bzw. Gruppierungen (K) zwischen den untersuchten Populationen wurden der modellbasierte Cluster-Algorithmus im Programm STRUCTURE [4] und die empirische Statistik ΔK genutzt ([5], implementiert im Programm CLUMPAK [6]).

Durch das Programm wurde ein maximaler ΔK -Wert von rund 20,986 bei einem Gruppierungswert von 2 erreicht. Demnach können die 20 Populationen höchstwahrscheinlich in zwei Gruppen eingeteilt werden, jedoch ohne einen eindeutigen räumlichen Gradienten. Die nächste relevante Gruppierung wird bei einem $\Delta K = 8,524$ und vier Clustern $K = 4$ definiert (Abb. 3).

Die Ergebnisse der genetischen Distanz wurden anhand des paarweisen genetischen Abstands basierend auf Jost [9] berechnet. Die Populationen (1 bis 12) im Norden Bayerns scheinen sich untereinander kaum zu unterscheiden. Im Gegensatz dazu weisen die Populationen im Süden eine gewisse genetische Distanz auf. Besonders der paarweise genetische Abstand bei den Beständen 13 und 19 fällt dabei auf.

Folgerungen

Die Hainbuche hat ein großes natürliches Verbreitungsgebiet in Mitteleuropa, mit Verbreitungsschwerpunkt im mitteleuropäischen Tief- und Hügelland.

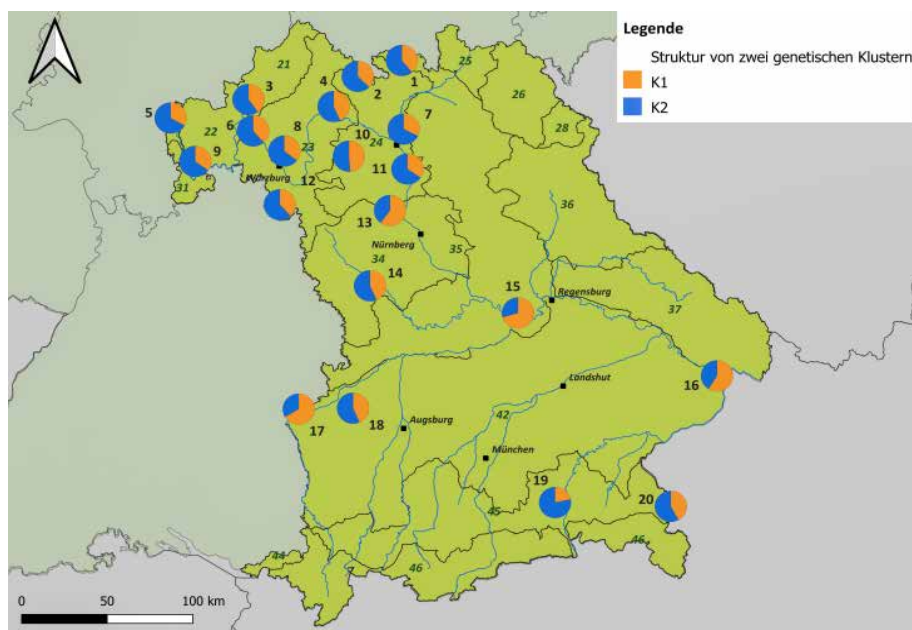


Abb. 4: Verteilung der räumlich-genetischen Strukturen in Bayern

Quelle: AWG

land. In Bayern kommt sie flächen-
deckend vor.

Für den Klimawandel ist die Prog-
nose der Hainbuche durchaus posi-
tiv. Durch die Erwärmung in höheren
Lagen, wie z. B. im Bayerischen Wald,
könnte sich eine Erweiterung des Are-
als ergeben. Aber auch in den trocken-
warmen Gebieten in Bayern bleibt die
Hainbuche eine relativ risikoarme Op-
tion [2]. Sie wurde bisher hauptsäch-
lich als dienende Baumart zur Schaft-
pflege verwendet. Die Hainbuche
kommt mit einer Vielzahl unterschied-
licher Standorte zurecht. Wegen ihrer
Schattenerträglichkeit, Sommerwär-
me- und Trockenheitstoleranz sowie ih-
rer bodenverbessernden Eigenschaften
wird sie zunehmend als Alternativ-
baumart diskutiert. Durch die Erwei-
terung der Baumartenpalette kann das
Risiko gestreut und auf mehrere Baum-
arten verteilt werden.

Im Rahmen des AcCarTi-Projekts
wurden 20 Hainbuchen-Vorkommen
für genetische Untersuchungen ausge-
wählt. Die im Auftrag des Thünen-Ins-
tituts und des AWG neu entwickelten 15
DNA-Marker wurden erstmals für eine
populationsgenetische Untersuchung
der Hainbuche in Bayern eingesetzt.

Da die Hainbuche eine oktaploide
Baumart ist, ist die Bewertung ihrer ge-
netischen Variation und Struktur nicht
so einfach, daher werden hier erste Er-
gebnisse der genetischen Variations-
studie der Hainbuche in Bayern vor-
gestellt, die in weiteren bundesweiten
Studien verwendet werden sollten.

Die Anzahl der Allele (Na) lag im
Mittel bei 15 und schwankte nicht
sehr stark. Private Allele waren eben-
falls recht gleichmäßig über Bayern
verteilt. Diese Ergebnisse zur Hainbu-
che zeigen, dass die genetische Viel-
falt aller beprobten Bestände recht
hoch war und sowohl die bereits zuge-
lassenen als auch die neu vorgeschla-
genen Saatguterntebestände aus ge-
netischer Sicht geeignet sind und als
Erhaltungs- und Erntebestände ge-
nutzt werden können.

Die Analyse des paarweisen geneti-

schen Abstands ergab geringe Distan-
zen zwischen den Populationen, wo-
bei die Bestände im Norden einander
ähnlicher sind. Die Bestände 13, 15,
16 und 19 wiesen eine höhere geneti-
sche Distanz zu mehreren untersuch-
ten Beständen auf. Die Ergebnisse der
Populationsdifferenzierung zeigten
eine leichte Gruppierung in zwei Clus-
ter, ohne eine eindeutige geografische
Gliederung. Bei der Auswahl von Er-
haltungsbeständen sollten diese Be-
stände berücksichtigt werden.

Für eine detailliertere DNA-basier-
te Bewertung wäre es jedoch sinnvoll,
mehr Hainbuchenpopulationen in ganz
Deutschland zu beproben und die ge-
netische Vielfalt und Struktur in ei-
nem größeren Bereich zu vergleichen.
Diese umfassendere Studie über die
Hainbuche wird derzeit in Zusammen-
arbeit mit dem Thünen-Institut durch-
geführt.

**Die Förderung des Projektes erfolgt
durch das Bayerische Staatsministe-
rium für Ernährung, Landwirtschaft
und Forsten (StMELF) über das Kura-
torium für forstliche Forschung.**

**Der Dank der Autoren gilt allen Kolle-
gen von den Bayerischen Staatsfor-
sten (BaySF) und den Ämtern für
Ernährung, Landwirtschaft und For-
sten (AELF) für die Unterstützung bei
der Meldung von neuen Populationen
und weiteren Arbeiten vor Ort. Den
Kolleginnen von der Amtsverwaltung
danken sie für die Unterstützung bei
der Abwicklung des Projektes.**



Dr. Darius Kavaliauskas
muhidin.seho@awg.bayern.de
und **Bernhard Rau** sind Mitarbeiter, **Dr. Bar-
bara Fussi** ist Leiterin des Sachgebiets
Angewandte forstgenetische Forschung
beim Bayerischen Amt für Waldgenetik
(AWG). **Dr. Muhidin Šeho** ist Leiter des
Sachgebiets Erhalten und Nutzen forstlicher
Genressourcen.

Literaturhinweise:

Download des Literaturverzeichnisses in der digi-
talen Ausgabe von AFZ-DerWald ([https://www.
digitalmagazin.de/marken/afz-derwald](https://www.digitalmagazin.de/marken/afz-derwald)) sowie
unter: www.forstpraxis.de/downloads



DIE BUCKSHÜLLE

EINE BIOBASIERTE &
BIOLOGISCH ABBAUBARE
BAUMWUCHSHÜLLE



✓ einfache Handhabung dank
geringem Gewicht von nur
130 g je Buckshülle

✓ die Montage erfolgt in unter
30 Sekunden ohne Hilfsmittel

✓ besteht aus nachwachsendem
& biobasiertem Material

✓ Pflanze wird ausreichend mit
Licht und Sauerstoff versorgt

✓ Hülle ist in mehreren Längen
erhältlich (90, 120, 180 cm)

KONTAKT

Buck GmbH & Co. KG
Benzstraße 1, 71149 Bondorf
+49 (0) 7457 / 9457 0
info@buck-tsp.com
www.buck-tsp.com

