



## Im Rahmen des Waldklimafonds gefördertes Projekt:

**Projektname:** Einrichtung eines genetischen Monitorings für Buche und Fichte in Deutschland zur Bewertung der genetischen Anpassungsfähigkeit der Baumarten gegenüber Umweltveränderungen

**Kurzname (Akronym):** GenMon  
**Förderkennzeichen:** 28WC4092

**Projektkoordinator:** Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP), Teisendorf

**Projektpartner:** Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde  
Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Freiburg  
Landesforst Mecklenburg-Vorpommern, Betriebsteil Forstplanung, Versuchswesen  
Forstliche Informationssysteme, Schwerin  
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen  
Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft, Ref.6.1 FB Nachhaltige  
Waldbewirtschaftung, FG Waldwachstum & FG Forstl. Genressourcen & Forstl.  
Genressourcenzentrum (FoGZ), Trippstadt  
Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Graupa  
Thüringen Forst – Forstliches Forschungs- und Kompetenzzentrum Gotha (FFK  
Gotha)  
ISOGEN am Institut für Forstgenetik der Universität Göttingen  
Thünen-Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Großhansdorf

\* **Laufzeit des Projekts:** 13.06.2016 – 30.09.2019

\* **Fördermittel:** 1.603.444,50 €

\* Angaben mit Beginn des Projektes (1. Bescheid)

### Projektbeschreibung:

Im Projekt „GenMon“ wird erstmalig in Deutschland ein Netzwerk für forstgenetisches Monitoring für Buche (*Fagus sylvatica*) und Fichte (*Picea alba*) eingerichtet. Das Hauptziel ist es, die genetische Variation und den Status des genetischen Systems unterschiedlicher Populationen dieser Baumarten sowie deren Dynamik in Zeit und Raum auf der Basis von Kriterien, Indikatoren und Verifikatoren zu beurteilen. Damit kann die Wirkung der Faktoren, die das genetische System in den Wäldern beeinflussen, abgeschätzt und bewertet werden. Veränderungen auf der Ebene des genetischen Systems wirken sich verzögert auf Baumartenzusammensetzung und Stabilität von Waldbeständen aus. Daher kann das genetische Monitoring als Frühwarnsystem für Veränderungen auf höheren Ebenen (Vielfalt der Arten und Lebensräume) dienen, was gerade im Klimawandel sehr wichtig ist. Das genetische Monitoring-Netzwerk wird deutschlandweit 14 Flächen für Buche und 10 Flächen für Fichte umfassen. Die Methodik basiert auf dem „Konzept zum genetischen Monitoring für Waldbaumarten in der Bundesrepublik Deutschland“, berücksichtigt aber auch Erfahrungen aus bereits abgeschlossenen punktuellen Pilotstudien. Auf jeder Monitoringfläche werden genetische und phänologische Beobachtungen durchgeführt. Serienmäßig werden für die genetischen Untersuchungen neutrale nukleare Kernmikrosatelliten eingesetzt. In dem Projekt werden aber auch neue adaptive Marker (SNP) entwickelt, die mit phänotypischen Merkmalen verknüpft sind. Nach erfolgreicher Entwicklung kann die im Projekt extrahierte und langfristig eingelagerte Erbsubstanz (DNS) auch mit diesen Markern untersucht werden. Basierend auf den Genotypen der Altbäume, der natürlichen Verjüngung und der Samen werden Indikatoren für genetische Prozesse (z. B. genetische Vielfalt, Diversität und Allelverteilung) berechnet. Zusätzlich sollen Simulationsstudien auf Grundlage der erhobenen Daten helfen,



kritische Entwicklungen zu identifizieren, die z.B. durch menschliches Eingreifen unterschiedlicher Intensität verursacht werden können.

### **Projektbeschreibung Englisch:**

Within the project “GenMon” a genetic monitoring network will be installed for beech (*Fagus sylvatica*) and spruce (*Norway spruce*) in Germany for the first time. The main goal is to assess the genetic variation and the status of the genetic system of different populations as well as its dynamics in time and space on the basis of criteria, indicators and verifiers. Therewith the effects of factors influencing the genetic system in the forests can be estimated and evaluated. Changes at the level of the genetic system have a delayed effect on tree composition and stability of forest stands. Therefore, genetic monitoring can serve as an early warning system for changes at higher levels (diversity of species and habitats), which is very important under climate change.

The genetic monitoring network will comprise 14 plots for beech and 10 plots for spruce in Germany. The methodology is based on the “Concept of a Genetic Monitoring of Forest Tree Species in the Federal Republic of Germany” but takes into account also experiences from already accomplished punctual pilot studies. On each monitoring plot both genetic and phenological observation will be conducted. Genetic investigations will mainly be based on neutral nuclear microsatellites, but new adaptive markers (SNP) related with phenotypical traits will be developed within the project too. After successful development, the extracted and long-term stored genetic material (DNA) can be examined with these markers. Based on the genotypes of the adult trees, the natural regeneration and the seeds indicators for genetic processes (e.g. genetic multiplicity, diversity and allele distribution) will be calculated. Additionally simulation studies based on empirical monitoring data will help to identify any critical developments, which could for example be caused by human intervention of varying intensity.