



# Verjüngung der Traubeneiche in naturnahen Beständen

Die Traubeneiche gilt in Mitteleuropa als Hoffnungsträger im Klimawandel. Sie wird traditionell im großflächigen Schirmschlag verjüngt. Wegen der zunehmenden Bedeutung von Dauerwaldstrukturen denkt man intensiv über alternative, naturnähere Verjüngungsverfahren wie kleinräumige Lochhiebe nach [2, 5, 10, 14]. Damit diese der natürlichen Verjüngungsökologie der Traubeneiche entsprechen, sind Kenntnisse zu ihrer Reproduktion unter naturnahen Bedingungen nötig.

TEXT: PASCAL EUSEMANN, HEIKE LIESEBACH

Im Rahmen eines vom Waldklimafonds geförderten Forschungsprojekts hat das Thünen-Institut für Forstgenetik in einem Reinbestand der Traubeneiche den Altbaumbestand und die Naturverjüngung genetisch untersucht (Abb. 1/2). Der untersuchte Bestand befindet sich im vom subkontinentalen Klima geprägten Osten Brandenburgs, wo die Traubeneiche, ergänzt durch die Waldkiefer, das vorherrschende Element der Baumschicht bildet [8]. Hier finden sich ausgedehnte, als naturnah klassifizierte Bestände der Art [3, 18]. Mit 614 ha bildet das Waldgebiet „Schlaubetal Eichen“ dabei den größten zusammenhängenden Lebensraum der Traubeneiche in Brandenburg.

## Genetische Vielfalt, Strukturen und Dynamiken

Durch die Untersuchung können die genetische Vielfalt in beiden Generationen ermittelt, Ausbreitungsdistanzen von Pollen und Samen rekonstruiert und die Beiträge einzelner Altbäume zur Verjüngung bewertet werden. Die Ergebnisse erzeugen ein Bild der genetischen Vielfalt und der Verjüngungsprozesse in ausgedehnten, naturnahen Beständen. Sie liefern damit Impulse für die Konzipierung und Umsetzung kleinflächiger, naturnaher Verjüngungsverfahren. Diese können dazu beitragen, natürliche genetische Strukturen und Verjüngungsprozesse sowie ein hohes Niveau genetischer Vielfalt in Eichenwäldern zu fördern und langfristig zu erhalten.

In einem bereits etablierten Monitoringplot von 100 x 100 m Größe wurden sämtliche Altbäume genetisch beprobt. Im



## Schneller ÜBERBLICK

- » **Große naturnahe Bestände** der Traubeneiche weisen hohe genetische Vielfalt und komplexe genetische Strukturen auf
- » **In geschlossenen Beständen** betragen die Ausbreitungsdistanzen im Mittel nur 8 m bei Samen und 23 m bei Pollen
- » **Naturverjüngung ermöglicht** eine Anpassung an kleinräumige standörtliche Umweltbedingungen

**Abb. 1:** In großflächigen naturnahen Beständen verjüngt sich die Traubeneiche kleinräumig und passt sich so kleinstandörtlich an.

Foto: M. Liesebach

Zentrum des Plots befindet sich eine eingezäunte Fläche von 50 x 50 m Größe, auf der sich die Naturverjüngung flächig und ungestört von verbeißendem Schalenwild entwickelt. Hier wurden in 25 gleichmäßig verteilten Probenkreisen Proben der Naturverjüngung genommen. Insgesamt wurden so Proben von 246 Altbäumen und 487 Pflanzen der Naturverjüngung gewonnen. Räumliche Koordinaten und die Kraft'sche Klasse aller Altbäume wurden vom Kompetenzzentrum Forst in Eberswalde zur Verfügung gestellt. Eine umfassende Beschreibung des Bestands, der Versuchsmethodik und der Ergebnisse findet sich in Eusemann & Liesebach [6]. Wie in einem ausgedehnten, individuenreichen Bestand mit langfristiger natürlicher Verjüngung erwartet, bewegt sich die genetische Diversität auf einem hohen Niveau und wird vollständig von der Altbaumgeneration auf die Naturverjüngung übertragen (Tab. 1).

Dies gilt sowohl für die allelische Diversität als auch für die effektive Populationsgröße, die ein Bild darüber vermittelt, wie viele Individuen zur Begründung des untersuchten Bestands beigetragen haben. Die Ähnlichkeit der effektiven Populationsgröße im Altbaumbestand und in der Naturverjüngung ist ein Hinweis auf stabile natürliche Verjüngung des Bestands über mehrere Generationen hinweg.

### Geringe Ausbreitungsdistanzen

Trotz des hohen Ausbreitungspotenzials der Samen durch Tiere und des Pollens durch Wind erfolgt sowohl die Samenausbreitung als auch die Bestäubung vorwiegend über sehr geringe Distanzen (Abb. 3). Die mittlere Samenausbreitungsdistanz liegt bei lediglich 8,4 m und die mittlere Bestäubungsdistanz bei 22,6 m. Während die Art zur Ausbreitung über deutlich größere Distanzen fähig ist [4, 9], spielt sich die Reproduktion bei hoher Bestandsdichte überwiegend im Nahbereich ab. Das ist biologisch sinnvoll, da hierdurch auch in ausgedehnten Beständen eine Anpassung an kleinräumige standörtliche Umweltbedingungen

## „Kleinräumige Verjüngungsverfahren erhalten die genetische Komplexität in naturnahen Beständen der Traubeneiche.“

PASCAL EUSEMANN

möglich ist.

Die hohe genetische Vielfalt und die kleinräumigen genetischen Strukturen zeigen sich auch in den Verwandtschaftsbeziehungen des Altbaumbestands. Die 246 Bäume verteilen sich auf 181, räumlich meist eng gruppierte Familien mit 1–13 Mitgliedern (Abb. 4). Die räumliche Ausdehnung dieser Familien beträgt im Schnitt 25 bis 30 m. Das gleiche Bild findet sich auch in der Naturverjüngung. Trotz des Abstands von lediglich 10 m un-

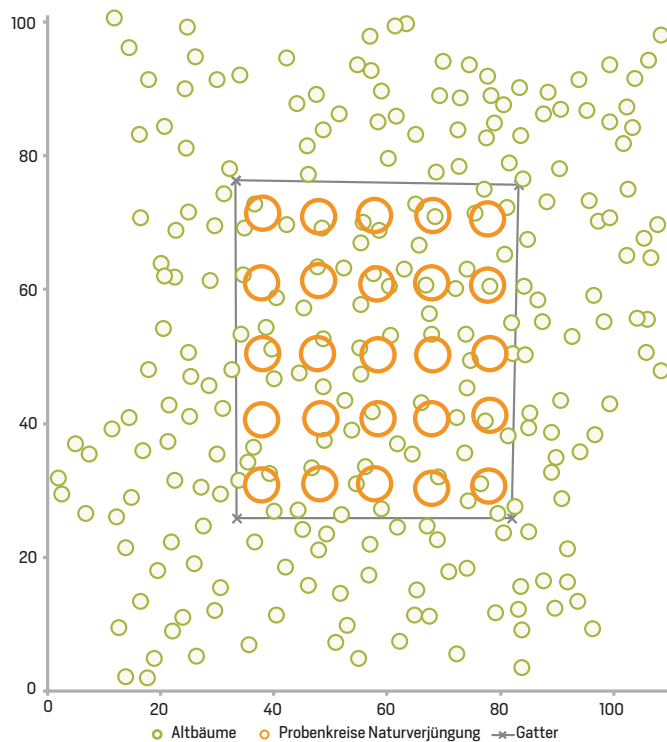
terscheidet sich die Naturverjüngung in den 25 Probenkreisen in 87 % der Fälle genetisch signifikant voneinander ( $p < 0,002$ ). Vergleichbar kleinräumige Strukturen an anpassungsrelevanten Genorten wurden bereits für Engelmann-Fichte und Pinyon-Kiefer nachgewiesen [12, 13]. Das unterstreicht die Bedeutung dieser Strukturen für die Anpassung von Beständen unter naturnahen Bedingungen.

### 20 % der Bäume sorgen für 51 % der Nachkommen

Die Verteilung des individuellen Beitrags zur Verjüngung unter den Altbäumen ist ungleich verteilt. Nur 41% der Altbäume können als Eltern in der Naturverjüngung nachgewiesen werden. Unter diesen produzieren 80 % lediglich ein bis drei Nachkommen. Nur 20 % der Altbäume tragen mit vier und mehr Nachkommen zur untersuchten Naturverjüngung bei. Dennoch stellen die Nachkommen dieser produktivsten Bäume insgesamt 51 % der Naturverjüngung. Diese Werte können einem gewissen Beprobungseffekt unterliegen, da die Naturverjüngung lokal begrenzt gesammelt wurde und vermutlich auf lediglich ein bis zwei Verjüngungsereignisse zurückgeht. Die Werte sind daher durch die begrenzten Ausbreitungsdistanzen von Pollen und Samen und der bei Traubeneiche auf Bestandesebene nur schwach ausgeprägten Synchronität der Mast [16] beeinflusst. Dennoch zeigen auch Studien auf größerer Fläche und mit mehr Verjüngungsereignissen stets eine ungleiche Verteilung des individuellen reproduktiven Erfolgs im Altbaumbestand [7, 19].

Ein wichtiger Faktor für den reproduktiven Erfolg ist die soziale Stellung eines Baums (Abb. 5). Die mittlere Kraft'sche Klasse reproduzierender Bäume ist mit 1,9 signifikant höher als die nicht reproduzierender Bäume mit 2,5 ( $p = 7 \times 10^{-7}$ ). Der Anteil reproduzierender Bäume sinkt stetig von 67 % in Klasse 1 auf 10 % in Klasse 4.

### Untersuchungsfläche



**Abb. 2:** Stammverteilungsplan der Untersuchungsfläche. Die Probenkreise für die Naturverjüngung geben sowohl die Lage als auch die räumliche Ausdehnung der Probenkreise an.

Grafik: P. Eusemann





## Nicht weit: Ausbreitungsdistanzen der Traubeneiche

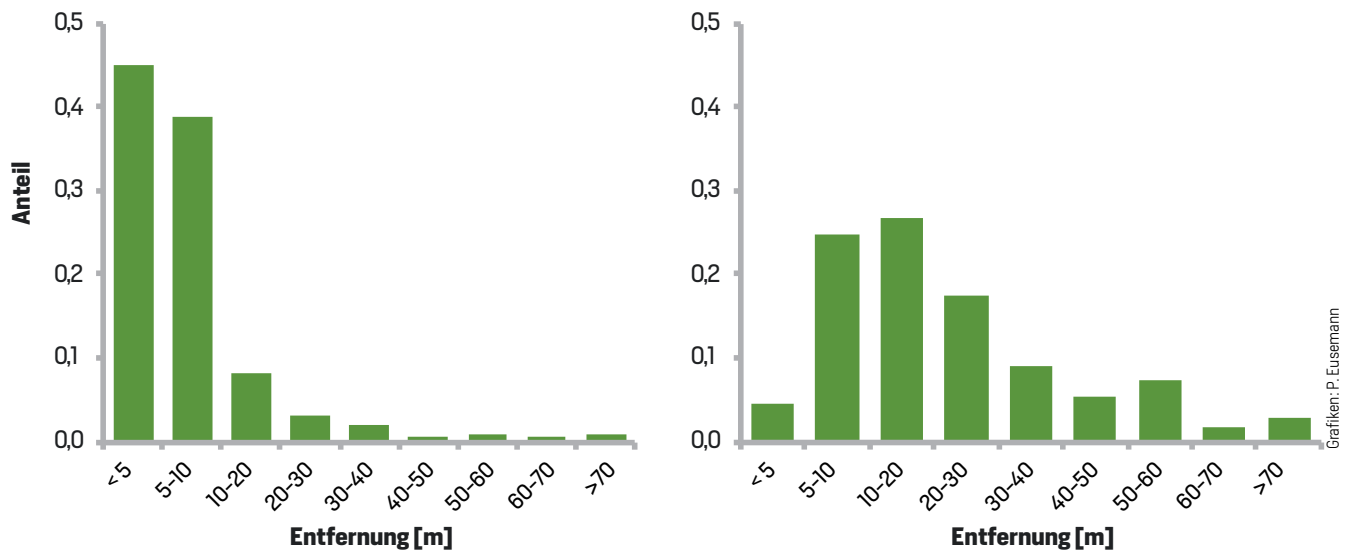


Abb. 3: Ausbreitungsdistanzen von Samen (links) und Pollen (rechts) der Traubeneiche. Das meiste spielt sich im Nahbereich ab.

Bäume in Klasse 5 fallen gänzlich aus der Reproduktionsgemeinschaft.

### Förderung und Erhalt naturnaher genetischer Vielfalt

Dass Merkmale der Holzqualität genetisch gesteuert sind und dass diese Merkmale ausgeprägte familienbedingte Unterschiede aufweisen, ist der Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung lange bekannt. Ebenso verhält es sich mit Merkmalen, die die Anpassung von Waldbäumen an ihren Lebensraum und an Umweltveränderungen ermöglichen [15]. Für langfristig stabile und anpassungsfähige Wälder sind daher neben genetischer Vielfalt auch ausgeprägte Familienstrukturen von grundlegender Bedeutung. Diese verteilen die genetische Vielfalt auf zahlreiche unterschiedliche, familientypische Kombinationen und bilden so ein Reservoir gene-

tischer Variation als Grundlage für Selektion und Anpassung. Vielfältige Familienstrukturen sind daher insbesondere in Wäldern bedeutsam, die ausschließlich natürlich verjüngt werden, da diese für alle Anpassungsprozesse nur auf die lokal bereits vorhandenen genetischen Varianten zurückgreifen können und der Verlust genetischer Variation nicht gezielt kompensiert werden kann. Dabei ist es zunächst nicht von Belang, ob solche Bestände kleinräumig und naturnah oder mit großflächigen Schirmhieben verjüngt werden.

Aber auch bei Saat und Pflanzung lohnt sich der Blick auf die genetische Grundlage des verwendeten Vermehrungsguts. Je höher die genetische Vielfalt und je komplexer die zugrunde liegende genetische Variation, desto größer ist das Potenzial der Kultur, auf biotische und abiotische Standortbedingungen zu reagieren.

Dies unterstreicht auch die Bedeutung, genetische Vielfalt und Strukturen möglichst in die Auswahl, Entwicklung und Beerntung von Saatguterntebeständen einzubeziehen.

### Kleinräumige naturnahe Verjüngung

Für den Erhalt und die Förderung naturnaher genetischer Vielfalt und Strukturen bieten sich kleinräumige Verjüngungsverfahren besonders an. Lochhiebe auf einer Fläche von 0,1 bis 0,3 ha minimieren die Auswirkungen der Holzentnahme auf bereits bestehende Familienstrukturen.

Die in den Lichtlinsen entstehende Naturverjüngung wird sich durch die in geschlossenen Beständen kurzen Ausbreitungsdistanzen von Pollen und Samen überwiegend aus dem umstehenden Altbaumbestand rekrutieren. Hierdurch erhalten sich die kleinräumigen Familienstrukturen in der nächsten Generation. In ursprünglich gepflanzten Beständen wird so die Entwicklung solcher Strukturen zur Förderung lokaler standörtlicher Anpassung überhaupt erst ermöglicht. Auch der Effekt der heterogenen Beiträge einzelner Bäume zur Naturverjüngung wird durch kleinräumige, zeitlich versetzte Entnahmen relativiert. Die einzelnen Lochhiebe bilden so jeweils andere Verjüngungsereignisse ab. Durch den verbleibenden Altbaumbestand um jede Lichtlinse herum besteht

### Genetische Vielfalt vererbt sich

**Tab. 1:** Die genetische Vielfalt in der Naturverjüngung hängt von derjenigen im Altbaumbestand ab. N = Anzahl an Individuen; A = Gesamtanzahl an Allelen;  $A_E$  = effektive Anzahl an Allelen;  $H_0$  = beobachtete Heterozygotität;  $H_E$  = Erwartete Heterozygotität; F = Fixierungsindex (in Klammern: Standardfehler);  $N_{E \text{ rand}}$  = effektive Populationsgröße: Modell zufälliger Kreuzung;  $N_{E \text{ non}}$  = effektive Populationsgröße: Modell nicht zufälliger Kreuzung;  $N_{E \text{ dem}}$  = effektive Populationsgröße: Demografisches Modell (in Klammern: unteres/oberes 95%-Konfidenzintervall)

	N	A	$A_E$	$H_0$	$H_E$	F	$N_{E \text{ rand}}$	$N_{E \text{ non}}$	$N_{E \text{ dem}}$
<b>Altbaumbestand</b>	246	14,37 (±1,33)	5,54 (±0,76)	0,73 (±0,04)	0,75 (±0,04)	0,04 (±0,02)	169 (136/214)	164 (129/207)	190
<b>Naturverjüngung</b>	487	14,42 (±1,22)	5,34 (±0,72)	0,72 (±0,04)	0,74 (±0,04)	0,05 (±0,04)	173 (141/214)	166 (134/211)	196

darüber hinaus die Möglichkeit, dass sich die dort entstehende Naturverjüngung nach dem Eingriff aus mehreren Verjüngungsereignissen rekrutiert.

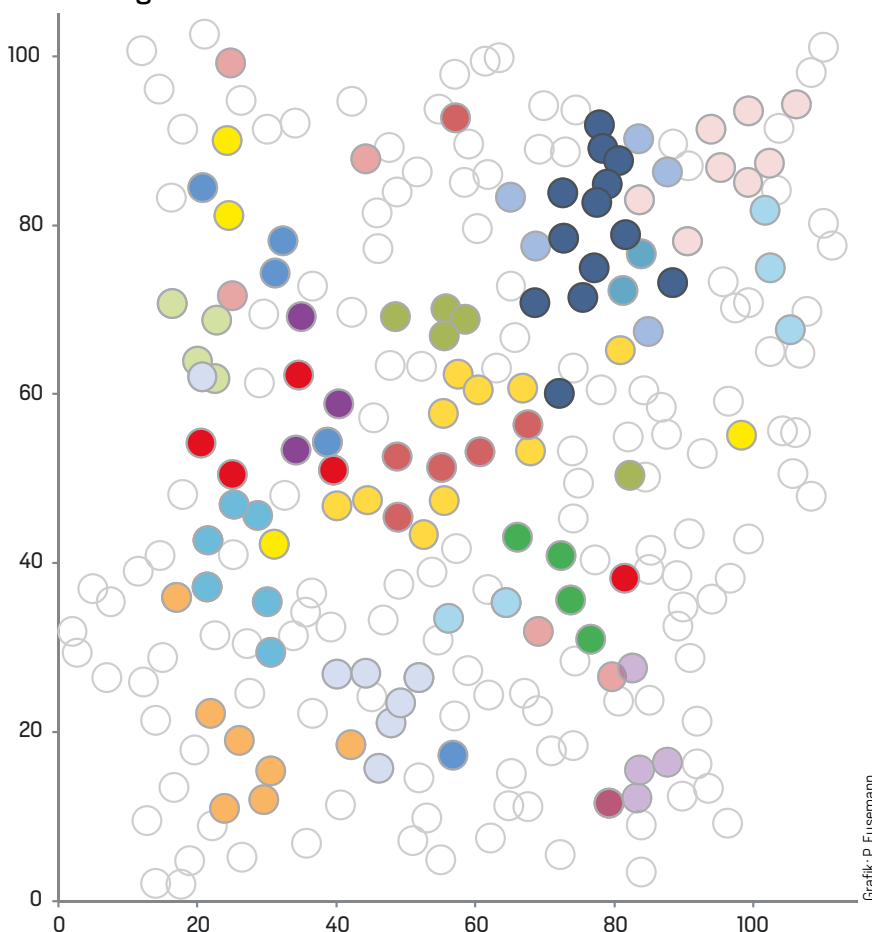
Bedingt durch die starke lokale Gruppierung der Familien in Wäldern mit ähnlich hoher Bestandsdichte wie der hier vorgestellten, besteht auch bei größeren Lochhieben von 0,2–0,3 ha bereits die Gefahr, mit einem Eingriff ganze Familien zu verlieren. Um dieses Risiko zu minimieren, ist es auch bei kleinräumigen Verjüngungsverfahren sinnvoll, Durchforstungen und Mastjahre zu koordinieren. Wenn Entnahmen bevorzugt nach Mastjahren durchgeführt werden, hatten die zu entnehmenden Bäume so die Gelegenheit, zur nächsten Generation beizutragen.

### Angepasste Verjüngung mit großflächigen Schirmhieben

Großflächige Schirmhiebe lassen eine vielfältige kleinräumige genetische Struktur wie im hier vorgestellten Bestand kaum zu. Die Komplexität der genetischen Vielfalt und Strukturen wird bei diesem Verjüngungsverfahren in erster Linie durch die Anzahl der Samenbäume und den Zeitraum des Verfahrens bestimmt.

Je weniger Samenbäume belassen werden und je kürzer der Zeitraum ist, der zur Verjüngung zur Verfügung steht, desto großräumiger und schlichter werden die resultierenden genetischen Strukturen ausfallen. Bei einem Schirmhieb in weniger als fünf Jahren ist, abhängig von der Anzahl der Mastjahre in diesem Zeitraum, die Wahrscheinlichkeit hoch, dass die Verjüngung nur einen Bruchteil des Altbestandes abbildet. Wird im Zuge der Verjüngung Wert auf einen möglichst vollständigen Erhalt der genetischen Diversität des Altbestandes gelegt, scheint daher eine Verlängerung des Schirmschlagverfahrens auf zehn Jahre sinnvoll, wie es beispielsweise in Frankreich für die natürliche Verjüngung der Traubeneiche praktiziert wird [1]. In der Schweiz wird teilweise ein Vorbereitungshieb bereits 20 Jahre vor dem Räumungshieb empfohlen [17]. Für die Ausbildung einer vielfältigen genetischen Struktur ist darüber hinaus der Erhalt einer möglichst großen Zahl an Samenbäumen notwendig. Da die Fruchtbarkeit mit der sozialen Stellung abnimmt, sind Bäume der Kraftschichten Klassen 1 und 2 aus genetischer

### Vermehrung in Baumfamilien



**Abb. 4:** Stammverteilungsplan mit Familienstrukturen im Altbestand. Dargestellt sind aus Gründen der Übersichtlichkeit nur Familien mit mindestens fünf Mitgliedern. Jede Farbe symbolisiert Bäume einer Familie. Leere Kreise stellen Bäume aus Familien mit weniger als fünf Mitgliedern dar.

scher Sicht die besten Samenbäume. Eine frühe Entnahme der Klassen 3 bis 5 führt außerdem zu dem wirtschaftlich sinnvollen Ziel, dass die Verjüngung überwiegend auf die wüchsigsten und vitalsten Bäume des Altbestandes zurückgeht.

### Bewirtschaftung von Saatguterntebeständen

Aufgrund des generell hohen Anteils an Kunstverjüngung bei Eiche sowie im Zuge des Waldumbaus und der Reparatur der Dürreschäden der letzten Jahre bleibt die Produktion von hochwertigem Eichensaatgut auch langfristig von großer Bedeutung.

Neben hoher phänotypischer Qualität müssen Erntebestände hohe genetische Vielfalt und Struktur aufweisen. Das Vermeiden eines genetischen „Flaschenhalseffekts“ ist umso wichtiger, wenn künstlich begründete Bestände sich künftig natürlich verjüngen sollen. Die genetische Vielfalt des verwendeten

ten Saatguts bildet dann die Basis für alle Anpassungsprozesse im neugegründeten Bestand. Wichtigster Faktor für ein hohes Niveau genetischer Diversität im Saatgut ist die Größe des Erntebestandes. Es hat sich für verschiedene Baumarten gezeigt, dass eine zu geringe Baumzahl in der Elterngeneration mit einer genetischen Verarmung und erhöhten Inzuchtraten im Saatgut einhergeht. In der Praxis sollten für windbestäubende Baumarten, wo immer möglich, Erntebestände mit mindestens 100 Bäumen bevorzugt werden [11, 20].

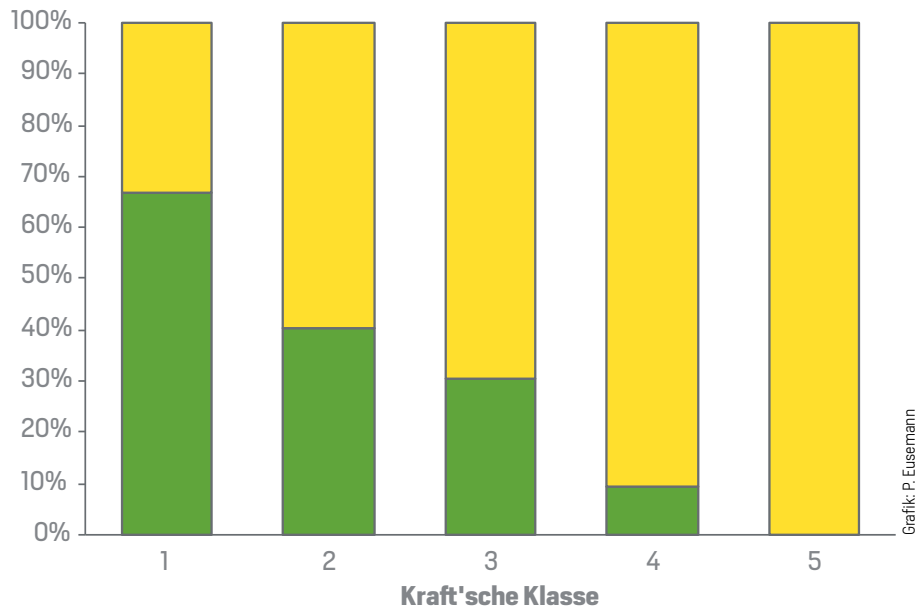
Bei der Beerntung durch Aufsammeln oder mit Netzen wird immer Saatgut verschiedener Bäume gesammelt. Daher ergibt sich auch bei der Sammlung unter nur 20 Erntebäumen ein genetisch vielfältigeres Saatgut als bei der bei Koniferen üblichen einzelbaumweisen Beerntung. Aufgrund der geringen Ausbreitungsdistancen von Pollen und Samen in geschlossenen Beständen sollten sich die beernt-



### Literaturhinweise:

[1] ALEXANDRE, H. et al. (2020): How does contemporary selection shape oak phenotypes? *Evolutionary Applications* 13: 2772–2790. [2] BÖHM, C. (2018): „Artgerechte Eichenhaltung“ durch Waldweide? *BDF aktuell* 6. Langversion des Artikels unter [www.BDF-online.de/service/BDF-aktuell/artikel-langversion](http://www.BDF-online.de/service/BDF-aktuell/artikel-langversion). [3] BOHN, U.; NEUHÄUSL, R. et al. (2000/2003): Karte der natürlichen Vegetation Europas. Maßstab 1 : 2.500.000. Münster (Landwirtschaftsverlag). [4] BUSCHBOM, J. et al. (2012): Spatial composition of pollen-mediated gene flow in sessile oak. *Forstarchiv* 83: 12–18. [5] EULER, T.; FREISE, C.; NITKE, A. (2017): Eichennaturverjüngung in dauerwaldartigen Strukturen. *AFZ-DerWald* 3: 44–47. [6] 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*. DOI: 10.1002/ece3.7613. [7] GERBER, S. et al. (2014): High rates of gene flow by pollen and seed in oak populations across Europe. *PLoS One* 9: e85130. [8] HOFMANN, G.; POMMER, U. (2004): Das natürliche Waldbild Brandenburgs. *AFZ-DerWald* 22, 1211–1215. [9] HOSIUS, B.; LEINEMANN, L.; RÖHE, P.; VOTH, W. (2012): Genetische Untersuchungen an Hähersaaten. *AFZ-DerWald* 5: 7–9. [10] KOHLER, M. et al. (2015): Über Wissen und Unwissen zur natürlichen Verjüngung der Traubeneiche – Eine Literaturstudie. Professur für Waldbau, Institut für Forstwissenschaften der Albert-Ludwigs-Universität Freiburg. [11] LIESEBACH, H.; WOJACKI, J.; PAKULL, B.; EUSEMANN, P. (2020): Genetische Diversität von Douglassaatgut aus zugelassenen Erntebeständen und Samenplantagen – Schlussfolgerungen für die Praxis. *Thünen Report* 76: 246–259. [12] MITTON, J. B.; STUTZ, H. P.; SCHUSTER, W. S.; SHEA, K. L. (1989). Genotypic differentiation at PGM in Engelmann spruce from wet and dry sites. *Silvae Genetica* 38: 217–221. [13] MITTON, J. B.; GRANT, M. C.; YOSHINO, A. M. (1998): Variation in Allozymes and Stomatal Size in Pinyon (*Pinus edulis*, Pinaceae), Associated with Soil Moisture. *American Journal of Botany* 85: 1262–1265. [14] MODROW, T.; PYTTEL, P. (2019): Verjüngung der Traubeneiche. *AFZ-DerWald* 18: 32–34. [15] MYKING, T. (2002): Evaluating genetic resources of forest trees by means of life history traits – a Norwegian example. *Biodiversity and Conservation* 11: 1681–1696. [16] NUSSBAUMER, A. et al. (2016): Patterns of mast fruiting of common beech, sessile and common oak, Norway spruce and Scots pine in Central and Northern Europe. *Forest Ecology and Management* 363: 237–251. [17] PROQUERCUS (eds.) (2010): Die Naturverjüngung der Trauben- und der Stieleiche. Merkblatt. 2. überarbeitete Aufl. Hrsg. BAFU / proQuercus. 8 S. [18] SUCK, R.; BUSHART, M.; HOFMANN, G.; SCHRÖDER, L. (2014): Karte der Potentiellen Natürlichen Vegetation Deutschlands. Band I, Grundeinheiten. *BfN-Skripten* 348, 336–339. [19] TRUFFAUT, L. et al. (2017): Fine-scale species distribution changes in a mixed oak stand over two successive generations. *New Phytologist* 215: 126–139. [20] 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 Ecology and Management* 438: 18–24.

### Nur die Starken vermehren sich



Grafik: P. Eusemann

**Abb. 5:** Anteil der an der Verjüngung beteiligten sowie der nicht reproduktiven Bäume in jeder Kraft'schen Klasse; Dunkelgrün: reproduktive Bäume; Gelb: nicht reproduktive Bäume

teten Bäume möglichst gleichmäßig über den Bestand verteilen, um die im Altbestand vorhandene genetische Diversität möglichst vollständig im Saatgut abzubilden. Eine Beerntung von mehr als den in der Saatgutzulassungsverordnung vorgeschriebenen 20 Erntebäume ist dabei insbesondere in großen Beständen aus genetischer Sicht sehr sinnvoll.

Ein grundsätzliches Problem bei der Saatgutproduktion stellt die heterogene Beteiligung der Altbäume an der Reproduktion dar. Eine verbesserte Repräsentation des Altbestandes im Saatgut durch Mischen der Ernten verschiedener Jahre ist bei der Eiche nicht möglich. Die Mischung von Saatgut verschiedener Erntebestände ist nach dem Forstvermehrungsgutgesetz nur in Ausnahmefällen zulässig. Diese Einschränkungen unterstreichen einmal mehr die Bedeutung, zur Produktion genetisch vielfältigen Saatguts möglichst große Erntebestände zu verwenden und eine möglichst hohe Zahl gleichmäßig über die gesamte Fläche verteilter Bäume zu beernten.

### Fazit

Ausgedehnte naturnahe Bestände der Traubeneiche weisen hohe genetische Vielfalt und bemerkenswert komplexe genetische Strukturen auf. Diese gehen auf die sehr geringen Ausbreitungsdistanzen von Pollen und Samen in geschlossenen Beständen zurück und ermöglichen

so die Anpassung auch an kleinräumige Unterschiede in den standörtlichen Umweltbedingungen. Insbesondere kleinräumige Verjüngungsverfahren scheinen dafür geeignet, diese Komplexität in bewirtschafteten Wäldern zu erhalten. Aber auch großräumigere Schirmschlagverfahren könnten sich derart ausgestalten lassen, dass die Naturverjüngung einen großen Teil der genetischen Vielfalt und Struktur des Altbestands erhält. Eine systematische Untersuchung der Auswirkung von räumlicher Ausdehnung, Verjüngungsdauer und Samenbaumdichte auf die genetische Vielfalt und Struktur wäre in diesem Zusammenhang wertvoll für eine belastbare Bewertung dieser zwei entgegengesetzten Verjüngungsansätze aus genetischer Perspektive.



### Dr. Pascal Eusemann

[pascal.eusemann@thuenen.de](mailto:pascal.eusemann@thuenen.de)

ist Wissenschaftler am Thünen-Institut für Forstgenetik. **Dr. Heike Liesebach** leitet den Arbeitsbereich Ökologische Genetik am Thünen-Institut für Forstgenetik.