

Project brief

Thünen-Institut für Forstgenetik

2022/27

ResEsche – Ein Beitrag zur Rettung der Esche

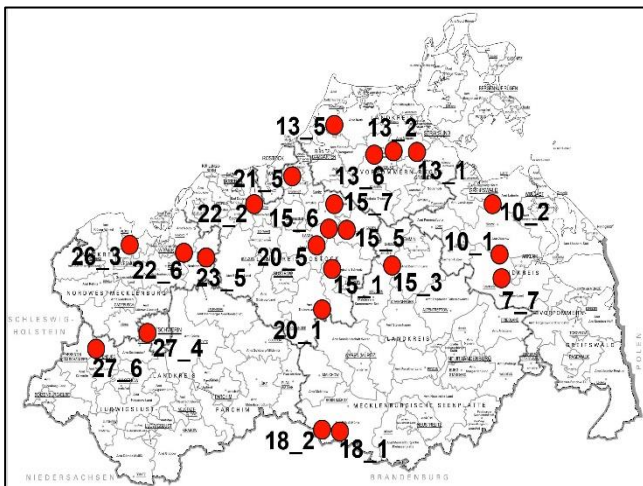
Volker Schneck¹, Ben Bubner¹, Franziska Past¹, Anne-Mareen Eisold¹

- Das durch den Pilz *Hymenoscyphus fraxineus* hervorgerufenen Eschentriebsterben bedroht die Gemeine Esche (*Fraxinus excelsior* L.) in ganz Europa.
- Resistente Plusbäume wurden in Mecklenburg-Vorpommern selektiert und vegetativ vermehrt.
- Es wurde eine Samenplantage mit Pflanzlingen von 126 resistenten Plusbäumen als Grundlage für die Erzeugung von Vermehrungsgut mit erhöhter Widerstandsfähigkeit etabliert.

Hintergrund und Zielsetzung

Das durch den Pilz *Hymenoscyphus fraxineus* verursachte Eschentriebsterben schreitet mit unverminderter Aggressivität voran. Besonders gravierend sind die damit einhergehenden wirtschaftlichen und ökologischen Schäden im küstennahen Raum, wo die Esche auf Nässtandorten oft als alleinige Baumart vorkommt. Für eine baldige Wiederbewaldung der kalamitätsgeschädigten Flächen werden daher Eschenpflanzen mit einer hohen (genetisch determinierten) Resistenz gegenüber dem Pilz in ausreichend großer Anzahl benötigt. Eine sehr kleine Anzahl der vorkommenden Eschen (ca. 1 - 2 %) verfügt über diese genetisch bedingte und vererbare erhöhte Widerstandsfähigkeit gegenüber dem Pilzbefall. Basierend auf dieser Erkenntnis wurde dieses Forschungsprojekt als Verbundvorhaben der Landesforst MV und des Thünen-Instituts für Forstgenetik auf den Weg gebracht. Ziel des Projektes ist es, mit Pflanzlingen solcher Bäume eine genetisch vielfältige Samenplantage anzulegen.

Abbildung 1: Vorkommen der erfassten Plusbäume in den Forstrevieren Mecklenburg-Vorpommerns



Vorgehensweise

In stark geschädigten Eschenbeständen in Mecklenburg-Vorpommern wurden durch den Projektpartner Landesforst Mecklenburg-Vorpommern 361 vitale Plusbäume selektiert (Abbildung 1). Diese Plusbäume wurden molekulargenetisch und phytopathologisch charakterisiert.

Für den molekulargenetischen Nachweis des Pilzes wurden die entsprechenden Mikrosatellitenmarker entwickelt und angewendet.

Abbildung 1: Vorjährige Blattspindeln mit Fruchtkörpern von *Hymenoscyphus fraxineus* induziert unter einem Beregnungsbogen im Juli 2018 (links) und Blattnekrosen im September (rechts)



Quelle: Past et al. (2021)

Die für die vegetative Vermehrung von Eschen notwendigen Verfahren wurden optimiert. Von ausgewählten Plusbäumen wurden Pflanzlinge in ausreichender Anzahl für die geplante Samenplantage erzeugt. Gleichzeitig wurden Verfahren der Gewebekultur weiterentwickelt.

Die Resistenzprüfung der Pflanzlinge erfolgte in einem zweistufigen Verfahren. Für den Ascosporentest wurden im Jahr der Pflanzung im Sommer Blattspindeln von erkrankten Eschen zwischen den getopften Pflanzlingen ausgestreut (Abbildung 2). Auf diesen Blattspindeln entwickelten sich Fruchtkörper (Asci) des Pilzes, was zu einem hohen Befallsdruck durch Ascosporen führte. Für den Holzchiptest wurden im Spätsommer Holzchips, die zuvor auf Kulturmedium vom

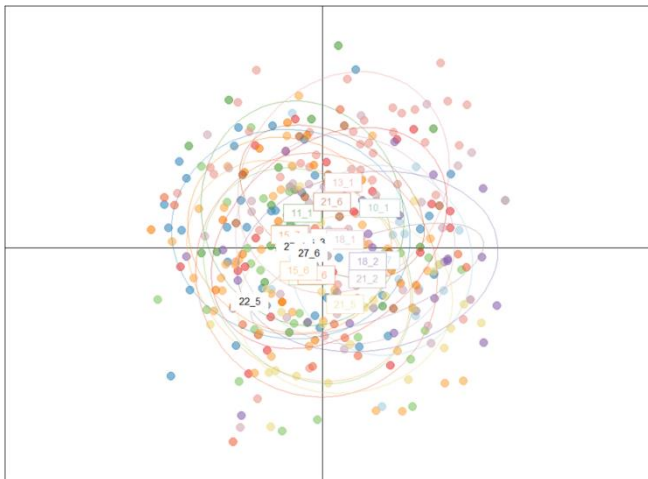
Pilzmyzel überwachsen wurden, in die Rinde von je vier Pfropflingen pro Klon eingesetzt. Diese Pflanzen wurden im Gewächshaus überwintert. Die Bonitur eines möglichen Pilzbefalls des Triebes erfolgte im Frühjahr des darauffolgenden Jahres.

Zusätzlich wurde von 64 der Plusbäume Saatgut geerntet und ausgesät. Mit den so gewonnenen Pflanzen sollten Nachkommenschaftsprüfungen angelegt werden. Diese Versuche können wertvolle Erkenntnisse über die Vererbung möglicher Resistenzen geben.

Ergebnisse

Ein Protokoll zur molekulargenetischen Analyse von Mikrosatellitenmarkern der Esche, welches drei Primersets mit 16 Primerpaaren umfasst, wurde entwickelt und erfolgreich eingesetzt. Auf der Ebene dieser Marker konnten keine deutlichen Populationsunterschiede zwischen den untersuchten Eschenbeständen in Mecklenburg-Vorpommern aufgedeckt werden (Abbildung 3). Deswegen wurde mit allen selektierten und vermehrten Pfropflinge eine einzige große Samenplantage angelegt.

Abbildung 3: Die Hauptkomponentenanalyse für 408 Bäume aus 18 Eschen-Subpopulationen gab keinen Hinweis auf Populationsunterschiede in Mecklenburg-Vorpommern (Punkte gleicher Farbe repräsentieren Bäume aus derselben Subpopulation)



Die Neu- und Weiterkultivierung verschiedener Isolate von *Hymenoscyphus fraxineus* wurden durchgeführt. Diese Kulturen dienten als Ausgangsmaterial für molekulargenetische Untersuchungen des Pilzes und für die Resistenztests. Der Nachweis des Erregers im Gewebe symptomatischer Blätter war mittels real-time-PCR möglich.

Von 152 Plusbäumen wurden Pfropflinge erzeugt. Die Gesamtzahl der Pfropfungen lag bei 3487, wobei der Pfropferfolg im Mittel 73 % betrug. Als Pfropfmethode haben sich die Kopulation und die Geißfußveredlung von Reisern mit Endknospe im März im Gewächshaus bewährt. Bei ca. der Hälfte

der Pfropfungen kamen als Unterlagen Pflanzen aus der Gewebekultur (von resistenten Ausgangsbäumen) zum Einsatz. Die Resistenz der Pfropflinge wurde mittels Ascosporen- und Holzchiptest überprüft. Im Ergebnis der Resistenztests der Pfropflinge konnten 26 Plusbaumklone wegen erhöhter Krankheitsanfälligkeit nicht in die Samenplantage aufgenommen werden, sodass sich die Zahl der verwendeten Plusbäume auf 126 verringerte.

Innerhalb von drei Jahren wurden 1159 Pfropflinge auf einer Fläche in Mecklenburg-Vorpommern für die Samenplantage ausgepflanzt (Abbildung 4). Insgesamt sind 126 Genotypen in dieser Plantage vertreten. Die Individuenzahl liegt zwischen 5 und 15 je Genotyp.

Für die In-vitro-Vermehrung resistenter Klone wurden verschiedene Nährmedien getestet und modifiziert. Etwa 2150 Pflanzen von 23 Klonen wurden in Erde überführt und teilweise als Pfropfunterlagen verwendet. Insgesamt erwies sich die In-vitro-Vermehrung der Esche insbesondere bei älteren Bäumen als schwierig.

Bei fünf der 64 angezogenen Nachkommenschaften der Plusbäume wurden umfangreiche Vaterschaftsanalysen durchgeführt. Dabei wurden mehrere große Vollgeschwisterfamilien (Gleiche Elternbäume) identifiziert. Diese werden in zukünftigen Projekten für z.B. QTL-Analysen genutzt.

Es wurden drei Feldversuche mit den Nachkommenschaften der Plusbäume angelegt. Diese wurden so gestaltet, dass sie später als Sämlingssamenplantagen genutzt werden können. Der Anwuchserfolg nach dem ersten Sommer war mit 95 bzw. 88 % gut.

Abbildung 4: Die Eschen-Samenplantage in Tressow im Frühjahr 2022



Weitere Informationen

Kontakt

¹ Thünen-Institut für Forstgenetik
fg-ws@thuenen.de
www.thuenen.de/fg

Partner

Landesforst Mecklenburg-Vorpommern

Laufzeit

7.2016-10.2021

Projekt-ID

1804

Veröffentlichungen

Past F, Schrader M, Bubner B, Schneck V, Röhe P (2021) Forschungsprojekt "ResEsche" - Chance für die Baumart Esche. AFZ Wald 76(8):12-16
DOI:10.3220/REP1569247044000

Gefördert durch



über



DOI:10.3220/PB1658736221000