

### 6.3.2 Resistenzforschung im Forst

#### Michael Kube & Mirko Liesebach

Ein in zunehmendem Umfang erfolgreicher Warenhandel und Personenverkehr erlaubte es, in den letzten Jahrhunderten zahlreiche Gehölze zu importieren und als zentrale Elemente in unsere Wälder und Parkanlagen zu integrieren. Mit dem Austausch von Waren über die Kontinente hinweg kam es jedoch auch zu einer Verbreitung von Krankheitserregern, die heute eine Bedrohung der einheimischen Forstgehölze darstellen. Auch die Klimaerwärmung begünstigt die Verbreitung und ermöglicht ein Erschließen neuer Regionen durch Pathogene, die auf die einheimischen Gehölze als Stressfaktor wirken (ČERNÝ & STRNADOVÁ, 2012; AGUAYO et al., 2014). Im Wald führt das Absterben der Bestände oder die aus den Infektionen resultierende Wuchsdepression zu ökonomischen Verlusten aufgrund des verringerten Holzertrages. Gleichzeitig kommt es zu Beeinträchtigungen der ökologischen Funktionen, insbesondere wenn das Ökosystem prägende Baumarten ausfallen. Die Entwicklung von Gegenmaßnahmen und die Verbesserung der Widerstandsfähigkeit stehen im Mittelpunkt der forstlichen Resistenzforschung. Als resistent werden Individuen beschrieben, die durch biotischen oder abiotischen Stress nicht oder nur in geringem Maße geschädigt werden, während es bei anfälligen Individuen zu einer ernsthaften Schädigung in Teilen oder der Gesamtheit kommt, was letztendlich zum Absterben führen kann (RIKER, 1948). Der im Zusammenhang häufig verwendete Begriff der Toleranz ist in seiner Definition als eigene Klasse zur Resistenz abgegrenzt. Während die Resistenz die Vermehrung des Pathogens und das Ausbreiten der Infektion limitiert, kommt es bei der Toleranz nicht zur Eindämmung der Infektion, jedoch zur Reduzierung der Folgen/

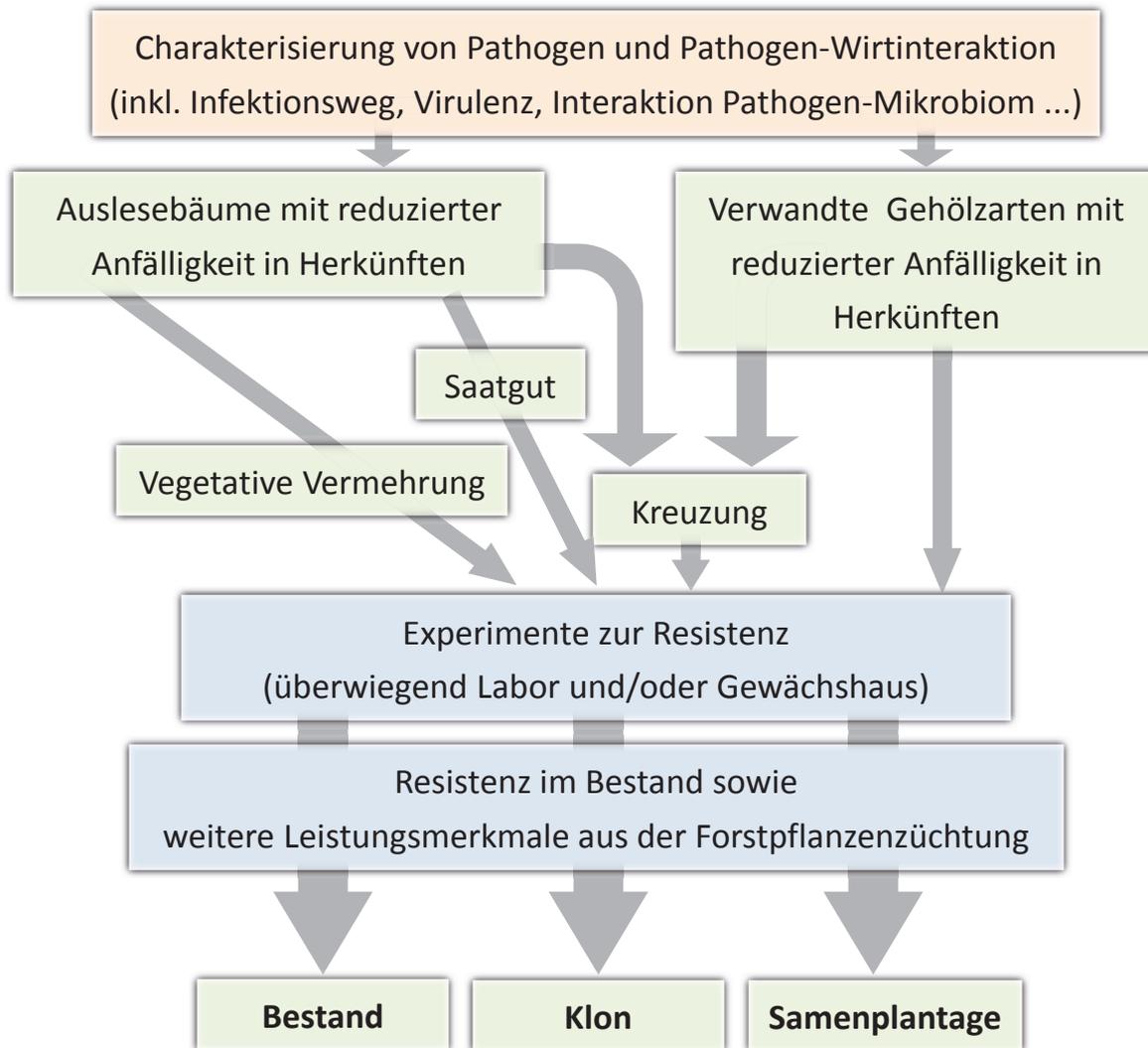
Symptome, und sie ist in der Regel mit entsprechend kompensatorischen Effekten für die Fitness des infizierten Individuums verbunden (ROY & KIRCHNER, 2000; MILLER et al., 2005; HORNS & HOOD 2012). Die Unterscheidung erfolgt entsprechend über die Bestimmung der Verbreitung des Pathogens in der Pflanze und die Bedeutung über die Manifestation des Krankheitsbildes. Sowohl Resistenz als auch Toleranz gegenüber einem Pathogen tragen zu einer höheren Fitness bei (HORNS & HOOD, 2012), jedoch stellt ein toleranter Wirt unter Umständen ein Reservoir für das Pathogen dar.

Die physiologischen Erkrankungen gehen in der Regel auf Umweltfaktoren (Hitze, Feuchte, Wind, Kälte) oder die unzureichende partielle Versorgung mit Nährstoffen zurück. Ihnen stehen neben den Schadinsekten die Infektionen durch Pilze, Bakterien und Viren gegenüber. Pilze stellen auch in europäischen Wäldern die bedeutendste Gruppe der Pathogene dar, jedoch sind die Infektionskrankheiten und ihre Pathogene für jede Baumart und ihr regionales Auftreten differenziert zu betrachten. Die häufig saisonal deutlich ausgeprägten Symptome vieler Pilzkrankungen stehen zudem einem schleichenden Verfall und nur geringen Kenntnissen zu den Bakteriosen und Virose in den Forstgehölzen gegenüber. Trotz der weiten Verbreitung einiger Bakteriosen und Virose sind die Kenntnisse über ihre wirtschaftliche Bedeutung im Wald bisher gering (VON BARGEN et al., 2012; HOLZ et al., 2016). Aufgrund der weiten Verbreitung und Aggressivität einiger mikrobieller Pathogene und der im Wald weitgehend rechtlich und ökonomisch nicht gegebenen Möglichkeit des Einsatzes von adäquaten Pflanzenschutzmitteln stellt die Bereitstellung von resistentem Vermehrungsgut die einzige Alternative für den Erhalt der gefährdeten Baumarten dar.

Die Resistenz des Wirtes steht gleichberechtigt neben den Pathogenen im Zentrum der Ziele der Resistenzforschung im Forst:

- Aufklärung der Ursachen von Resistenzeigenschaften unter Einbeziehung von Virulenzfaktoren bzw. der Pathogen-Wirt-Interaktion
- Nutzung von Resistenzeigenschaften durch Züchtung, Selektion und Gentechnik
- Erhaltung und Anlage von widerstandsfähigen, produktiven und standortgerechten Beständen

Zu den größten Herausforderungen der Resistenzforschung im Forst zählen die bestandsgefährdenden Infektionserkrankungen, die zu einem weitgehenden Zurückdrängen von einheimischen Baumarten und damit zu tiefgreifenden Einschnitten in die forstliche Nutzung und das Ökosystem Wald führen. Zu den prominenten Beispielen zählt das Ulmensterben mit den durch den Ulmensplintkäfer verbreiteten pathogenen Schlauchpilzen aus der Gattung *Ophiostoma* (PAOLETTI et al., 2005). Als Folge dieser Infektion sind die Feld- (*Ulmus minor*) und Berg-Ulme (*U. glabra*) in Landschaft und Parkanlagen nahezu verschwunden. Weitere Beispiele für aktuelle bestandsgefährdende Bedrohungen stellen das durch den Oomyceten *Phytophthora x alni* und verwandte Arten verursachte Erlensterben (GIBBS et al., 1999; HUSSON et al., 2015) sowie das durch *Hymenoscyphus fraxineus* verursachte Eschentriebsterben bei *Fraxinus excelsior* dar (KOWALSKI & HOLDENRIEDER, 2009; BARAL et al., 2014). Neu auftretende Pathogene wie *Phytophthora x alni*, dessen Ursprung in der Hybridisierung von *P. x multiformis* und *P. uniformis* zu sehen ist (BRASIER, 2003), oder ehemals gebietsfremde Pathogene, wie der aus Asien stammende Pilz *H. fraxineus*, treffen in Europa mit fatalen Folgen auf nicht adaptierte Wirte. Eine Situation, die auch bei dem zuletzt importierten bakteriellen Quarantäneschaderreger *Xylella fastidio-*



**Abbildung 1: Vereinfachte Darstellung der Schritte zur Bereitstellung von resistenten Forstgehölzen.**

sa vorliegt (MARCELLETTI & SCORTICHINI, 2016). Aufgrund des weiten Wirkkreises dieses Pathogens sind zukünftig auch Risiken für Forstgehölze zu befürchten.

Die Kenntnisse zum Pathogen, dessen Verbreitung und des Infektionsweges sind essenziell für die gezielte Selektion von Vermehrungsgut. Aktuelle Beispiele stellen die ehemals fälschliche Zuordnung des Weißen Stengelbecherchens (*Hymenoscyphus albidus*) als Erreger des Eschentriebsterbens dar (BENGTSSON et al., 2012) oder die Differenzierung der unterschiedlichen *Phytophthora spp.* bei den Erlen-Arten (HUSSON et al., 2015). Erschwert wird die Situation durch auftretende Mischinfektionen und multifaktorielle Infektionen (HUSSON et al., 2012; ENDERLE et al., 2013). Auf der Seite der Resistenzforschung beim Wirt stehen Studien zum Einfluss des Mikrobioms der Pflanze und von Priming-Effekten auf die Resistenz im Gegensatz zur Landwirtschaft noch am Anfang. Etabliert und zentrale Bestandteile der Resistenzforschung bilden die Auslese- und Kreuzungszüchtung zur Bereitstellung von resistentem Vermehrungsgut im Wald (Abbildung 1), die gegenwärtig durch neue Methoden in der Gentechnik ergänzt werden.



**Abbildung 2:** Unterschiede in der Spätfrostschädigung zweier Herkünfte der Rot-Buche (*Fagus sylvatica*) in Folge unterschiedlicher Zeitpunkte des Austriebes (vorderer Bildausschnitt früherer Austrieb).



**Abbildung 3:** Unterschiedliche Schütteanfälligkeit zweier Herkünfte der Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) in einem Herkunftsversuch. Vorne gegenüber *Rhabdocline pseudotsugae* anfällige Inlands-herkunft, dahinter nahezu resistente Küstenherkunft.

In Abgrenzung zu den anderen Verfahren wird bei der Auslesezüchtung auf Genotypen mit Resistenzeigenschaften zurückgegriffen, die bereits in einer Population vorliegen und jetzt präferiert vermehrt werden. Besonders aussichtsreich sind dabei Ausleseebäume, die in stark befallenen Beständen eine Resistenz gegenüber einem Pathogen aufweisen. Derartige Kandidaten werden im Rahmen der laufenden Studien zum Erlensterben und Eschen-triebsterben von vielen Gruppen in Europa ausgelesen (CHANDELIER et al., 2016; SOLLARS et al., 2017). Aufgrund der zum Teil eingeschränkten Möglichkeit bei der Gewinnung von Stecklingen stellen das Abpfropfen und insbesondere die Vermehrung in der Gewebekultur bedeutende Alternativen zur Erhaltung und Vermehrung ausgewählter Genotypen dar. Die Vermehrung von Genotypen *in vitro* ermöglicht die Bereitstellung großer Klonanzahlen in kurzer Zeit. Die selektierten Genotypen liegen dann als Klone vor, die sowohl *in vitro* als auch *ex vitro* experimentell auf ihre Resistenz bzw. Anfälligkeit gegenüber dem Pathogen evaluiert werden können, als auch in der Folge zum Aufbau und der Verbesserung von Beständen und forstlichen Samenplantagen genutzt werden.

Der gemeinsame Vorteil dieses Ansatzes der Nutzung von natürlich selektiertem Material liegt in der vermuteten Resistenz gegenüber Infektionen und der Anpassung an vom Pathogen unabhängigen Standortfaktoren (Klima, Boden, Interaktion und Konkurrenz mit anderen Arten). Diese häufig in der Herkunft begründeten Faktoren können dazu beitragen, dass das ausgewählte resistente Vermehrungsgut auch optimale Wuchseigenschaften in der ursprünglichen Herkunftsregion aufweist, bzw. nicht angepasstes Pflanzmaterial

nur einen schlechten Zuwachs erreicht (Abbildung 2). Problematisch erweist sich zudem, dass die scheinbar angenommene Resistenz im Bestand oder im Experiment sich unter Umständen langfristig nicht bestätigt (PLIÛRA et al., 2014). Die Ursachen hierfür sind vielfältig. Sie können z. B. in kleinräumigen Standortvorteilen begründet sein, die die Exposition mit dem Pathogen reduzieren, wie es beim Erlensterben auftritt (SCHUMACHER et al., 2006). Die genetische Analyse kann zum Teil ergänzende Marker für weitere Kriterien bei der Selektion von Auslesebäumen bereitstellen, wie es beim Eschentriebsterben möglich ist. So finden sich bei *F. excelsior* sowohl hochanfällige als auch Genotypen mit geringer Anfälligkeit gegenüber dem Pathogen *H. fraxineus*, die über die Kodierung mit der Resistenz assoziierter Sequenzmotive differenziert werden können. Die verwandten Arten *F. mandshurica*, *F. americana* und *F. ornus* weisen entsprechend ähnliche Motive auf und eine insgesamt stark reduzierte Anfälligkeit gegenüber dem Pathogen (HARPER et al., 2016). Die Identifikation von genetischen Resistenzmarkern kann bei der Marker gestützten Selektion von Genotypen genutzt werden, aber ermöglicht auch das Einbringen der Resistenzeigenschaft in andere Baumarten im Rahmen der Kreuzungszüchtung oder mithilfe der Gentechnik. Beide Strategien haben das Ziel, resistente Bäume durch neue, zuvor nicht vorliegende Kombinationen oder durch Veränderungen des Erbgutes zu erhalten. Die mittels Kreuzungszüchtung erzeugten Hybriden bilden jedoch unter Umständen die ehemalige Art nur noch in Teilen ab, wie es z. B. bei den resistenten Ulmen-Sorten der Fall ist (SANTINI et al., 2002). Aufgrund der im Vergleich zu den Kultivaren in der Landwirtschaft jungen Geschichte der Kreuzungszüchtung bei den Forstgehölzen ist von einem großen Potenzial auf diesem Gebiet auszugehen, welches u. a. bei der Züchtung von Hybridlärchen (*Larix x eurolepis*) gegen den Krebspilz *Lachnellula wilkommii* (LANGNER & SCHNECK, 1998) und bei der inter- und intraspezifischen Kreuzung von Weiden gegen die Rostpilze aus der *Melampsora*-Gruppe (BUBNER et al., 2014) bereits genutzt wurde.

Die Resistenzzüchtung ermöglicht die Bereitstellung von widerstandsfähigen Genotypen für die Erhaltung einheimischer Baumarten. Aufgrund der langen Generationszyklen, einer häufig nur eingeschränkt möglichen natürlichen Regeneration und dem Auftreten aggressiver neuer und/oder gebietsfremder Pathogene sind Eingriffe im Rahmen der Resistenzzüchtung zum Erhalt einheimischer bedrohter Baumarten notwendig. Ein Fehlen von resistentem Vermehrungsgut oder das Unterlassen dieser unterstützenden Maßnahmen nimmt den Verlust oder den Ersatz von Baumarten in Kauf. Der weitgehende Verlust der Ulme in den letzten Jahrzehnten, das Erlensterben und das aktuell rasant fortschreitende Eschentriebsterben verdeutlichen dieses Problem und die Bedeutung der Resistenzforschung im Forst.

#### Abbildungsverzeichnis (Beitrag Kube & Liesebach)

**Abbildung 1:** Vereinfachte Darstellung der Schritte zur Bereitstellung von resistenten Forstgehölzen (M. Liesebach, 2016).

**Abbildung 2:** Unterschiede in der Spätfrostschädigung zweier Herkünfte der Rot-Buche (*Fagus sylvatica*) in Folge unterschiedlicher Zeitpunkte des Austriebes (vorderer Bildausschnitt früherer Austrieb) (M. Liesebach, 2016).

**Abbildung 3:** Unterschiedliche Schütteanfälligkeit zweier Herkünfte der Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) in einem Herkunftsversuch. Vorne gegenüber *Rhabdocline pseudotsugae* anfällige Inlandsherkunft, dahinter nahezu resistente Küstenherkunft (M. Liesebach, 2016).