Projektkurzbeschreibung: Esche in Not – Phase II

Das Eschentriebsterben – hervorgerufen durch den eingeschleppten Pilz *Hymenoscyphus fraxineus* – hat sich seit mehreren Jahren über ganz Österreich ausgebreitet. Diese Krankheit schädigt die Bäume massiv, führt zu Zuwachsverlusten oder gar zum Absterben der Esche. Der Ausfall dieser anspruchsvollen Baumart der Laubmischwälder führt zu nachhaltigen Veränderungen des Ökosystems Wald. Darüber hinaus ist die Forstwirtschaft mit dem Edellaubholz Esche weitgehend zum Erliegen gekommen. In Altbeständen werden immer wieder einzelne Bäume beobachtet, die nur geringe Schadsymptome aufweisen und möglicherweise Abwehrmechanismen bzw. Resistenz/Toleranz gegenüber dem Triebsterben besitzen. Auch in den österreichischen Saatgutplantagen sind Klone zu beobachten, die scheinbar wenig anfällig oder resistent gegenüber dem Triebsterben-Erreger sind. Internationale Studien zeigen, dass diese Resistenz eine sehr hohe erbliche Komponente aufweist.

Aufgrund dieser Fakten ist die Auslese resistenter Bäume eine sehr erfolgversprechende Möglichkeit für die Forstwirtschaft und den Naturschutz, gesunde Eschenpopulationen für zukünftige Aufforstungen und Renaturierungsprojekte zusammenzustellen. In Phase I von „Esche in Not“ konnten vielversprechende Ergebnisse die Baumart zu retten, erzielt werden. Ab 2015 wurden von mehr als 700 krankheitstoleranten Mutterbäumen Saatgut gesammelt; daraus wurden über 35.000 Jungpflanzen gezogen, die in 4 Versuchsparzellen über 3 Vegetationsperioden hinweg auf den Befall durch das Eschentriebsterben und andere Merkmale (Wuchsform, Austrieb,…) hin beobachtet wurden. Am Ende des Beobachtungszeitraums waren noch immer ca. 20% der Nachkommen symptomfrei. Seit Oktober 2019 wird die Forschung in Phase II weitergeführt, am Ende des Projektes sollen bereits Versuchsflächen an Waldstandorten bzw. eine Samenplantage etabliert werden. Derzeit laufen die Auswertungen hinsichtlich Vererblichkeit der Krankheitstoleranz bzw. Zuchtwert der Nachkommen, sowie die vegetative Vermehrung der ausgewählten Klone für die Anlage von Feldversuchen, Klongemischen für die Praxis und Samenplantagen. Parallel dazu werden auch genomische Untersuchungen durchgeführt, die die genetische Basis der Krankheitstoleranz ergründen sollen (sog. Kandidatengene für dieses Merkmal).

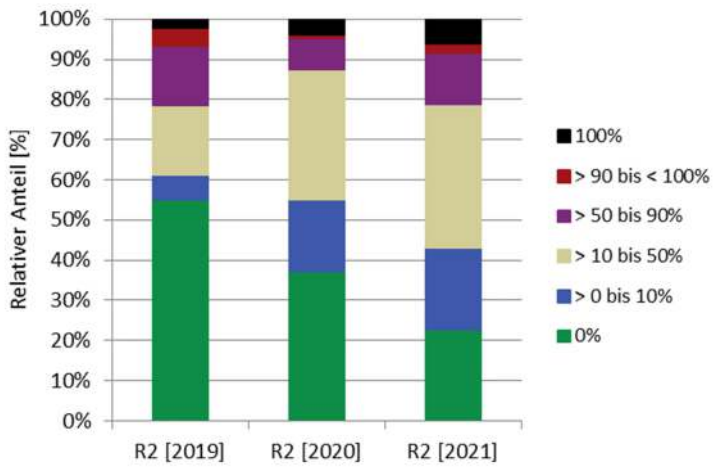

Abb.:Relativer Anteil an aktiven Nachkommen in den einzelnen Schadklassen der Triebsterbensintensität der Bonitur 2019, 2020 und 2021 für den Resistenztest R2 (Bonitur 2019: 15.912 von 23.433 Pflanzen aktiv; Bonitur 2020: 15.891 von 23.433 Pflanzen aktiv; Bonitur 2021: 15.889 von 23.433 aktiv).