

Überprüfung der Widerstandsfähigkeit von Eschenklonen und Eschennachkommen gegenüber *Hymenoscyphus fraxineus*

ANDREA RINKE, LUDWIG STRASSER, NICOLE BURGDORF

Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, Abteilung Waldschutz, Hans-Carl-von-Carlowitz-Platz 1, 85354 Freising, Deutschland

✉ Andrea Rinke: a.rinke.1985@gmail.com

Forstschutz Aktuell 73 (2026): 3 – 9

KURZFASSUNG

Der Pilz *Hymenoscyphus fraxineus* bedroht seit 15 Jahren die Bestände der Gemeinen Esche (*Fraxinus excelsior*) in Bayern. Zum Arterhalt der Esche und zur Minderung der negativen Auswirkungen des Eschentriebsterbens sollen tolerante Klone (genetisch identische Nachkommen bekannter Eltern von *F. excelsior*) und Sämlinge in die Wälder eingebracht werden. Eschenklone und Sämlinge wurden dafür über künstliche Infektionen mit *H. fraxineus* auf ihre Toleranz geprüft. Einige Klone wurden im Zeitraum von 2015 bis 2020 unter natürlichem Infektionsbedingungen ins Freiland ausgebracht, beobachtet und anhand der Phänologie und Krankheitssymptome beurteilt. Die Ergebnisse bekräftigen, dass gegenüber dem Eschentriebsterben toleranter erscheinende Eltern diese Eigenschaft an ihre Nachkommen weitergeben. Durch die Versuchsreihen konnte eine mögliche Toleranz von insgesamt 19 verschiedenen Genotypen, welche für Kreuzungs- und Zuchtprogramme von Interesse sind, abgeleitet werden. Die im Rahmen dieser Studie ausgewählten Eschenlinien könnten für den zukünftigen Arterhalt von *F. excelsior* im süddeutschen Raum eine wichtige Rolle spielen.

SCHLÜSSELWORTE

Hymenoscyphus fraxineus, *Fraxinus excelsior*, Klone, Resilienz, Toleranz, Infektionsversuche, Phänologie

ABSTRACT

Testing tolerance of ash clones and seedlings to *Hymenoscyphus fraxineus*

The fungus *Hymenoscyphus fraxineus* has been threatening the populations of the common ash (*Fraxinus excelsior*) for 15 years in Bavaria. In order to preserve the species of common ash and mitigate the negative effects of ash dieback, tolerant seedlings and clones (genetically identical offspring of the known parents of *F. excelsior*) should be introduced into the forests. Therefore, ash clones and seedlings were tested for tolerance in vitro by artificial infection with *H. fraxineus*. Some clones were observed between 2015 and 2020 under natural infection pressure in the field and evaluated by phenology and disease symptoms. The results confirm that parents that appear to be more tolerant towards ash die back pass on these traits to their offspring. The series of experiments made it possible to derive the resistance and tolerance of a total of 19 different genotypes, which are of interest for possible mating and breeding programs. The ash lines selected in this study could play an important role in future conservation of *F. excelsior* in southern Germany.

KEYWORDS

Hymenoscyphus fraxineus, *Fraxinus excelsior*, clones, resilience, tolerance, infection trial, phenology

Einleitung

Seit dem Erstnachweis des Pilzes *Hymenoscyphus fraxineus* in Deutschland 2002 (Schumacher et al. 2009) reduzierten sich Bestände der Gemeinen Esche hier wie im gesamten Europa (Pautasso et al. 2013). Nach Ausbruch der Krankheit wurden nach Schätzungen 2015 etwa zehn Prozent der Alteschen in heimischen Wäldern als vital angesehen (Bartha et al. 2014, Enderle et al. 2014, Lenz et al. 2016, Semizer-Cuming et al. 2021). Bereits fünf Jahre später reduzierte sich die Annahme auf fünf Prozent (Fussi 2020). Der einst so wichtigen und zukunfts-trächtigen Wirtschaftsbaumart Esche wurde damit eine niederschlagende Prognose gestellt, bei Bestandsbegründungen spielt sie aktuell keine Rolle mehr (Forster et al. 2019). Aufgrund der stetig gestiegenen Mortalitätsraten in allen Altersstufen, sollen Lösungen zur Rettung der Esche gefunden werden. In Deutschland stehen dafür neben waldbaulichen, überwiegend genetische Ansätze im Fokus (Enderle et al. 2014, Fussi und Konnert 2014, Enderle et al. 2019, Fussi 2020). Mit Hilfe von Infektionsversuchen sollten im Rahmen der vorgestellten Studien aus insgesamt 19 Genotypen von *F. excelsior* resistente oder tolerante Herkünfte ermittelt werden.

Material und Methode

Zur Beurteilung der überprüften Eschenklonen wurde der in Bayern, Thüringen und Sachsen angewendete Boniturschlüssel herangezogen. Dieser sieht eine Einteilung in sechs verschiedene Klassen, abhängig vom Kronenzustand, vor (Lenz et al. 2012). Die gesundheitliche Konstitution der Eschen wird anhand von Vitalitätsstufen eingeteilt. Die Ausprägung und Anzahl der visuell erkennbaren Symptome können innerhalb der Vitalitätsstufe variieren (Tabelle 1).

Zur Einschätzung der Vererbung der Konstitution von Eltern und Nachkommen wurden die Eschen der 19 Linien nach Vitalität im gesamten Beobachtungszeitraum anhand der Tabelle 1 beurteilt. Die Ausprägung und Häufung typischer Krankheits-symptome bestimmen maßgeblich die Vitalitätsstufe.

Eschenklone im Freilandversuch

Im Jahr 2009 wurden im Zuge eines Projekts zum Eschen-triebsterben an der Bayerischen Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft (LWF) insgesamt 24 Langzeitbeobachtungs-flächen in Bayern eingerichtet. Von diesen Flächen wurden von vitalen Eschen Pflanzfreier zur Klonerzeugung durch das Bayerische Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht, heute Amt für Waldgenetik (AWG), gewonnen. Im Jahr 2015 standen acht Linien mit der Vitalität 0 oder 1 mit insgesamt 60 Bäumen (jeweils 6 bis 14 Individuen pro Linie) für einen Freilandversuch zur Verfügung. Die Jungbäume wurden in einem Auwald nahe Moosburg an der Isar eingebracht. Durch die unmittelbare Nähe zu einem stark befallenen Eschenbestand sowie guten Infektionsbedingungen für den Pilz (dauerhaft hohe Luftfeuchtigkeit durch die Flussnähe) waren die Klone einem hohen natürlichem Infektionsdruck durch das Pathogen ausgesetzt. Die Infektion mit *H. fraxineus* wurde anhand typischer Symptome an mehreren Zeitpunkten über die Vegetationsperiode des Jahres 2015 intensiv beobachtet. Die Klone wurden weiterhin in den Jahren 2016, 2017 und 2020 auf ihre Vitalität beurteilt.

Versuch unter kontrollierten Bedingungen

Das AWG gewann 2011 auf zwei Beobachtungsflächen von jeweils sechs Altbäumen Saatgut, aus dem 2012 Sämlinge gezogen wurden. Die Eschensämlinge wurden nach Vitalitätsstufen der Eltern eingeteilt. Ab 2015 standen der LWF 120 Eschen aus zwölf Einzelbaumnachkommenschaften mit den Vitalitätsstufen 1 bis 3 für Versuche zur Verfügung. Für die Inokulation von Haupt- und Nebenfruchtform wurden unterschiedliche Individuen verwendet. In der ersten Variante wurden jeweils zwei Einzelblätter eines Fiederblatts von 54 Eschen der Vitalitätsstufen 1 bis 3 mit einer Sporensuspension der Hauptfruchtform künstlich infiziert. Ziel war es, die natürliche Infektion von Blattgewebe zu imitieren und die Entwicklung des Krankheitsbildes zu beobachten. In der

TABELLE 1: Boniturschlüssel zur Beurteilung der Ausprägung des Eschentriebsterbens nach Lenz et al. (2012).

TABLE 1: Scoring key for assessment of ash dieback according to Lenz et al. (2012). Vitality ranking from 0 = no symptoms to 5 = dead, with several visible symptoms.

Vitalitätsstufe	Blattverlust [%]	Kronenzustand	Symptome (Blattflecken, Welke, Rindennekrose)
0	0-10	gesund	symptomlos
1	11-30	einzelne kahle Triebe	geringe Symptome: ein Symptom, beginnend bis gut erkennbar
2	31-50	schütterere Krone	mittlere Symptome: ein bis zwei Symptome, erkennbar bis ausgeprägt
3	51-80	sehr schütter, Sekundärkrone	starke Symptome: zwei bis drei Symptome, gut ausgeprägt
4	81-99	Restkrone	verstärkte Symptome: mehrere Symptome, stark bis sehr stark ausgeprägt
5	100	Baum abgestorben	tot: mehrere Symptome führen zum Exitus

zweiten Infektionsvariante wurden 66 Eschen mittels Myzels der Nebenfruchtform von *H. fraxineus* am zuvor verwundeten Stämmchen inokuliert. Im Anschluss sollte eintretende Blattwelke und Rindenverfärbungen beobachtet werden.

Ergebnisse Freiland

Die Infektion der acht Eschenklon-Linien wurde anhand typischer Blattflecken des Eschentriebsterbens festgestellt. Im fortschreitenden Verlauf zeigten sich an allen Linien Symptome (Abbildung 1). Im Herbst 2015 wiesen bereits 80% der Eschen Rindennekrosen auf, davon wurde an 18% *H. fraxineus* mittels

TABELLE 2: Anteile der Eschenklone im Freilandversuch mit Symptomatik der Rindennekrose und Nachweis von *Hymenoscyphus fraxineus* mittels PCR-Diagnostik im Jahr 2015.

TABLE 2: Percentage of ash clones in field trials with symptoms of bark necrosis (Rindennekrosen [%]) and detection of *Hymenoscyphus fraxineus* using PCR diagnostics (PCR-Nachweis [%]) in 2015.

Linie	Anzahl der Individuen [n]	Rindennekrosen [%]	PCR-Nachweis [%]
FAR 3	6	83	17
MK 80	7	71	29
FS 22a	14	93	7
UW 8	6	17	0
FS 36	7	100	14
Ki 5	6	67	17
UW 2	7	100	43
UW 7	7	86	29
Gesamt	60	80	18

PCR-Diagnostik nachgewiesen (Tabelle 2). Es zeigten sich an allen Linien Rindennekrosen, welche häufiger an Seiten- als an Haupttrieben festgestellt wurden. Die Anzahl und Länge der Nekrosen im Gewebe nahmen zum Ende der Vegetationsperiode hin zu. Die Häufigkeit hing von den vorhandenen Ästen und Vergabelungen ab. An den Klonen UW 7, KI 5 und UW 8 zeigten sich Nekrosen in geringerem Ausmaß. Die Linie MK 80 wies Nekrosen am Haupttrieb und zum Beobachtungsende an Seitenzweigen auf, welche im Vergleich seltener auftraten.

In den Folgejahren 2016, 2017 und 2020 fiel bei allen Eschenklon-Linien die Vitalität ab (Abbildung 2). Im Jahr 2017 wurde eine Stagnierung des Zustands mancher Linien beobachtet. Durch den Neuaustrieb von Blattmasse und Leittrieben sowie der Nachverdichtung der Krone wurden im Frühjahr 2017 einige Eschen besser beurteilt. Ab dem Jahr 2017 wiesen alle Klone Symptome auf. Der Anteil abgestorbener Bäume stieg von 8% in 2016 über 12% in 2017 auf 34% in 2020. Bei allen Jungpflanzen waren typische Symptome, wie Rindennekrosen, Blattflecken und -welke, zu beobachten (Abbildung 3). Zwischen 2016 und 2020 verschlechterte sich bei den meisten der acht Linien die Vitalität. Bei Linie UW 2 stagnierte von 2016 bis 2020 die Vitalitätsstufe auf schlechtem Niveau. Im Freilandversuch zeigten sich die Linien FAR 3 und MK 80 als am tolerantesten.

Ergebnisse Labor

Inokulation von Blattgewebe (Gewächshaus): Mit diesem Experiment konnte eine Blattgewebeeinfektion mittels Sporensuspension erfolgreich durchgeführt werden. Die Infektion von Blattgewebe wurde drei Wochen nach Inokulation anhand typischer Gewebenekrosen ersichtlich. Nach neun Wochen war dies an 31% der Eschen zu beobachten. Von den Nachkommen der Bäume FAM 3, FAM 8, MK 1 und MK 80, welche zu Beginn mit Vitalität 1 kategorisiert wurden, wiesen 38% Blattnekrosen auf. An Nachkommen der Eschen der Vitalität 2 traten Nekrosen

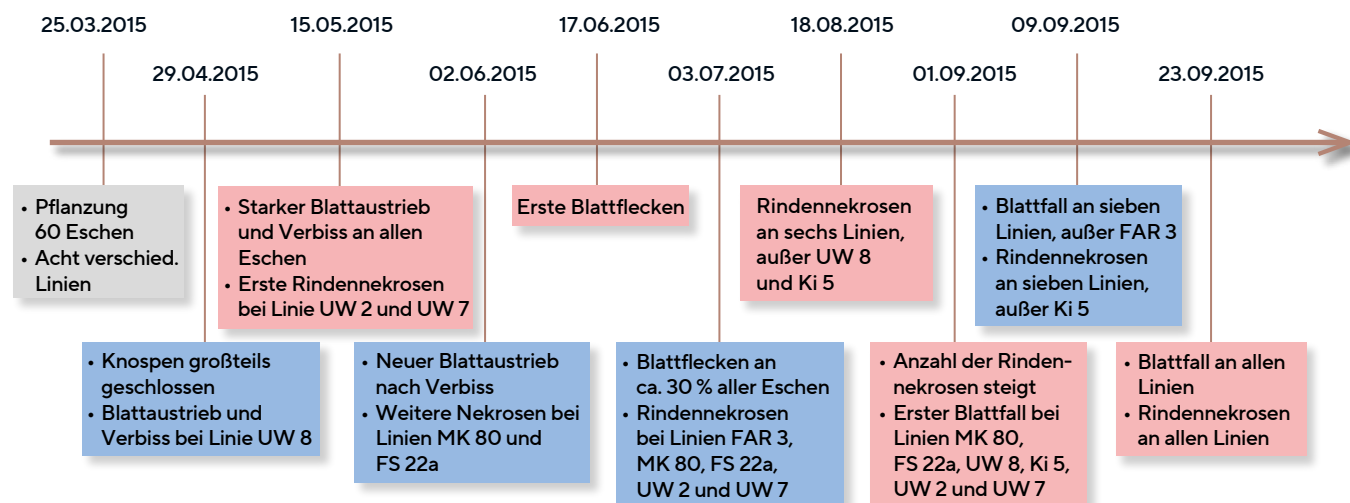


ABBILDUNG 1: Zeitliche Übersicht der wichtigsten Beobachtungen im Freilandversuch für das Jahr 2015.

FIGURE 1: Timeline of important observations in the 2015 field trial.

TABELLE 3: Blattinokulation mit Sporensuspension von *Hymenoscyphus fraxineus* an den Eschen.

TABLE 3: Leaf inoculation with spore suspension of *Hymenoscyphus fraxineus* on ash.

Vitalität	Linie	Anzahl der Individuen [n]	Eschen mit Blattnekrose [%]	Anzahl behandelte Blätter [n]	Fiederblätter mit Blattnekrosen [%]	Eschen in Vitalitätsstufe [n]	Individuen mit nekrotischem Blattgewebe [%]
1	MK 80	6	67	12	50	21	38
	FAM 3	3	33	6	33		
	MK 1	6	33	12	17		
	MK 106	3	33	6	17		
	FAM 8	3	0	6	0		
2	FAM 15	9	33	18	17	25	40
	MK 41	6	50	12	25		
	MK 15	4	50	8	38		
	FAM 9	6	33	12	17		
3	FAM 7	3	100	6	67	8	100
	FAM 6	3	100	6	50		
	MK 14	2	100	4	100		
Gesamt		54	48	108	31		

TABELLE 4: Infektionsversuch mit Wundinokulation mit Pilzmyzel und PCR-Nachweis von *Hymenoscyphus fraxineus*.

TABLE 4: Infection experiment with wound inoculation with fungal mycelium and PCR detection (PCR pos.) of *Hymenoscyphus fraxineus*.

Vitalität	Linie	Anzahl der Individuen [n]	Blattwelke [n]	Rindennekrose [n]	Holzverfärbung [n]	PCR positiv [n]	PCR positiv [%]	PCR positiv [n]	PCR positiv [%]
1	MK 80	6	1	1	2	2	33	10	50
	FAM 3	5	1	1	1	2	40		
	MK 1	3	2	2	2	3	100		
	MK 106	1	1	1	1	1	100		
	FAM 8	5	0	2	0	2	40		
2	FAM 15	5	2	2	2	3	60	12	60
	MK 41	5	4	3	4	4	80		
	MK 15	6	2	3	2	3	60		
	FAM 9	4	1	2	1	2	50		
3	FAM 7	9	4	4	4	5	56	9	60
	FAM 6	3	1	1	2	2	67		
	MK 14	3	1	2	2	2	67		
Gesamt		55	20	24	23	31	56	31	56

an 40% und an Nachkommen der Eschen der Vitalität 3 an 100% der Bäume auf (Tabelle 3). Der Übertritt des Pathogens von Blattgewebe auf die Blattspindel und das Einwachsen in das Stammgewebe wurde nicht beobachtet.

Wundinokulation von Stammgewebe (Gewächshaus): Eschen, welche durch die Konstitution der Eltern in Vitalität 1 kategorisiert waren, zeigten eine geringe, Eschen in Vitalitätsstufe 2 und 3 eine stärkere Ausprägung von Welkesymptomen. Zudem häufte sich das Auftreten von Rindennekrosen: 35% der

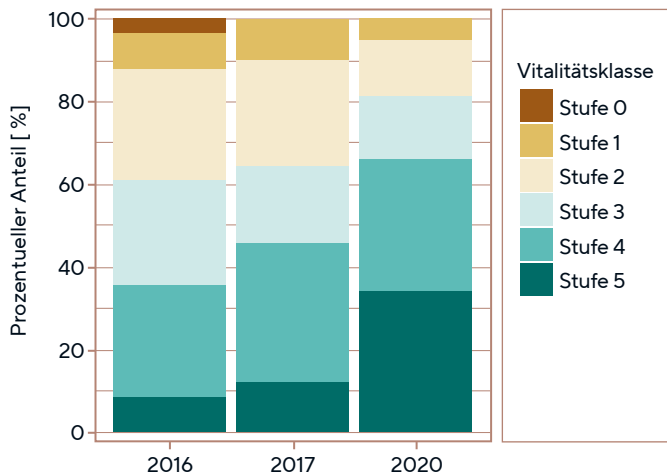


ABBILDUNG 2: Prozentualer Anteil der Eschenklone auf der Freiland-Beobachtungsfläche mit Symptomen des Eschentriebsterbens in den Jahren 2016, 2017 und 2020.

FIGURE 2: Percentual share of the ash clones with symptoms of ash dieback on the field observation plot in 2016, 2017 and 2020.

Pflanzen aus der Vitalitätsstufe 1 zeigten entsprechende Symptome, bei Stufe 2 waren es 50% und bei Stufe 3 waren es 47% (vgl. Tabelle 4). Die Linien MK 80, FAM 3 und FAM 8 (Eltern Vitalität 1) zeigten eine leichte und späte Ausprägung des typischen Symptoms. Bei den Eschenlinien, die von Eltern der Vitalität 1 abstammen, waren durchschnittlich 50% der Nachkommen beim PCR-Test positiv. Bei Bäumen, welche von Eschen der Vitalität 2 und 3 abstammten, waren es 60% der Nachkommen.

Die Eschen der verschiedenen Vitalitätsstufen reagierten in unterschiedlicher Geschwindigkeit auf die Wundinokulation und die sich ausbreitende Infektion im Stammgewebe. Im weiteren Verlauf konnte im Gewächshaus das Wachstum des Pilzmyzel im Stamm und die Blattwelke der Krone an den Jungeschen gut beobachtet werden (Abbildung 4).

Weiterer Vitalitätsverlauf nach Inokulation: Die für die Inokulationsexperimente verwendeten 110 Jungeschen wurden 2015 auf ihre Konstitution beurteilt, bevor 53 von ihnen - ohne sichtbare Symptome - 2016 vom Gewächshaus ins Freiland ausgelagert wurden. 2020 wurden die Jungbäume im Hinblick auf eine natürliche Infektion mit *H. fraxineus* auf typische Krankheitssymptome, wie Blattwelke, Stammnekrosen und Blattflecken, abschließend beurteilt.

Die zur Verfügung gestellten Eschenklone wurden 2012 mit jeweils identischer Vitalität der Elternbäume durch das AWG bonitiert. In der Vegetationsperiode des Jahres 2015 konnte an einigen Eschen eine leichte bis mittelstarke Symptomatik beobachtet werden. In den folgenden Vegetations-

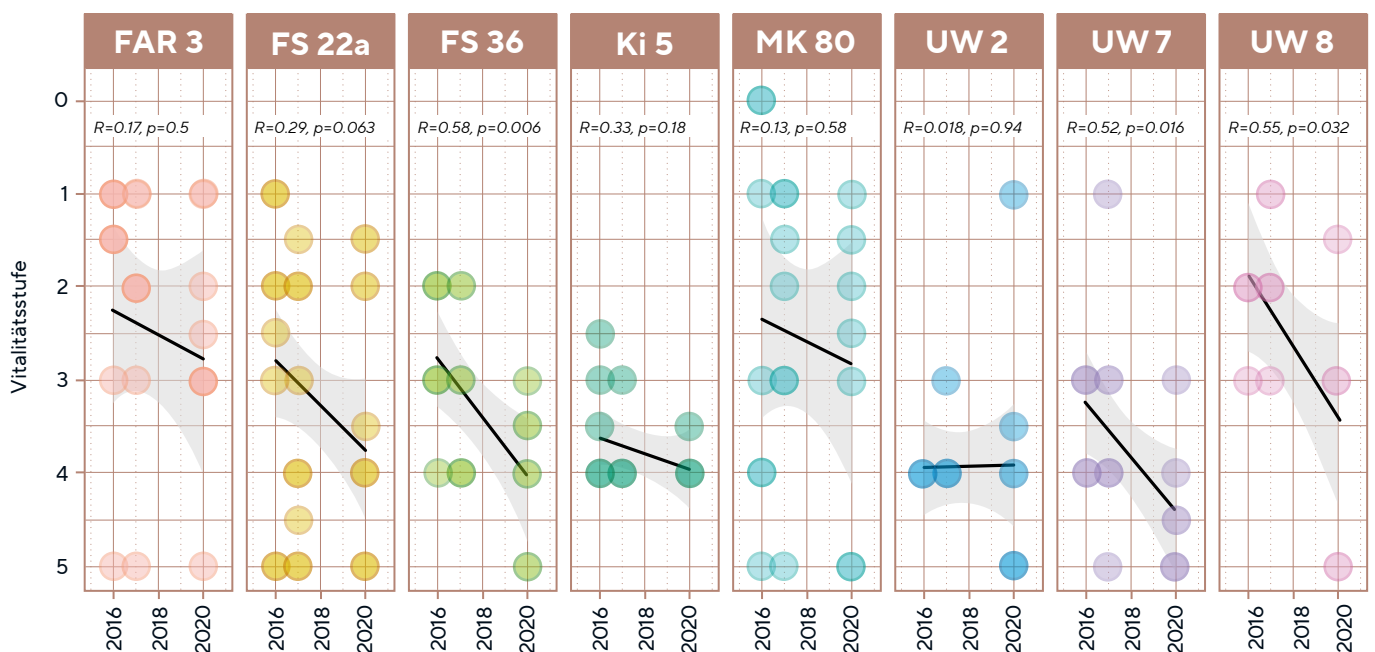


ABBILDUNG 3: Vitalitätsverlauf der acht Eschenklon-Linien hinsichtlich Symptome des Eschentriebsterbens im Freiland; mit Regressionsgerade, Konfidenzintervall (95%), Angabe des Pearson-Korrelationskoeffizienten und Signifikanzwert p.

FIGURE 3: Vitality progression regarding symptoms of ash dieback of the eight ash tree clone lines in the field; with regression line, confidence interval (95%), Pearson correlation coefficient and significance value p.



ABBILDUNG 4: Mit Myzel inokulierte Jungeschen aus unterschiedlichen Vitalitätsstufen: nicht inokulierte Pflanzen aus der Kontrolle ohne Symptome, inokulierte Pflanzen aus den Stufen Vitalität 1 mit geringer Symptomatik, Vitalität 2 und Vitalität 3 mit Rindennekrosen und Blattwelke.

FIGURE 4: Young ash trees from different vitality groups inoculated with mycelium: non-inoculated control without symptoms, inoculated plants from groups Vitality 1 with minor symptoms, Vitality 2 and Vitality 3 with bark necrosis and leaf wilt.

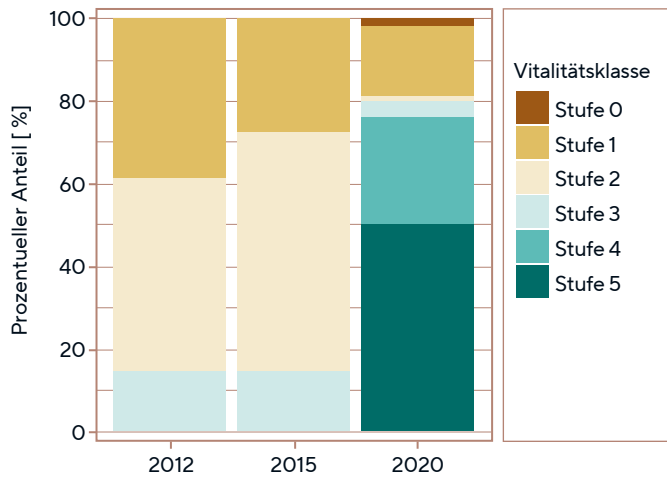


ABBILDUNG 5: Gesundheitszustand der Klone, ab 2016 im Freiland.

FIGURE 5: Health status of clones, in the field from 2016.

perioden bis 2020 verschlechterte sich bei nahezu allen Klonen die Konstitution nach der Auslagerung ins Freie. Ein geringer Prozentsatz wies 2020 geringe Anzeichen des Eschentriebsterbens auf (Abbildung 5). Die luftverbreiteten Ascosporen verursachten bei 50 % der Eschen ein Absterben. Auf Grund der Beobachtungen können von den 2015 als toleranter eingestuftes Eschenklon-Linien FAM 3, FAM 8, MK 1 und MK 80 nur noch die beiden Linien FAM 3 und MK 80 als vergleichsweise toleranter gegenüber dem Erreger des Eschentriebsterbens eingestuft werden (Abbildung 6).

Diskussion und Ausblick

Bei den Versuchen im Isar-Auwald zeigten alle Eschenklon-Linien Symptome des Eschentriebsterbens. Die Vitalität der Eschen im Freiland nahm zwischen 2015 und 2020 ab. Die durch die natürliche Infektion mit dem Pathogen entstandenen Rindennekrosen zeigten sich häufiger an Seitentrieben; die Haupttriebe wiesen in der Vegetationsperiode später und seltener Nekrosen auf. Im Jahr 2015 begann der Blattaustrieb früh, Blattnekrosen traten aber erst spät auf. Die phänologischen Beobachtungen, wie der frühe Start in die Vegetationsperiode und der zeitige Blattabwurf einzelner Linien, decken sich mit den Anzeichen für tolerantere Eschen, da durch das frühe Austreiben und rasche Abwerfen der Blätter eine kürzere Beeinflussung durch den erst später sporulierenden Pilz möglich ist. Die Interaktion zwischen Pilz und Wirt ist somit entkoppelt oder verkürzt synchron (McKinney et al. 2011, Enderle et al. 2019).

Die 2015 im Gewächshaus infizierten und toleranter wirkenden Nachkommen der Elternbäume FAM 3, FAM 8 und MK 1 zeigten eine geringere und spätere Symptomausprägung, was auf bessere Abwehrmechanismen schließen lässt. Nach den Freilandbeobachtungen, den Infektionsversuchen im Gewächshaus und anschließender Beobachtung im Freiland las-

sen die Linien FAR 3, FAM 3, FAM 8 und MK 80 eine potenzielle Toleranz gegenüber *H. fraxineus* erwarten.

Insgesamt zeigte sich, dass die Konstitution der Eltern ein Hinweis für die Toleranz der nachgezogenen Eschen geben kann. Sie stellt jedoch keine Verbindlichkeit für die folgende Vitalität der Klone dar. Das könnte bedeuten, dass vital erscheinende Eltern ein Indiz für die Entstehung toleranter Nachkommen sein könnten, jedoch kann die Vitalität der Nachkommen auch davon abweichen. So zeigte sich an den Jungeschen von allen Versuchen mit gesunden Eltern (Vitalität 0 oder 1) über einen längeren Beobachtungszeitraum von mehreren Jahren eine starke Ausprägung des Eschentriebsterbens. Weitere Einflussfaktoren, wie die Pathogenität und Virulenz des Erregers bis zum Ausbruch der Krankheit oder die physiologische Beschaffenheit unterschiedlich vitaler Eschen, sind nicht näher ermittelt worden. Weitere genetische Analysen zur Toleranzermittlung erscheinen sinnvoll, da eine Toleranz der Gemeinen Esche gegenüber *H. fraxineus* als individuell eingeschätzt wird (McKinney et al. 2011, Plüra et al. 2011, Enderle et al. 2014, Enderle et al. 2019), heterozygote Eschen toleranter erscheinen (Enderle et al. 2014, Fussi und Konnert 2014, Enderle et al. 2019) und Eschen allgemein einer hohen genetischen Variation unterliegen (McKinney et al. 2011, Enderle et al. 2014, Fussi und Konnert 2014, Enderle et al. 2019). Neue Untersuchungen zeigen in toleranten Genotypen ein verstärktes Anschalten von Genen, die in Signalwege für sekundäre Pflanzenstoffe und Hormone (Abscisinsäure, Jasmonate) involviert sind (Sahraei et al. 2020).

Die 2015 toleranter erscheinenden Nachkommenschaften von FAM 3, FAM 8, MK 1 und MK 80 könnten für zukünftige Züchtungen von Interesse sein. Diese Linien wurden in aktuellen Untersuchungen beobachtet und zeigten ein ähnliches Resistenzverhalten (Seidel et al. 2024). Die Eschen, welche eine geringe Symptomatik aufwiesen, sollten weiter beobachtet werden, um festzustellen, ob eine Toleranz gegenüber *H. fraxineus* über die Umtriebszeit beibehalten wird und ob dabei forstlich relevante Wuchseigenschaften erzielt werden.

Da aktuell keine effektiven Behandlungsmaßnahmen gegen das Eschentriebsterben bekannt sind, wird vermehrt auf Eschenzüchtungen und Kreuzungsvorhaben gesetzt (McKinney et al. 2011, Plüra et al. 2011, Kjær et al. 2012, Pautasso et al. 2013, Enderle et al. 2014, Fussi und Konnert 2014, McKinney et al. 2014, Enderle et al. 2017, Seidel et al. 2024). Hier muss in Besonderen auf die Aggressivität des Pilzes und einen möglichen genetischen Flaschenhals geachtet werden (McKinney et al. 2014, Fussi 2020, Semizer-Cuming et al. 2021). Neben der empfohlenen Erhaltung von gesunden Altbäumen (Forster et al. 2019, Fussi 2020) können neu eingebrachte Jungeschen bzw. Nachkommenschaften vitaler Altbäume dem entgegenwirken. Beides trägt dazu bei, tolerantere Eschen in die Folgegeneration unserer Wälder zu übernehmen (Semizer-Cuming et al. 2021) und eine nachhaltige Eschenverjüngung zu ermöglichen.

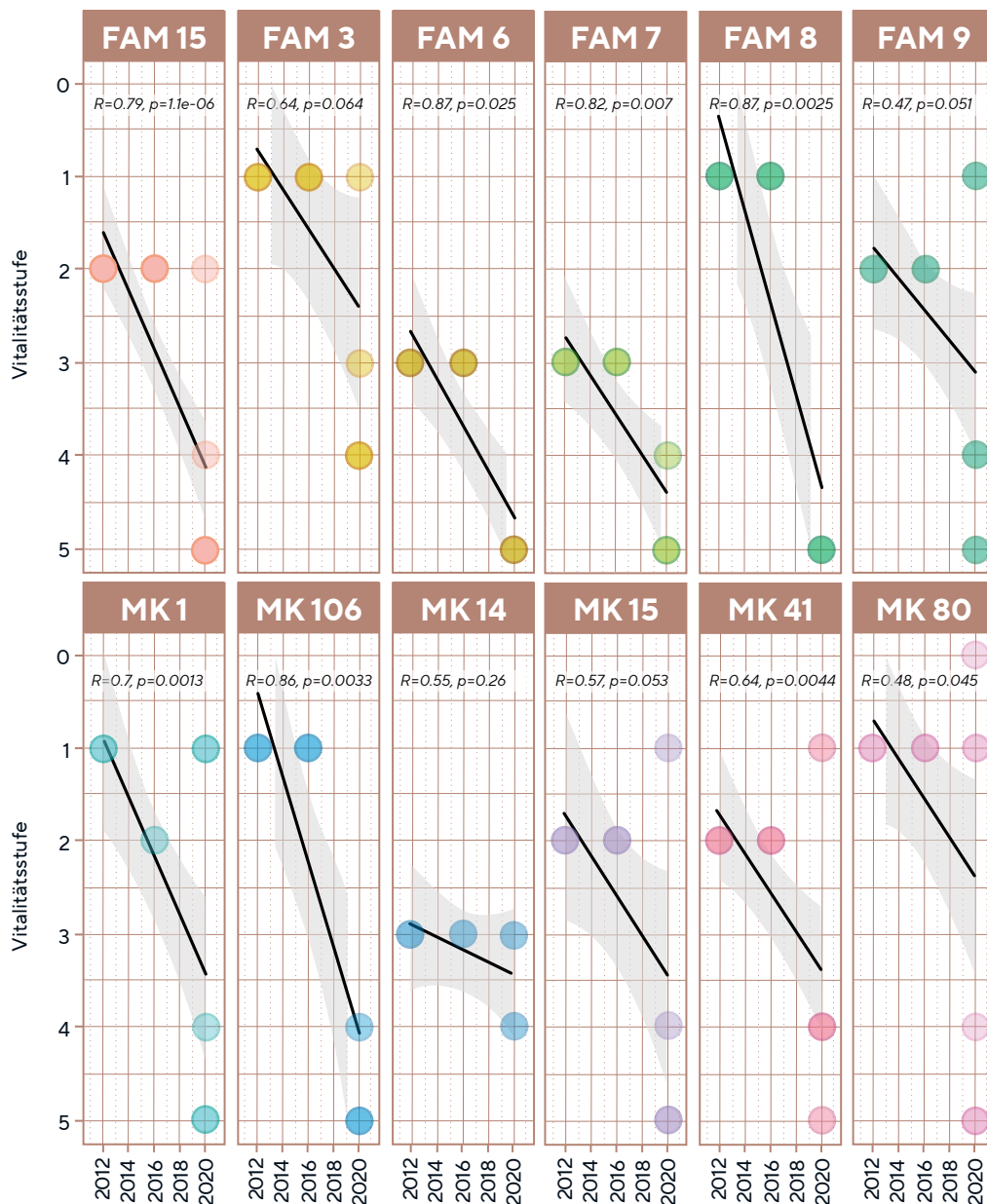


ABBILDUNG 6: Vitalitätsverlauf der Eschenpflanzen der unterschiedlichen Linien, die 2015 im Gewächshaus infiziert wurden und in den Jahren 2016 bis 2020 im Freiland kultiviert wurden; mit Regressionsgerade, Konfidenzintervall (95 %), Pearson-Korrelationskoeffizient und Signifikanzwert p.

FIGURE 6: Development of vitality of ash plants from different lines, which were infected in the greenhouse in 2015 and then cultivated in the field between 2016 and 2020; with regression line, confidence interval (95 %), Pearson correlation coefficient and significance value p.

Literaturverzeichnis

Bartha, B., Lenz, H., Petercord, R., 2014: Keine Entwarnung beim Eschentriebsterben. Freilandversuche und Resistenzzüchtungen sollen wirksame Wege in der Bekämpfung der Eschenkrankheit aufzeigen. LWF aktuell, 101, 51-53.

Enderle, R., Fussi, B., Lenz, H.D., Langer, G., Nagel, R., Metzler, B., 2017: Ash dieback in Germany: research on disease development, resistance and management options. In: Vaisatis, R., Enderle, R. (eds): Dieback of European Ash (*Fraxinus* spp.): Consequences and Guidelines for Sustainable Management, SLU Uppsala, Uppsala, 89-105. https://www.nw-fva.de/fileadmin/nwfv/publikationen/pdf/enderle_2017_ash_dieback_in_germany_-.pdf

Enderle, R., Nakou, A., Thomas, K., Metzler, B., 2014: Susceptibility of autochthonous German *Fraxinus excelsior* clones to *Hymenoscyphus pseudoalbidus* is genetically determined. *Annals of Forest Science*, 72(2), 183-193. <https://doi.org/10.1007/s13595-014-0413-1>

Enderle, R., Stenlid, J., Vasaitis, R., 2019: An overview of ash (*Fraxinus* spp.) and the ash dieback disease in Europe. *CABI Reviews*, 2019, 1-12. <https://doi.org/10.1079/PAVSNNR201914025>

Forster, M., Falk, W., Reger, B., 2019: Praxishilfe: Klima-Boden-Baumartenwahl. Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, Freising, 109 S. https://www.lwf.bayern.de/mam/cms04/service/dateien/praxishilfe_baumarten_bf.pdf

- Fussi, B., 2020: So hat die Esche eine Chance! LWF Aktuell, 126, 60–61. https://www.lwf.bayern.de/mam/cms04/boden-klima/dateien/a126_so_hat_die_esche_eine_chance.pdf
- Fussi, B., Konnert, M., 2014: Genetic analysis of European common ash (*Fraxinus excelsior* L.) populations affected by ash dieback. *Silvae Genetica*, 63(5), 198–212. <https://doi.org/10.1515/sg-2014-0026>
- Kjær, E.D., McKinney, L.V., Nielsen, L.R., Hansen, L.N., Hansen, J.K., 2012: Adaptive potential of ash (*Fraxinus excelsior*) populations against the novel emerging pathogen *Hymenoscyphus pseudoalbidus*. *Evolutionary Applications*, 5(3), 219–228. <https://doi.org/10.1111/j.1752-4571.2011.00222.x>
- Lenz, H., Bartha, B., Straßer, L., Lemme, H., 2016: Development of Ash Dieback in South-Eastern Germany and the Increasing Occurrence of Secondary Pathogens. *Forests*, 7(2), 41. <https://doi.org/10.3390/f7020041>
- Lenz, H., Straßer, L., Baumann, M., Baier, U., 2012: Boniturschlüssel zur Einstufung der Vitalität von Alteschen. *AFZ-Der Wald*, 67(3), 18–19. https://www.lwf.bayern.de/mam/cms04/waldschutz/dateien/bonitur_von_alteschen.pdf
- McKinney, L.V., Nielsen, L.R., Collinge, D.B., Thomsen, I.M., Hansen, J.K., Kjær, E.D., 2014: The ash dieback crisis: genetic variation in resistance can prove a long-term solution. *Plant Pathology*, 63(3), 485–499. <https://doi.org/10.1111/ppa.12196>
- McKinney, L.V., Nielsen, L.R., Hansen, J.K., Kjær, E.D., 2011: Presence of natural genetic resistance in *Fraxinus excelsior* (Oleraceae) to *Chalara fraxinea* (Ascomycota): An emerging infectious disease. *Heredity* 106(5), 788–797. <https://doi.org/10.1038/hdy.2010.119>
- Pautasso, M., Aas, G., Queloz, V., Holdenrieder, O., 2013: European ash (*Fraxinus excelsior*) dieback – A conservation biology challenge. *Biological Conservation*, 158(12), 37–49. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2012.08.026>
- Pliūra, A., Lygis, V., Suchockas, V., Bartkevičius, E., 2011: Performance of Twenty Four European *Fraxinus excelsior* Populations in Three Lithuanian Progeny Trials with a Special Emphasis on Resistance to *Chalara fraxinea*. *Baltic Forestry*, 17(1), 17–34. [https://balticforestry.lammc.lt/bf/PDF_Articles/2011-17\[1\]/Pliura_2011_17_34.pdf](https://balticforestry.lammc.lt/bf/PDF_Articles/2011-17[1]/Pliura_2011_17_34.pdf)
- Sahraei, S.E., Cleary, M., Stenlid, J., Brandström Durling, M., Elfstrand, M., 2020: Transcriptional responses in developing lesions of European common ash (*Fraxinus excelsior*) reveal genes responding to infection by *Hymenoscyphus fraxineus*. *BMC Plant Biology*, 20(1):455, 11 S. <https://doi.org/10.1186/s12870-020-02656-1>
- Seidel, H., Šeho M., Fussi M., 2024: Hope for ash conservation and propagation—single individuals can be highly resistant to an invasive pathogen. *J Plant Dis Prot*, (2025) 132:18. <https://doi.org/10.1007/s41348-024-01034-5>
- Schumacher, J., Kehr, R., Leonhard, S., 2009: Mycological and histological investigations of *Fraxinus excelsior* nursery saplings naturally infected by *Chalara fraxinea*. *Forest Pathology*, 40(5), 419–429. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0329.2009.00615.x>
- Semizer-Cuming, D., Chybicki, I.J., Finkeldey, R., Kjær, E.D., 2021: Gene flow and reproductive success in ash (*Fraxinus excelsior* L.) in the face of ash dieback: restoration and conservation. *Annals of Forest Science*, 78(1), 14. <https://doi.org/10.1007/s13595-020-01025-0>