
Aspekte zur Genetik und zum Vermehrungsgut der Flatterulme

Eva Cremer, Michael Luckas, Bernhard Rau und Alwin Janßen

Schlüsselwörter: Saatgut, Fruktifikation, genetische Strukturen, Generhaltung, Ulmenresistenzzüchtung

Zusammenfassung: Die wind- und wasserverbreiteten Samen der Flatterulme sind im Mai reif. Da die Flatterulme als seltene Baumart nicht dem Forstvermehrungsgutgesetz unterliegt, kann die Saatgutgewinnung ohne Berücksichtigung von Qualitätskriterien und Herkunftsaspekten erfolgen. Dabei kann die Verwendung von ungeeignetem Saatgut viele negative Auswirkungen haben, wie die Verfälschung regionaler genetischer Strukturen, eine mangelhafte Anpassung oder die fehlende Möglichkeit zur Identitätssicherung.

Die Flatterulme ist anhand ihrer Erbsubstanz von ihren heimischen Verwandten gut unterscheidbar. Sie ist dabei im Vergleich zu anderen europäischen Laubbaumarten genetisch wenig variabel, zeigt aber deutliche Unterschiede in den genetischen Strukturen verschiedener, räumlich getrennter Vorkommen. Generhaltungsmaßnahmen sind bei dieser seltenen Baumart zwingend notwendig, da sie durch den Lebensraumrückgang der Auen stark fragmentiert ist. Dabei zählt die Erfassung genetischer Strukturen und darauf basierend die Ausweisung von Erntebeständen zu den Grundlagen der Generhaltung für die Flatterulme in Bayern. Die Flatterulme ist vom Ulmensterben weniger betroffen als die Feld- und die Bergulme. Programme zur Resistenzzüchtung gegen den Pilz des Ulmensterbens begannen bereits in den 20er Jahren des 20. Jahrhunderts, vielfach durch Kreuzungen mit asiatischen Ulmenarten.



Abbildung 1: Flatterulmen-Blüte Foto: M. Lukas, AWG

Saatgut und Vermehrung

Fruktifikation

Flatterulmen sind meist mit ca. 35 Jahren – vereinzelt sogar deutlich eher – fruktifikationsfähig. Die Blüte findet jährlich noch vor dem Laubaustrieb, je nach Temperaturverlauf, Ende Februar bis Anfang April statt. Die zweigeschlechtlichen Blüten sind büschelartig angeordnet, auffallend langgestielt und gut sichtbar. Dieser Stiel ist eines der deutlichsten Unterscheidungsmerkmale zu den anderen Ulmenarten. Auch wenn die Bestäubung überwiegend der Wind vollzieht, locken die Blütenstände wegen des reichen Pollenangebots und dem frühen Blühtermin zahlreiche Bienen und andere Insektenarten an. Die Flatterulme zählt damit zu einer wichtigen Bienenart im Vorfrühling.

Samenreife und Ernte

Rasch nach der Befruchtung bilden sich noch im April grüne, flache und elliptisch runde Flügelfrüchte aus. Die Stiele begründen bei den Früchten noch mehr als bei den Blüten die namensgebende und hörbare Flatterwirkung im Wind. Die zunehmende Braunfärbung markiert den Reifeprozess, der Mitte bis Ende Mai vollzogen ist. Die fertigen Samen sitzen als Nüsse in der Mitte einer Scheibe, die vom Wind verbreitet wird. Die Flügel sind auch schwimmfähig. Deshalb kann die Flatterulme als Baumart der Flussauen Gewässer gerade bei Überflutungen für den Weitertransport nutzen. Der silberfarbene Haarkranz der Scheibe dient dabei der Steigerung der Transportfähigkeit. Mitte Mai ist auch die Zeit, um die Samen gezielt zu ernten. Meist werden die Bäume gerüttelt und das Saatgut auf den vorher ausgelegten Planen aufgelesen. Dabei ergeben sich Ernteerträge von 10 bis 15 Kilogramm Rohsaatgut pro Baum. Gut bekronte Bäume liefern Spitzenwerte von 25 Kilogramm und mehr. Allerdings schwankt die tatsächliche Samenausbeute von Jahr zu Jahr sehr stark. Nicht selten trübt ein hoher Hohlkornanteil die Erwartungen.

Aussaat

Der reife Ulmensamen besitzt keine Keimhemmung, das bedeutet er ist bei für ihn günstigen Bedingungen sofort keimfähig. Er braucht Rohboden, viel Feuchtig-



Abbildung 2a: Samen der Flatterulme grün Foto: M. Lukas, AWG

keit und verträgt als sogenannter »Lichtkeimer« keine Übererdung. Für eine erfolgreiche Aussaat werden die Samen im Beet nur angedrückt, ordentlich gewässert und schattiert.

Aufbewahrung und Versorgungslage

Erfahrungen zeigen, dass Flatterulmensamen 3–5 Jahre aufbewahrt werden können. Dafür werden die Samen mit den Flügeln auf 8–10% Wassergehalt getrocknet und bei einer Temperatur von -7°C luftdicht eingelagert. Die Lagerfähigkeit und die jährliche Erntemöglichkeit führen dazu, dass bisher noch keine Engpässe bei der Versorgung zu verzeichnen sind. Unsere Ulmenarten unterliegen nicht dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG). Dies hat einerseits zur Folge, dass die einfachste und billigste Erntegelegenheit genutzt werden kann. Andererseits bleiben die Vorteile dieses wichtigen Verbraucherschutzgesetzes auf der Strecke. Aspekte wie Vitalität, Qualität und genetische Ausstattung müssen nicht berücksichtigt werden. Ebenso gibt es keine Vorschriften hinsichtlich Deklaration, was die Identitätssicherheit gefährdet. Es wäre deshalb wünschenswert, dass sich die Verantwortlichen bei der Gewinnung von Vermehrungsgut der Flatterulme an

den Vorgaben des FoVG orientieren. Über die private »DKV – Gütegemeinschaft für forstliches Vermehrungsgut e.V. (DKV)« sind sechs ausgewiesene Sonderherkünfte mit insgesamt 4,3 ha Fläche anerkannt (Donauried, Südliche Fränkische Platte, Schuenhagen, Elbtalau, Soester Börde und Ostholstein). Im Baumschuljahr vom 1. Juli 2016 bis zum 30. Juni 2017 wurden dabei 73 kg Rohsaatgut und 27 kg Samen der Sonderherkunft Ostholstein geerntet.

Überblick zur Genetik der Flatterulme

Wie der Großteil der Bäume und alle Ulmenarten auch ist die Flatterulme diploid, d. h. sie besitzt einen doppelten Chromosomensatz. Ihre Erbsubstanz ist dabei verteilt auf Erbgutpäckchen von 28 Chromosomen ($2n$). In bisherigen Untersuchungen konnte bei Flatterulme keine Selbstbefruchtung nachgewiesen werden (Mittenpergher and Porta 1991, Nielsen and Kjaer 2010, Venturas et al. 2013). Dies lässt darauf schließen, dass im Paarungssystem der Flatterulmen Mechanismen zur Vermeidung von Befruchtung durch eigene Pollen oder genetisch ähnlichen Pollen (=Selbstin-



Abbildung 2b: Samen der Flatterulme reif Foto: M. Lukas, AWG



Abbildung 3: Flatterulmen-Plusbaum, d. h. ein nach forstlichen Qualitätskriterien ausgewählter Baum (z. B. für die Anlage einer Samenplantage) Foto: M. Lukas, AWG

kompatibilität) stark ausgeprägt sind. Auch vegetative Ausbreitung (über Klone) spielt bei der Flatterulme keine große Rolle (Kätzel 2007, Venturas et al. 2013) – im Gegensatz zur Schwarzpappel als ebenfalls seltene, an den Auenstandort angepasste Baumart.

Die Flatterulme kreuzt sich unter natürlichen Bedingungen nicht mit den anderen heimischen Ulmenarten, da sie starke Kreuzungsbarrieren aufweist. Sie ist verwandtschaftlich der nordamerikanischen Ulme (*U. americana* L.) näher als den beiden bei uns heimischen Ulmenarten und bildet mit ihr die Sektion *Blepharocarpus*. Aus diesem Grund ist die genetische Differenzierung zwischen der Flatterulme und den beiden Ulmenarten Feld- und Bergulme vergleichsweise hoch. Dies haben Studien mit unterschiedlichen molekularen Markern gezeigt (Colin 2003). Feld- und Bergulme lassen sich dagegen genetisch weniger gut unterscheiden.

Untersuchungen genetischer Strukturen können grundsätzlich dazu dienen, genetische Variation (z. B. Vielfalt und Diversität) zu beschreiben, räumlich-genetische Unterschiede zu erfassen, Artreinheit bzw. Hybridisierung mit anderen Arten zu überprüfen so-

wie vegetative Vermehrung, d. h. klonale Strukturen in einer Population abzuschätzen.

Bei DNA-Untersuchungen des Chloroplasten, die eingesetzt werden, um großräumige Strukturen bzw. Unterschiede zu beleuchten, konnten in einer Europäischen Studie an Flatterulme nur drei verschiedene Typen erfasst werden (Colin 2003). Dabei wurde ein Haupttyp identifiziert, der zu 93% in Westeuropa vorkommt. Zudem kam ein seltener Chloroplasten-Typ in Süd-West-Frankreich und ein weiterer im Süd-Osten des Untersuchungsgebietes (Westeuropa) vor.

Ergebnisse aus genetischen Studien mit sog. Isoenzymmarkern (z. B. in Deutschland: Kätzel 2007, in Finnland: Vakkari et al. 2009) zeigen beträchtliche regionale Unterschiede in den genetischen Strukturen zwischen den Flatterulmen-Vorkommen. Dies belegen auch Untersuchungen mit DNA-Markern z. B. in spanischen Ulmenvorkommen (Venturas et al. 2013). Solche verhältnismäßig großen Differenzierungen können beispielsweise durch genetische Drift (=Verlust von genetischen Varianten) entstehen, was höchstwahrscheinlich auf die beträchtlichen Lebensraumfrag-

mentierung durch die Reduzierung der Auenstandorte zurückzuführen ist. Zudem kann angenommen werden, dass sich Flatterulmenvorkommen an unterschiedlichen Flußsystemen voneinander unterscheiden – ähnlich der Schwarzpappel – aber sich innerhalb eines Flußsystems ähnlich sind und miteinander in Verbindung stehen.

Die Flatterulme zeichnet sich über ganz Europa durch eine verhältnismäßig geringe genetische Variation aus, anders als bei anderen windbestäubten Baumarten wie Buche oder Eiche (Venturas et al. 2013, Nielsen and Kjaer 2010, Vakkari et al. 2009, Whiteley et al. 2004). Dieses Phänomen lässt sich über die verschiedenen genetischen Markersysteme hinweg beobachten. Deswegen schließen Whiteley et al. 2004 eine zufällige Auswahl von wenig variablen genetischen Markern aus. Vielmehr gehen sie davon aus, dass diese geringe Variation eine artspezifische Eigenschaft ist, die durch einen historischen Flaschenhalseffekt ausgelöst wurde, der kurz vor der nacheiszeitlichen Rückwanderung stattgefunden haben muss.

Genetische Kriterien sind wichtig und entscheidend z. B. für die Bewertung der Erhaltungswürdigkeit einer Flatterulmenpopulation im Rahmen von Generhaltungsprogrammen, bei denen neben äußerlichen Kriterien (wie Populationsgröße, Vitalität, etc.) auch die genetische Variabilität einbezogen wird.

Generhaltungsaspekte

Flatterulmen gehören zu den seltenen Baumarten, die vorwiegend in fragmentierten Populationen vorkommen, da sich naturnahe Auenstandorte als primäre Habitate der Flatterulme reduziert haben. Der Verlust des natürlichen Lebensraumes gefährdet die Flatterulme am meisten. Aus diesem Grund sind Erhaltungsmaßnahmen für diese Baumart notwendig und sinnvoll.

Von der europäischen Expertengruppe für forstliche Generhaltung (EUFORGEN) ist ein Merkblatt über Richtlinien zur forstlichen Generhaltung für die Baumart Flatterulme erarbeitet worden (Colin 2003). Hier werden grundlegende Kriterien für die Generhaltung bei Flatterulme beschrieben, so beispielsweise die Mindestanzahl von 50 reproduktionsfähigen Bäumen je Generhaltungseinheit.

Zur Erhaltung der forstgenetischen Ressourcen der Flatterulme wurden in Deutschland 711 Erhaltungsbestände mit einer Gesamtfläche von 2.537 ha sowie zusätzlich 3.652 Einzelbäume ausgewiesen (Stand: 2013). Dies ist ein deutlich größerer In-situ-Erhaltungsbestand als für die Berg-Ulme. Zusätzlich sind vier Samenplantagen mit 6,8 ha Fläche bestehend aus 170 Einzelklonen angelegt worden (Janßen et al. 2014). Im bayerischen »Konzept zum Erhalt und zur nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen« ist mittelfristig die Ausweisung von vier Erhaltungsbeständen sowie die Ausweisung von zwei Erntebeständen und die Anlage von mindestens einer Samenplantage vorgesehen (Tabelle 1).

Die Erfassung und Kartierung von Vorkommen stellt grundsätzlich den ersten Schritt für die Generhaltung dar. So wurden in einem bundesweiten Projekt der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) Ulmen-Vorkommen erfasst und anschließend aufgrund von phänotypischen sowie genetischen Kriterien bewertet (Kätzel 2007). Die Ergebnisse am Beispiel des phänotypischen Merkmals Brusthöhendurchmesser (BHD) waren bei dieser Basiserfassung wie folgt: Die Verteilung der Durchmesser in 3 Stufen (< 7 cm BHD; 7–20 cm BHD; > 20 cm BHD) lassen sich in zwei Kategorien aufteilen, die sich deutlich unterscheiden. Zum einen die Flatterulme mit einer relativ ausgeglichenen Verteilung von der schwächsten zur stärksten Stufe von 28%, 34% und 38%, bzw. mit einem leichten Überhang bei den stärkeren Bäumen.

Tabelle 1: Geplante Generhaltungsmaßnahmen für die Ulmenarten in Bayern

Baumart	Anzahl Generhaltungsbestände					Anzahl Ex-situ-Generhaltungsmaßnahmen		
	G1	G2	G3	G4	G5	EB	P	S
Bergulme <i>U. glabra</i>	1	1	1	1	2	2	2	
Feldulme <i>U. minor</i>	1	1	1	1		2	1	X
Flatterulme <i>Ulmus laevis</i>	1	1	1	1		2	1	

G1: Generhaltungszone 1 – Wuchsgebiete 1–5, G2: Generhaltungszone 2 – Wuchsgebiete 6–7, G3: Generhaltungszone 3 – Wuchsgebiete 8–11, G4: Generhaltungszone 4 – Wuchsgebiete 12–15, G5: Generhaltungszone 5 – Wuchsgebiete 15 (Bayerische Alpen)
 EB: Ausweisung von Erntebeständen, P: Samenplantagen, S: Einlagerung von Saatgut, X: Maßnahme erforderlich

Zum anderen die Berg- und Feldulmen, bei denen der Anteil der Bäume unter 7 cm BHD bei 68% bzw. 73% liegt. Die Anteile der mittleren Klasse von 7–20 cm BHD sind bei diesen beiden Baumarten mit 24% gleich groß. Die starken Bäume in der Klasse mit BHD > 20 cm besitzen bei Bergulme einen Anteil von 8% und bei Feldulme lediglich noch 3%. Auch dies beweist, dass die Flatterulme lang nicht so stark vom Ulmensterben betroffen ist wie die anderen beiden heimischen Ulmenarten.

Aktuelles Projekt zur Erfassung von Herkunftsunterschieden und Verbesserung der Erntebasis

Auch eine erste Erfassung genetischer Strukturen von über Deutschland verteilten Flatterulmen-Erhaltungseinheiten (Bayern ausgenommen) wurde in dem o.g. BLE-Projekt 2007 durchgeführt und zeigte beträchtliche Unterschiede zwischen den verschiedenen Vorkommen (Kätzel 2007). Aus diesen Ergebnissen lassen sich Hinweise auf regionale Unterschiede zwischen den Flatterulmen in Deutschland ableiten. Dieser Aspekt wird allerdings bei der Vermehrung von Flatterulmen bisher nicht berücksichtigt. Da die Flatterulme – wie oben beschrieben – nicht dem FoVG unterliegt, sind für diese Baumart keine Herkunftsgebiete ausgewiesen. So können Vorkommen derzeit »unregelmäßig«, erzeugt und im Wald ausgebracht werden. Dies birgt die Gefahr, dass infolge von Waldumbaumaßnahmen mit ungeeignetem Saat- und Pflanzgut die genetische Vielfalt dieser Baumarten stark gemindert wird und/oder regionalspezifische genetische Strukturen dieser seltenen Arten langfristig verfälscht werden. Dies wiederum kann Auswirkungen auf Anpassungsfähigkeit bzw. Anpassbarkeit und die künftige Qualität der Waldbestände haben.

Die Erfassung von Vorkommen und deren genetischer Strukturen kann uns dabei helfen, sog. »genetische Landkarten« für die Flatterulme zu erstellen, die die Basis für Herkunftsempfehlungen bilden. In dem vom bayerischen Kuratorium finanzierten Projekt »Erarbeitung von Herkunftsempfehlungen und Verbesserung der Erntebasis für seltene Baumarten« sollen die Grundlagen geschaffen werden, geeignete Erntebestände für die Flatterulme in Bayern auszuweisen, um letztlich die Versorgung mit qualitativ hochwertigem Saat- und Pflanzgut sicherzustellen. Gerade vor dem Hintergrund des Eschensterbens ist damit zu rechnen, dass auf Auwaldstandorten die Flatterulme als Ersatz

für die Esche verstärkt künstlich eingebracht wird. Dies wird voraussichtlich eine erhöhte Nachfrage an Saat- und Pflanzgut in den nächsten Jahren mit sich bringen. Die Ausweisung von Erntebeständen ist damit ein wichtiger Teil von Generhaltungsmaßnahmen, um geeignetes Saat- und Pflanzgut für die Wiedereinbringung zur Verfügung zu haben (z. B. im Rahmen regionaler Wiederansiedlungskonzepte). Deswegen wird zurzeit vom Bayerischen Amt für Waldgenetik (AWG) für ganz Bayern eine Vorkommenserfassung für die Flatterulme durchgeführt bzw. aktualisiert, inklusive genetischer Untersuchungen von ausgewählten Vorkommen. Die Erfassung soll bis Ende 2019 abgeschlossen sein. Dabei zeigt sich schon deutlich, dass die Flatterulmenvorkommen bisher eher unterschätzt worden sind. Zum einen sind oft wesentlich mehr adulte und qualitative gute Flatterulmen in bereits erfassten Vorkommen vorhanden und zum anderen gibt es mehr Vorkommen als bislang angenommen. So konnten kürzlich einige Vorkommen z. B. im Süd-Osten Bayerns kartiert werden – ein bisher weißer Fleck auf der »Flatterulmen-Landkarte«.

Ulmenresistenzzüchtung – ein kurzer historischer Abriss

Das durch den Pilz *Ophiostoma ulmi* (Buism.) *Nannf.* hervorgerufene Ulmensterben hat aus Asien kommend sowohl in Europa seit dem 1. Weltkrieg als auch in Nord-Amerika seit 1929 zu einem rasanten Rückgang der jeweils heimischen Ulmenarten geführt. Der seit Ende der 60er Jahre auftretende Pilz *Ophiostoma novo-umi* Brasier, der eine deutlich höhere Aggressivität aufweist, hat diesen Rückgang noch verstärkt. Die Flatterulme ist aber deutlich weniger vom Ulmensterben betroffen als die Feld- und die Bergulme. Das liegt zum einen an Inhaltsstoffen der Rinde, die den Baum für den Ulmensplintkäfer als Überträger des Pilzes, unattraktiver machen, zum anderen an Resistenzmechanismen des Baumes selbst (Müller-Kroehling 2003). Insgesamt gibt es weltweit rund 45 Ulmenarten. In Asien hat sich durch die Koevolution zwischen Ulmen und Pilz eine weitgehende Resistenz der dort heimischen Ulmen ausgebildet.

In Holland begann 1928 ein bis 1992 andauerndes Züchtungsprogramm. Allerdings wurde in Holland hauptsächlich wegen der Bedeutung der Ulmen als Straßen- und Stadtbäume und nicht für den Anbau im Wald gezüchtet. Es wurden sehr viele Kreuzungen auch mit asiatischen Ulmenarten, vor allem *U. japonica*

(R.) Sarg., *U. laciniata* Mayr und *U. pumila* L., durchgeführt. Daneben gab es auch in Italien und Spanien noch Züchtungsprogramme (Mitterpergher 2004).

Auch in den USA wurden diverse Züchtungsprogramme durchgeführt. Hier wurden vor allem die Ulmenarten *U. japonica* (R.) Sarg., *U. pumila* L., *U. parvifolia* Jacq. und *U. wilsoniana* C.K. Schneid. in die dort heimische *U. americana* L. eingekreuzt. Ein Teil dieser sogenannten »Resista«-Klone kam ab den 1980er Jahren auch auf den europäischen Markt. Sie sind in Resistenzuntersuchungen zwar weitgehend resistent (Janßen 1993), erscheinen aber vor allem wegen ihrer Wuchs- und Formeigenschaften nicht für den Anbau im Wald geeignet.

Literatur

Colin, E. (2003): EUFORGEN Technical guidelines for genetic conservation and use for European white elm. Internal Plant Genetic Resources Institute Rome, Italy

Janßen, A. (1993): Erfahrungen in einem Erhaltungs- und Züchtungsprogramm mit Ulme in Hessen. In: Kleinschmit, J.; Weisgerber, H. (Hrsg.): »Ist die Ulme noch zu retten?«. Forschungsberichte der Hessischen Forstlichen Versuchsanstalt, Band 16, 30-38.

Janßen, A.; Liesebach, M.; Rogge, M.; Haverkamp, M. (Redaktion); Bund-Länder-Arbeitsgruppe »Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht« (2014): Tätigkeitsbericht der Bund-Länder-Arbeitsgruppe »Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht« Berichtszeitraum 2009-2013. Hrsg: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Bonn, 238 S.

Kätzel, R. (2007): Erfassung der genetischen Ressourcen der Ulmen-Arten in Deutschland. Schlussbericht, Aktenzeichen: 541-73.01/05BE00, 131 S. (<https://docplayer.org/35775342-Erfassung-der-genetischen-ressourcen-der-ulmen-arten-in-deutschland-schlussbericht.html> - heruntergeladen am 01.04.2019 - 10:22 Uhr)

Mitterpergher, L.; Porta, N. (1991): Hybridization studies in the Eurasian species of elm (*Ulmus* spp.). *Silvae Genet* 40(5/6), S. 237-243

Mitterpergher, L.; Santini, A. (2004): The history of elm breeding. *Invest Agrar: Sist Recur For* 13 (1), S. 161-177.

Müller-Kroehling, S. (2003): *Ulmus laevis*. In: Weisgerber, H. et al. (Hrsg.): Enzyklopädie der Holzgewächse, 34, Ergänzungslieferung 12/03, 13 S.

Nielsen, L.R.; Kjær, E.D. (2010): Fine-scale gene flow and genetic structure in a relic *Ulmus laevis* population at its northern range. *Tree Genet Genomes* 6(5), S.643-649

Vakkari, P.; Rusanen, M.; Kärkkäinen, K. (2009): High genetic differentiation in marginal populations of European white elm (*Ulmus laevis*). *Silva Fennica* 43(2), S. 185-196.

Venturas, M.; Fuentes-Utrilla, P.; Ennos, R.; Collada, C.; Gil, L. (2013): Human-induced changes on fine-scale genetic structure in *Ulmus laevis* Pallas wetland forests at its SW distribution limit. *Plant Ecology* Vol 214, 2, S. 317-327

Whiteley, R.E.; Black-Samuelsson, S.; Demesure-Musch B. (2004): Nuclear and chloroplast DNA variation in the European white elm (*Ulmus laevis* Pall.). In: Whiteley R (ed) Quantitative and molecular genetic variation in *Ulmus laevis* Pall. Doctoral thesis. Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala

Keywords: seed, fructification, genetic structures, gene conservation, elm resistance breeding

Summary: The seeds of the European elm ripen in May and are disseminated by wind and water. The seed harvesting can be carried out without any consideration of quality criteria and provenance aspects, since European White Elm as a rare tree species is not subjected to the law of forest reproductive material. However, the use of unsuitable seeds can have negative effects such as the falsification of regional genetic structures, a insufficient adaptedness or the lack to secure source-identity. The European White Elm is well distinguishable from its native relatives by genetic fingerprinting. In comparison to other European deciduous tree species, it is genetically less variable, but it shows clear differences in the genetic structures of different, spatially separated populations. Gene conservation measures are essential for this rare tree species, as it is highly fragmented due to the habitat decline of the floodplains. The identification of genetic structures and, based on this, the designation of seed-source-stands is one of the basics for gene conservation of the European White Elm in Bavaria. European White Elm is less affected by the Dutch elm disease than the field elm and the wych elm. Programs for resistance breeding against the fungus have been already started in the 1920s, often using cross-breedings of Asian elm species.
