

# Schlussbericht

## zum Vorhaben

Thema:

**Grundlagen und Strategien zur Bereitstellung von hochwertigem und anpassungsfähigem forstlichen Vermehrungsgut im Klimawandel (AdaptForClim) – Teilprojekt 1**

Zuwendungsempfänger:

**Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt,  
Abteilung C Waldgenressourcen**

Förderkennzeichen:

**22WB415201**

Laufzeit:

**01.01.2017 bis 30.09.2021**

Datum der Veröffentlichung:

**18.05.2022**



Gefördert durch:



Bundesministerium  
für Ernährung  
und Landwirtschaft

Bundesministerium  
für Umwelt, Naturschutz  
und nukleare Sicherheit

aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages

Das diesem Bericht zugrundeliegende Vorhaben wurde aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages mit Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) und des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz und nukleare Sicherheit (BMU) über die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) als Projektträger für den Waldklimafonds unterstützt. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt beim Autor.



## Mitwirkendes Personal im Teilprojekt 1

### Stammpersonal der NW-FVA:

|                                                            |                                        |
|------------------------------------------------------------|----------------------------------------|
| Dr. Alwin Janßen<br>(01.01.2017 bis 15.09.2017)            | Teilprojektleitung                     |
| Dr. Wilfried Steiner<br>(01.01.2017 bis 30.09.2021)        | Teilprojektleitung, Sachgebietsleitung |
| Dr. Martin Hofmann<br>(01.12.2020 bis 30.09.2021)          | Sachgebietsleitung                     |
| André Hardtke<br>(01.05.2019 bis 30.09.2021)               | wissenschaftliche Mitarbeit            |
| Personal des Versuchskampes<br>(01.01.2017 bis 30.09.2021) | technische Unterstützung               |

### Aus Projektmitteln Beschäftigte:

|                                                     |                             |
|-----------------------------------------------------|-----------------------------|
| André Hardtke<br>(01.01.2019 bis 30.04.2019)        | wissenschaftliche Mitarbeit |
| Dr. Meik Meißner<br>(01.01.2017 bis 31.03.2020)     | wissenschaftliche Mitarbeit |
| Johanna Lindemann<br>(01.02.2020 bis 31.03.2021 )   | wissenschaftliche Mitarbeit |
| Christoph Stiehm<br>(01.07.2017 bis 31.07.2019)     | wissenschaftliche Mitarbeit |
| Dr. Katharina Volmer<br>(01.01.2019 bis 31.07.2019) | wissenschaftliche Mitarbeit |
| Vera Bonn<br>(01.01.2019 bis 30.04.2020)            | technische Mitarbeit        |
| Helmut Döltsch<br>(01.05.2021 bis 30.09.2021)       | technische Mitarbeit        |
| Natalia Klippert<br>(01.01.2019 bis 30.09.2021)     | technische Assistenz        |
| Robin Koebel<br>(01.05.2020 bis 30.09.2021)         | technische Mitarbeit        |
| Sebastian Küpper<br>(01.01.2017 bis 31.12.2019)     | technische Mitarbeit        |

## I. Kurze Darstellung

### 1. Aufgabenstellung

Holz ist ein wichtiger nachwachsender Rohstoff, der den Vorzug hat CO<sub>2</sub> zu speichern. Holzproduktion beginnt mit dem Saat- und Pflanzgut, das in den Wald gebracht wird. Mit dem Projekt werden Grundlagen und Strategien zur Bereitstellung von hochwertigem und anpassungsfähigem forstlichem Vermehrungsgut erarbeitet, um den Waldbesitzern ökonomisch und ökologisch interessante Alternativen zu herkömmlichem Forstvermehrungsgut im Klimawandel anbieten zu können. Dies beinhaltet sowohl eine breite genetische Diversität, um auf Änderungen im Klimawandel adäquat reagieren zu können, als auch entsprechende Erbanlagen, die ein überdurchschnittliches Wachstum, gute Qualitätseigenschaften und eine hohe Widerstandskraft gegenüber Witterungsextremen garantieren. Letztendlich geht es um ein produktives Wachstum in stabilen und anpassungsfähigen Beständen. Die Steigerung der Wachstumsleistung trägt zu einer Erhöhung der CO<sub>2</sub>-Bindung bei, während die Qualitätserhöhung Voraussetzung dafür ist, dass das Holz ein- oder mehrmalig stofflich genutzt wird, bevor es der energetischen Nutzung zugeführt wird (Kaskadennutzung).

Ziel des Verbundvorhabens war es auf den Vorarbeiten des aus dem Waldklimafonds geförderten Verbundprojektes „FitForClim“ aufzubauen und die dort ausgewählten und vermehrten Plusbäume langfristig zu sichern. Die Sicherung erfolgte in Klonarchiven, die als Grundlage für den späteren Aufbau von hochwertigen Samenplantagen (SP) dienen.

Eine gemeinschaftliche, Institutionen übergreifende Anlage neuer Klonarchive mit hochwertigem genetischem Material (Plusbaum-Pfropflinge) war ein wichtiger Schritt, um langfristig genetisch hochwertiges und leistungsstarkes Forstsaatgut für die Forstwirtschaft bereitzustellen. Gleichzeitig wurde dadurch bereits vorhandenes, genetisch hochwertiges Material (z. B. von alten SP) langfristig gesichert. Die neuen Klonarchive sind die Grundlage für zukünftige Züchtungsarbeiten wie den Aufbau von neuen, optimierten SP.

Im Rahmen eines Konzeptes zur Anlage dieser SP wurde berücksichtigt, die Plantagen mit einer ausreichend hohen genetischen Vielfalt und Diversität aufzubauen, die sich dann im Vermehrungsgut wiederfindet. Dies ist Voraussetzung für den Erhalt der Anpassungsfähigkeit im Klimawandel. Auf Grundlage der zur Verfügung stehenden Plusbäume wurde für die neu anzulegenden SP die optimale Klon- und Rametanzahl ermittelt. Weiterhin wurden Möglichkeiten erschlossen, um die Verteilung der Plusbaum-Klone auf der Fläche zu optimieren. Dadurch ist es möglich, die Bestäubungssituation innerhalb der Zuchtpopulation zu verbessern. Ausgangspunkt war eine Literaturstudie zum internationalen aktuellen Wissenstand bezüglich des Designs von Samenplantagen.

Über ein Internetportal wurden alle bisher aufbereiteten Informationen an Waldbesitzer, forstliche Unternehmer, Entscheidungsträger und Multiplikatoren weitergeben.

Durch den hohen Grad der Vernetzung der Partner im Projekt wurden Synergien und die in Deutschland vorhandenen Kapazitäten im Bereich Forstpflanzenzüchtung und forstgenetischer Ressourcen effektiv genutzt.



## **1.1 Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde**

Die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) führt regelmäßig Drittmittelprojekte durch und verfügt über alle personellen, technischen und wissenschaftlichen Voraussetzungen für die erfolgreiche Bearbeitung und verwaltungstechnische Abwicklung dieses umfangreichen und komplexen Projektes.

Für die Bearbeitung der Projektaufgaben wurden während der Laufzeit des Vorhabens insgesamt sieben Projektstellen eingerichtet, um dem hohen Arbeitsumfang gerecht zu werden. Für die Mitarbeiter\*innen wurden an der NW-FVA die notwendige Infrastruktur (Arbeitsplatz, Computer, Telefon) bereitgestellt. Weiterhin konnten alle Mitarbeiter\*innen uneingeschränkt auf die umfangreichen Datengrundlagen der NW-FVA zugreifen.

## **1.2 Planung und Ablauf des Vorhabens**

Die Arbeiten im Projektverbund gliedern sich zeitlich in drei Phasen. Die mit dem Zuwendungsbescheid vom Mai 2016 bewilligte Projektlaufzeit vom 01.01.2017 bis zum 31.12.2019 und daran anschließend eine kostenneutrale Verlängerung bis zum 30.06.2020. Aufgrund der extremen Witterungsverhältnisse in den Jahren 2018 und 2019 wurde abschließend eine Verlängerung des Projektes bis zum 30.09.2021 bewilligt. Insgesamt wurden neun Arbeitspakete im Projekt bearbeitet. Eine Übersicht über die Arbeitspakete und den zeitlichen Projektablauf gibt Tabelle 1.

Die gesamte Projektlaufzeit ist geprägt durch viele Personalwechsel in der wissenschaftlichen Mitarbeit und technischen Assistenz. Dadurch konnten einige Arbeitspakete nicht im vollen geplanten Umfang bearbeitet werden. Zusätzlich erschwerte die Corona-Krise alle Projektarbeiten ab März 2020. Schlussendlich musste das Projekt wegen Weggang der letzten wissenschaftlichen Mitarbeiterin die letzten Monate durch Stammpersonal der NW-FVA koordiniert und abgeschlossen werden.

**Tabelle I:** Planung und Ablauf des Vorhabens im Teilprojekt 1 (NW-FVA)

|               |                                                              | 2017 |    |    |    | 2018 |    |    |    | 2019 |    |    |    | 2020 |    |    |    | 2021 |    |    |
|---------------|--------------------------------------------------------------|------|----|----|----|------|----|----|----|------|----|----|----|------|----|----|----|------|----|----|
| Arbeitspakete |                                                              | Q1   | Q2 | Q3 | Q4 | Q1   | Q2 | Q3 | Q4 | Q1   | Q2 | Q3 | Q4 | Q1   | Q2 | Q3 | Q4 | Q1   | Q2 | Q3 |
| AP 1          | Koordination                                                 |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |
| AP 2          | Aufbau von Klonarchiven                                      |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |
| AP 3          | Konzeption Neuanlage von Versuchsfeldern                     |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |
| AP 4          | Anlage der Nachkommenschaftsprüfung Douglasie                |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |
| AP 5          | Konzeption des Aufbaus von Samenplantagen                    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |
| AP 6          | Umwandlung von Fichten-Klonprüfungen in Saatguterntebestände |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |
| AP 7          | Anlage Vergleichsprüfung Eiche                               |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |
| AP 8          | Physiologische Untersuchungen an Plusbaumpfropflingen        |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |    |      |    |    |

## **2. wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde**

Das Vorhaben knüpfte direkt an Arbeiten und Ergebnisse des WKF-Verbundprojektes „FitForClim“ an. Dies trifft insbesondere auf die im Projekt „FitForClim“ ausgewählten und vermehrten Plusbäume zu. Eine langfristige Sicherung des genetischen Potenzials dieser Plusbäume in Klonarchiven war nicht Bestandteil von „FitForClim“. Die Anlage von Klonarchiven auf denen Klone der Plusbäume langfristig gesichert werden, war daher ein zentraler Bestandteil des Projektes „AdaptForClim“ und die Grundlage für den zukünftigen Aufbau neuer hochwertiger Samenplantagen.

In „FitForClim“ wurden die bei den Projektpartnern vorliegenden Daten aus Versuchen der Forstpflanzenzüchtung institutionen-übergreifend ausgewertet. Hierbei zeigten sich auch Möglichkeiten zur Verbesserung des Versuchsaufbaus und die Notwendigkeit auf Fragestellungen den Klimawandel betreffend verstärkt einzugehen. Dies war daher Bestandteil des Arbeitspakets 3 in AdaptForClim.

Vor Projektbeginn stellte sich heraus, dass im internationalen Forschungsumfeld neue Methoden zur Optimierung des Designs von forstlichen Samenplantagen entwickelt wurden/werden. Um genetisch vielfältige Samenplantagen aufzubauen und gleichzeitig deren Bestäubungssituation zu verbessern wurden solche neue Methoden getestet und ihre Verwendungsmöglichkeiten in einem Konzept für die Anlage neuer Samenplantagen (AP 5) dargelegt.

### **2.1 Angabe bekannter Konstruktionen, Verfahren und Schutzrechte, die für die Durchführung des Vorhabens benutzt wurden**

Es wurden innerhalb des Projektes keine schutzwürdigen Verfahren eingesetzt.

### **2.2 Angabe der verwendeten Fachliteratur sowie der benutzten Informations- und Dokumentationsdienste**

Für die Literaturrecherche wurde das Internet („Google Scholar“) sowie die Dienste der Georg-August Universität Göttingen verwendet. Weitere Informationsquellen waren besuchte Konferenzen und Symposien, sowie der Austausch mit anderen Fachwissenschaftlern.

## **3. Zusammenarbeit mit anderen Stellen**

Die NW-FVA war Projektpartner und Koordinationsstelle des Verbundvorhabens „Bereitstellung von leistungsfähigem und hochwertigem Forstvermehrungsgut für den klima- und standortgerechten Wald der Zukunft (FitForClim)“. Im Projekt wurde eine intensive Zusammenarbeit und Vernetzung mit den folgenden Verbundpartnern gepflegt.

- Ehem. Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP), jetzt Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG), Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf (Dr. Monika Konnert, ab 15.08.2017 Dr. Alwin Janßen) – Teilprojekt 2

- Staatsbetrieb Sachsenforst – Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft – Referat Forstgenetik/ Forstpflanzenzüchtung (SBS), Bonnewitzer Straße 34, OT Graupa, 01796 Pirna (Dr. Heino Wolf) – Teilprojekt 3
- Thünen-Institut, Bundesforschungsinstitut für Ländliche Räume, Wald und Fischerei, Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf und Eberswalder Chaussee 3 A, 15377 Waldsiedersdorf (Dr. Mirko Liesebach) – Teilprojekt 4

Diese Zusammenarbeit hatte bereits mit der Projektplanung begonnen und wurde während der gesamten Projektlaufzeit fortgesetzt. Regelmäßig stattfindende Projekttreffen und Workshops ermöglichten zudem die Abstimmung der Arbeiten und die Festlegung und aktuelle Anpassung der Arbeitsplanung. Die einzelnen Projektpartner koordinierten jeweils für eine (ASP: Berg-Ahorn; SBS: Lärchen) bzw. zwei (NW-FVA: Fichte, Eichen; Thünen: Douglasie, Kiefer) Baumarten(-gruppen) die Arbeiten.

Um gemeinsame Züchtungsarbeiten bundesweit durchführen zu können, waren die folgenden Versuchs- und Forschungsanstalten mit Bezug zur Forstpflanzenzüchtung ebenfalls als institutionelle Partner oder Unterauftragnehmer am Verbundvorhaben beteiligt.

- Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Abteilung Waldnaturschutz, Sachgebiet Forstpflanzenzüchtung, Wonnhaldestraße 4, 79100 Freiburg
- Landesforsten Rheinland-Pfalz, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft, Forschungsbereich Nachhaltige Waldbewirtschaftung, FG Forstliche Genressourcen, Hauptstraße 16, 67705 Trippstadt
- Thüringen Forst – Anstalt öffentlichen Rechts, Thüringer Landesanstalt für Wald, Jagd und Fischerei, Jägerstraße 1, 99867 Gotha
- Landesbetrieb Forst Brandenburg, Landesstelle für forstliches Vermehrungsgut, Eberswalder Chaussee 3, 15377 Waldsiedersdorf
- Landesforst Mecklenburg-Vorpommern – Anstalt öffentlichen Rechts, Betriebsteil Forstplanung, Versuchswesen, Informationssysteme, Fachgebiet Forstliches Versuchswesen, Zeppelinstraße 3, 19061 Schwerin

Die Zusammenarbeit wurde in einer Vereinbarung geregelt. Zwischen den genannten Institutionen besteht bereits eine langjährige Zusammenarbeit sowohl bilateral als auch im Rahmen von fachbezogenen Arbeitsgruppen (z. B. Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ und in der „Arbeitsgemeinschaft der Länderinstitutionen für Forstpflanzenzüchtung“).

Für die praktische Durchführung der Projektarbeiten, insbesondere Plusbaumauswahl, Reiserwerbung und Anlage einer Versuchsflächen und vielen Klonarchiven wurde eng mit den Forstämtern und Dienststellen der Trägerländer zusammen gearbeitet.

## II Eingehende Darstellung

| Gliederung                                                        | Seite     |
|-------------------------------------------------------------------|-----------|
| <b>1. Ergebnisse</b>                                              | <b>8</b>  |
| 1.1 Gesamtkoordination des Verbundprojektes                       | 8         |
| 1.2 Aufbau von Klonarchiven                                       | 8         |
| 1.2.1 Pflegemaßnahmen                                             | 11        |
| 1.3 Konzeption der Neuanlage von Versuchsflächen                  | 13        |
| 1.4 Anlage einer Nachkommenschaftsprüfung Douglasie               | 17        |
| 1.5 Konzeption der Anlage von Samenplantagen                      | 21        |
| 1.5.1 Verteilung der Genotypen auf der Samenplantage              | 22        |
| 1.5.2 Anzahl der benötigten Genotypen für eine Samenplantage      | 24        |
| 1.5.2.1 Berechnungen für die Baumart Fichte                       | 25        |
| 1.5.2.2 Berechnungen für die Baumart Stiel-Eiche                  | 27        |
| 1.5.2.3 Berechnungen für die Baumart Trauben-Eiche                | 29        |
| 1.5.2.4 Zusammenfassung der Ergebnisse                            | 32        |
| 1.5.3 Blühphänologie der Einzelkomponenten                        | 32        |
| 1.6 Umwandlung von Fichten-Klonprüfungen in Saatguterntevorkommen | 35        |
| 1.6.1 Formale Anforderungen                                       | 35        |
| 1.6.2 Flächenpotenzial                                            | 35        |
| 1.6.3 Die Fläche Oldendorf                                        | 36        |
| 1.6.4 Die Fläche Medingen                                         | 37        |
| 1.6.4.1 Versuchsmaterial und Datengrundlage                       | 37        |
| 1.6.4.2 Auswertungen                                              | 39        |
| 1.6.4.3 Klonauswahl auf den Flächen in Medingen                   | 39        |
| 1.6.4.4 Baumauswahl auf den Flächen in Medingen                   | 40        |
| 1.6.4.5 Flächenstatus und -umbau auf den Flächen in Medingen      | 41        |
| 1.6.6 Diskussion                                                  | 43        |
| 1.7 Anlage einer Vergleichsprüfung für Eichen-Nachkommenschaften  | 44        |
| 1.8 Physiologische Untersuchungen an Plusbaumpfropflingen         | 47        |
| <b>2. Verwertung</b>                                              | <b>48</b> |
| <b>3. Erkenntnisse von Dritten</b>                                | <b>49</b> |
| <b>4. Veröffentlichungen</b>                                      | <b>49</b> |
| <b>5. Literatur</b>                                               | <b>50</b> |

## 1. Erzielte Ergebnisse

### 1.1 Gesamtkoordination des Verbundprojektes

Die Gesamtkoordination sicherte ein größtmögliches Maß an Gemeinsamkeit bei den Vorgehensweisen und der Datenstruktur sowie die Einhaltung von Abgabeterminen, Besprechungen und sonstigen Vereinbarungen über das gesamte Verbundprojekt. Der Gesamtkoordinator hatte die wissenschaftliche Leitungsfunktion der Projektangestellten im Projekt „AdaptForClim“ an der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt (NW-FVA). Darüber hinaus wurden diesem Bereich sämtliche administrative Tätigkeiten (Einzelberichte, Abschlussberichte, Organisation und Durchführung der Projekttreffen und Workshops) sowie der Support für die Projektdatenbank und Internetpräsenz zugeordnet. Während der Projektlaufzeit wurden zahlreiche Projekttreffen, Workshops und Lehrgänge organisiert und moderiert. Der Gesamtkoordinator war auch der Hauptansprechpartner für Unterauftragnehmer und externe Dienstleister im Zuständigkeitsbereich der NW-FVA. Über einen Internetauftritt wurden Informationen zum Hintergrund des Projektes, Projektziele und -arbeiten bereitgestellt und über aktuelle Geschehnisse aus dem Projekt informiert. Weitere Inhalte sind Information zu den Projektpartnern, Mitarbeitern und zur Projektförderung. Die im Projekt erzielten Ergebnisse werden in Form von Publikationen für die Öffentlichkeit verfügbar gemacht. Der Internetauftritt für das Verbundprojekt ist seit dem 12. Juli 2017 verfügbar. Aufgrund der engen Vernetzung mit dem Verbundprojekt „FitForClim“ teilen sich beide Projekte eine Domain ([www.fitforclim.de](http://www.fitforclim.de)).

### 1.2 Aufbau von Klonarchiven

Die Klonarchive sind die Grundlage für zukünftige Züchtungsarbeiten sowie den Aufbau von Samenplantagen. Alle Klone der Plusbäume werden zur Risikostreuung doppelt gesichert:

- a) Für jede Baumart wird von dem jeweils koordinierenden Teilprojekt eine Gesamtklonsammlung angelegt.
- b) Eine Zweitsicherung soll bei den beteiligten Institutionen für die in ihrem Zuständigkeitsbereich liegenden Plusbäumen erfolgen.

Das Teilprojekt 1 (NW-FVA) war zuständig für die Anlage der Gesamtklonsammlungen der Baumarten Fichte und Eiche (Stiel- und Trauben-Eiche). Für die Baumarten Douglasie, Wald-Kiefer, Europäische Lärche, Japanische Lärche und Berg-Ahorn wurden Flächen zur Zweitsicherung angelegt. Aufgrund der hohen Versuchsflächendichte und dem damit verbundenen großen Anteil am Gesamtplusbaumaufkommen mussten im Teilprojekt 1 besonders viele Plusbäume gesichert und damit auch vermehrt Klonarchive angelegt werden. Dieser Zusammenhang wird aus Tabelle 6 des FitForClim-Abschlussberichtes deutlich, der zeigt, dass 25 % bis 54 % der Plusbäume einzelner Baumarten aus dem Zuständigkeitsbereich der NW-FVA und dem Unterauftragnehmer (Nordrhein-Westfalen) stammen. Bis zum Projektende wurden daher 26 Archive nach Baumarten getrennt angelegt, wobei einige Archiveinzelflächen zu einem Gesamtarchiv zusammengefasst werden können. Eine genaue Übersicht über die Lage der einzelnen Archive und den aktuellen Sicherungsstatus geben die Tabelle 2 und 3.

**Tabelle 2:** Übersicht über die angelegten Klonarchive für die Erst- und Zeitsicherung an der NW-FVA, Stand August 2021 (Bundesland: HE = Hessen, NI = Niedersachsen, SH = Schleswig-Holstein, ST = Sachsen-Anhalt).

| Aktenzeichen | Flächenname        | Bundesland | Forstamt            | Revier                     | Abteilung     |
|--------------|--------------------|------------|---------------------|----------------------------|---------------|
| 11.203.08    | Satrup             | SH         | SHLF                | Satrup                     | 3300 e        |
| 11.203.09    | Wehretal           | HE         | Wehretal            | Sontra-Nord                | 55            |
| 11.203.12    | Hütten             | ST         | Altmark             | Klüden                     | 28 16/6       |
| 11.203.13    | Vaake Süd          | HE         | Reinhardsha-<br>gen | Wilhelmshausen             | 681           |
| 11.203.14    | Weißehütte-alt     | HE         | Reinhardsha-<br>gen | Wesertal                   | 146           |
| 11.292.01    | Weißehütte-alt     | HE         | Reinhardsha-<br>gen | Wesertal                   | 146           |
| 11.292.02    | Weißehütte-<br>neu | HE         | Reinhardsha-<br>gen | Wesertal                   | 146           |
| 11.292.03    | Wehretal           | HE         | Wehretal            | Sontra-Nord                | 55            |
| 11.292.04    | Salicetum          | HE         | Reinhardsha-<br>gen | Wilhelmshausen             | 681           |
| 11.202.11    | Serno              | ST         | Anhalt              | Stackelitz                 | 1218          |
| 11.202.12    | Spitzberg          | ST         | Anhalt              | Steckby                    | 1519 a4       |
| 11.202.13    | Nidda              | HE         | Nidda               | Stornfels Eichels-<br>dorf | 440           |
| 11.220.07    | Beckeln            | NI         | Ahlhorn             | Harpstedt                  | 2321 g3       |
| 11.105.27    | Nedlitz            | ST         | Anhalt              | Nedlitz                    | 1704 NHB<br>7 |
| 11.105.28    | Weißehütte-alt     | HE         | Reinhardsha-<br>gen | Wesertal                   | 146           |
| 11.101.14    | Kaiserteich        | HE         | Reinhardsha-<br>gen | Waldhaus                   | 332f          |
| 11.101.15    | Weißehütte-alt     | HE         | Reinhardsha-<br>gen | Wesertal                   | 146           |
| 11.101.16    | Weißehütte-<br>neu | HE         | Reinhardsha-<br>gen | Wesertal                   | 146           |
| 11.101.17    | Salicetum          | HE         | Reinhardsha-<br>gen | Wilhelmshausen             | 681           |
| 11.101.18    | Wehretal           | HE         | Wehretal            | Sontra-Nord                | 55            |
| 11.102.24    | Bornstedt          | ST         | Süd                 | Rothenschirmbach           | 21/29         |
| 11.102.25    | Weißehütte-alt     | HE         | Reinhardsha-<br>gen | Wesertal                   | 146           |
| 11.102.28    | Serno              | ST         | Anhalt              | Stackelitz                 | 1218          |
| 11.103.22    | Weißehütte-alt     | HE         | Reinhardsha-<br>gen | Wesertal                   | 146           |
| 11.104.08    |                    |            |                     |                            |               |
| 11.103.20    | Delliehausen       | NI         | Dassel              | Delliehausen               | 1599          |

**Tabelle 3:** Belegungsstand der Klonarchive für die Erst- und Zeitsicherung an der NW-FVA, Stand August 2021.

| Aktenzei-<br>chen       | Flächen-<br>name  | Baumart                  | Jahr    | Klone<br>SOLL | Ramets<br>SOLL | Klone<br>IST | Ramets<br>IST |
|-------------------------|-------------------|--------------------------|---------|---------------|----------------|--------------|---------------|
| 11.203.08               | Satrup            | Berg-Ahorn               | 04/2016 | 68            | 301            | 67           | 206           |
| 11.203.09               | Wehretal          | Berg-Ahorn               | 04/2016 | 72            | 349            | 72           | 294           |
| 11.203.12               | Hütten            | Berg-Ahorn               | 04/2017 | 70            | 363            | 60           | 253           |
| 11.203.13               | Vaake Süd         | Berg-Ahorn               | 05/2017 | 68            | 370            | 67           | 311           |
| 11.203.14               | Weißhütte-<br>alt | Berg-Ahorn               | 04/2016 | 46            | 138            | 44           | 116           |
| 11.292.01               | Weißhütte-<br>alt | Stiel-/Trauben-<br>Eiche | 04/2018 | 182           | 546            | 167          | 276           |
| 11.292.02               | Weißhütte-<br>neu | Stiel-/Trauben-<br>Eiche | 04/2020 | 447           | 1341           | 394          | 699           |
| 11.292.03               | Wehretal          | Stiel-/Trauben-<br>Eiche | 04/2018 | 187           | 561            | 158          | 338           |
| 11.292.04               | Salicetum         | Stiel-/Trauben-<br>Eiche | 04/2020 | 146           | 438            | 140          | 305           |
| 11.202.11               | Serno             | Trauben-Eiche            | 11/2019 | 100           | 600            | 94           | 354           |
| 11.202.12               | Spitzberg         | Trauben-Eiche            | 04/2020 | 99            | 595            | 95           | 388           |
| 11.202.13               | Nidda             | Trauben-Eiche            | 05/2020 | 100           | 515            | 99           | 393           |
| 11.220.07               | Beckeln           | Stiel-Eiche              | 04/2020 | 95            | 533            | 89           | 334           |
| 11.105.27               | Nedlitz           | Douglasie                | 03/2019 | 70            | 350            | 0            | 0             |
| 11.105.28               | Weißhütte-<br>alt | Douglasie                | 04/2018 | 110           | 330            | 108          | 276           |
| 11.101.14               | Kaiserteich       | Fichte                   | 12/2019 | 58            | 361            | 58           | 353           |
| 11.101.15               | Weißhütte-<br>alt | Fichte                   | 04/2018 | 224           | 672            | 222          | 618           |
| 11.101.16               | Weißhütte-<br>neu | Fichte                   | 04/2020 | 250           | 750            | 238          | 602           |
| 11.101.17               | Salicetum         | Fichte                   | 04/2020 | 27            | 81             | 27           | 66            |
| 11.101.18               | Wehretal          | Fichte                   | 03/2021 | 70            | 570            | 70           | 500           |
| 11.102.24               | Bornstedt         | Kiefer                   | 04/2019 | 76            | 293            | 76           | 255           |
| 11.102.25               | Weißhütte-<br>alt | Kiefer                   | 04/2018 | 65            | 195            | 65           | 191           |
| 11.102.28               | Serno             | Kiefer                   | 02/2020 | 31            | 93             | 31           | 87            |
| 11.103.22/<br>11.104.08 | Weißhütte-<br>alt | Europ.-Jap.-<br>Lärche   | 03/2019 | 68            | 204            | 68           | 156           |
| 11.103.20               | Delliehausen      | Europ. Lärche            | 04/2019 | 52            | 351            | 52           | 293           |



### 1.2.1 Pflegemaßnahmen

Zur Sicherung des Überlebens und Förderung des Wachstums der Pflöpfinge auf den Klonarchivflächen wurden regelmäßige Pflegemaßnahmen von Projektbeschäftigten und Dienstleistern durchgeführt. Hierzu gehörten Mulchen, Mähen, Bewässerung, Düngung und das Zurückschneiden durchgewachsener Unterlagen. Zudem wurden dünne und empfindliche Pflanzen angebunden. Zusätzlich wurde regelmäßig die Beschilderung überprüft und ggf. ergänzt, um eine spätere Identifizierung der Genotypen zu gewährleisten. Weiterhin wurden jährliche Ausfallbonituren durchgeführt und Ausfälle nachgepflanzt. Bei Bedarf wurden Pflanzen mit Wuchsplatten zur Beikrautunterdrückung versehen. Diese Platten wurden stets im Frühh Herbst zum Schutz vor Mäuseschäden entfernt und im folgenden Frühjahr erneut angebracht.

Die extreme Trockenheit in den Jahren 2018 und 2019 machte darüber hinaus eine durchgängige Bewässerung vieler Flächen notwendig. Die Bewässerung wurde von Projektbeschäftigten aber auch zusätzlichem Stammpersonal alle 7 bis 14 Tage (nach Bedarf auch in kürzeren Abständen) durchgeführt. Für die Bewässerung einiger Klonarchive (Wehretal, Wanfried und Nedlitz) wurden Wassertanks (4 Stück mit jeweils 1000 l. Volumen) beschafft und an den Flächen aufgestellt. Diese wurden dann von umliegenden Landwirtschaftsbetrieben befüllt. Eine Klonarchivfläche in Sachsen-Anhalt (Hütten) wurde aus logistischen Gründen von einem Gartenbauunternehmen vor Ort bei Bedarf bewässert.

Trotz der Bewässerungsmaßnahmen kam es auf den Flächen zu teils starken Pflanzenausfällen. So wurde z.B. auf der Bergahorn-Fläche in Wehretal im Mai 2019 ein Pflanzenausfall von 15 % festgestellt. Weitere 8 % der Pflanzen zeigten eine nur sehr geringe Vitalität. Die starke Trockenheit führte ebenfalls dazu, dass die Flächenanlagen nicht wie geplant umgesetzt werden konnte. Erst ab dem Frühjahr 2020 entspannte sich die Lage und es konnten im nennenswerten Umfang neue Flächen angelegt werden (siehe Tabelle 2).

Die Douglasien-Fläche Nedlitz wurde zusätzlich stark vom Rüsselkäfer befallen, wodurch viele Genotypen ausgefallen sind. Es wurden umgehend geeignete Pflanzenschutzmaßnahmen ergriffen, um den Befall zu stoppen. Leider führten die Maßnahmen nicht zum gewünschten Erfolg. Ein erster Flächenbegang im Herbst 2019 weist bereits auf einen Ausfall von 90 % hin. Eine weitere Bereisung der Fläche im Frühjahr 2020 ergab einen Totalausfall der Fläche, die daraufhin aufgegeben werden musste.

Zusätzlich haben die hohen Temperaturen der letzten Jahre den Anstieg der Mäusepopulation massiv gefördert. Ein Großteil der Flächen war von hohen bis sehr hohen Mäusedichten betroffen. In diesen Fällen hat eine Bekämpfung der Mäuse stattgefunden. Besonders schwerwiegend zeigte sich der Befall auf den Klonarchivflächen „Weiße Hütte“ alt und neu. Hier reichte die gezielte Begiftung nicht aus, sodass auch personalintensiv mit Schlagfallen gearbeitet werden musste. Projektmitarbeiter haben so im Sommer 2021 über 700 Wühlmäuse gefangen. Zusätzlich wurde ein intensives Pflegekonzept erarbeitet, welches starkes mulchen und anschließendes mehrmaliges Pflügen pro Jahr der Flächen vorsieht. Alle vorgesehenen Maßnahmen werden auch nach Projektende zum Erhalt der wertvollen Archive fortgeführt. In der vegetationsfreien Zeit im Herbst 2022 bis Frühjahr 2023 sind außerdem mit den restlichen Pflanzen Ausbesserungen geplant.

Abgesehen von den Eichen-Klonarchiven, die unter dem starken Mäusefraß gelitten haben, zeigen die Archive der anderen Baumarten einen sehr hohen Füllstand. Insgesamt kann aber bei allen Baumarten von einer erfolgreichen Sicherung ausgegangen werden. In den nächsten

Jahren sind mit hauseigenen Mitteln Sommergeveredelungen geplant um die Eichenarchive weiter zu vervollständigen.



**Abbildung 1:** Ansicht auf das Klonarchiv Eiche „Wehretal“ kurz nach der Pflanzung im Jahr 2018.



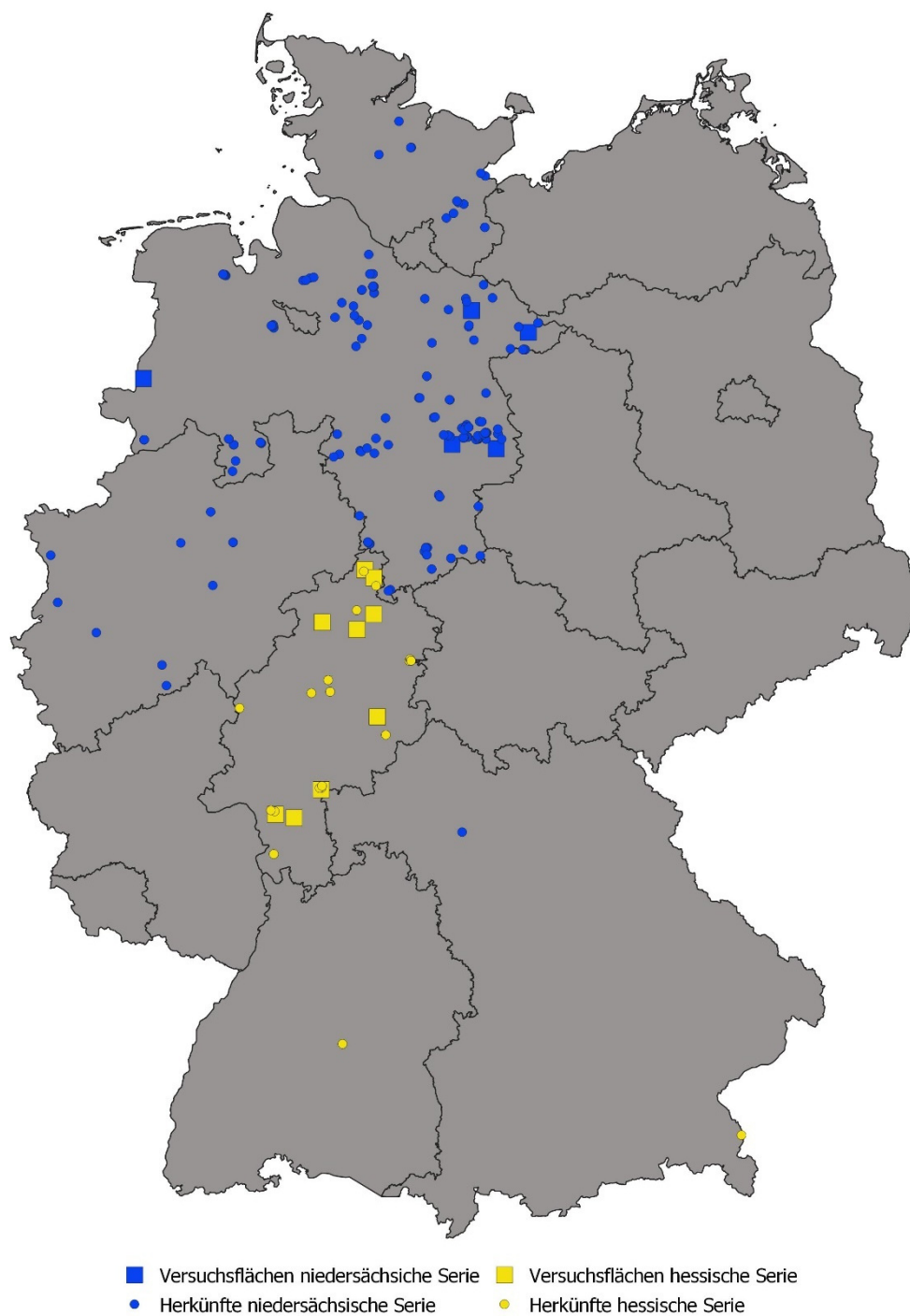
**Abbildung 2:** Ansicht auf das Klonarchiv „Weiße Hütte alt“ kurz nach der Pflegemaßnahme im Jahr 2021.

### 1.3 Konzeption der Neuanlage von Versuchsflächen

Ein wesentlicher Arbeitsschwerpunkt innerhalb des FitForClim-Projektes war es, die bestehenden Versuchsflächen der einzelnen Projektpartner zusammenzuführen, zu evaluieren und bei Bedarf nach den Projektanforderungen auszuwerten. Es zeigte sich, dass viele Versuchsserien aufgrund ihres Aufbaus für die geplanten Auswertungen (z.B. Verwendungszonen) ungeeignet sind. Im Zuge des AdaptForClim-Projektes sollten daher die Defizite der bestehenden Versuchsserien aufgezeigt und Vorschläge für neue Versuchskonzepte erarbeitet werden. Am Beispiel der Eichen-Arten soll die Situation nun genauer beleuchtet werden.

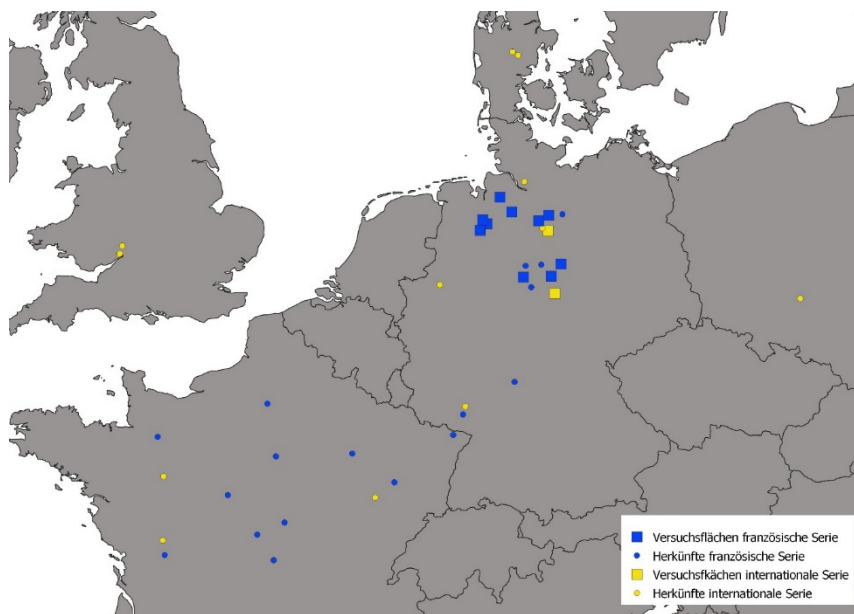
Versuchsserien bei den Eichen-Arten wurden in der Vergangenheit aus verschiedenen Motivationen angelegt. Hauptsächlich lassen sich die Versuche jedoch in Bestandesprüfungen, Herkunftsversuche und Einzelkomponentenprüfungen von Samenplantagenbäumen unterscheiden. Bei vielen Versuchen befinden sich die Versuchsflächen wie auch die Herkünfte in einem räumlich verhältnismäßig kleinen Bereich (siehe Abbildung 3). In der hessischen Serie sind fast ausschließlich hessische Herkünfte auf Flächen in Hessen verbracht worden. In der niedersächsischen Serie befinden sich zwar einige Herkünfte aus Nordrhein-Westfalen und Schleswig-Holstein, ein Großteil der Herkünfte stammt aber ebenfalls nur aus einer recht eng umgrenzten Region. Für die Bestandesprüfungen wurden z.T. viele Absaaten benachbarter Abteilungen eines Reviers oder Forstamtes verwendet. Herkünfte aus gänzlich anderen Regionen, mit deutlich verschiedenen klimatischen Verhältnissen, sind bei diesen Serien nicht zu finden. Ähnlich verhält es sich mit den Versuchsstandorten, die ebenfalls nah beisammen liegen und keinen großen klimatischen Gradienten abdecken. Hinzu kommt, dass die Herkünfte und Versuchsflächen vermehrt auf durchschnittlichen und besseren Standorten (Wasserhaushalt und Trophie) lokalisiert sind und auch hier Marginalstandorte fehlen.

Die wenigen bestehenden internationalen Versuchsserien decken zwar einen breiteren klimatischen Gradienten ab, bestehen aber meistens aus nur sehr wenigen Herkünften. Häufig besteht eine Serie aus nur wenigen Versuchsflächen. Bei größeren Serien sind vielfach klimatisch und standörtlich ähnliche Versuchsflächenstandorte ausgewählt worden (siehe Abbildung 4). So befindet sich eine Vielzahl der Versuchsflächen im Nordwestdeutschen Tiefland.



**Abbildung 3:** Übersicht über die Versuchsflächen und Herkünfte von 2 Eichen-Versuchsreihen der NW-FVA





**Abbildung 4:** Übersicht über die Versuchsflächen und Herkünfte von 2 internationalen Eichen-Versuchsserien der NW-FVA

Ein weiteres Problem besteht vielfach bei der nicht vorhandenen Orthogonalität der Versuchsserien. Das bedeutet, dass die Prüfglieder nicht auf allen Flächen ausgepflanzt wurden und nur ein Teil der verwendeten Herkünfte auf allen Versuchsflächenstandorten zu finden sind (siehe Tabelle 4). In dem angeführten Beispiel eines hessischen Stiel-Eichen-Bestandesabsaatenversuches sind lediglich 3 Prüfglieder auf allen Versuchsflächen vertreten.

**Tabelle 4:** Prüfgliedverteilung des hessischen Stiel-Eichen-Bestandesabsaatenversuches von 2001; Pg-Nr. = Prüfgliednummer, Fl. = Versuchsfläche

| Pg-Nr. | Fl. 1 | Fl. 2 | Fl. 3 | Fl. 4 | Fl. 5 | Fl. 6 | Fl. 7 | Fl. 8 | Fl. 9 |
|--------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1      | x     | x     | x     | x     | x     | x     | x     | x     | x     |
| 2      | x     | x     | x     | x     | x     | x     | x     |       | x     |
| 3      | x     | x     | x     | x     | x     | x     | x     | x     | x     |
| 4      | x     | x     | x     | x     |       | x     | x     | x     | x     |
| 5      | x     | x     |       | x     | x     | x     |       |       | x     |
| 6      |       | x     | x     | x     | x     | x     |       |       | x     |
| 7      | x     | x     | x     | x     |       | x     | x     |       | x     |
| 8      | x     | x     | x     |       | x     | x     | x     |       | x     |
| 9      |       | x     | x     |       | x     | x     | x     | x     | x     |
| 10     | x     | x     | x     | x     |       | x     | x     | x     | x     |
| 11     | x     | x     | x     | x     |       | x     | x     | x     | x     |
| 12     | x     | x     | x     | x     |       | x     | x     | x     | x     |
| 13     | x     |       |       |       |       | x     |       |       |       |
| 14     | x     | x     | x     | x     | x     | x     | x     | x     | x     |
| 15     | x     | x     | x     |       | x     |       |       |       |       |
| 16     | x     |       |       | x     |       | x     | x     |       |       |
| 17     | x     | x     | x     |       | x     |       | x     |       | x     |
| 18     |       |       | x     |       | x     | x     | x     |       | x     |
| 19     | x     | x     | x     |       | x     |       | x     | x     | x     |

Neue Versuchsserien bei den Eichen-Arten werden sich aufgrund des Klimawandels vermehrt mit dem adaptiven Potential von inländischen und ausländischen Saatgutquellen befassen müssen.

Dafür sind die bestehenden Serien jedoch kaum geeignet. Berechnungen an historischen Herkunftsversuchen belegen die Schwächen alter Versuchsserien (Leites et al. 2012). Neue Versuche müssen neben Material aus Saatguterntebeständen auch Material von Marginalstandorten beinhalten (Kremer et al. 2012) und auch über die Versuchsflächen einen Standortgradienten abbilden. Das Versuchsziel muss hierbei ebenfalls neu definiert werden. Spielten bisher für die Züchtung die Leistungs- und Formeigenschaften eine Rolle, sollten neue Versuche sich primär mit den Anpassungs- und Überlebensfähigkeiten unter dem Gesichtspunkt der Klimaveränderung beschäftigen (Kätzel et al. 2019).

Für die Zukunft werden daher 2 Versuchsserien vorgeschlagen, die die angesprochenen Schwächen berücksichtigen und aufgrund ihres Versuchsaufbaus Auswertungen mit neueren Methoden zulassen.

#### **Bestandesabsaatenversuch mit deutschen Herkünften:**

Diese Versuchsserie hat das Ziel, das adaptive Potential der heimischen Herkünfte zu erfassen und für die Forstpraxis aufzuarbeiten. Hierfür werden über einen vorher definierten Gradienten (z.B. Standortwasserbilanz) Bestände ausgewählt und gezielt beerntet. Mit den daraus gewonnen Pflanzen werden ebenfalls über den definierten Gradienten Versuchsflächen angelegt. Marginalstandorte müssen bei den Herkünften und Versuchsflächen zwingend berücksichtigt werden. Mit den Ergebnissen dieser Versuchsserie können dynamische Verwendungszonen oder zumindest Saatguttransferrichtlinien für die klima- und standortgerechte Neubegegründung von Beständen ausgegeben werden. Der beschriebene Versuchsansatz wird zurzeit in dem von der FNR geförderten Projekt (OakZones) umgesetzt.

#### **Bestandesabsaatenversuch mit ausländischen Herkünften:**

Diese Versuchsserie hat das Ziel, geeignete Herkünfte aus bereits wärmeren Regionen für den Anbau in Deutschland zu identifizieren. Dazu wird auf Grundlage von zukünftigen Klimaszenarien für Deutschland und klimaanaloge Regionen im Ausland Saatgut beschafft und Vergleichsprüfungen angelegt. Die Versuchsserie umfasst Standorte mit verschiedenen Klima- und Standorteigenschaften und muss zwingend Marginalstandorte beinhalten. In den ersten Jahren wären neben der Mortalität auch phänologische Aufnahmen (Austrieb und Abschluss) sowie die Empfindlichkeit gegenüber Früh- und Spätfrösten von Interesse.

Die neuen Versuchsserien müssen vollständig orthogonal angelegt werden. Das erleichtert die spätere Auswertung oder macht spezielle Auswertungen erst möglich. Zusätzlich sollten neue Versuchsserien zwei Arbeitsschwerpunkte umfassen. Neben der Anlage einer Vergleichsprüfung, die erst mittelfristig Ergebnisse liefert, können Topfexperimente mit dem gleichen Pflanzmaterial kurzfristig Ergebnisse bereitstellen. Dieser Ansatz wird ebenfalls bereits im OakZones Projekt umgesetzt.

## 1.4 Anlage der Nachkommenschaftsprüfung Douglasie

Bei Douglasie gibt es in einigen Ländern, wie Frankreich und den USA, intensive Züchtungsprogramme, in denen bereits Samenplantagen der 2. Generation eingerichtet wurden und fruktifizieren. Dieses Material ist auf dem Markt verfügbar, es liegen jedoch keine fundierten Erfahrungen hinsichtlich der Eignung der Nachkommenschaften unter Standortbedingungen in Deutschland vor. Sollten sich diese auch auf Flächen in Deutschland bewähren, könnte Saatgut aus diesen Plantagen für die Bestandesbegründung empfohlen werden. Damit wäre bereits mittelfristig hochwertiges Vermehrungsgut verfügbar.

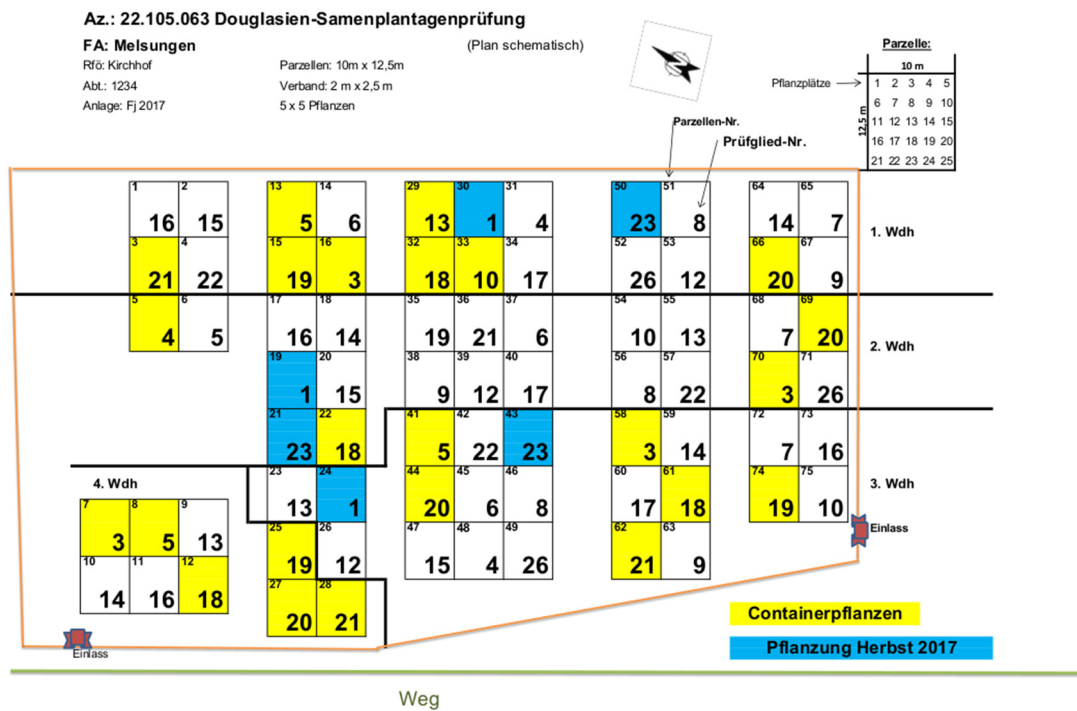
Im Projekt „FitForClim“ wurden Sämlinge aus Saatgut solcher Plantagen und aus in Deutschland vorhandenen Plantagen angezogen. Insgesamt stehen für die Versuchsanlage 23 Herkünfte zur Verfügung (siehe Tabelle 5). Die angezogenen Pflanzen wurden auf 5 Prüfflächen in Bayern, Baden-Württemberg, Sachsen sowie in Nordwest- und Nordostdeutschland für die Anlage einer Serie von Nachkommenschaftsprüfungen von den Projektpartnern ausgepflanzt.

**Tabelle 5:** Übersicht über die in der Nachkommenschaftsprüfung verwendeten Herkünfte

| Prüfglied-Nr. | Prüfglied-Name                                       |
|---------------|------------------------------------------------------|
| 1             | Samenplantage Wehretal, qualifiziert                 |
| 3             | Samenplantage Oldendorf 1, qualifiziert              |
| 4             | Samenplantage Oldendorf 2, qualifiziert              |
| 5             | Samenplantage Harsefeld, geprüft                     |
| 6             | Samenplantage Rotenburg, qualifiziert                |
| 7             | Samenplantage Washington 2, Frankreich, qualifiziert |
| 8             | Samenplantage Darrington, Frankreich, geprüft        |
| 9             | Samenplantage Luzette, Frankreich, geprüft           |
| 10            | Erntebestand Manhartsberg, Österreich, ausgewählt    |
| 12            | Samenplantage Aschehof, qualifiziert                 |
| 13            | Samenplantage Kahlenberg, qualifiziert               |
| 14            | Samenplantage Neuenstadt, qualifiziert               |
| 15            | Samenplantage Bremerhof, qualifiziert                |
| 16            | Samenplantage, Tschechien, qualifiziert              |
| 17            | Samenplantage Beerwalde, qualifiziert                |
| 18            | Samenplantage Washington N Cascades Low, USA         |
| 19            | Samenplantage Washington Central, USA                |
| 20            | Samenplantage N Oregon Cascade, USA                  |
| 21            | Samenplantage Washington Coastal, USA                |
| 22            | Erntebestand Lauda Königshofen, Standard             |
| 23            | Erntebestand Cispus River, USA                       |
| 24            | Samenplantage Ebrach, qualifiziert                   |
| 26            | Samenplantage Sauk River, USA                        |

Im Teilprojekt 1 wurde im April 2017 eine etwa 1,5 ha große Fläche im Forstamt Melsungen (Revier Kirchhof) für die Anlage der Douglasien-Samenplantagen-Nachkommenschaftsprüfung vorbereitet. Die Fläche wurde geräumt, Stubben und noch vorhandene Bäume wurden entfernt. Nachfolgend wurde die Fläche gezäunt. Die Pflanzen von 18 Nachkommenschaften

(Prüfglieder) wurden durch das Teilprojekts 2 (ASP) zur Verfügung gestellt. Jedes Prüfglied wurde in Parzellen mit 25 Pflanzen in dreifacher Wiederholung auf der Fläche gepflanzt (siehe Abbildung 5).



**Abbildung 5:** Flächenplan der Douglasien-Samenplantagen-Nachkommenschaftsprüfung (Fläche der NW-FVA im Forstamt Melsungen)

Eine erste Aufnahme der Pflanzenausfälle wurde im Augst 2017 durchgeführt. In jeder Wiederholung haben ca. 60 % der Pflanzen überlebt. Für die Nachbesserung der ausgefallenen Pflanzen wurden weitere beim Projektpartner ASP angefordert. Die Nachpflanzung mit 16 Genotypen und 517 Pflanzen erfolgte im Frühjahr 2018. Im Jahr 2019 erfolgte eine erneute Nachpflanzung von 4 Genotypen (95 Pflanzen).

Im Frühjahr 2021 (17.05.2021) wurde die Versuchsfläche erstmalig bonitiert. Im Fokus der Aufnahme standen die Ausfallraten der Herkünfte, sowie das Austriebsverhalten. Insgesamt steht die Fläche mit einem mittleren Füllstand von 74 % recht gut, jedoch zeigen sich auf Prüfgliedebene deutliche Unterschiede. Mit einer geringen Anwuchsquote von 28 bis 45 % schneiden die Prüfglieder 1, 4, 8, 12 und 14 ab, wobei die Anwuchsquoten zwischen den einzelnen Wiederholungen stark schwanken (siehe Tabelle 6). Als Begründung können kleinräumige Unterschiede auf der Versuchsfläche angeführt werden. Globale Aussagen bezüglich der Eignung der ausländischen Herkünfte können auf Grundlage der Ausfallbonitur noch nicht getroffen werden.



**Tabelle 6:** Übersicht über die Pflanzenausfälle auf der Versuchsfläche Melsungen getrennt nach Herkunft und Wiederholungen (WDH).

| Prüfglied             | Anwuchs [%]<br>WDH 1 | Anwuchs [%]<br>WDH 2 | Anwuchs [%]<br>WDH 3 | Anwuchs [%]<br>WDH 4 | Anwuchs [%]<br>Prüfglied |
|-----------------------|----------------------|----------------------|----------------------|----------------------|--------------------------|
| 1                     | 28                   | 8                    | 48                   |                      | 28                       |
| 3                     | 68                   | 92                   | 84                   | 88                   | 83                       |
| 4                     | 72                   | 36                   | 24                   |                      | 44                       |
| 5                     | 56                   | 64                   | 92                   | 88                   | 75                       |
| 6                     | 84                   | 72                   | 72                   |                      | 76                       |
| 7                     | 92                   | 92                   | 100                  |                      | 95                       |
| 8                     | 52                   | 44                   | 12                   |                      | 36                       |
| 9                     | 84                   | 72                   | 92                   |                      | 83                       |
| 10                    | 88                   | 52                   | 92                   |                      | 77                       |
| 12                    | 36                   | 48                   | 40                   |                      | 41                       |
| 13                    | 64                   | 76                   | 84                   |                      | 75                       |
| 14                    | 20                   | 80                   | 36                   |                      | 45                       |
| 15                    | 100                  | 68                   | 100                  |                      | 89                       |
| 16                    | 96                   | 100                  | 92                   |                      | 96                       |
| 17                    | 76                   | 80                   | 92                   |                      | 83                       |
| 18                    | 80                   | 100                  | 92                   | 80                   | 88                       |
| 19                    | 88                   | 100                  | 92                   | 80                   | 90                       |
| 20                    | 100                  | 100                  | 92                   | 84                   | 94                       |
| 21                    | 92                   | 100                  | 92                   | 92                   | 94                       |
| 22                    | 92                   | 88                   | 92                   |                      | 91                       |
| 23                    | 72                   | 80                   | 72                   |                      | 75                       |
| 26                    | 52                   | 76                   | 56                   |                      | 61                       |
| Anwuchs<br>WDH/Fläche | 72                   | 74                   | 75                   | 85                   | 74                       |

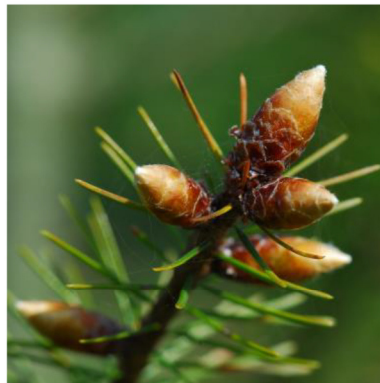
Das Austriebsverhalten der Herkunft wurde anhand eines 5-stufigen Boniturschlüssels erfasst. Dieser wurde im Trees4Future-Projekt entwickelt (LIESEBACH et al. 2015) und für die Aufnahmen übernommen. Tabelle 7 und Abbildung 6 illustrieren die einzelnen Boniturstufen.

**Tabelle 7:** Beschreibung der einzelnen Boniturstufen anhand des Trees4Future Boniturschlüssels

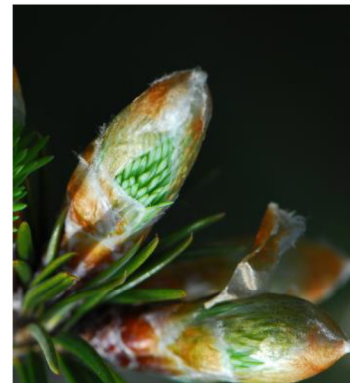
| Boniturstufe | Beschreibung                                                  |
|--------------|---------------------------------------------------------------|
| 1            | Knospe geschlossen                                            |
| 2            | Knospe streckt sich, leicht grünliches Aussehen               |
| 3            | Knospe öffnet sich, Nadelspitzen sind sichtbar                |
| 4            | Streckung des neuen Triebes, Nadelbündel liegen meist noch an |
| 5            | Nadelbündel beginnt sich zu lösen, Trieb vergrößert sich      |



Stage 1



Stage 2



Stage 3



Stage 4



Stage 5

**Abbildung 6:** Illustration der einzelnen Boniturstufen anhand des Trees4Future Boniturschlüssels (LIESEBACH et al. 2015).

Den spätesten Austrieb zeigen die Prüfglieder 5 und 13, den frühesten die Prüfglieder 1, 3, 12 und 22 (siehe Tabelle 8), alles Nachkommen von Plantagen aus Deutschland. Innerhalb einzelner Länder zeigen die einzelnen Herkünfte nur geringe Unterschiede (z.B. Herkünfte aus Frankreich, Prüfglied 7, 8 und 9). Zwischen Herkünften unterschiedlicher Länder sind die Unterschiede ebenfalls nur gering. So beträgt die mittlere Austriebstufe der französischen Herkünfte 2,0 und die der amerikanischen 2,1. Auf Basis der Aufnahme auf der Versuchsfläche Melsungen können keine Herkünfte wegen einer gesteigerten Spätfrostgefährdung identifiziert werden.

Im Jahr 2021 wurden ebenfalls alle anderen Flächen durch die Projektpartner aufgemessen und die vollständige Versuchssserie vom Thünen-Institut ausgewertet. Die Ergebnisse wurden in einem gemeinsamen Vortrag auf der Forstwissenschaftlichen Tagung 2021 vorgestellt.

**Tabelle 8:** Mittlerer Austrieb der Herkünfte im Zeitraum der Bonituren (17.05.2021).

| Prüfglied | mittlerer<br>Austrieb |
|-----------|-----------------------|
| 1         | 2,5                   |
| 3         | 2,5                   |
| 4         | 2,2                   |
| 5         | 1,4                   |
| 6         | 2,0                   |
| 7         | 1,9                   |
| 8         | 2,0                   |
| 9         | 2,0                   |
| 10        | 2,2                   |
| 12        | 2,5                   |
| 13        | 1,6                   |
| 14        | 2,2                   |
| 15        | 2,4                   |
| 16        | 2,3                   |
| 17        | 2,3                   |
| 18        | 1,9                   |
| 19        | 2,2                   |
| 20        | 2,3                   |
| 21        | 1,9                   |
| 22        | 2,5                   |
| 23        | 2,2                   |
| 26        | 2,1                   |

## 1.5 Konzeption des Aufbaus von Samenplantagen

Ziel dieses Arbeitspakets war es, die Methoden der Anlage von Samenplantagen zur Produktion von hochwertigem Forstvermehrungsgut zu optimieren. Der Fokus lag hierbei auf dem planerischen Arbeitsbereich, welcher sich insbesondere mit der Auswahl der Genotypen für die Samenplantage und deren Verteilung auf der Fläche beschäftigt. Ein Ziel ist es hierbei Samenplantagen mit einer ausreichend hohen genetischen Diversität aufzubauen, die sich dann im Vermehrungsgut wiederfindet. Bestimmte praktische Aspekte, wie die Flächenauswahl, Flächenanlage und Pflege oder Pflanzverband werden im Rahmen des Konzeptes nicht behandelt. Grundlegend sollte vor der Anlage einer Samenplantage geklärt werden, ob diese zu einem späteren Zeitpunkt in eine Hochzuchtsamenplantage überführt werden soll. Ist dies der Fall, muss die Genotypenanzahl bei Anlage hoch genug sein, damit nach einer späteren Einzelbaumprüfung unterdurchschnittliche Vererber entnommen werden können. Dadurch sind nach einer anschließenden Durchforstung noch genügend Genotypen für eine ausreichend hohe genetische Diversität/Vielfalt vorhanden.

Im Folgenden werden nun 2 Aspekte behandelt, wie viele Genotypen für eine diverse Samenplantage notwendig sind und wie die genetischen Strukturen des Saatgutes optimiert werden können.

### 1.5.1 Verteilung der Genotypen auf der Samenplantage

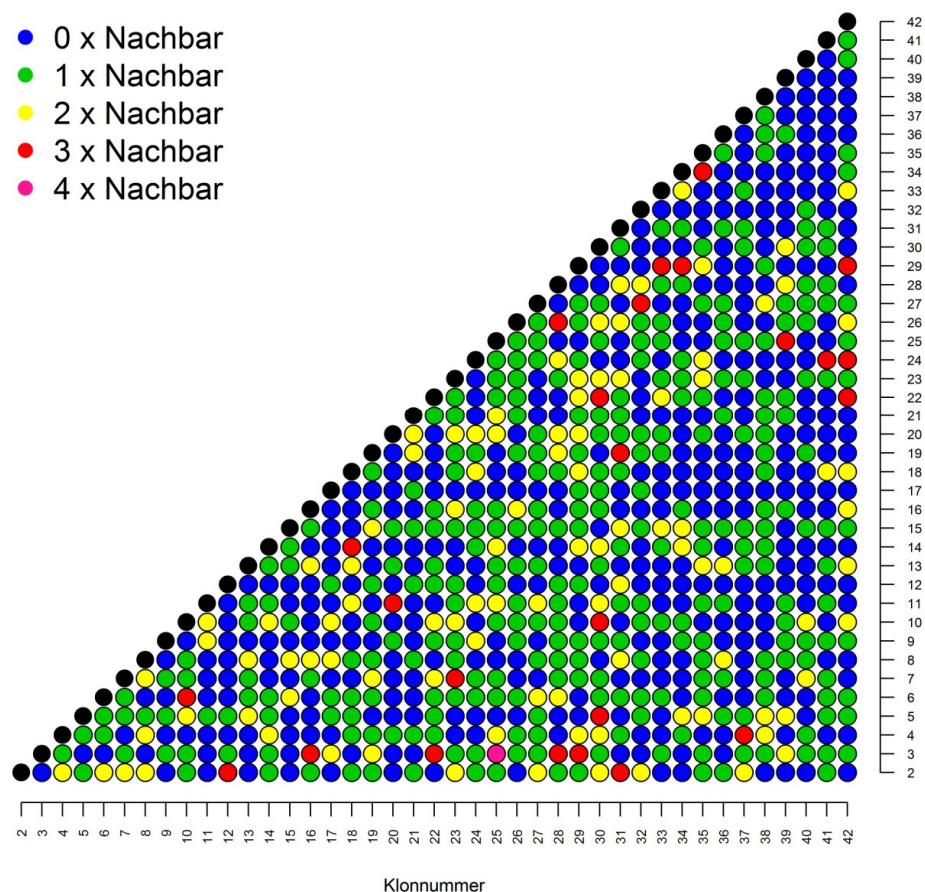
Auf einer Samenplantage müssen die einzelnen Genotypen so verteilt sein, dass Verwandtenpaarung und Selbstung möglichst minimiert werden. Panmixie auf der gesamten Fläche wird angestrebt. Dies geschah anfänglich durch manuell erstellte Pläne. Zur Verteilung der einzelnen Genotypen wurden aber schon sehr früh Computerprogramme verwendet. Eines der gängigsten ist das COOL-Pogramm (Computer organised orchard layouts), welches mit dem Verfahren der „permuted neighbourhood design concept“ Verteilungspläne für Samenplantagen berechnet (BELL 1978). Die Literaturstudie ergab, dass nur wenige Alternativen existieren. Eine vielversprechende Entwicklung stellt das „Optimum neighborhood seed orchard design“ (ONA) dar, welches an der Tschechischen Universität entwickelt wurde (CHALOUPOKOVÁ 2016). Der Vorteil besteht darin, dass die Programmierung in der R-Umgebung erfolgte und der Quellcode frei zugänglich ist. Damit kann das Programm ohne Lizenzkosten betrieben und leicht an eigene Bedürfnisse angepasst werden.

Mit Hilfe einer fiktiven Samenplantage wurden beide Programme verglichen. In Abbildung 7 ist die Fläche der Samenplantage zu sehen. Wie praktische Erfahrungen zeigen, ist die Fläche nicht gänzlich quadratisch sondern weist Fehlstellen auf (grau hinterlegt), die nicht bepflanzt werden können. Ebenfalls wurde in diesem Beispiel berücksichtigt, dass Samenplantage häufig nicht mit einer einheitlichen Pflanzen (Ramets) eines Genotyps bestückt werden können. Im Beispiel schwanken diese zwischen 6 und 3 Ramets. Die einzelnen Genotypen sind von 2 bis 42 durchnummeriert.

|    |    |    |    |    |    |    |     |     |     |     |     |     |     |
|----|----|----|----|----|----|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| 14 | 28 | 42 | 56 | 70 | 84 | 98 | 112 | 126 | 140 | 154 | 168 | 182 | 196 |
| 13 | 27 | 41 | 55 | 69 | 83 | 97 | 111 | 125 | 139 | 153 | 167 | 181 | 195 |
| 12 | 26 | 40 | 54 | 68 | 82 | 96 | 110 | 124 | 138 | 152 | 166 | 180 | 194 |
| 11 | 25 | 39 | 53 | 67 | 81 | 95 | 109 | 123 | 137 | 151 | 165 | 179 | 193 |
| 10 | 24 | 38 | 52 | 66 | 80 | 94 | 108 | 122 | 136 | 150 | 164 | 178 | 192 |
| 9  | 23 | 37 | 51 | 65 | 79 | 93 | 107 | 121 | 135 | 149 | 163 | 177 | 191 |
| 8  | 22 | 36 | 50 | 64 | 78 | 92 | 106 | 120 | 134 | 148 | 162 | 176 | 190 |
| 7  | 21 | 35 | 49 | 63 | 77 | 91 | 105 | 119 | 133 | 147 | 161 | 175 | 189 |
| 6  | 20 | 34 | 48 | 62 | 76 | 90 | 104 | 118 | 132 | 146 | 160 | 174 | 188 |
| 5  | 19 | 33 | 47 | 61 | 75 | 89 | 103 | 117 | 131 | 145 | 159 | 173 | 187 |
| 4  | 18 | 32 | 46 | 60 | 74 | 88 | 102 | 116 | 130 | 144 | 158 | 172 | 186 |
| 3  | 17 | 31 | 45 | 59 | 73 | 87 | 101 | 115 | 129 | 143 | 157 | 171 | 185 |
| 2  | 16 | 30 | 44 | 58 | 72 | 86 | 100 | 114 | 128 | 142 | 156 | 170 | 184 |
| 1  | 15 | 29 | 43 | 57 | 71 | 85 | 99  | 113 | 127 | 141 | 155 | 169 | 183 |

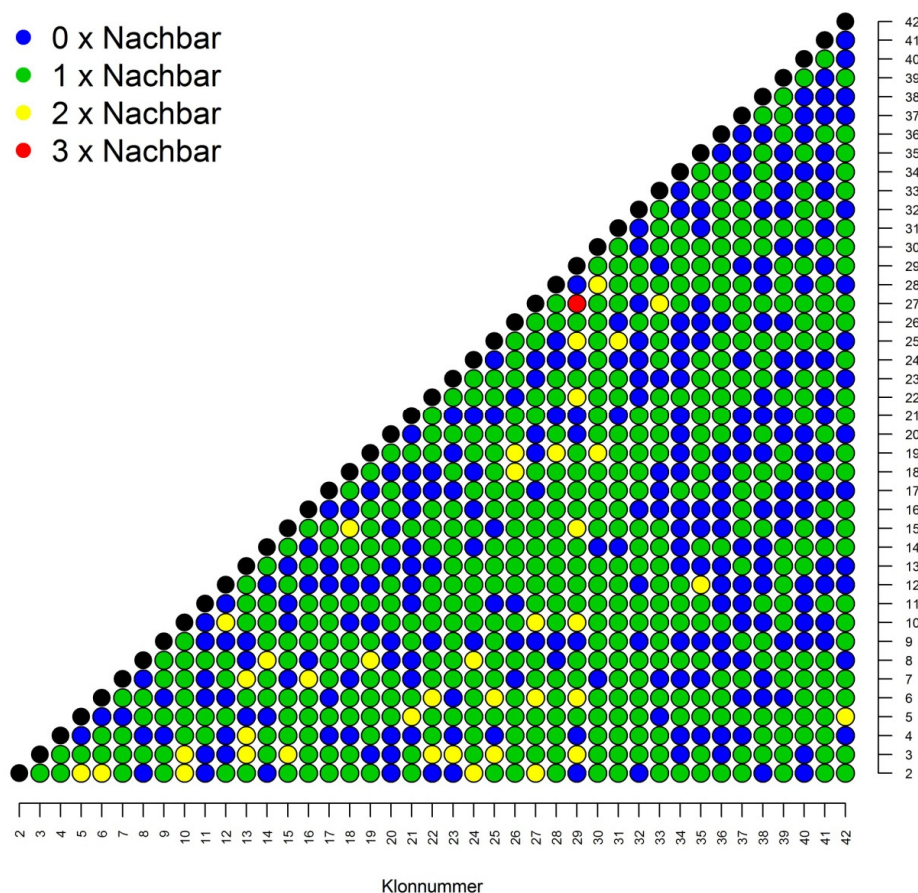
**Abbildung 7:** Parzellenplan der fiktiven Samenplantage. Grau hinterlegte Parzellen sind „Fehlstellen“, die nicht belegt werden können.

Beide Programme sollten aufbauend auf den Vorgaben einen Verteilungsplan für die Pflanzen erstellen. Von besonderem Interesse sind hierbei die Nachbarschaftsverhältnisse der einzelnen Genotypen auf der Samenplantage. Nach Möglichkeit sollen einzelne Genotypen mit möglichst vielen anderen Genotypen benachbart sein. Häufige Nachbarschaften sind zu vermeiden. Daher wurden für beide Samenplantagenbelegungen die Nachbarschaftsverhältnisse der einzelnen Genotypen ermittelt. In den Abbildungen 8 und 9 sind für jeden Genotyp die Nachbarschaftshäufigkeiten miteinander dargestellt. Ein blauer Punkt symbolisiert, dass Genotypen nie direkt benachbart sind. Ein grüner Punkt zeigt, dass zwei Genotypen nur einmalig als direkte Nachbarn vorkommen (Idealzustand). Die weiteren farbigen Punkte geben eine stetige Erhöhung der Nachbarschaftshäufigkeit wieder (Gelb 2, Rot 3, Pink 4).



**Abbildung 8:** Nachbarschaftsmatrix der Flächenbelegung durch das COOL-Programm. Blauer Punkt = kein direkter Nachbar des Genotyps, grüner Punkt = einmal, gelber Punkt = zweimal, roter Punkt = dreimal, pinker Punkt = viermal benachbart.





**Abbildung 9:** Nachbarschaftsmatrix der Flächenbelegung mittels ONA (Optimum Neighborhood Algorithm). Blauer Punkt = kein direkter Nachbar des Genotyps, grüner Punkt = einmal, gelber Punkt = zweimal, roter Punkt = dreimal benachbart

Ein Vergleich der beiden Abbildungen zeigt deutlich, dass bei dem COOL-Programm vermehrt die gleichen Genotypen direkte Nachbarn sind. Das neue Programm optimiert die Verteilung dahingehend, dass mehr Genotypen nur einmal neben einem Genotyp platziert sind. Im Hinblick auf die genetischen Strukturen des Saatgutes sollte bei der Anlage von neuen Samenplantagen der neue Verteilungsansatz gewählt werden.

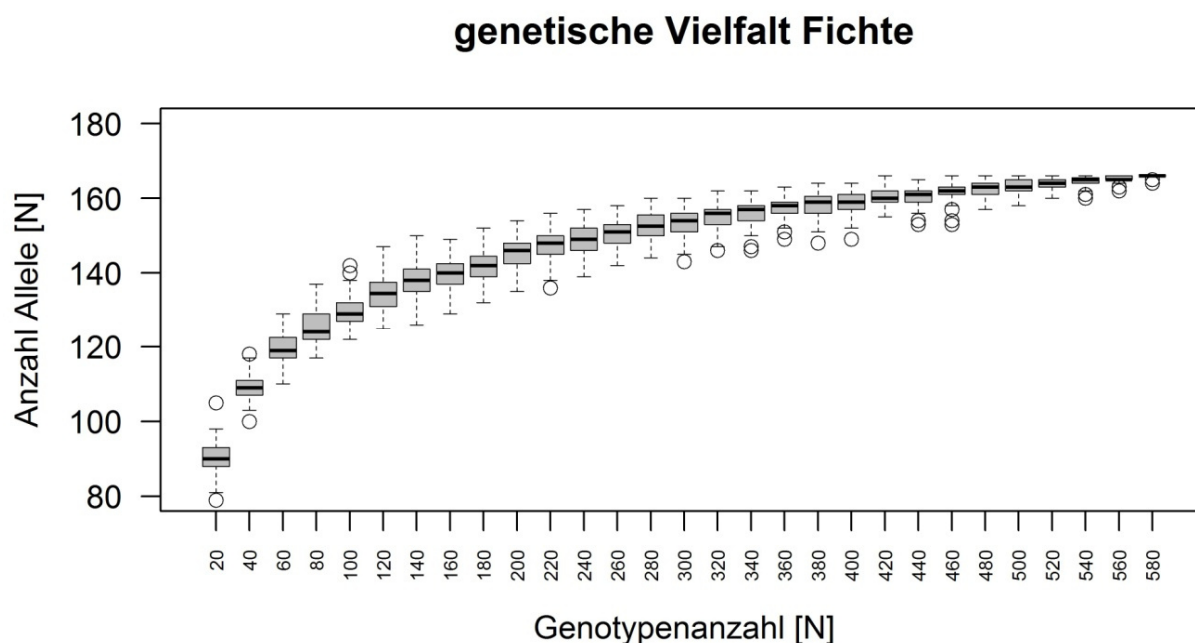
### 1.5.2 Anzahl der benötigten Genotypen für eine Samenplantage

Wie bereits erwähnt ist die Genotypenanzahl auf einer Samenplantage von besonderer Bedeutung. Im Projekt „FitForClim“ wurde von allen Plusbäumen im Rahmen der Vermehrung auch die Genetik erfasst. Hierzu wurden 12 Mikrosatelliten-Genorte untersucht. Mit Hilfe der genetischen Daten wurden nun Simulationen angestellt, um für die geplanten Samenplantagen optimale Genotypanzahlen zu ermitteln. Beispielhaft wird im Folgenden anhand der Baumarten Fichte, Stiel-Eiche und Trauben-Eiche gezeigt, wie sich veränderte Genotypanzahlen auf die Genetik auswirken (Abbildungen 10-15 und Tabellen 9-17).

Für die Analysen wurden bei der Fichte genetische Daten von 13 Genorten, bei den Eichen-Arten von 8 Genorten verwendet. Dazu wurden in 20er Schritten 100-mal zufällig Individuen aus der Gesamtheit gezogen und Variationsmaße wie Anzahl der effektiven Allele und Vielfalt berechnet. Zusätzlich wurden die Mittelwerte und Konfidenzintervalle der einzelnen Genotypengruppen berechnet und abschließend ein t-Test durchgeführt. Dafür wurde die Statistik Software R benutzt. Die Eichen wurden vorher nach Stiel- und Trauben-Eiche getrennt.

### 1.5.2.1 Berechnungen für die Baumart Fichte

In der folgenden Abbildung und Tabellen ist die Entwicklung der Vielfalt dargestellt. Es zeigt sich, dass mit einer höheren Genotypanzahl eine höhere Vielfalt realisiert werden kann (Abbildung 10). Der Post-hoc-Test zeigt selbst bei großen Genotypenzahlen immer noch signifikante Unterschiede zwischen den Verteilungen der Gruppen (Tabelle 9). Jedoch sind die Unterschiede bei hoher Genotypanzahl nicht mehr so gravierend, was ein Vergleich der Mittelwerte zeigt. Danach kommen ab 60 Genotypen nur noch wenige neue Allele dazu (Tabelle 10).



**Abbildung 10:** Entwicklung der genetischen Vielfalt in Abhängigkeit der einbezogenen Fichten Plusbäume.



**Tabelle 9:** Ergebnisse des multiplen Mittelwertvergleichs (Tukey mit Sandwich Korrektur für ungleiche Varianzen)

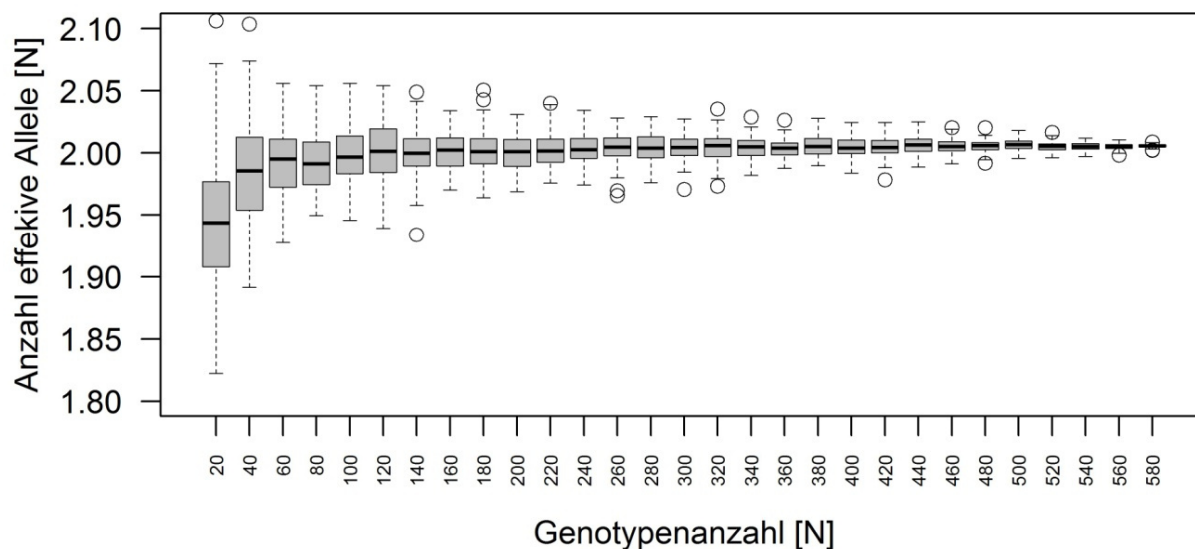
| Paarvergleich | Differenz Anzahl Allele | Signifikanzniveau |
|---------------|-------------------------|-------------------|
| 20/40         | 19                      | <0,001            |
| 40/60         | 9                       | <0,001            |
| 60/80         | 6                       | <0,001            |
| 80/100        | 5                       | <0,001            |
| 100/120       | 4                       | <0,001            |
| 120/140       | 2                       | <0,001            |
| 140/160       | 2                       | <0,001            |
| 160/180       | 2                       | <0,001            |
| 180/200       | 2                       | 0,004             |

**Tabelle 10:** Geschätzte Mittelwerte (Vielfalt Fichte)

| Anzahl Genotypen | Mittelwert Anzahl Allele |
|------------------|--------------------------|
| 20               | 90                       |
| 40               | 110                      |
| 60               | 119                      |
| 80               | 125                      |
| 100              | 130                      |
| 120              | 134                      |
| 140              | 137                      |
| 160              | 140                      |
| 180              | 143                      |
| 200              | 145                      |

In der folgenden Abbildung und Tabelle ist die Entwicklung der Diversität dargestellt. Es zeigt sich, dass mit einer höheren Genotypenanzahl anfänglich eine höhere Diversität realisiert werden kann. Ab 40 Genotypen stabilisiert sich die Diversität auf einem Level unabhängig von der Genotypenanzahl (Abbildung 11). Der Post-hoc-Test zeigt ebenfalls, dass ab einer Genotypenanzahl von 40 Individuen keine signifikanten Veränderungen mehr eintreten (Tabelle 11).

## genetische Diversität Fichte



**Abbildung 11:** Entwicklung der genetischen Diversität in Abhängigkeit der einbezogenen Fichten Plusbäume.

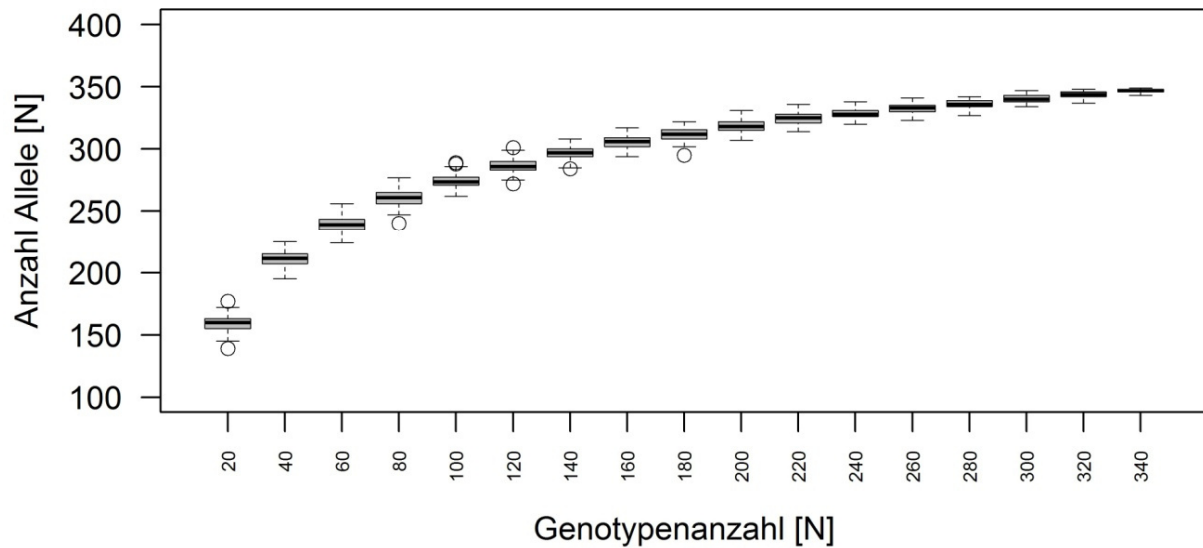
**Tabelle 11:** Ergebnisse des multiplen Paarvergleichs (Tukey mit Sandwich Korrektur für ungleiche Varianzen)

| Paarvergleich | Differenz Anzahl effektive Allele | Signifikanzniveau |
|---------------|-----------------------------------|-------------------|
| 20/40         | 0                                 | <0,01             |
| 40/60         | 0                                 | 0,89              |
| 60/80         | 0                                 | 0,98              |
| 80/100        | 0                                 | 0,99              |
| 100/120       | 0                                 | 0,99              |
| 120/140       | 0                                 | 1,00              |
| 140/160       | 0                                 | 0,82              |
| 160/180       | 0                                 | 1,00              |
| 180/200       | 0                                 | 1,00              |

### 1.5.2.2 Berechnungen für die Baumart Stiel-Eiche

In der folgenden Abbildung und Tabellen ist die Entwicklung der Vielfalt dargestellt. Es zeigt sich, dass mit einer höheren Genotypenanzahl eine höhere Vielfalt realisiert werden kann (Abbildung 12). Der Post-hoc-Test zeigt selbst bei großen Genotypenzahlen immer noch signifikante Unterschiede zwischen den Verteilungen der Gruppen (Tabelle 12). Jedoch sind die Unterschiede bei höheren Genotypenzahlen nicht mehr so gravierend, was ein Vergleich der Mittelwerte zeigt. Danach kommen ab 80 Genotypen nur noch wenige neue Allele dazu (Tabelle 13).

## genetische Vielfalt Stiel-Eiche



**Abbildung 12:** Entwicklung der genetischen Vielfalt in Abhängigkeit der einbezogenen Stiel-Eichen Plusbäume.

**Tabelle 12:** Ergebnisse des multiplen Paarvergleichs (Tukey mit Sandwich Korrektur für ungleiche Varianzen)

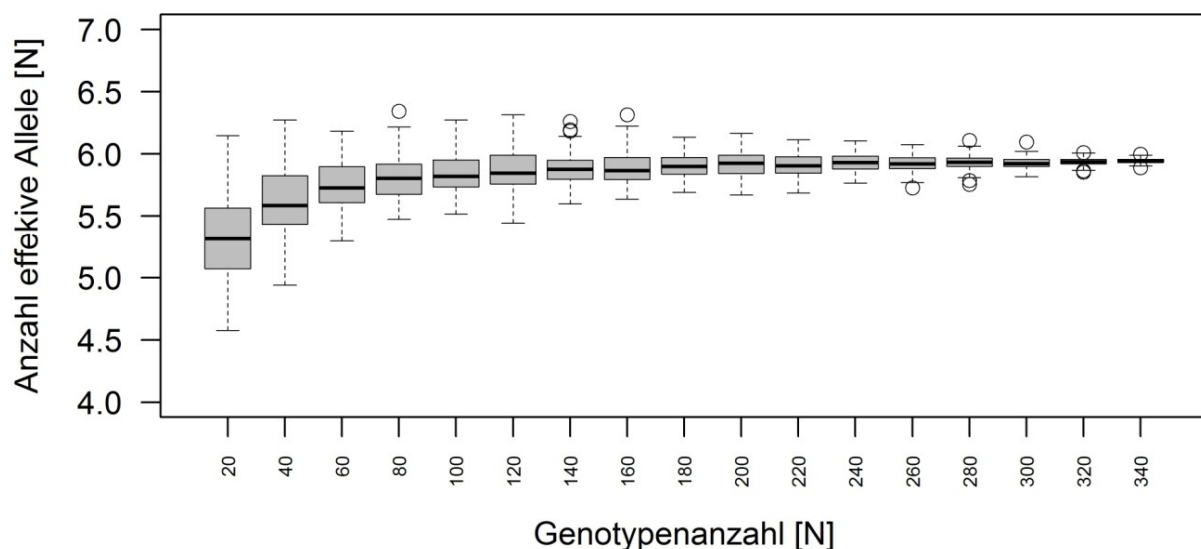
| Paarvergleich | Differenz Anzahl Allele | Signifikanzniveau |
|---------------|-------------------------|-------------------|
| 20/40         | 50                      | <0,001            |
| 40/60         | 29                      | <0,001            |
| 60/80         | 22                      | <0,001            |
| 80/100        | 13                      | <0,001            |
| 100/120       | 10                      | <0,001            |
| 120/140       | 9                       | <0,001            |
| 140/160       | 8                       | <0,001            |
| 160/180       | 7                       | <0,001            |
| 180/200       | 6                       | <0,001            |

**Tabelle 13:** Geschätzte Mittelwerte (Vielfalt Stiel-Eiche)

| Anzahl Genotypen | Anzahl Allele |
|------------------|---------------|
| 20               | 159           |
| 40               | 209           |
| 60               | 239           |
| 80               | 261           |
| 100              | 275           |
| 120              | 286           |
| 140              | 296           |
| 160              | 305           |
| 180              | 312           |
| 200              | 318           |

In der folgenden Abbildung und Tabelle ist die Entwicklung der Diversität dargestellt. Es zeigt sich, dass mit einer höheren Genotypenanzahl anfänglich eine höhere Diversität realisiert werden kann. Ab 60 Genotypen stabilisiert sich die Diversität auf einem Level unabhängig von der Genotypenanzahl (Abbildung 13). Der Post-hoc-Test zeigt ebenfalls, dass ab einer Genotypenanzahl von 60 Individuen keine signifikanten Veränderungen mehr eintreten (Tabelle 14).

### genetische Diversität Stiel-Eiche



**Abbildung 13:** Entwicklung der genetischen Diversität in Abhängigkeit der einbezogenen Stiel-Eichen Plusbäume.

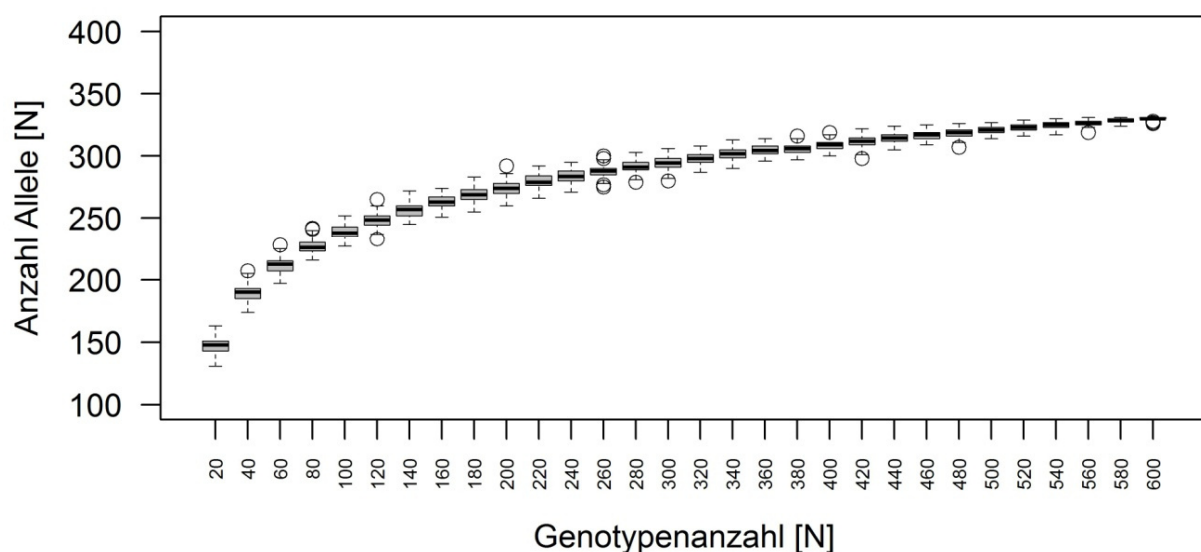
**Tabelle 14:** Ergebnisse des multiplen Paarvergleichs (Tukey mit Sandwich Korrektur für ungleiche Varianzen)

| Paarvergleich | Differenz Anzahl effektive Allele | Signifikanzniveau |
|---------------|-----------------------------------|-------------------|
| 20/40         | 0                                 | <0,01             |
| 40/60         | 0                                 | <0,01             |
| 60/80         | 0                                 | 0,38              |
| 80/100        | 0                                 | 1,00              |
| 100/120       | 0                                 | 0,90              |
| 120/140       | 0                                 | 0,35              |
| 140/160       | 0                                 | 1,00              |
| 160/180       | 0                                 | 0,58              |
| 180/200       | 0                                 | 1,00              |

### 1.5.2.3 Berechnungen für die Baumart Trauben-Eiche

In der folgenden Abbildung und Tabellen ist die Entwicklung der Vielfalt dargestellt. Es zeigt sich, dass mit einer höheren Genotypanzahl eine höhere Vielfalt realisiert werden kann (Abbildung 14). Der Post-hoc-Test zeigt selbst bei großen Genotypenzahlen immer noch signifikante Unterschiede zwischen den Verteilungen der Gruppen (Tabelle 15). Jedoch sind die Unterschiede bei höheren Genotypanzahlen nicht mehr so gravierend, was ein Vergleich der Mittelwerte zeigt. Danach kommen ab 80 Genotypen nur noch wenige neue Allele dazu (Tabelle 16).

### genetische Vielfalt Trauben-Eiche



**Abbildung 14:** Entwicklung der genetischen Vielfalt in Abhängigkeit der einbezogenen Trauben-Eichen Plusbäume.

**Tabelle 15:** Ergebnisse des multiplen Paarvergleichs (Tukey mit Sandwich Korrektur für ungleiche Varianzen)

| Paarvergleich | Differenz Anzahl Allele | Signifikanzniveau |
|---------------|-------------------------|-------------------|
| 20/40         | 43                      | <0,001            |
| 40/60         | 21                      | <0,001            |
| 60/80         | 16                      | <0,001            |
| 80/100        | 10                      | <0,001            |
| 100/120       | 10                      | <0,001            |
| 120/140       | 7                       | <0,001            |
| 140/160       | 7                       | <0,001            |
| 160/180       | 6                       | <0,001            |
| 180/200       | 4                       | <0,001            |

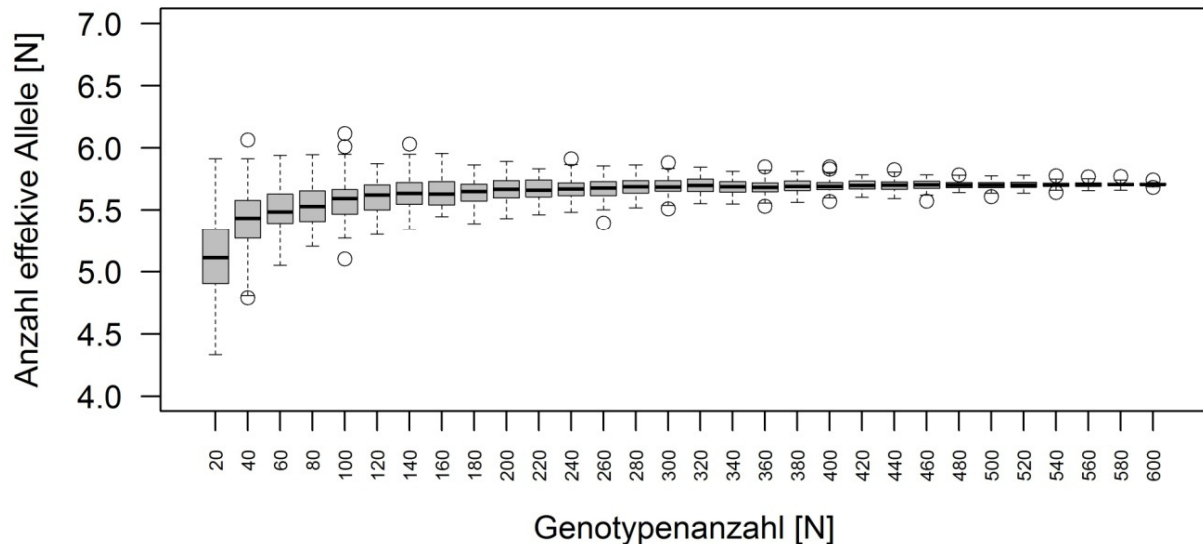
**Tabelle 16:** Geschätzte Mittelwerte (Vielfalt Trauben-Eiche)

| Anzahl Genotypen | Anzahl Allele |
|------------------|---------------|
| 20               | 147           |
| 40               | 190           |
| 60               | 211           |
| 80               | 227           |
| 100              | 238           |
| 120              | 249           |
| 140              | 256           |
| 160              | 263           |
| 180              | 270           |
| 200              | 274           |

In der folgenden Abbildung und Tabelle ist die Entwicklung der Diversität dargestellt. Es zeigt sich, dass mit einer höheren Genotypenanzahl anfänglich eine höhere Diversität realisiert werden kann. Ab 80 Genotypen stabilisiert sich die Diversität auf einem Level unabhängig von der Genotypenanzahl (siehe Abbildung 15). Der Post-hoc-Test zeigt ebenfalls, dass ab einer Genotypenanzahl von 80 Individuen keine signifikanten Veränderungen mehr eintreten (siehe Tabelle 17).



## genetische Diversität Trauben-Eiche



**Abbildung 15:** Entwicklung der genetischen Diversität in Abhängigkeit der einbezogenen Trauben-Eichen Plusbäume.

**Tabelle 17:** Ergebnisse des multiplen Paarvergleichs (Tukey mit Sandwich Korrektur für ungleiche Varianzen)

| Paarvergleich | Differenz Anzahl effektive Allele | Signifikanzniveau |
|---------------|-----------------------------------|-------------------|
| 20/40         | 0                                 | <0,001            |
| 40/60         | 0                                 | 0,006             |
| 60/80         | 0                                 | 0,009             |
| 80/100        | 0                                 | 0,992             |
| 100/120       | 0                                 | 0,600             |
| 120/140       | 0                                 | 1,000             |
| 140/160       | 0                                 | 1,000             |
| 160/180       | 0                                 | 0,682             |
| 180/200       | 0                                 | 1,000             |

### 1.5.2.4 Zusammenfassung der Ergebnisse

Nach den Ergebnissen sollten bei der Fichte für eine ausreichende Vielfalt mindestens 60 Genotypen, für eine ausreichende Diversität 40 Genotypen auf einer Samenplantage vertreten sein. Für die Stiel- und Trauben-Eiche müssen für eine ausreichende Vielfalt mindestens 80 und für eine ausreichende Diversität 60 (Stiel-Eiche) bis 80 (Trauben-Eiche) Genotypen auf einer Samenplantage vertreten sein. Soll die Möglichkeit erhalten bleiben, die Samenplantagen zu einem späteren Zeitpunkt in Hochzuchtsamenplantagen umzubauen, müssen weitere

Genotypen bei der Begründung berücksichtigt werden. Wenn 20% der Genotypen für die spätere Auslese veranschlagt werden, müssen zukünftige Samenplantagen bei der Fichte 72 und bei den Eichenarten 96 Genotypen umfassen.

### 1.5.3 Blühphänologie der Einzelkomponenten

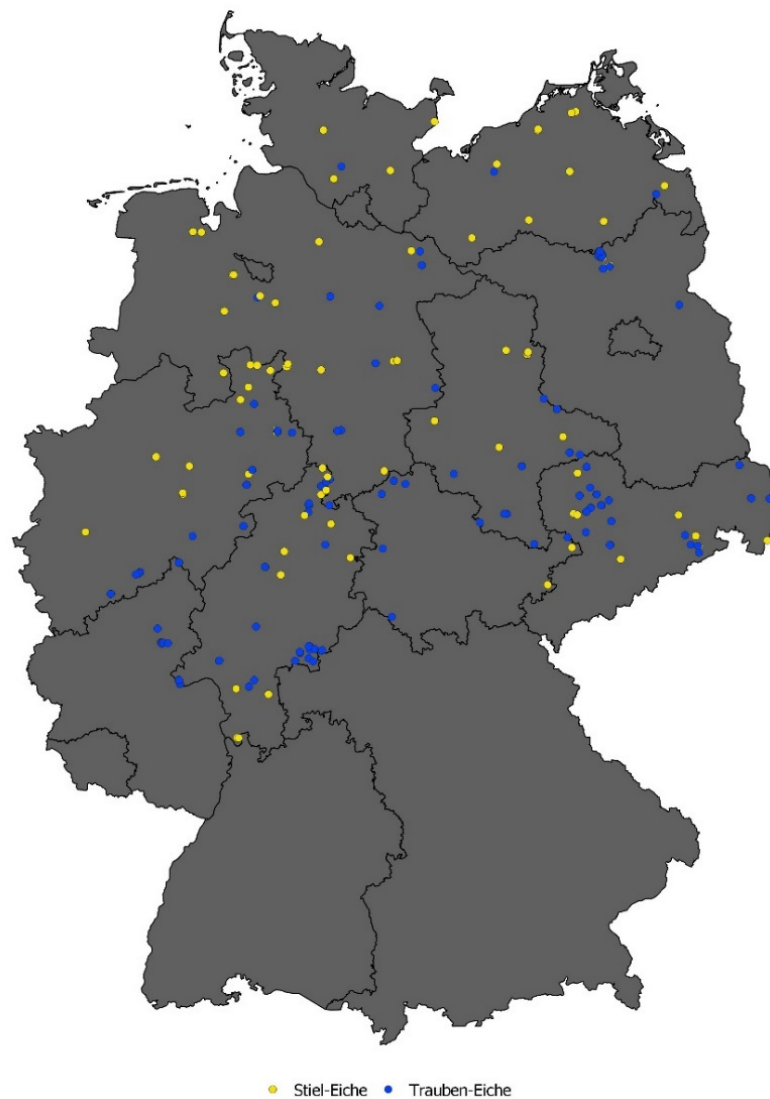
Das Blühverhalten der einzelnen Genotypen ist für die Anlage einer Samenplantage von besonderer Bedeutung. Unterschieden sich die Blühzeitpunkte der einzelnen Klone zu stark wird die angestrebte Panmixie nicht erreicht. Schlimmsten Falls bilden sich kleine Reproduktionsfamilien, die immer nur ein Teil der vorhandenen Vielfalt umfassen. Es ist daher für die Weitergabe der vorhandenen Vielfalt von besonderer Bedeutung, dass die Komponenten einer neu anzulegenden Plantage einen ähnlichen Blühzeitpunkt haben. Am Beispiel der Eiche wird nun auf diesen Aspekt eingegangen.

In den Knospen sind die Blatt- und Blütenanlagen für die kommende Vegetationsperiode angelegt. Generell laufen Blühentwicklung und Blattentfaltung bei den heimischen Eichenarten synchron ab (Krahl-Urban 1959), und werden zeitlich von Erb- und Umweltfaktoren bestimmt (Chesnoiu et al. 2009). Die Blüte findet jedoch vor der vollständigen Entfaltung der Blätter statt (Rohmeder und Schönbach 1959) oder ist mindestens gehemmt (Sharp und Chrisman 1961). Daher ist der Austrieb eine geeignete Größe, um die Blühzeitpunkt einzelner Klone bestimmen zu können.

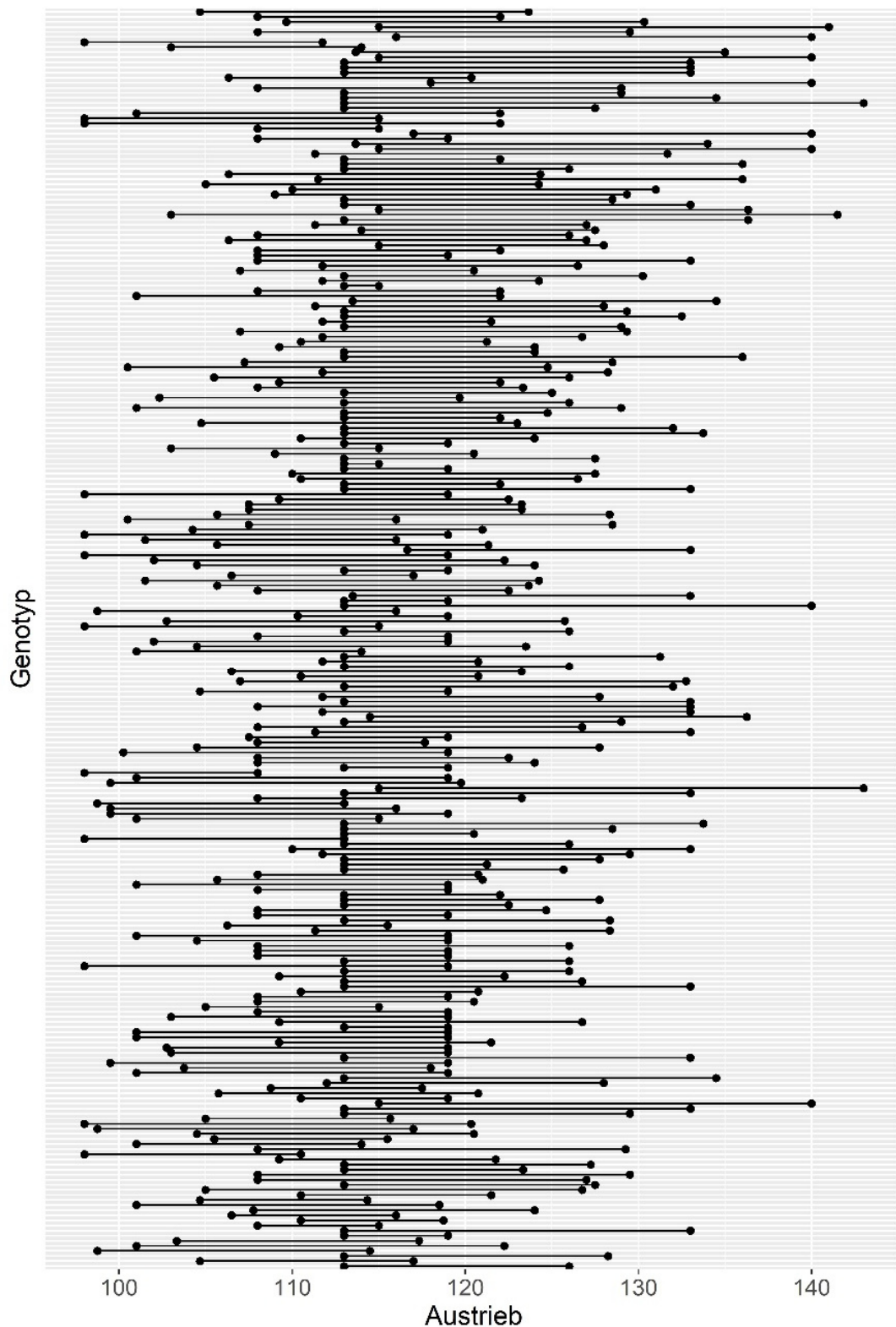
Anhand der Eichen-Klonarchive der NW-FVA konnten im Zeitraum vom 08.04.2019 bis zum 27.05.2019 an 15 Terminen Austriebsbonituren an 197 Stiel-Eichen und 248 Trauben-Eichen durchgeführt werden. Eine Übersicht über die Herkunft der einzelnen Plusbäume gibt Abbildung 16. Dafür wurde ebenfalls auf einen Boniturschlüssel zurückgegriffen, der für die Aufnahmen an jungen Pflanzen im Trees4Future-Projekt entwickelt wurde (LIESEBACH et al. 2015). Dieser unterscheidet den Austrieb in 5 Stufen: Knospe geschlossen, Knospe geschwollen, Knospe geöffnet, Blätter entfalten sich und Blätter vollständig geöffnet. Die Bonitur wurde an bis zu 4 Pflöpfingen eines Genotyps durchgeführt und ein Mittelwert je Genotyp berechnet.

Die Austriebsbonituren können zur Auswahl von kompatiblen Genotypen genutzt werden. Hierfür werden die Genotypen ausgewählt, die einen möglichst überlappenden Austriebszeitrahmen haben. In Abbildung 17 sind beispielhaft für einige Trauben-Eichen Genotypen die Austriebszeiträume abgebildet (Zeitraum von der geschwollenen Knospe bis zur vollständigen Blattentfaltung abhängig vom Tag im Jahr). Dadurch können bereits vor der Anlage einer Samenplantage inkompatible Genotypen ausgeschlossen werden.

Die Klonarchive, die im Zuge des Projektes angelegt wurden, bieten sich für diese Vorauswahl besonders an. Auf ihnen sind viele Genotypen zu finden, aus denen die Genotypen mit den synchronsten Austriebs- oder Blühperiode ausgewählt werden können. Austriebsbonituren über mehrere Jahre können die notwendigen Informationen dazu liefern. Stehen keine Klonarchive zur Verfügung, weil neue Genotypen verwendet werden, können die jungen Pflöpfinge vor der Flächenanlage bonitiert werden.



**Abbildung 16:** Übersicht über die Standorte der Plusbäume und deren Pflöpfinge an denen der Austrieb bonitiert wurde.



**Abbildung 17:** Zeiträume des Austriebs einiger Trauben-Eichen-Genotypen. Abgebildet ist der Zeitraum von der geschwollenen Knospe bis zur vollständigen Blättentfaltung abhängig vom Tag im Jahr.

## 1.6 Umwandlung von Fichten-Klonprüfungen in Saatguterntevorkommen

### 1.6.1 Formale Anforderungen

Für eine Zulassung für die Saatgutgewinnung müssen die Vorgaben des Forstvermehrungsgutgesetzes (FoVG) und der Forstvermehrungsgut-Zulassungs-Verordnung (FoVZV) erfüllt sein. Grundsätzlich kommen hierfür je nach Ausgangssituation und Datenlage die gesetzlichen Kategorien „Ausgewählt“ (Erntebestand), „Qualifiziert“ (Samenplantage) und „Geprüft“ in Frage, für die jeweils unterschiedliche Anforderungen zu erfüllen sind. Als Oberbegriff für die im FoVG definierten Begriffe „Erntebestand“ und „Samenplantage“ wird im Folgenden „Saatguterntevorkommen“ verwendet.

Eine Zulassung in der Kategorie „Ausgewählt“ kommt für ehemalige Versuchsflächen häufig nicht in Frage, da das heterogene Ausgangsmaterial und die langjährige versuchstechnische Behandlung oft zu Bestandesbildern geführt hat, welche die Anforderungen an Flächengröße, Homogenität, Bestandeswuchsleistung und besonders gute phänotypische Merkmale (z.B. Kronenform) in dieser Kategorie nicht erfüllen. Es geht daher bei der Umwandlung vorrangig um die Kategorien „Qualifiziert“ und „Geprüft“.

### 1.6.2 Flächenpotenzial

Von der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt wurden zwischen 1959 und 1997 rund 200 Flächen mit Fichten-Klonprüfungen angelegt, die auf ihre Nutzungsmöglichkeit für die Saatgutgewinnung überprüft wurden.

Von den zahlreichen Flächen, die meisten davon versuchstechnisch vor 2007 abgeschlossen, war ein großer Anteil nicht mehr vorhanden oder nicht mehr rekonstruierbar. Andere erfüllten nicht die formalen Mindestanforderungen. Es verblieben dennoch etliche Flächen, die genauer auf ihre Umwandlungsfähigkeit geprüft wurden.

Zum einen konnte auf die bereits im Projekt „FitForClim“ ausgewerteten Serien zur Flächenauswahl zurückgegriffen werden, zum anderen waren bereits durch das Sachgebiet 3 der Abteilung Waldgenressourcen Klonprüfungen als potenzielle Saatguterntebestände ausgewählt und vorgemerkt worden. Letzteres traf auf 4 potenzielle Saatgutvorkommen zu, die aus mehreren Einzelversuchen bestehen.

Alle vorgemerkten Flächenkomplexe wurden hinsichtlich einer potenziellen Nutzung als Samenplantage oder Saatguterntebestand überprüft. Bis auf die Fläche in Oldendorf konnte hierfür nicht auf Ergebnisse von Nachkommenschaftsprüfungen zurückgegriffen werden. Daher erfolgte eine Beurteilung des Materials mit den Messdaten der entsprechenden Flächen, welche um die genetischen Analysen aus dem Projekt „FitForClim“ ergänzt wurde. Basierend auf diesen Ergebnissen wurden geeignete Einzelflächen für den Umbau zu Saatguterntevorkommen ausgewählt (siehe Tabelle 18).

**Tabelle 18:** Für die Umwandlung in Saatguterntevorkommen der Baumart Fichte besonders geeignete Klonprüfungsflächen in Niedersachsen

| Saatguternte-<br>vorkommen | Aktenzeichen | Forstamt  | Revier     | Abteilung |
|----------------------------|--------------|-----------|------------|-----------|
| 1                          | 23.101.022   | Oldendorf | Ottenstein | 435       |
|                            | 23.101.032   | Oldendorf | Ottenstein | 435       |
| 2                          | 23.101.090   | Oerrel    | Medingen   | 2255      |
|                            | 23.101.098   | Oerrel    | Medingen   | 2255      |
| 3                          | 23.101.089   | Nienburg  | Rehburg    | 1262      |
|                            | 23.101.093   | Nienburg  | Rehburg    | 1262      |
|                            | 23.101.109   | Nienburg  | Rehburg    | 1262      |
| 4                          | 23.101.086   | Neuhaus   | Mühlenberg | 164       |
|                            | 23.101.094   | Neuhaus   | Mühlenberg | 164       |

Alle ausgewählten Versuche sind nach einer Überprüfung im Dezember 2020 noch weitestgehend intakt und für den Umbau geeignet. Die Umwandlung der Versuchsflächen sollte mit Hilfe der zuständigen Forstämter umgesetzt werden. Im Jahr 2020 waren die Forstämter aufgrund der angespannten Situation bei der Fichte (Borkenkäfer) jedoch nicht in der Lage, die Maßnahmen umzusetzen. Im Jahr 2021 ergab sich die Möglichkeit die 2 Versuchsflächen im Forstamt Oerrel, Revier Medingen zu einem Saatguterntevorkommen umzubauen.

Im Folgenden wird das Vorgehen für die Fläche Oldendorf (mit Nachkommenschaftsprüfung) sowie das Vorgehen bei der Umwandlung von Versuchsflächen ohne Nachkommenschaftsprüfung exemplarisch am Beispiel der Fläche in Medingen dargestellt.

### 1.6.3 Die Fläche Oldendorf

Die Fläche Oldendorf umfasst zwei unmittelbar benachbarte Versuchsflächen (Aktenzeichen 23.101.022 und 23.101.032) im Forstamt Oldendorf. Die Besonderheit dieser Fläche besteht darin, dass hierfür bereits eine Nachkommenschaftsprüfung angelegt wurde. Bei einem Nachweis signifikanter Überlegenheit der Nachkommenschaft wäre eine Zulassung der Fläche Oldendorf in der Kategorie „Geprüft“ möglich.

Für die Nachkommenschaftsprüfung waren die besten 45 Klone der Fläche ausgewählt und beerntet worden. Die daraus angezogenen Sämlinge wurden im Frühjahr 2006 in der Versuchsserie NKP 460 mit 3 Parallelfächen (Forstämter Lauterberg, Fulda und Melsungen) zur Prüfung ausgebracht. Zusätzlich zu den 45 Klon-Nachkommenschaften sind 4 Standards als Kontrollgruppe in den Versuchen enthalten.

Die Flächen wurden bereits 2006 und 2011 hinsichtlich der Einzelbaumhöhe aufgenommen. Im Winter 2017/2018 konnte nach Anleitung durch Stammpersonal der Abteilung Waldgenressourcen durch Projektmitarbeiter in „AdaptForClim“ eine weitere Aufnahme durchgeführt werden. Zusätzlich zu Höhe und BHD wurde eine vollständige Qualitätsansprache durchgeführt.

Die varianzanalytische Verrechnung der Messdaten als Versuchsserie wurde nach dem zweiphasigen Ansatz durchgeführt. Der Fokus lag hierbei auf der Wuchsleistung der Klone bzw.

deren Nachkommen. Es konnte für kein Prüfglied eine statistisch signifikante Überlegenheit gegenüber allen Standards festgestellt werden. Da bereits die Klone der Ausgangsserie keine statistisch signifikante Überlegenheit gegenüber dem Sämlingsstandard aufwiesen, war dieses Ergebnis nicht überraschend. Eine Zulassung in der Kategorie „Geprüft“ ist damit nicht möglich.

Auch eine Zulassung in der Kategorie „Qualifiziert“ ist nicht möglich. Maßgeblich für die Kategorie „Qualifiziert“ ist die Plusbaum-Eigenschaft der Komponenten, in diesem Fall die überdurchschnittliche Veranlagung der Fichten-Stecklinge, welche als Erntebäume die Samenplantage bilden sollten. Weder über ihre Nachkommen noch im direkten Vergleich mit den Standards auf den beiden Oldendorfer Flächen konnten sich die Stecklinge als überdurchschnittlich zeigen. Dies mag auch an der hohen Qualität der Standards liegen, von denen einige selbst bereits die Kategorie „Geprüft“ erreicht haben. Unter den konkreten Verhältnissen war jedenfalls keine „Plusbaum-Eigenschaft“ nachweisbar. Somit ist auch keine Zulassung in der Kategorie „Qualifiziert“ möglich.

## 1.6.4 Die Fläche Medingen

### 1.6.4.1 Versuchsmaterial und Datengrundlage

Die beiden Versuchsflächen in Medingen sind jeweils Teil von Versuchsserien mit je 7 Parallelfeldern: Serie 14 (23.101.090) und Serie 18 (23.101.098), siehe Tabelle 19.

**Tabelle 19:** Flächen der Serien 14 und 18 die für die Berechnungen verwendet wurden.

| Serie     | Aktenzeichen      | Forstamt      |
|-----------|-------------------|---------------|
| 14        | 23.101.085        | Paderborn     |
| 14        | 23.101.086        | Neuhaus       |
| 14        | 23.101.087        | Seesen        |
| 14        | 23.101.088        | Ahlhorn       |
| 14        | 23.101.089        | Nienburg      |
| <b>14</b> | <b>23.101.090</b> | <b>Oerrel</b> |
| 14        | 23.101.091        | Münden        |
| <b>18</b> | <b>23.101.098</b> | <b>Oerrel</b> |
| 18        | 23.101.099        | Neuhaus       |
| 18        | 23.101.100        | Dassel        |
| 18        | 23.101.101        | Lauterberg    |
| 18        | 23.101.102        | Ankum         |
| 18        | 23.101.103        | Oldendorf     |
| 18        | 23.101.104        | Wolfenbüttel  |

Die Serie 14 umfasst 40 Eliteklone aus der ersten Selektion von 1968 (siehe Tabelle 2) und als Sämlingsstandards die Herkunft Westerhof. Angelegt wurde die Serie im Jahr 1977 mit 3-jährigen Pflanzen. Die Serie 18 umfasst 855 Klone, die aus Herkünften, Nachkommenschaften und kontrollierten Kreuzungen vegetativ vermehrt wurden (siehe Tabelle 20). Bereits im Kamp wurden wiederum die leistungsfähigsten Klone selektiert und weiter für den Versuch vegetativ vermehrt. Auch in dieser Serie ist der gleiche Sämlingsstandard (Herkunft Westerhof) vorhanden. Angelegt wurde die Serie im Jahr 1978 mit 3-jährigen Pflanzen. Jede Serie umfasst 7



Versuchsflächen (siehe Tabelle 3). Für die Berechnungen sind alle auf den 7 Flächen orthogonal vorhandenen Klone (841) verwendet worden.

**Tabelle 20:** Übersicht über die auf den Serien verwendeten und anschließend für den Umbau selektierten Klone.

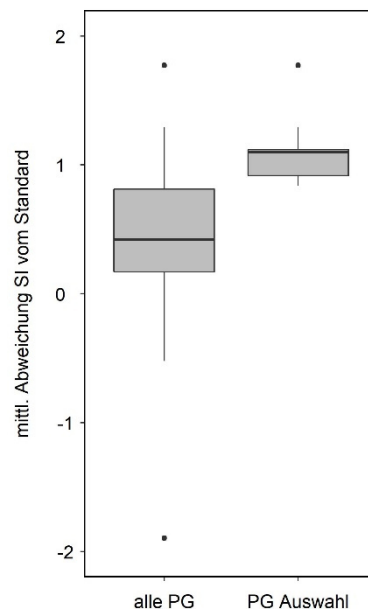
| Serie | Klon                                      | ausgewählte Klone [n] | ausgewählte Bäume [n] |
|-------|-------------------------------------------|-----------------------|-----------------------|
| 14    | Stinava CSSR                              | 1                     | 5                     |
| 14    | P+P ohne Angabe                           |                       |                       |
| 14    | AT. Fi 5 II/B/3 900-1300m – P+P           |                       |                       |
| 14    | VIII/12 – P+P                             | 1                     | 10                    |
| 14    | VIII/6 über 1000m DKS – P+P               | 1                     | 10                    |
| 14    | VIII/14 über 900m Vorallg. – P+P          | 1                     | 16                    |
| 14    | Westerhof – P+P                           |                       |                       |
| 14    | VIII/9 300-700m – P+P                     |                       |                       |
| 14    | VIII/15 900-1300m – BRA                   | 3                     | 16                    |
| 14    | VIII/9 über 700m – BRA                    | 1                     | 3                     |
| 14    | VIII/14 über 900m – BRA                   | 1                     | 8                     |
| 14    | VIII/2 300-600m - BRA                     | 1                     | 6                     |
| 18    | VIII/3 Harzvorland Westerhof              |                       |                       |
| 18    | VIII/2 300-600m Westdeutsches Bergland    |                       |                       |
| 18    | VIII/3 Harzvorland Westerhof              | 13                    | 47                    |
| 18    | VIII/2 unter 300m Westdeutsches Bergland  | 22                    | 77                    |
| 18    | VIII/2 bis 600m Westdeutsches Bergland    | 6                     | 17                    |
| 18    | VIII/3 Harzvorland Westerhof              | 4                     | 7                     |
| 18    | VIII/13 unter 700m Südbayern Oberschwaben | 7                     | 22                    |
| 18    | VIII/2 300-600m Westdeutsches Bergland    | 16                    | 73                    |
| 18    | VIII/16 300-700m übriges Süddeutschland   | 2                     | 15                    |
| 18    | VIII/16 300-700m übriges Süddeutschland   | 2                     | 6                     |
| 18    | VIII/12 unter 1100m Bayersicher Wald      | 2                     | 4                     |
| 18    | VIII/2 unter 300m Westdeutsches Bergland  | 6                     | 19                    |
| 18    | VIII/16 300-700m übriges Süddeutschland   | 1                     | 3                     |
| 18    | VIII/2 300-600m Westdeutsches Bergland    | 5                     | 14                    |
| 18    | VIII/3 Harzvorland Westerhof              | 1                     | 4                     |
| 18    | VIII/16 300-700m übriges Süddeutschland   |                       |                       |

#### 1.6.4.2 Auswertungen

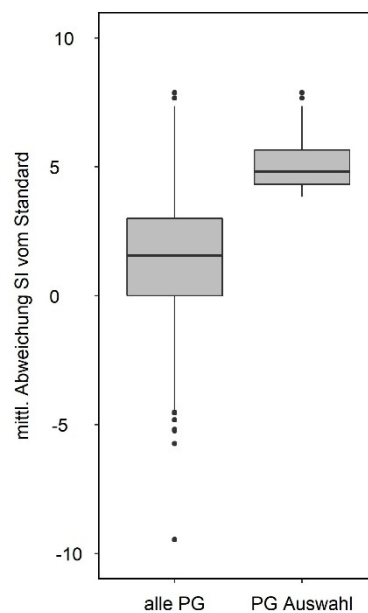
Für die Berechnungen wurden Wuchsdaten (Höhe und BHD) aus den Jahren 1991 bis 1993 verwendet. Zuerst wurden auf Einzelbaumebene die beiden Merkmale Baumhöhe und BHD zu einem Index kombiniert. Dieser setzt sich aus der doppelten Baumhöhe und dem einfachen BHD zusammen. Anschließend wurden die Werte auf Klonebene zu einem Mittelwert je Versuchsfläche aggregiert. Ausgehend vom Wert des Standards wurde die Differenz von jedem Klon berechnet. Unter Verwendung der Selektionsindexdifferenz als festem und den Versuchsflächen als zufälligem Effekt wurde ein gemischtes Modell aufgesetzt und anschließend die Kontraste (Paarvergleich mit dem Standard) über die Versuchsserie berechnet.

### 1.6.4.3 Klonauswahl auf den Flächen in Medingen

Bei den auf beiden Versuchsserien verwendeten Standard Westerhof handelt es sich um eine ebenfalls sehr starkwüchsige Herkunft. Darum ist es nicht verwunderlich, dass im Verhältnis nur sehr wenige Klone über die gesamte Versuchsserie eine signifikante Überlegenheit zeigen. Das ist in Serie 14 bei sechs und bei Serie 18 bei lediglich 15 Klonen der Fall. Für den Umbau mussten daher noch weitere Klone ohne signifikante Überlegenheit ausgewählt werden. In Serie 14 wurden daher alle Klone mit einer Selektionsindexdifferenz von mehr als 0,811 (die besten 25%) und in Serie 18 alle Klone mit einer Selektionsindexdifferenz von mehr als 3,838 (die besten 15%) ausgewählt. Damit wurden in beiden Serien 97 Klone ausgewählt die zukünftig als Ernteklone fungieren sollen. Die Abbildungen 18 und 19 zeigen die Leistungsfähigkeit der ausgewählten Klone zu allen Klonen der Versuchsserie.



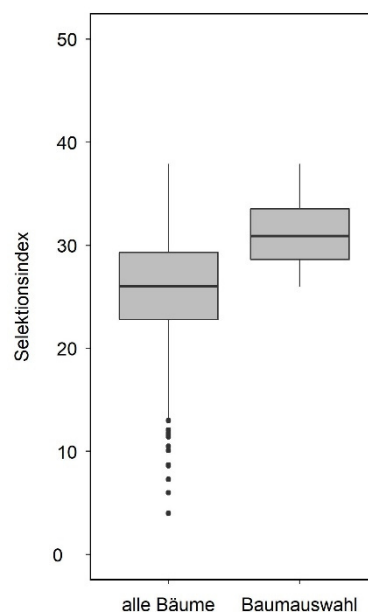
**Abbildung 18:** Mittlere Abweichung des Selektionsindex (SI) der Klone vom Standard in Serie 14. Links: alle Klone, rechts: die für die Saatguternte ausgewählten Klone (Klon = Prüfglied = PG).



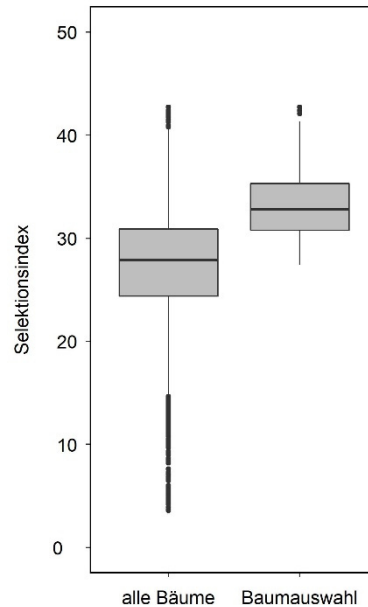
**Abbildung 19:** Mittlere Abweichung des Selektionsindex (SI) der Klone vom Standard in Serie 18. Links: alle Klone, rechts: die für die Saatguternte ausgewählten Klone (Klon = Prüfglied = PG).

#### 1.6.4.4 Baumauswahl auf den Flächen in Medingen

Von allen ausgewählten Klonen wurden die noch vorhandenen Bäume ausgewählt, die einen Einzelbaumindexwert größer des Mittelwertes der jeweiligen Fläche aufweisen. Bei der Serie 14 lag dieser bei 25,76 und bei der Serie 18 bei 27,28. Eine Übersicht über die Leistungsfähigkeit aller vorhandenen und der ausgewählten Bäume zeigen die Abbildungen 20 und 21. Als potentielle Erntebäume verbleiben 382 Bäume im Bestand.



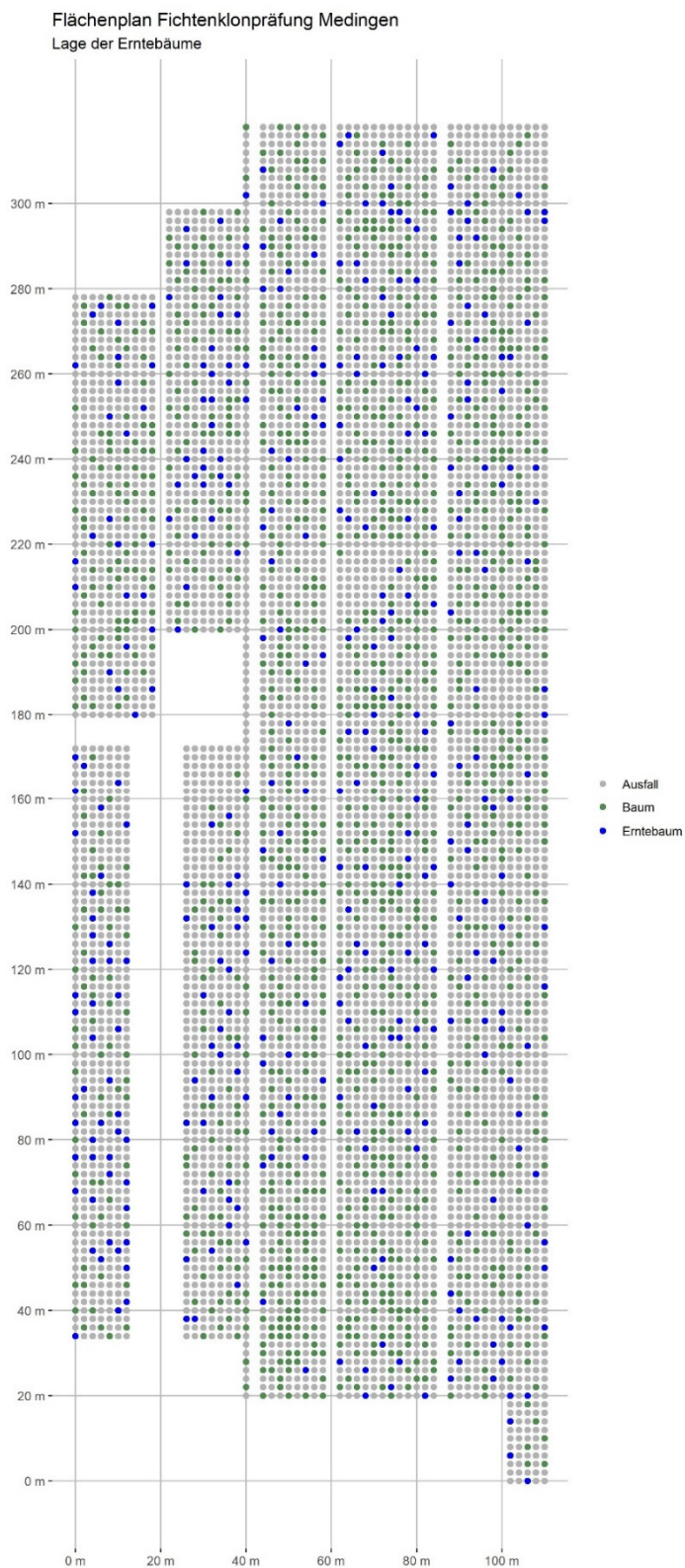
**Abbildung 20:** Übersicht über die Leistungsfähigkeit aller vorhandenen und der ausgewählten Bäume in Serie 14. Links: alle Bäume, rechts: die für die Saatguternte ausgewählten Bäume.



**Abbildung 21:** Übersicht über die Leistungsfähigkeit aller vorhandenen und der ausgewählten Bäume in Serie 18. Links: alle Bäume, rechts: die für die Saatguternte ausgewählten Bäume.

#### 1.6.4.5 Flächenstatus und Flächenumbau auf den Flächen in Medingen

Von ursprünglich 6930 Pflanzplätzen sind aktuell noch 1831 belegt. 5099 Bäume sind bereits ausgefallen oder entnommen worden. Kleinräumiger Borkenkäferbefall spielt ebenfalls eine Rolle. Die Fläche zeichnet sich daher durch relativ dicht bestockte und sehr lückige Bereiche aus. Eine Übersicht über die räumliche Ausdehnung der Versuchsfläche, die Bestockung und die Lage der markierten Erntebäume zeigt Abbildung 7. Alle Erntebäume sind dauerhaft mit blauer Sprühfarbe markiert. Im Frühjahr 2021 wurde der Bestand von dem zuständigen Revierbeamten ausgezeichnet und anschließend durchforstet. Im Zuge der Durchforstung wurden die markierten Erntebäume nach Möglichkeit frei gestellt, um ein besseres Kronenwachstum zu ermöglichen. Zusätzlich wurden phänotypisch sehr schlecht veranlagte Bäume entfernt. Entnahmen, die den Bestand destabilisieren, wurden vermieden. Eine Übersicht über den aktuellen Zustand des Bestandes liefert Abbildung 22.



**Abbildung 22:** Übersicht über die Versuchsflächen, vorhandene Bestockung und als Erntebäume ausgewählte Individuen.

Bei der Durchforstung dürften durchschnittlich knapp zwei Bedränger pro Erntebaum entnommen worden sein, insgesamt also ca. knapp 700 Entnahmen (eine erneute Aufnahme hat nicht stattgefunden), so dass nun noch ca. 1200 der vormals 1.831 Bäumen vorhanden sind. Die 382 Erntebäume machen damit etwa ein Drittel des Gesamtbestandes aus.

Bei weiteren Durchforstungseingriffen sind die Erntebäume weiter zu fördern und insbesondere weniger gut veranlagte Klone und Individuen zu entnehmen. Mit jedem Eingriff dürfte sich der Gesamtbestand phänotypisch besser darstellen und möglicherweise auch die phänotypischen Kriterien für eine Zulassung in der Kategorie „Ausgewählt“ erfüllen. Die Mindestfläche von 2,5 ha wäre hier gegeben. Bevorzugt wäre jedoch eine Zulassung als Samenplantage in der höherwertigeren Kategorie „Qualifiziert“, wenn der Bestand ausschließlich aus Klonen besteht, welche die Anforderungen an Plusbäume erfüllen.

In der ehemaligen Versuchsfläche Medingen können „Plusbaum-Eigenschaften“ sogar zahlenmäßig beschrieben werden. Bei der Klonauswahl wurden nur Klone berücksichtigt, die einen deutlich besseren Selektionsindex als der Standard aufweisen. Standards sollen eigentlich den Durchschnitt der Kategorie „Ausgewählt“ repräsentieren, der Sämlings-Standard Westerhof ist jedoch wesentlich besser, er hat in anderen Versuchsserien bereits die Kategorie „Geprüft“ erreicht. Damit könnten zumindest alle Klone als „Plusbaum“ bezeichnet werden, die mindestens den Selektionsindex dieses Standards Westerhof erreichen. Das wären noch deutlich mehr als die bislang ausgewählten 382 Erntebäume. Dies spricht für klonorientierte Entnahmen bei den zukünftigen Durchforstungseingriffen, um eine Zulassung als Plusbaum-Stecklings-Samenplantage zu erreichen

### 1.6.6 Diskussion

Feldversuche werden immer für einen fest definierten Zeitrahmen angelegt. Ist die Versuchszeit abgelaufen, werden in der Regel alle für den Versuchsaufbau notwendigen Markierungen (Pfosten und Metallstäbe) entfernt. Anschließend wird die Fläche dem dazugehörigen Forstamt übergeben und zur freien Bewirtschaftung überlassen. Daher muss mit dem Umbau von ehemaligen Versuchsflächen unmittelbar nach Beendigung oder bereits während der Versuchslaufzeit begonnen werden. Oder die Markierungen von Parzellen oder Einzelbäumen müssen auch nach Abschluss des Versuchs aufrecht erhalten werden, wenn man sich die Option einer Nachnutzung als Saatgutvorkommen erhalten möchte. Ansonsten ist die Gefahr zu groß, dass die Versuchsstrukturen nicht mehr rekonstruiert werden können. Im Falle der hier verwendeten Klonserie war eine Rekonstruktion der Fläche nur mit genetischen Methoden möglich. Hintergrund ist die spezielle Versuchsflächenstruktur, die bei Klonversuchen aus Einbaumparzellen bestehen.

Ein weiteres Problem besteht darin, dass die gewünschten Genotypen und Bäume nicht gleichmäßig auf der Fläche verteilt sind. Es gibt Bereiche in denen potentielle Erntebäume relativ großflächig fehlen (Abbildung 9a), oder deutlich zu dicht nebeneinander stehen (Abbildung 9b). In einigen Bereichen müssen daher auch Bäume, die nicht den Zielgenotypen entsprechen, in hohen Zahlen erhalten bleiben, um die Bestandesstabilität nicht zu gefährden. An anderen Stellen dagegen bedrängen sich die Erntebäume gegenseitig, behindern sich in der Weiterentwicklung und können daher nicht alle langfristig erhalten bleiben.



Insgesamt zeigt sich, dass die ehemaligen Versuchsflächen nicht mit einer einmaligen Behandlung in Saatguterntevorkommen mit ausschließlich erwünschten Komponenten umgebaut werden können. Dies würde die Bestandesstabilität stark gefährden und zu Totalausfällen führen. Vielmehr sind mehrere schwächere, über einen langen Zeitraum geplante Eingriffe notwendig. Wahrscheinlich müssen dauerhaft einige, nicht den Zielgenotypen entsprechender Bäume, auf den Flächen verbleiben. Diese könnten dauerhaft markiert und von Beerntungen ausgeschlossen werden.

Schwierigkeiten ergeben sich auch durch die formalen rechtlichen Vorgaben des FoVG und der FoVZV. Die Anforderung für eine Zulassung in der Kategorie „Ausgewählt“ sind für (ehemalige) Versuchsflächen oft nicht erfüllbar, insbesondere die Mindestfläche von 2,5 ha für die Hauptbaumarten Buche, Fichte und Kiefer werden auf Versuchsflächen nur selten erreicht.

Für die Kategorie „Qualifiziert“ ist die Festlegung der Plusbaum-Eigenschaft von zentraler Bedeutung. Hier nennt die FoVZV vor allem formale (Mindestalter) und phänotypische Kriterien. Für eine zahlenmäßige Definition des Plusbaums (welcher Selektionsindex und welche Selektionsindexdifferenz im Vergleich zu welchem Standard) gibt es noch keine Vorgaben, dieses Vorgehen wurde bei einer Zulassung als Samenplantage bislang noch nicht angewandt.

Mit dem oben gemachten Vorschlag, nur das Kollektiv der ausgewählten Erntebäume für eine Saatgutgewinnung zu nutzen und den sonstigen Füllbestand lediglich als Pollenspender zu akzeptieren, würde man immer noch ein sehr hohes genetisches Qualität des Saatgutes erreichen. Bei der bei Fichte üblichen Einzelbaumbeerntung durch Baumsteiger oder mittels Hebebühnen wäre dies auch praktikabel. Allerdings sieht die derzeitige Rechtslage solche Differenzierungen innerhalb eines Erntevorkommens nicht vor.

## 1.7 Anlage einer Vergleichsprüfung für Eichen-Nachkommenschaften

In diesem Arbeitspaket wurde eine Vergleichsprüfung angelegt, in der die Nachkommenschaften von qualitativ hochwertigen und geringwertigen Einzelbäumen der Baumarten Stiel- und Trauben-Eiche miteinander sowie mit handelsüblichem Saatgut aus Beständen bzw. Samenplantagen verglichen werden. Damit soll die Auswirkung einer auf den Einzelbaum bezogenen Beerntungsstrategie quantitativ erfasst werden, insbesondere Wuchsleistung und Wuchsform der Pflanzen (siehe Abschlussbericht Projekt „FitForClim“, Kapitel 8.9).

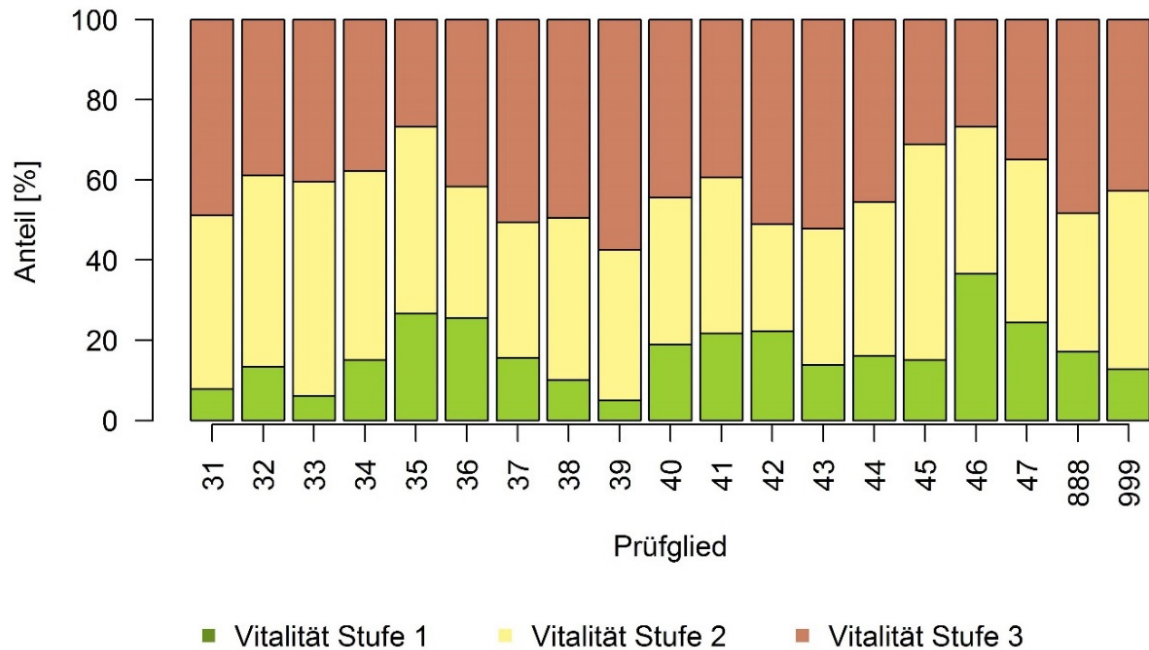
Das Material für diese Versuchsserie stammt aus 5 zugelassenen Saatguterntebeständen von insgesamt 17 Einzelbäumen. Die Einzelbaumabsaaten gehen als jeweils eigene Prüfglieder in den Versuch ein. Die in einem Vorversuch aus Eigenmitteln angezogenen einjährigen Sämlinge, wurden im Frühjahr 2017 aus den Saatbeeten gehoben und im Pflanzkamp ein weiteres Jahr verschult. Ebenfalls wurde im Frühjahr die Wuchsform der Eichen ein weiteres Mal bonitiert. Diese erste Erhebung wurde im Berichtszeitraum vollständig ausgewertet. Ein besonderes Augenmerk lag auf den Anwuchsprozenten, Wuchshöhe, Wurzelhalsdurchmesser und der Wuchsform.

Im Herbst 2018 wurden 15.000 Eichenpflanzen aus dem Verschulbeet ausgehoben und für eine Frühjahrspflanzung eingeschlagen. Im Frühjahr 2019 wurden drei Versuchsflächen mit weitgehend orthogonalen Prüfgliedern in Bordesholm (Schleswig-Holstein), Wolfenbüttel (Nie-

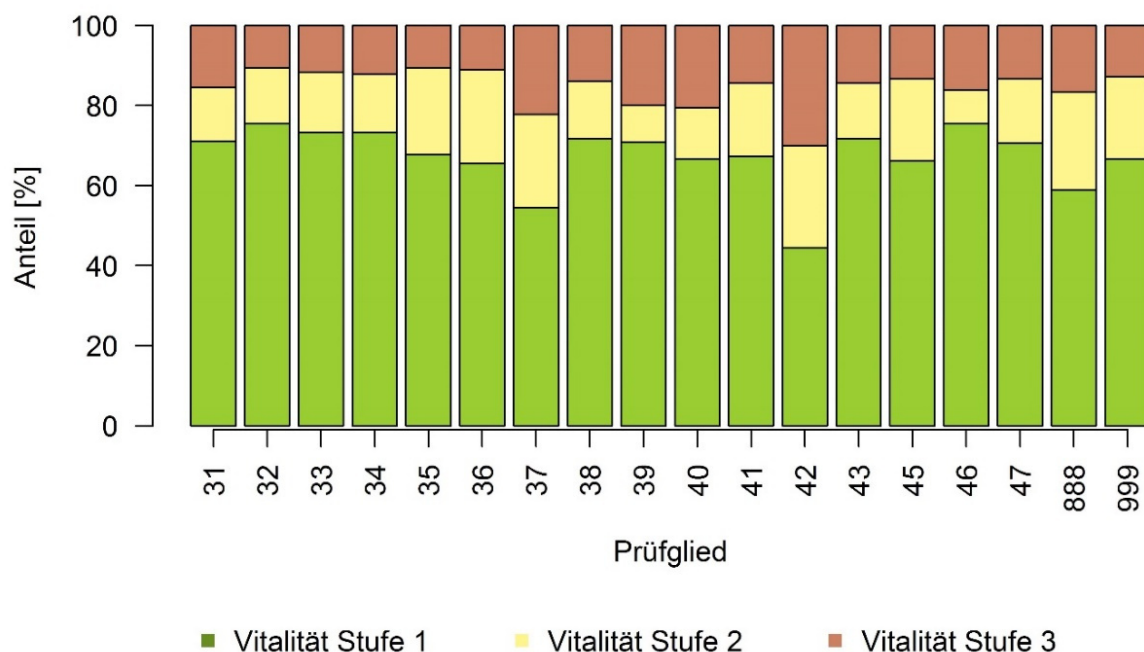


dersachsen) und Oberode (Niedersachsen) angelegt. Als Versuchsdesign wurde eine vollständige Blockanlage mit jeweils zwei bis drei Wiederholungen je Prüfglied gewählt. Es wurden immer 60 Pflanzen pro Parzelle ausgepflanzt.

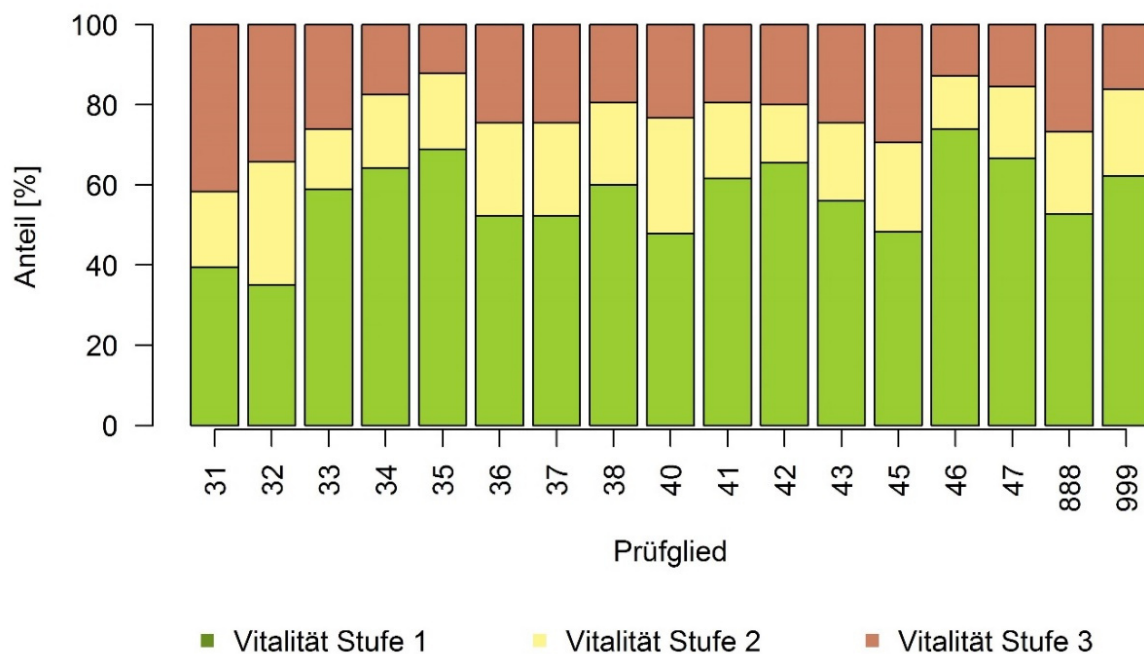
Im September 2019 wurden alle 3 Flächen aufgenommen. Neben der Wuchshöhe standen die jeweiligen Ausfallraten im Mittelpunkt der Aufnahme. Bedingt durch die schwierigen Witterungsverhältnisse im Jahr 2019 zeigten die Flächen einen z.T. enormen Pflanzenausfall. Eine Übersicht über die Ausfallprozente der einzelnen Prüfglieder getrennt nach Versuchsflächen geben die Abbildungen 23 (Wolfenbüttel), 24 (Bordesholm) und 25 (Oberode).



**Abbildung 23:** Vitalitätsanteile der einzelnen Prüfglieder auf der Fläche in Wolfenbüttel. Vitalität Stufe 1 = voll vitale Individuen; Vitalität Stufe 2 = bedingt vitale Individuen; Vitalität Stufe 3 = abgestorbene Individuen.



**Abbildung 24:** Vitalitätsanteile der einzelnen Prüfglieder auf der Fläche in Bordesholm. Vitalität Stufe 1 = voll vitale Individuen; Vitalität Stufe 2 = bedingt vitale Individuen; Vitalität Stufe 3 = abgestorbene Individuen.



**Abbildung 25:** Vitalitätsanteile der einzelnen Prüfglieder auf der Fläche in Oberode. Vitalität Stufe 1 = voll vitale Individuen; Vitalität Stufe 2 = bedingt vitale Individuen; Vitalität Stufe 3 = abgestorbene Individuen.

Es zeigte sich, dass die Pflanzenausfälle auf der Fläche in Wolfenbüttel so hoch waren, dass eine Ausbesserung mit Reservepflanzen nicht möglich ist. Daraufhin wurde die Fläche in Wolfenbüttel vollständig aufgegeben und die vitalen Pflanzen im Oktober ausgehoben. Mit den Reservepflanzen und den ausgehobenen Pflanzen wurden dann die Flächen in Bordesholm und Oberode nach Möglichkeit ausgebessert. Damit umfasst die Versuchsserie nur noch 2 Flächen. Einige Prüfglieder sind nur noch auf einer Fläche vertreten. Eine statistische Auswertung der Pflanzenhöhen führt zu diesem Zeitpunkt zu keinen zweckmäßigen Ergebnissen. Eine weitere Besichtigung der Flächen ergab, dass die Fläche in Bordesholm verhältnismäßig gut da steht. Die Fläche in Oberode hat sich durch Stockausschläge der Pflanzen etwas verbessert (siehe Abbildung 26). Im Frühjahr nach dem Austrieb werden die Pflanzen beider Flächen durch Mitarbeiter der NW-FVA frei gestellt. Anschließend wird eine weitere Bonitur durchgeführt und die aktuellen Ausfallraten ermittelt.



**Abbildung 26:** Neu ausgetriebene Eichenpflanze nachdem der Haupttrieb trockenheitsbedingt abgestorben war.

## 1.8 Physiologische Untersuchungen an Plusbaumpfropflingen

Das Teilprojekt 1 stellte dem SBS (Teilprojekt 3) Pflanzenmaterial (Reiser) der Baumarten Fichte, Stiel- und Trauben-Eiche für die Erzeugung von Pfropflingen zu Verfügung. Von Fichten-Plusbäumen wurden im Frühjahr 2017 von 17 Plusbäumen und im Frühjahr 2018 von 16 Plusbäumen jeweils 25 Reiser an den Projektpartner geliefert. Ebenso wurden im Frühjahr 2019 von den Baumarten Stiel- und Trauben-Eiche von 35 Plusbäumen je 30 Reiser geerntet und für ökophysiologische Untersuchungen bereitgestellt.

## 2. Verwertung

Die Ergebnisse des Vorhabens stellen einen wichtigen Schritt für die Wiederbelebung der Forstpflanzenzüchtung in Deutschland dar. In diesem Zusammenhang sei auf die Ausführungen von JANßEN et al. (2008) und auf die Strategie zur mittel- und langfristigen Versorgung mit hochwertigem forstlichem Vermehrungsgut durch Züchtung in Deutschland (LIESEBACH et al. 2013) verwiesen.

Durch konsequente Weiternutzung des im Verbundvorhaben gesicherten genetischen Potentials, können Waldbesitzer, private wie öffentliche Forstbetriebe in Zukunft auf hochwertiges Forstvermehrungsgut zurückgreifen, dass umfassend in seinen Eigenschaften beschrieben ist, sich als weitgehend anpassungsfähig gegenüber den prognostizierten Klimaänderungen erweist und in der Lage ist, überdurchschnittlich viel CO<sub>2</sub> bei hoher Produktionsstabilität zu binden. Eine konsequente Weiternutzung der Projektergebnisse wäre der Aufbau von hochwertigen Samenplantagen mit Hilfe von Sekundärveredelungen mit den gesicherten Plusbaumklonen. Dadurch könnte mittelfristig (10-15 Jahre) die Versorgungssituation mit höherwertigem Vermehrungsgut deutlich verbessert werden.

In den angelegten Archiven sind z.T. mehrere hundert Genotypen einer Baumart aus dem gesamten Bundesgebiet gesichert. Damit verfügen die Archive über eine einmalige genetische Zusammensetzung. Die gesicherten Plusbaumklone können daher ebenfalls für weitere phänologische Beobachtungen und spezielle genetische Untersuchungen genutzt werden.

Auswertungen zeigen, dass Samenplantagen hinsichtlich ihrer Klonanzahl und deren Verteilung auf der Fläche erheblich optimiert werden können. Die erzielten Ergebnisse können umgehend von anderen Sachgebieten der NW-FVA genutzt werden. Zusätzlich werden die Erkenntnisse für den Aufbau von Samenplantagen in den Projekten RubraSelect (Förderkennzeichen 2220WK03E4) und HerKüTaSaat (Förderkennzeichen 220NR313B) genutzt. Der aktuelle Kenntnisstand kann ebenfalls für die ständige Weiterentwicklung des Samenplantagenkonzeptes genutzt werden.

Die Analyse der älteren Versuchsflächen und Versuchsserien hat gezeigt, dass mit diesen Daten Fragestellungen unter dem Aspekt des Klimawandels nur in Ausnahmefällen zu bearbeiten sind. Aussagen über die Eignung von Herkünften im Klimawandel oder über Genotyp-Umwelt-Interaktionen können nur mit großen Unsicherheiten getroffen werden. Das nun erarbeitete Konzept kann direkt in die konzeptionellen Überlegungen zu neuen Versuchsserien einfließen. Damit können neue Versuchsserien einen deutlich größeren Beitrag zum Verständnis über das Verhalten verschiedener Herkünfte in unterschiedlichen Umwelten liefern.



In Deutschland existiert eine breite Versuchslandschaft, die nach Baumarten und unterschiedlichen Versuchszwecken eingeteilt werden können. Die im Projekt erzielten Ergebnisse zum Umbau von alten Versuchsflächen zu Saatgutquellen können für den Umbau von weiteren Flächen genutzt werden. Dadurch können kurzfristig neue hochwertige Saatgutquellen erschlossen werden, die der Forstpraxis zur Verfügung gestellt werden können.

Die Umsetzung der Ziele kann durch unterschiedliche Herangehensweisen erfolgen. Einige Aspekte können durch die Formulierung neuer Forschungsprojekte bearbeitet werden, andere bieten sich für eine Kooperation mit den jeweiligen Forstbetrieben und Samendarren an. In Summe wurde eine vielfältige Basis für weitere Aktivitäten geschaffen.

### 3. Erkenntnisse von Dritten

Während der Projektlaufzeit sind dem Zuwendungsempfänger außerhalb des Verbundvorhabens keine vergleichbaren Vorhaben in ähnlichem Umfang bekannt geworden. Lediglich die Verbundprojekte RubraSelect (Förderkennzeichen 2220WK03E4) und HerKüTaSaat (Förderkennzeichen 220NR313B) befasst sich mit der Suche und der Vermehrung von Plusbäumen, allerdings nur bei der Baumarten Roteiche und Küstentanne. Hier findet ein reger Austausch mit Projektmitarbeitern und fest angestellten Personal innerhalb der NW-FVA statt, um Erfahrungswerte austauschen zu können.

Die nationale und internationale Literatur wurde laufend gesichtet und bei den anstehenden Arbeiten berücksichtigt.

### 4. Veröffentlichungen

Im Projektzeitraum wurden die Projektergebnisse in folgenden Veröffentlichungen und Präsentationen präsentiert:

HARDTKE, A., STEINER, W. (2019): Eichenplusbäume und deren Verwendung, Vortrag auf der Sektionstagung Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung „Forstpflanzenzüchtung für die Praxis“ in Dresden, 16-18.09.2019.

HARDTKE, A. (2019): Overview of the project „FitForClim / AdaptForClim“ Vortrag auf dem SUSTREE workshop on assisted gene flow of trees to mitigate Climate change, Prag 27.-28.03.2019.

HARDTKE, A., STEINER, W. (2020): Eichenplusbäume und deren Verwendung, In: Liesebach, M., Forstpflanzenzüchtung für die Praxis: 6. Tagung der Sektion Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung vom 16.-18. September 2019 in Dresden. Tagungsband. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, 296 Seiten.

MEIßNER, M. (2017): Grundlagen und Strategien zur Bereitstellung von hochwertigem und anpassungsfähigem forstlichen Vermehrungsgut im Klimawandel, Darrleitertagung 29.06.2017 in Oerrel.

- MEIßNER, M., STEINER, W., JANßEN, A., WOLF, H., LIESEBACH, M. (2018): AdaptForClim – Grundlagen und Strategien zur Bereitstellung von hochwertigem und Anpassungsfähigem forstlichen Vermehrungsgut im Klimawandel, Forstwissenschaftliche Tagung in Göttingen, 24-27.09.2018.
- MEIßNER, M. (2019): Overview of the project „FitForClim / AdaptForClim“ Vortrag Wissensaustausch mit einer Forstdelegation aus Nord-Korea, Hann. Münden 23.08.2019.
- RIECKMANN, C., HARDTKE, A., GIEßLER, A., KAROPKA, M., SCHIRMER, R., SCHNECK, V., LIESEBACH, M. (2021): Prüfung deutscher und ausländischer Samenplantagen-Absaaten von Douglasie, Vortrag auf der FoWiTa 2021.
- VOLMER, K. (2017): Norway Spruce – Genetic field trials in Germany. SUSTREE Workshop on provenance trial data (D.T1.3.2), Prag 11.-12.10.2017.
- VOLMER, K., HARDTKE, A. (2018): Bereitstellung von hochwertigem Forstvermehrungsgut für den Wald der Zukunft, Vortrag auf der Dienstbesprechung Regionalforstamt Hochstift Nordrhein-Westfalen, Nieheim 26.03.2018.
- VOLMER, K., HARDTKE, A. (2018): Overview of the project „FitForClim / AdaptForClim“ Vortrag auf dem SUSTREE Mid-term review Meeting, Chorin 25.04.2018.

## 5. Literatur

- BELL, G. D., FLETCHER, A. M., (1978): Computer organized orchards layouts (COOL) based on the permuted neighbourhood design Concept, *Silvae Genetica*, 27, Nr. 6, S. 223-225.
- CHAOLOUPKOVÁ, K., STEJSKAL, J., EL-KASSABY, Y., LSTIBUREK, M., (2016): Optimum neighborhood seed orchard design, *Tree Genetics & Genomes*, 12, Nr. 6, 105.
- CHESNOIU, E., SOFLETEA, N., CURTU, A., TOADER, A., RADU, R., ENESCU, M. (2009): Bud burst and flowering phenology in a mixed oak forest from Eastern Romania. *Annales of Forest Research*, 52(1): 199-206.
- JANßEN, A., RAU, H-M. (2008): Leistungssteigerung durchklassische forstliche Züchtung, *Archiv für Forstwesen und Landschaftsökologie*, 42 (3), 127-133.
- KÄTZEL, R., BECKER, F., KANTER, G., HLAWATI, N., LÖFFLER, S. (2019): Herkunftsversuche als Bewährungsprobe bei Witterungsextremen: Südosteuropäische Herkünfte der Trauben-Eiche (*Quercus petraea* MATT. LIEBL.) in Brandenburg – Eine erste Auswertung. In: Die Auswirkungen des Dürrejahres 2018 auf den Wald in Niedersachsen. Eberswalder Forstliche Schriftenreihe Band 67. 115 Seiten.
- KRAHL-URBAN, J. (1959): Die Eichen: Forstliche Monographie der Traubeneiche und Stieleiche. Verlag Paul Parey. Hamburg und Berlin.

- KREMER, A., RONCE, O., ROBLEDON-ARNUNCIO, J. J., GUILLAUME, F., BOHRER, G., NATHAN, R., BRIDLE, J. R., GOMULKIEWICZ, R., KLEIN, E. K., RITLAND, K., KUPARINEN, A., GERBER, S., SCHUELER, S. (2012): Long-distance gene flow and adaption of forests trees to rapid climate change. *Ecology letters* 15(4): 378-392.
- LEITES, L. P., REHFELDT, G., ROBINSON, A. P., CROOKSTON, N. L., JAQUISH, B. (2012): Possibilities and limitations of using historic provenance tests to infer forest species growth responses to climate Change. *Natural Resource Modeling* 25(3): 409-433.
- LIESEBACH, M., et al. (2015) D2.1 – Common protocols and reference standards for selected traits and species. [http://www.trees4future.eu/uploads/t4fdeliverables/T4F\\_D21\\_submitted.pdf](http://www.trees4future.eu/uploads/t4fdeliverables/T4F_D21_submitted.pdf)
- LIESEBACH, M., DEGEN, B., GROTEHUSMANN, H., JANßEN, A., KONNERT, M., RAU, H-M., SCHIRMER, R., SCHNECK, D., SCHNECK, V., STEINER, W., WOLF, H., (2013): Strategie zur mittel- und langfristigen Versorgung mit hochwertigem forstlichen Vermehrungsgut durch Züchtung in Deutschland. Thünen Report 7, Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, 78 Seiten.
- ROMEDER, E., SCHÖNBACH, H. (1959): Genetik und Züchtung der Waldbäume. Verlag Paul Parey. Hamburg und Berlin.
- SHARP, W.M., SPRAGUE, V. G. (1967): Flowering and Fruiting in the White Oaks. Pistillate Flowering, Acorn Development, Weather, and Yields. *Ecology*, 48(2):243-251.