Schlussbericht

zum Vorhaben

Bereitstellung von leistungsfähigem und hochwertigem Forstvermehrungsgut für den klima- und standortgerechten Wald der Zukunft (FitForClim)

– Teilprojekt 1 –

Förderkennzeichen:
22WB400701

Zuwendungsempfänger:
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt,
Abteilung Waldgenressourcen

Laufzeit:
01.01.2014 – 30.04.2019

Berichtzeitraum:
01.01.2014 – 30.04.2019

Datum der Veröffentlichung:
17.02.2020

Gefördert durch:

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft

Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit

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, Bau und Reaktorsicherheit (BMUB) über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) sowie die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) als Projektträger für den Waldklimafonds unterstützt. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt beim Autor.

Antragsteller: Dr. Alwin Janßen

Bearbeiter: Dr. Alwin Janßen, Dr. Wilfried Steiner, Dr. Meik Meißner, Dr. Katharina Volmer, André Hardtke, Dr. Christoph Stiehm, Vera Bonn, Sebastian Küpper, Natalia Klippert, Dr. Martin Hofmann, Dr. Helmut Grotehusmann, Lena Peter, André Buder, Meinolf Lau, Kathleen Wiencke, Silvia Köhler, Ina Herbert, Christina Fey, Marie-Therese Jahnke, Dr. Steward Kennedy

Schlussbericht: Dr. Meik Meißner, Dr. Katharina Volmer, André Hardtke, Dr. Christoph Stiehm, Dr. Wilfried Steiner

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt
Abteilung Waldgenressourcen
Prof.-Oelkers-Str. 6
34346 Hann. Münden

I. Kurze Darstellung

1. Aufgabenstellung

Holz ist ein wichtiger nachwachsender Rohstoff, der den Vorzug hat CO_2 zu speichern. Mit dem Projekt wurden die Grundlagen für eine nachhaltige Versorgung des Marktes mit höherwertigem Forstvermehrungsgut gelegt. Dieses Vermehrungsgut erfordert eine adäquate genetische Diversität, um unter den Bedingungen des Klimawandels ein produktives Wachstum in stabilen und anpassungsfähigen Beständen zu ermöglichen. Neben der Steigerung der Wuchsleistung (Erhöhung der CO_2-Bindung) wurde auch eine Qualitätserhöhung verfolgt. Dieses ist die Voraussetzung, dass das Holz ein- oder mehrmalig stofflich genutzt wird bevor es der energetischen Nutzung zugeführt wird (Kaskadennutzung).

Ziel des Verbundvorhabens war die Intensivierung der Forstpflanzenzüchtung in Deutschland, um die Grundlage zu legen, zukünftig leistungsfähiges und hochwertiges Forstvermehrungsgut der Baumarten Douglasie, Fichte, Waldkiefer, Europäische Lärche, Japanische Lärche, Berg-Ahorn, Stiel- und Trauben-Eiche in Zeiten des Klimawandels bereitstellen zu können. Im Fokus der Züchtungsarbeiten stand die Verbesserung der Merkmale Holzzuwachs, -qualität und Anpassungspotential an klimatische Veränderungen.

Eine gemeinschaftliche, Institutionen-übergreifende Auswertung von langjährigen Versuchen lieferte wertvolle Hinweise zur Überarbeitung der Herkunftsempfehlungen und zur Ausweisung von Verwendungszonen. Außerdem bildete sie eine wichtige Grundlage für die Auswahl von Plusbäumen und deren anschließende Vermehrung zur Sicherung von Zuchtpopulationen. Diese Zuchtpopulationen sind die Grundlage für die zukünftige Anlage neuer Samenplantagen. Genetische Untersuchungen lieferten Informationen zur genetischen Struktur der Ernteeinheiten. Über ein Internetportal wurden die erzielten Ergebnisse an Waldbesitzer, forstliche Unternehmer, Entscheidungsträger und Multiplikatoren weitergegeben.

Durch den hohen Grad der Vernetzung der Partner im Projekt wurden Synergien der noch verbliebenen Kapazitäten im Bereich Forstpflanzenzüchtung und forstgenetische Ressourcen effektiv genutzt.

Projektkoordination und Versuchsauswertung

Im Teilprojekt 1 (TP1) wurden die Arbeiten des gesamten Projektverbundes sowie die Arbeiten für die Baumarten Stiel-, Trauben-Eiche und Fichte koordiniert. Ein Schwerpunkt war auch die Evaluierung und Auswertung eigener und bei den Projektpartnern und Unterauftragnehmern vorliegender Daten von Versuchsserien der Forstpflanzenzüchtung. Hierfür wurden zunächst die bei den Partnern vorliegenden Daten von Versuchsserien der Forstpflanzenzüchtung (Herkunfts-, Nachkommenschafts-, Klonprüfungen) zu den Projektbaumarten evaluiert und aufbereitet. Parallel wurde für den Projektverbund eine Projektdatenbank entwickelt, um den Partnerinstitutionen den Austausch von Meta- und zum Teil Rohdaten relevanter Versuchsserien und eine bundesweite Auswertung der Daten zu ermöglichen.

Auf Basis der länderübergreifenden Versuchsauswertung wurden aus dem bereits vorhandenen Versuchsmaterial Plusbäume der Baumarten Stiel-, Trauben-Eiche und Fichte bun-

desweit ausgewählt. Bei den Eichenarten wurden aufgrund geringer Anzahl von Versuchsflächen auch Plusbäume aus Beständen ausgewählt.

Plusbaumauswahl und -vermehrung

Die im Verbund ausgewählten Plusbäume in den Bundesländern Hessen, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein wurden nach einem standardisierten Verfahren bonitiert, georeferenziert und in der Datenbank registriert. Zur Erhaltung des genetischen Potentials der Plusbäume, wurde in den Wintermonaten Reisermaterial aus den Lichtkronen der Bäume geschnitten und dieses vegetativ (über Pfropfung) vermehrt.

Zusätzlich wurde im TP1 ein Saatguterntekonzept für zugelassene Bestände der Stiel- und Trauben-Eiche entwickelt, mit dem Ziel höherwertiges Saatgut über Einzelbaumbeerntung in Kombination mit waldbaulichen Maßnahmen kurzfristig zur Verfügung stellen zu können.

Über einen Internetauftritt wurden Informationen und Ergebnisse aus dem Projekt an Zielgruppen wie Waldbesitzer, forstliche Unternehmer, Entscheidungsträger und Multiplikatoren weitergeben.

2. 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 acht 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.

3. Planung und Ablauf des Vorhabens

Die Arbeiten im Projektverbund gliedern sich zeitlich in zwei Phasen, die mit dem Zuwendungsbescheid vom Dezember 2013 bewilligte Projektlaufzeit vom 01.01.2014 bis 31.12.2016 sowie eine Projektverlängerung mit Mittelaufstockung vom 01.01.2017 bis 31.12.2018 und daran anschließender kostenneutraler Verlängerung bis zum 30.04.2019.

Im Rahmen der ersten Projektverlängerung (01.01.2017 bis 31.12.2018) haben sich die Bezeichnungen der Arbeitspakete (AP) und ihre Nummerierungen geändert. Nachfolgend wird neben der Planung und dem Projektablauf dargestellt, wie die Arbeitspakete aus der ursprünglichen Vorhabenbeschreibung in den Arbeitspaketen der Projektverlängerung integriert sind (Tabelle 1).

Tabelle I: Planung und Ablauf des Vorhabens

AP*	Jahr / Tätigkeit / Quartal	2014				2015				2016				2017				2018				2019	
		I	II	III	IV	I	II	III	IV	I	II	III	IV	I	II	III	IV	I	II	III	IV	I	II
1/1	Gesamtkoordination Verbundprojekt	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
2/1	Entwicklung/Wartung zentrale Datenbank und Internetauftritt	■	■																				
3, 4/1	Koordination der Arbeiten zu Fichte und Eichen	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
5	Evaluierung Versuche, Datenbereitstellung	■	■	■	■	■	■																
6/6	Saatgutkonzept Eiche	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
7	Übergreifende Auswertung Eiche			■	■	■	■	■	■	■	■	■											
8/5	Übergreifende Auswertung Fichte					■	■	■	■	■	■	■											
9	Plusbaumauswahl (alle Baumarten)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■										
10/2, 3, 9	Plusbaumvermehrung (alle Baumarten)					■	■			■	■												
11/4	Genetische Begleituntersuchungen				■	■	■	■	■					■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
12/1	Pflege des Internetauftritts und Öffentlichkeitsarbeit	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■

*Nummer im Antrag / Nummer in der Verlängerung. Zu den AP7 (Pflanzenanzucht für Douglasien-Nachkommenschaftsprüfungen), AP8 (Fortführung Kiefern-Einzelbaum-NKP) und AP10 (Untersuchung der Mindestanforderung an Saatguterntebestände bei Douglasie) waren an der NW-FVA (TP 1) keine Arbeiten vorgesehen.

4. wissenschaftlichem und technischem Stand, an den angeknüpft wurde

4.1 Angabe bekannter Konstruktionen, Verfahren und Schutzrechte, die für die Durchführung des Vorhabens benutzt wurden

Es wurden innerhalb des Projektes keine schutzwürdigen Verfahren eingesetzt.

4.2 Angabe der verwendeten Fachliteratur sowie der benutzten Informations- und Dokumentationsdienste

Meteorologische Datensätze wie der mittlere monatliche Niederschlag, die mittlere monatliche Temperatur, Vegetationsdauer und die klimatische Wasserbilanz wurden vom Deutschen Wetterdienst (DWD) bezogen. Zusätzlich wurden Klimadaten für die Berechnung der Verwendungszonen (Arbeitspaket 5) von der Datenbank „ClimateEU: historical and projected climate data for Europe“ (https://sites.ualberta.ca/~ahamann/data/climateeu.html) bezogen.

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. Ein regelmäßiger Wissensaustausch hat mit den Projektbeteiligten des Interreg-Projektes „SUSTREE“ stattgefunden. Der Umfang der verwendeten Fachliteratur spiegelt sich in den Literaturverzeichnissen der Publikationen wieder, die im Verlauf dieses Projektes angefertigt wurden.

5. 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.

- Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP), 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
- Johann Heinrich von 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 Waldsieversdorf (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: Lärche) bzw. zwei (NW-FVA: Fichte, Eiche; Thünen: Douglasie, Kiefer) Baumarten (-gruppen) die Arbeiten.

Um erstmals bundesweite gemeinsame Züchtungsarbeiten 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
- Landesbetrieb Wald und Holz Nordrhein-Westfalen, Arbeitsbereich Forstvermehrungsgut, Obereimer 2a, 59821 Arnsberg
- 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 Waldsieversdorf
- 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 „Länderzüchter“).

II Eingehende Darstellung

Gliederung			Seite
1.		**Gesamtkoordination des Verbundprojektes**	7
	1.1	Allgemeine Koordinationsaufgaben	7
	1.2	Öffentlichkeitswirksame Auftritte	7
2.		**Entwicklung einer zentralen Datenbank und eines Internetauftritts für das Projekt**	8
	2.1	Datenbankstruktur	8
	2.2	Bereitstellung von Klimadaten für den Projektverbund	10
	2.3	Evaluierung und Bereitstellung von Versuchsdaten	10
3.		**Koordination der Arbeiten zu den Baumarten Fichte, Stiel- und Tauben-Eiche**	12
	3.1	Auswahl eines geeigneten Klimaparameters für die Suchschemata von Fichte und Eiche	12
	3.2	Suchschema für die Plusbaumauslese	13
	3.3	Nutzung von Forsteinrichtungsdaten der Bundesländer	15
4.		**Plusbaumauswahl auf Grundlage der Auswertung von Versuchsserien**	15
	4.1	Auswertung der Versuchsdaten	17
	4.2	Plusbaumauswahl und Bonitur	19
5.		**Plusbaumvermehrung**	24
	5.1	Reiserwerbung	24
	5.2	Pfropfungen	25
6.		**Genetische Untersuchungen an Plusbäumen**	27
	6.1	Artunterscheidung der Eichen-Plusbäume	28
	6.2	Genetische Vielfalt und Diversität	28
	6.3	Genetische Diversität der Fichten-Klonprüfungen	32
7.		**Ausweisung von Verwendungszonen**	32
	7.1	Versuchsflächenauswertungen zur Ausweisung der Verwendungszonen für Fichte	33
	7.2	Versuchsflächenauswertungen zur Ausweisung der Verwendungszonen für Eiche	35
8.		**Behandlungs- und Bewirtschaftungskonzept für Eichen**	38
	8.1	Vererbbarkeit phänotypischer Merkmale	38
	8.2	Einrichtung der Testbestände und Einteilung in Qualitätsklassen	39
	8.3	Phänotypische Ausstattung der Testbestände	41
	8.4	Auswirkungen einer selektiven Beerntung auf die Genetik des Saatgutes	44
	8.5	Ermittlung des Fremdsameneintrags	48
	8.6	Auswirkungen der Behandlungsvarianten auf die Genetik des Saatgutes	51
	8.7	Auswirkungen der Behandlungsvarianten auf die Testbestände	52
	8.8	Abschließende Evaluierung der Beerntungs- und Behandlungsvarianten	54
	8.9	Vergleich von Einzelbaumabsaaten	57
		Literatur	62

1. Gesamtkoordination des Verbundprojektes

1.1 Allgemeine Koordinationsaufgaben

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 „FitForClim“ 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 die Pflege und Weiterentwicklung der projekteigenen Datenbank und Internetpräsenz des Projektes zugeordnet. Während der Projektlaufzeit wurden zahlreiche Projekttreffen, Workshops, Lehrgänge und eine Tagung organisiert. Die allgemeine Koordination war auch der Hauptansprechpartner für Unterauftragnehmer und externe Dienstleister im Zuständigkeitsbereich der NW-FVA.

1.2 Öffentlichkeitswirksame Auftritte

Während der gesamten Laufzeit des Verbundprojektes kam dem Wissenstransfer in die breite Öffentlichkeit sowie die Forstpraxis ein hoher Stellenwert zu. Zum Zwecke der allgemeinen Öffentlichkeitsarbeit wurde ein Blog auf der Projekthomepage eingerichtet und mit aktuellen Informationen versorgt. Schwerpunktmäßig im Jahr 2018 erfolgte die Mitarbeit der Projektangestellten an zahlreichen Presse- und Rundfunkbeiträgen. Für das praxisnahe Fachpublikum wurden während der Projektlaufzeit wissenschaftliche Veröffentlichungen und Informationsbroschüren ausgearbeitet, Projektergebnisse in Vorträgen auf Fachtagungen präsentiert und Workshops sowie Anwenderschulungen durchgeführt (Tabelle 1).

Tabelle 1: Publikationen und Öffentlichkeitsarbeit im Teilprojekt 1 während der gesamten Projektlaufzeit 2014–2019. Veröffentlichte Projektergebnisse und Medienbeiträge sind unter www.fitforclim.de zu finden

	2014	2015	2016	2017	2018	2019
Wissenschaftliche Veröffentlichungen		1	6	6		
Zeitungs-, Fernseh- u. Radiobeiträge					12	2
Vorträge/Poster auf Fachtagungen	3	1	9	5	6	1
Vorträge/Informationen für Forstpraktiker				6	6	1

2. Entwicklung einer zentralen Datenbank und eines Internetauftritts für das Projekt

Im Rahmen des Projektes „FitForClim“ wurde eine Datenbank zum Zwecke der zentralen Zusammenführung vorhandener und neuer Daten der Projektpartner und im Unterauftrag teilnehmender Einrichtungen aufgebaut. Die Datenbank dient als Werkzeug für den standardisierten Austausch von Daten zwischen den Projektpartnern zur länderübergreifenden Auswertung von Versuchsserien und als Register für neue und alte (auf Samenplantagen) Plusbäume.

Die Datenbank ist über einen Browser von internetfähigen Arbeitsplätzen zugänglich. Die Pflege und Administration der Datenbank wurde von der Gesamtkoordination durchgeführt, ebenso wie der „1st-level-support“. Es wurde gewährleistet, dass die verwalteten Daten in geeigneter Weise für wissenschaftliche Auswertungen den Projektpartnern bereitgestellt waren.

2.1 Datenbankstruktur

Die Datenbank gliedert sich in die drei Teilbereiche Metadaten, Rohdaten und Plusbaumregister (Abbildung 1). In der Datenbank werden Metadaten zu den Bereichen Flächen, Genetische Einheiten und Prüfglieder angelegt. Rohdaten können auf der Präzisionsebene der Einzelbaumwerte importiert werden. Über die Pflichtfelder *Versuchsansteller*, *Flächenbezeichnung*, *Aufnahmejahr*, *Teilversuch* und *Parzellenbezeichnung* können sie den in der Datenbank vorhandenen Metadaten zugewiesen werden. Damit ordinale Boniturdaten (Boniturnoten) interpretiert werden können, wurden die Boniturschemata der jeweiligen Aufnahmen benötigt. Für diese wurde im FitForClim-Informationsportal (FitForClim-Wiki) die Möglichkeit eingerichtet, Boniturschemata dort für alle Projektbeteiligten zu hinterlegen.

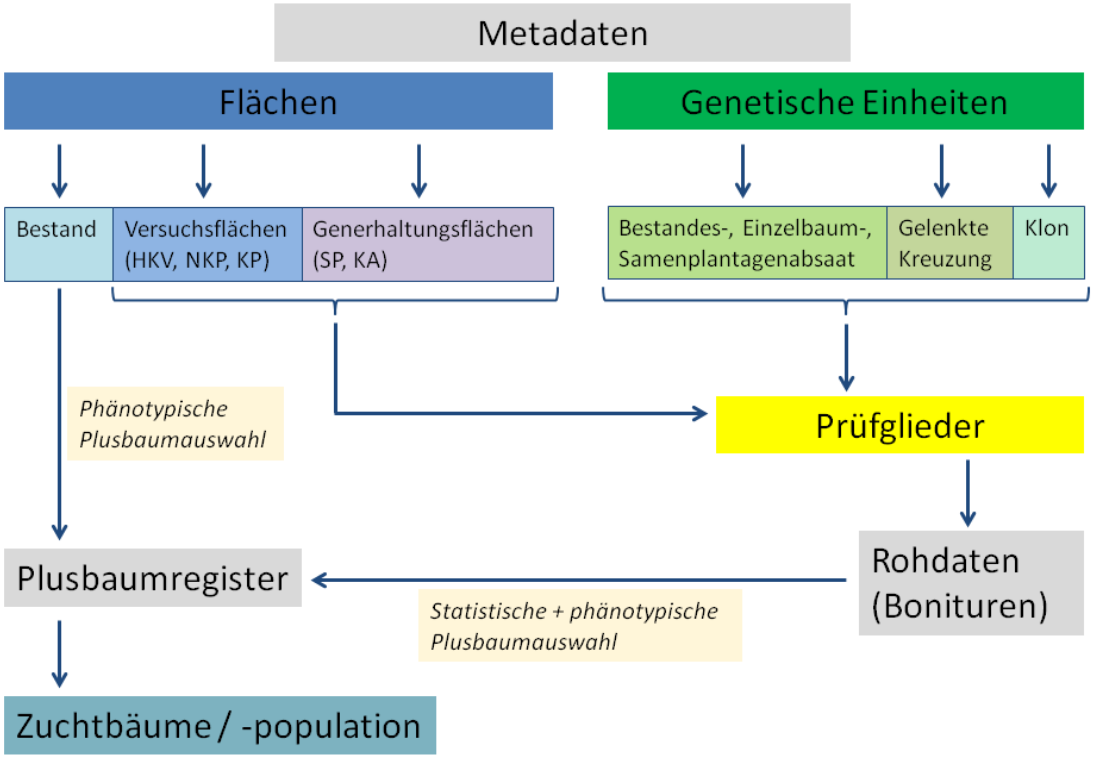

Abbildung 1: Gliederung der „FitForClim-Datenbank“, HKV = Herkunftsversuche, NKP = Nachkommenschaftsprüfungen, KP = Klonprüfungen, SP = Samenplantagen, KA = Klonarchive (PETER et al. 2017)

Im Bereich Metadaten werden alle Versuchsflächen und Generhaltungsflächen mit den auf ihnen befindlichen Genotypen verwaltet. Hierzu gehören Herkunftsversuche, Nachkommenschafts- und Klonprüfungen, sowie Samenplantagen und Klonarchive. Zu den Flächen werden Daten der Kategorien Administration, Versuchsaufbau, Lage und Standort/Klima hinterlegt.

Als „Genetische Einheit“ (GE) wird das genetische Material aus Bestandes-, Einzelbaum- und Samenplantagenabsaaten, gelenkten Kreuzungen und Klonen bezeichnet. Die Abstammung der GE, sprich Elternverhältnisse sowie Ursprung und Herkunft werden über die Datenbank dokumentiert. Die Ausprägung der GE auf einer oder mehreren Versuchsfläche(n) wird als Prüfglied bezeichnet.

Im Rohdatenbereich werden Tabellen mit langjährigen Messungen und Bonituren die auf den Versuchsflächen durchgeführt wurden hinterlegt. Zu den Rohdaten gehören unter anderem Aufnahmen zur Wuchsleistung, Qualität, Vitalität und Austrieb. Diese Rohdaten werden den Projektpartnern zur Verfügung gestellt und bilden den Grundstein für die bundesweite Auswertung von Versuchsdaten zur Identifizierung überlegener Genotypen. Diese werden wiederum als Plusbäume ausgewählt und über das Plusbaumregister in der Datenbank verwaltet. Das Plusbaumregister enthält alle Plusbäume die im Rahmen des Projekts ausgewählt werden, sowie einige ältere Plusbäume von Samenplantagen. Die Plusbäume bilden die Grundlage für die zukünftigen Zuchtpopulationen.

2.2 Bereitstellung von Klimadaten für den Projektverbund

In der Datenbank wurden die Versuchsflächen mit Klimadaten hinterlegt. Dazu wurden zunächst relevante Klimaparameter bestimmt. Die Klimawerte wurden regionalisiert für Zeiträume von je 30 Jahren für vergangene Zeitperioden und zukünftige (modellierte) Perioden. Die Daten wurden von der Abteilung Umweltkontrolle der NW-FVA berechnet und bereitgestellt. Grundlage sind Daten des Deutschen Wetterdienstes (DWD).

Folgende Klimavariablen wurden in der Datenbank zur Verfügung gestellt:

- Mittlere Temperatur in der Vegetationszeit (Mai bis September) in °C
- Mittlere Temperatur im Juni, Juli und August, sowie im Dezember, Januar und Februar
- Mittlerer Niederschlag in der Vegetationszeit (Mai bis September) in mm
- Mittlerer Niederschlag im Juni, Juli und August, sowie im Dezember, Januar und Februar
- Vegetationsdauer (Tage)
- Klimatische Wasserbilanz (KWB; Mai bis September); Differenz zwischen Niederschlagshöhe und potentieller Verdunstung für einen Betrachtungsort in einer Betrachtungszeitspanne)

Verfügbare Jahreszeiträume diese Parameter: 1951-1980, 1961-1990, 1971-2000, 1981-2010,1991-2020 und 2001-2030.

- Jährliche KWB

Verfügbare Jahreszeiträume für die jährliche KWB: 1981-2010, 2011-2040 und 2041-2070.

2.3 Evaluierung und Bereitstellung von Versuchsdaten

Im Zuständigkeitsbereich der NW-FVA ist eine große Anzahl von Versuchsflächen, Samenplantagen und Klonarchiven angesiedelt. Es wurden die Flächenakten mit Bezug zu den im Projekt bearbeiteten 6 Baumarten evaluiert und insgesamt Metadaten zu 1.021 Flächen der Kategorien Herkunftsversuch, Nachkommenschaftsprüfung, Klonprüfung, Samenplantage und Klonarchiv evaluiert, aufbereitet und über die Datenbank zur Verfügung gestellt. Die folgende Tabelle 2 gibt eine Übersicht über die Datenmenge, die den Projektpartnern vom Teilprojekt 1 (inklusive Landesbetrieb Wald und Holz NRW, Lehr- und Versuchsforstamt Arnsberger Wald), zur Verfügung gestellt wurden. Für eine hohe Informationsgüte wurde die Datenbank vom Teilprojekt 1 regelmäßig aktualisiert und auf dem neusten Stand gehalten. Vor dem Import wurden die Daten automatisch auf Konsistenz geprüft.

Tabelle 2: Übersicht des Datenbankimports der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen und des Landesbetriebs Wald und Holz NRW, Lehr- und Versuchsforstamt Arnsberger Wald. Die Werte in Klammern geben den Gesamtstand im Projektverbund wieder

	Anzahl Metadaten je Baumart						
Datentyp	**Berg-Ahorn**	**Douglasie**	**Fichte**	**Kiefer**	**Eiche**	**Lärche**	**∑**
Flächen	57 (88)	256 (335)	361 (465)	105 (160)	114 (138)	131 (277)	1.021 (1.459)
Genetische Einheiten	647	2.290	1.470	2.059	1.146	1.289	8.864
Prüfglieder	7.022	57.315	39.557	12.388	10.425	7.896	134.603

Im Verbundprojekt wurden insgesamt 1.459 Flächen von allen am Projekt beteiligten Institutionen in die Projektdatenbank importiert. Wie sich diese Flächen über das Bundesgebiet verteilen veranschaulicht die Abbildung 2.

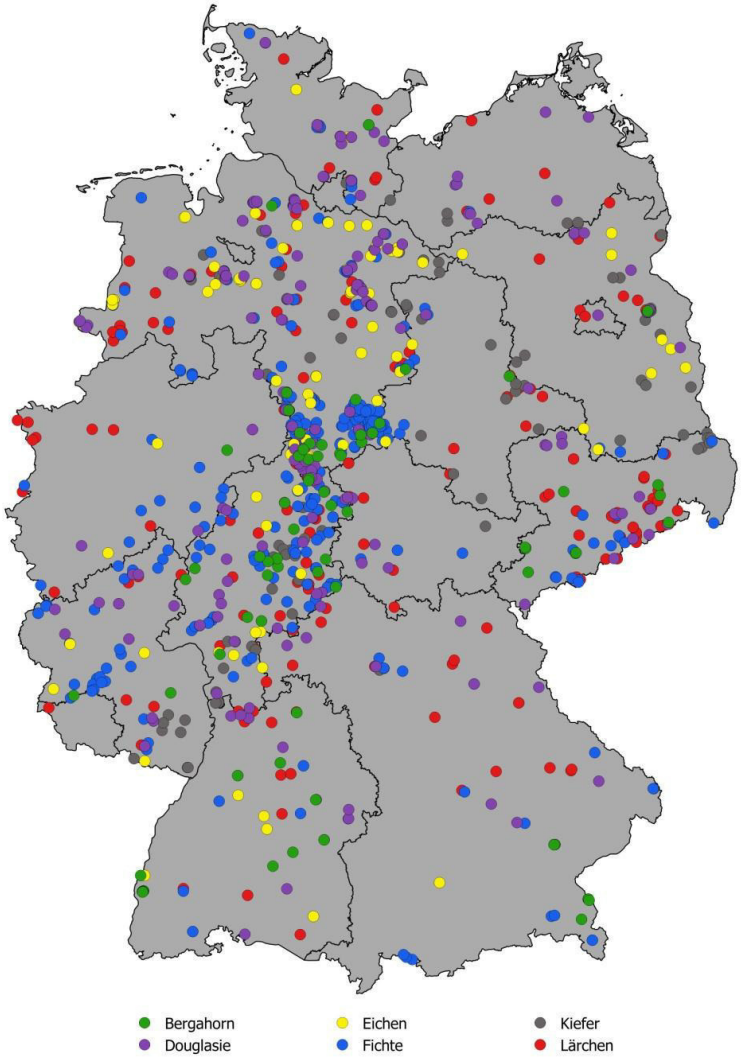

Abbildung 2: Bundesweite Verteilung der Flächen (N = 1.459) aller Projektpartner (FitForClim-Datenbank, Stand April 2019)

3. Koordination der Arbeiten zu den Baumarten Fichte, Stiel- und Trauben-Eiche

Die Arbeiten in diesem Bereich beinhalteten die Lenkung der Aufgaben rund um die Baumarten Fichte, Stiel- und Trauben-Eiche im Teilprojekt 1 sowie die intensive Absprache aller Arbeiten bezüglich dieser Baumarten mit den Projektpartnern und Unterauftragnehmern. Hierzu zählte die Ausweisung von bundesweiten Suchzonen für die Plusbaumauswahl sowie die Plusbauauswahl im Verbundprojekt auf Grundlage von Versuchsserienauswertungen. Die Koordinierung der Pfropfaktivitäten, Überlebensbonituren und Arbeiten zur Bestimmung der genetischen Diversität waren ebenfalls diesem Arbeitspaket zugeordnet.

Zum Aufbau neuer Zuchtpopulationen wurden bundesweit Plusbäume nach den Kriterien herausragende Wüchsigkeit (Durchmesser- und Höhenwachstum), Vitalität und Qualität (Stammform, Astigkeit) ausgewählt. Es wurde ein baumartenübergreifender Kriterienkatalog für die Plusbaumauswahl in Zusammenarbeit mit allen Teilprojekten zusammengestellt. Für die Suche/Auswahl der Plusbäume wurden je Baumart Suchschemata erstellt, welche Klimafaktoren, Standortgüte, Waldfläche pro Bundesland und Höhenzonierung berücksichtigen, um das Bundesgebiet in Suchzonen zu unterteilen. Weiterhin wurden Forsteinrichtungsdaten der Landesforstverwaltungen genutzt, um geeignete Bestände zu lokalisieren.

3.1 Auswahl eines geeigneten Klimaparameters für die Suchschemata von Fichte und Eiche

Um den Aspekt des Klimawandels bei der Auswahl der Plusbäume zu berücksichtigen, wurde die klimatische Wasserbilanz (KWB) in die Suchschemata integriert. Die KWB ergibt sich aus der Differenz aus Niederschlag und der potenziellen Evapotranspiration und ist ein Maß für das Wasserangebot (mm) in einem Gebiet. Für die Suchschemata wurde die KWB auf einem 2x2 km Raster für ganz Deutschland für die Vegetationsperioden im Zeitraum 1981 – 2010 berechnet (Abbildung 3, A).

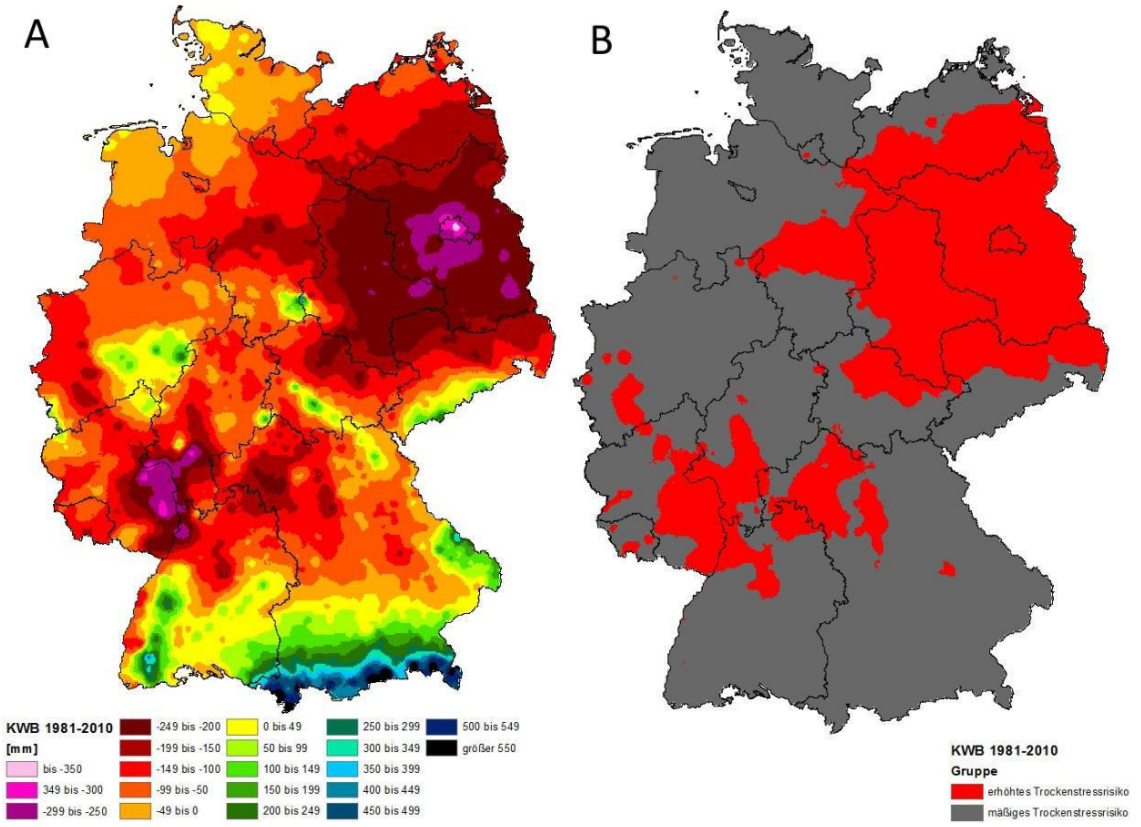

Abbildung 3: A) klimatische Wasserbilanz (mm) in der Vegetationsperiode für Deutschland für den Zeitraum 1981 - 2010. B) Gebietseinteilung nach erhöhtem und mäßigem Trockenstressrisiko anhand der klimatischen Wasserbilanz (Schwellenwert: KWB < -133 mm)

Zusätzlich zur KWB wird die nutzbare Feldkapazität (nFK) benötigt, um den Bodenwasserhaushalt detailliert beschreiben zu können und eine genaue Einteilung von Gebieten mit unterschiedlichen Trockenstresswahrscheinlichkeiten durchführen zu können. Daten zur nFK standen zur Zeit der Projektdurchführung im Bundesgebiet jedoch nicht flächendeckend zur Verfügung. Daher wurde nach FALK et al. (2008) und KÖLLING et al. (2009) ein KWB Wert von -133 mm als Gruppengrenze definiert, der das Bundesgebiet in zwei Zonen mit unterschiedlichen Trockenstresswahrscheinlichkeiten (TW) aufteilt (Abbildung 3, B). Die rot eingefärbten Bereiche kennzeichnen Gebiete mit einer hohen TW, die grau eingefärbten Gebiete kennzeichnen Bereiche mit einer mäßigen oder normalen TW.

3.2 Suchschema für die Plusbaumauslese

Fichte

Um in Zukunft leistungsfähiges und angepasstes Vermehrungsgut der Fichte in dafür geeigneten Regionen Deutschlands zur Verfügung stellen zu können, wurde für diese Baumart eine Zielgröße von 600 Plusbäumen, verteilt über alle Bundesländer, festgelegt. Ein Großteil der Plusbäume wurde aufgrund der Versuchsserienauswertung auf Versuchsflächen ausgewählt. Zur Sicherung und Ergänzung der genetischen Vielfalt wurden zusätzlich Plusbäume aus den hochwertigsten (Saatguternte-)Beständen der Bundesländer nach einheitlich festgelegten phänotypischen Charakteristika ausgesucht (max. 1/3). Um diese Plusbäume im Pro-

jektverbund einheitlich vergleichen und bewerten zu können, wurde im Jahr 2014 die Plusbaumauswahl mittels eines baumartenspezifischen Suchschemas durchgeführt, welches auf den folgenden Kriterien basierte.

1. Waldfläche mit Fichte in den Bundesländern

Der Anteil der mit Fichte bestockten Fläche an der gesamten Waldfläche im jeweiligen Bundesland nach Bundeswaldinventur 3, bestimmt das Plusbaumkontingent je Bundesland.

2. Höhestufe

Plusbaumkontingente je Bundesland wurden nach dem Höhenstufenanteil der Fichte aufgeteilt. Hierzu wurden planar, kollin und submontan zu Mittellagen und montan sowie hochmontan zur Hochlage zusammengefasst (Höhenstufeneinteilung nach BWI 3).

3. Trockenstressrisiko

Das Plusbaumkontingent der Mittellagen wurde 1:1 in normale und erhöhte Trockenstressrisikogebiete aufgeteilt.

In einigen Bundesländern wurden keine Plusbäume der Fichte in Beständen ausgewählt, weil entweder keine geeigneten Bestände für die Auswahl identifiziert werden konnten, oder die Plusbäume auf Versuchsflächen einen deutlich höheren Qualitäts-/Leistungsgewinn darstellten.

Stiel- und Trauben-Eiche

Im Rahmen des Projekts wurde für die beiden Eichenarten eine Zielgröße von 900 Plusbäumen (Trauben-Eiche 600; Stiel-Eiche 300) festgelegt. Die angestrebten Kontingente je Baumart wurden über ein Suchschema auf die einzelnen Bundesländer verteilt.

1. Waldfläche mit Eichen in den Bundesländern

Im ersten Schritt wurde die Anzahl Plusbäume für Stiel- und Trauben-Eiche die in den einzelnen Bundesländern ausgewählt werden sollte, mit Hilfe der zweiten Bundeswaldinventur bestimmt. Die Anzahl an auszuwählenden Plusbäumen je Bundesland wurde hierbei in Relation zum Anteil an der bundesweiten Gesamtfläche an Eichenwäldern gesetzt.

2. Trockenstressrisiko

Im zweiten Schritt wurden diese Länderkontingente mit Hilfe der KWB in Gruppen mit normalem und erhöhtem Trockenstressrisiko aufgeteilt. Die zahlenmäßige Aufteilung erfolgte entsprechend dem Flächenanteil mit normalem und erhöhtem Trockenstressrisiko des jeweiligen Landes.

3. Standorteigenschaften

Zuletzt wurden die gruppierten Länderkontingente weiter nach Standortgüte aufgeteilt. Als Grundlage für diesen Schritt wurden die Wuchsbezirke Deutschlands nach GAUER und ALDINGER (2005) verwendet. Für jeden Wuchsbezirk liegen allgemeine Beschreibungen über die Trophie vor. Diese Angaben waren Grundlage für eine Klassifizierung der Standortgüte und wurden für eine Einteilung je Standort in die Kategorien gut, mittel und schlecht verwendet.

Das Ergebnis war eine Verteilung der auszuwählenden Plusbäume über alle Bundesländer gewichtet nach Waldfläche, Klima- und Standortparametern, um die klimatische und standörtliche Amplitude in Deutschland bestmöglich abzudecken.

3.3 Nutzung von Forsteinrichtungsdaten der Bundesländer im Zuständigkeitsbereich der NW-FVA

Plusbäume wurden aus Versuchsflächen und in Beständen ausgewählt. Für die Auslese in Beständen bedurfte es detaillierter Forsteinrichtungsdaten, um die besten Bestände für die Auswahl zu lokalisieren. Für den Zuständigkeitsbereich der NW-FVA wurden die Daten von den Forstverwaltungen HessenForst, Niedersächsische Landesforsten, Landesforstbetrieb Sachen-Anhalt und Schleswig-Holsteinische Landesforsten auf Anfrage bereitgestellt.

Auf Grundlage der Forsteinrichtungsdaten wurden geeignete Bestände für die Plusbaumsuche ausgewählt.

Nach folgenden Kriterien wurde stratifiziert:

- Mindestalter (Eichen: 70 Jahre, Fichte: 60 Jahre) laut Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung
- Die Bestände müssen eine phänotypisch hervorragende Qualität aufweisen.
- Die Bestände müssen mit den vorherbestimmten Suchgebieten der Baumarten übereinstimmen.

4. Plusbaumauswahl auf Grundlage der Auswertung von Versuchsserien

Es existiert eine breite Basis mit Erkenntnissen aus vorangegangenen Untersuchungen und bereits züchterisch verbessertes Material. Damit der bestehende Züchtungsfortschritt bei der Plusbaumauswahl berücksichtigt wird, wurde die Mehrzahl der Plusbäume in den bestehenden Provenienz- und Herkunftsversuchen, auf Grundlage statistischer Auswertung, ausgewählt. In der projektinternen Datenbank wurden in einem ersten Schritt Versuchsserien identifiziert, deren Auswertung für die Plusbaumauswahl vielversprechend sein könnten. Ausschlaggebend für die Auswahl einer Versuchsserie war die Anzahl der Versuchsflächen, das Alter der ausgepflanzten Herkünfte und die Herkünfte selbst. Tabelle 3 (Eiche) und 4 (Fichte) geben eine Übersicht über die einbezogenen Versuchsserien.

Tabelle 3: In die Auswertung für die Plusbaumsuche einbezogene Versuchsserien der Stiel- und Trauben-Eiche

Versuchsserie	Bundes-Land*	Anzahl Flächen	Anlagejahr	Anzahl Prüfglieder
EI-NP.SP-E_1969	NI	2	1969	39
EI-NP.SP-E_1972	NI	1	1972	22
EI-NP.SP-EA_1974	NI	7	1974	165
TEi-NP.BA_1992/1993	NI	4	1992	176
Sei-NP.BA_1993	NI	5	1993	181
Sei-NP.BA_2001/2002	HE	9	2002	20

Tabelle 4: In die Auswertung für die Plusbaumsuche einbezogene Versuchsserien der Baumart Fichte

Versuchsserie	Bundes-Land*	Anzahl Flächen	Anlagejahr	Anzahl Prüf-glieder
Berchtesgaden/Ramsau	BY	1	1967	36
Sonthofen	BY	1	1967	166
Bodenmais Linau	BY	1	1983	31
Neureichenau	BY	1	1983	54
Fi-NKP-1987	BW	3	1992	16
Fi-HV_Tatra-Fichte	NW	3	1994	9
Fi-HV_1967	NI	1	1967	169
Fi-HV_1968	NI	1	1968	100
Fi-HV_1963/1964	NI	10	1963	7
Fi-HV_1980	NI,RP	3	1980	60
Fi-HV_1964	HE,NI	15	1964	25
Fi-HV_1967	HE	1	1967	169
Fi-HV_1976	HE	2	1976	25
Fi-HV_1982	HE	5	1982	100
Fi-NP.EA_1964	NI	1	1964	40
Fi-NP.EA_1969	NI	6	1969	121
Fi-NP.EA_1976	NI	2	1976	100
Fi-NP.EA+BA+KR_1980	NI	2	1980	49
Fi-NP.BA_1985/86	NI	7	1986	55
Fi-NP.SP-E+KR_1982	HE	5	1982	100
Fi-NP.SP-E+KR_1990	HE	8	1990	100
Fi-NP.SP-M_1998	HE	5	1998	9
Fi-KP_1979	NI,RP,BY	10	1979	700
Fi-KP_1983	NI,RP	5	1983	1.000
Int. Fichtenprov. 1972	TH,SN,BB,ST	9	1977	100
Tieflandfichte	BB,SN	4	1998	24
SO2-Fichten Prüfung 1976	SN	3	1981	64
Fi-HV_Tatra-Fichte	SN,TH	3	1994	9
IUFRO 1964/68	NI,RP	6	1968	100
IUFRO 76	BY	1	1977	18
Fi-Kreuzung Westerhöfer	BW,HE,NI,SH	5	1959	20
Fi-Kuratoriumsversuch	NI,NW,SH	3	1974	320
Topophysisfreie Fichte	BY,HE,NI,SH	7	1985	24

*Bundesländerkürzel: BB=Brandenburg, BW=Baden-Württemberg,BY=Bayern, HE=Hessen, NI=Niedersachsen, NW=Nordrhein-Westfalen, RP=Rheinland-Pfalz, SH=Schleswig-Holstein, SN=Sachsen, ST=Sachsen-Anhalt, TH=Thüringen

In der Projektlaufzeit wurden alle deutschlandweit verfügbaren Versuchsflächendaten für die Baumarten Stiel-, Trauben-Eiche und Fichte zusammen getragen und evaluiert, ob sich ihre Datengrundlage für die statistische Auswertung mit dem Ziel der Plusbaumauswahl eignet. Von den bundesweit verfügbaren 127 Versuchsflächen (inklusive Teilversuche) der Stiel- und Trauben-Eiche wurden 28 in der Auswertung berücksichtigt (6 Versuchsserien). Von den bundesweit 425 Versuchsflächen der Fichte gingen die Daten von 140 Flächen in die statistische Auswertung ein (33 Versuchsserien).

4.1 Auswertung der Versuchsdaten

Die Versuche wurden vielfach in vollständigen oder unvollständigen Blockanlagen in mehrfacher Wiederholung angelegt. Daher wurden zuerst für jede Fläche Versuchsflächenfehler bereinigte Mittelwerte berechnet. Der Prüfgliedeffekt wurde dabei als fest, alle anderen Effekte (Wiederholung, Block) als zufällig angesehen. Für die Berechnungen wurden gemischte Modelle und das R-Packet „lme4“ verwendet (BATES et al. 2015). Anschließend wurden die adjustierten Mittelwerte mit dem R-Packet „lsmeans“ berechnet (LENTH 2016).

Innerhalb des Projektes wurde die Auswertungsmethodik homogenisiert. Auf einem Projekttreffen einigten sich alle Projektpartner auf die Methode der Standardisierung. Bei dem gewählten Verfahren werden die Mittelwerte der Prüfglieder transformiert (z-Transformation), sodass die Variable den Erwartungswert Null und die Varianz gleich eins besitzt. Dadurch können Messwerte unterschiedlicher Versuchsflächen miteinander vergleichen werden.

$$Z = \frac{X - \mu}{\sigma}$$

X = Wert eines Prüfgliedes

μ = Mittelwert aller Prüfglieder der Fläche

σ= Standardabweichung aller Prüfglieder

Für die gezielte Auswahl von Plusbäumen in den Versuchsflächen erfolgte eine Vorauswahl geeigneter Prüfglieder anhand von Selektionsindizes (SI) aus den adjustierten und standardisierten Mittelwerten. Der SI beinhaltet die Wachstumsparameter Höhe und Durchmesser (BHD), sowie gegebenenfalls Formparameter. In den meisten Fällen wurde der SI nur mit Daten der Höhenmessung berechnet. Bei der Fichte wurden z.T. aber auch Werte aus Messungen des BHD mit einbezogen. Bei der Berechnung des SI wurde der Einfluss der einzelnen Parameter gemäß ihrer baumartenspezifischen, waldbaulichen oder züchterischen Relevanz gewichtet (f_n). Das Höhenwachstum ging zu 75 % und das Dickenwachstums zu 25 % in die Berechnung ein.

Bei den Eichen wurde, wenn Formbonituren vorlagen, die Wuchsform mit 50 % gewichtet. Der BHD ging in diesem Fall nicht mit in die Berechnung ein.

$$\mathrm{SI} = \mathrm{f1} * \mathrm{Höhe} + \mathrm{f2} * \mathrm{BHD} + \mathrm{f3} * \mathrm{Form}$$

Die Verwendung des so gebildeten Selektionsindex erlaubte es auch Flächen unterschiedlichen Alters aber mit einheitlichem Prüfgliedbesatz zu vergleichen. Für die Auswertungen wurden zunächst die jüngsten und damit aktuellsten Daten der Versuchsserien genutzt.

Berechnete Selektionsindizes der Prüfglieder verschiedener Flächen der gleichen Serie wurden grafisch dargestellt und miteinander verglichen. Anschließend erfolgte die Auswahl derjenigen Prüfglieder, welche auf allen Flächen die beste Leistung aufweisen. Ausgewählt wurden primär Prüfglieder, die auf allen Versuchsflächen der Serie ein überdurchschnittliches Leistungs- oder Formverhalten zeigten (die besten 50% bzw. 25%).

Das Verfahren ist beispielhaft für die Auswertung einer hessischen Versuchsserie mit Stiel-Eichen Herkünften (Abbildung 4) und den internationalen Fichtenprovenienzversuch von 1962 (Abbildung 5) dargestellt und wurde für die weiteren Versuchsserien der Stiel-, Trauben-Eiche und Fichte ebenfalls angewandt.

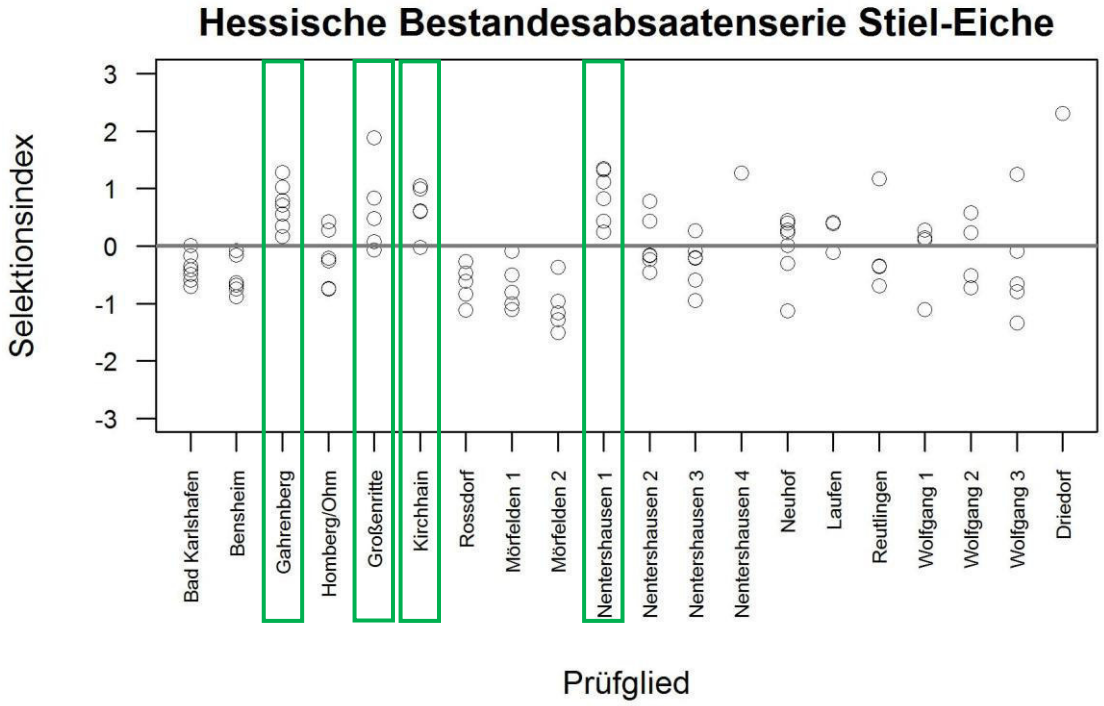

Abbildung 4: Vergleich der einzelnen Prüfglieder der hessischen Stiel-Eichen Versuchsserie mittels Selektionsindex. Aus den grün umrandeten Herkünften wurden Plusbäume ausgewählt

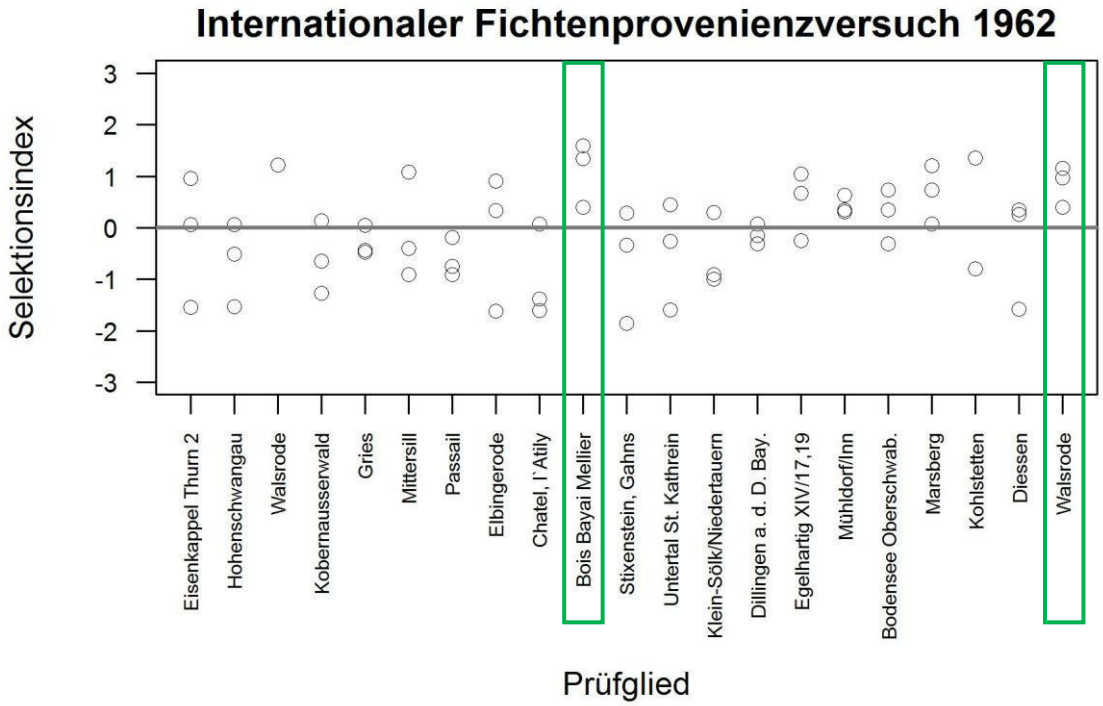

Abbildung 5: Vergleich der einzelnen Prüfglieder des internationalen Fichtenprovenienzversuchs von 1962 mittels Selektionsindex (SI). Aus den grün umrandeten Herkünften wurden Plusbäume ausgewählt. Die Abbildung zeigt einen Ausschnitt des SI-Vergleichs für die Versuchsserie

Nach Identifizierung der leistungsfähigsten Prüfglieder in der Versuchsserie erfolgte die Auswahl des besten Phänotyps jedes Prüfglieds vor Ort auf den Versuchsflächen als Plusbaum. Bei bereits aufgegebenen Versuchsflächen wurde eine exakte Rekonstruktion des Pflanzdesigns durchgeführt, um die Parzellen der Prüfglieder für die Plusbaumauswahl eindeutig zu identifizieren.

4.2 Plusbaumauswahl und Bonitur

Im Projektverbund wurde unter der Zusammenarbeit aller Teilprojekte ein standardisierter Plusbaumaufnahmebogen für alle Projektbeteiligten erarbeitet. Dieser Aufnahmebogen berücksichtigte für jede im Projekt bearbeitete Baumart die spezifischen Merkmale und setzte sich aus drei Teilen zusammen. Der erste Teil diente der Aufnahme von allgemeinen Informationen wie: Aufnahmedatum, Versuchsansteller, Plusbaumkartierer, Baumart, Flächentyp, ID-Baumnummer, Lagekoordinaten, Administration und Baumalter. Der zweite Teil diente der Aufnahme von Leistungsparametern. Dazu zählten der Brusthöhendurchmesser, die Baumhöhe, der Kronenansatz und die Ast- und beulenfreie Schaftlänge. Bei den Eichen wurde zusätzlich die Zwieselhöhe erfasst. Der dritte Teil setzte sich aus ordinalskalierten Merkmalen zusammen mit der die Form des Baumes detailliert angesprochen werden konnte. Die verwendeten Merkmale und deren Abstufungen sind für die Eichen und Fichten in Tabelle 5 aufgelistet.

Tabelle 5: Formmerkmale für die Plusbaumauswahl von Eichen (Ei) und Fichten (Fi)

Merkmal	Merkmalsabstufung		Baumart
Vitalität Sommer	(1) voll vital	(2) eingeschränkt vital	Ei, Fi
Vitalität Winter	(1) voll vital (Roloff 1)	(2) eingeschränkt vital (Roloff 2 & 3)	Ei
Baumklasse	(1) vorherrschend	(1) herrschend	Ei, Fi
	(3) mitherrschend		
Geradschaftigkeit	(1) zweischnürig	(2) einschnürig	
Stammform	(1) 1:1 rund	(2) bis max. 1:1,2 (oval)	Ei, Fi
	(3) >1:1,2		
Drehwuchs	(1) nein	(2) schwach, bis ¼ Stammumf. auf 7 lfd. m	Ei, Fi
Rindenstruktur	(1) fein	(2) mittel	Ei, Fi
	(3) grob		
Aststellung	(1) waagerecht 90°	(2) geneigt bis max. 110° / 70°	Fi
Aststärke	(1) fein	(2) mittel	Fi
	(3) grob		
Beulen	(1) keine	(2) wenige	Fi
Verzweigungstyp	(1) Kammfichte	(2) Bürstenfichte	Fi
	(3) Plattenfichte		
geastet	(1) ja	(2) nein	
Kronenaus-formung	(1) breit	(2) mittel	Fi
	(3) schmal		
Zwieselbildung	(1) kein Zwiesel	(2) in oberen 1/3 des Baumes	Ei
	(3) in oberer ½ des Baumes		
Steilastbildung	(1) kein Steilast vorhanden	(2) ein Steilast vorhanden	Ei
Astreinigung	(1) sehr gut	(2) gut	Ei
	(3) mittel		
Wasserreiser	(1) ohne	(2) vereinzelnd im oberen 1/3 des sonst astfreien Schaftes	Ei
	(3) vereinzelnd und ein Klebast im oberen 1/3 des sonst astfreien Schaftes	(4) abweichend, waldbaulich bedingt	
Spannrückigkeit	(1) ja	(2) nein	Ei

Im Teilprojekt 1 wurden 1.761 Plusbäume (4.982 Plusbäume bundesweit von allen Projektpartnern) verteilt über alle Baumarten ausgewählt, georeferenziert, ihre Daten nach dem oben beschriebenen Schema erhoben, und der Projektdatenbank hinterlegt (Tabelle 6). Bundesweit wurden 789 Fichten-Plusbäume ausgewählt. Aufgrund der vielen Versuchsflächen die für diese Baumart existieren, stammen 542 Bäume aus Versuchen. Hierzu wurden alleine durch die NW-FVA für die Baumart Fichte 60 Waldorte in 5 Bundesländern bereist.

Für die Stiel- und Trauben-Eiche sind insgesamt 1.052 Plusbäume in der Projektdatenbank gelistet, aufgrund der wenigen nutzbaren Versuchsflächen stammen aber nur 35 Bäume von Versuchsflächen. Im Falle, dass die Versuchsflächen zu jung für die Plusbaumauswahl waren, wurden Plusbäume in den Ausgangsbeständen ausgewählt. Der Großteil der Eichen-

Plusbäume stammt aus anerkannten Saatguterntebeständen. Eine Übersicht über die bundesweite Plusbaumverteilung der im Projektverbund ausgewählten Fichten und Eichen ist in Abbildung 6 zu sehen.

Tabelle 6: Anzahl der im Berichtszeitraum ausgewählten und in der Datenbank verwalteten Plusbäume je Baumart im Teilprojekt 1. Werte in () = Gesamtanzahl der im Projektverbund ausgewählten Plusbäume

	Baumarten					
Bundesland	**Douglasie**	**Fichte**	**Kiefer**	**Lärche**	**Eichen**	**Berg-Ahorn**
Schleswig-Holstein	37	0	0	0	18	24
Niedersachsen	102	161	102	36	103	147
Hessen	38	86	74	78	107	72
Sachen-Anhalt	0	3	9	75	60	64
Nordrhein-Westfalen	42	70	21	68	111	53
∑ Plusbäume	**219 (884)**	**320 (789)**	**206 (729)**	**257 (477)**	**399 (1.052)**	**360 (1.051)**

Die im Kapitel 3.2 formulierten Suchschemata konnten größtenteils eingehalten werden. In einigen Regionen Deutschlands konnten jedoch nicht ausreichend Plusbäume identifiziert werden. Die Differenzen wurden dann durch Plusbäume aus Nachbarregionen oder anderen Bundesländern ergänzt.

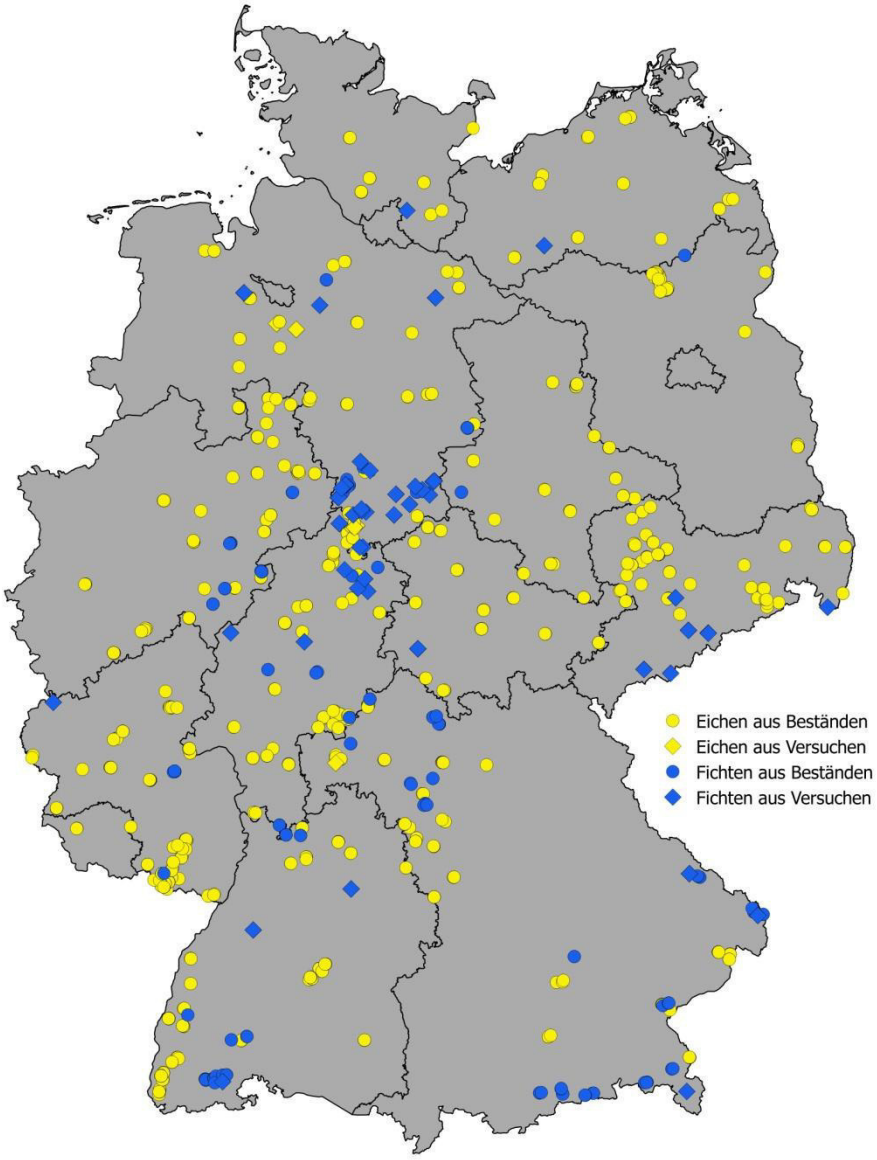

Abbildung 6: Geografische Lage der Fichten- und Eichenplusbäume in Deutschland. Bei geringem Abstand der Koordinaten können sich die Symbole überlagern

Eine überdurchschnittliche Wuchsleistung war ein wichtiges Kriterium für die Auswahl der Plusbäume. In den Abbildungen 7, 8 und 9 sind die Wuchshöhen der Plusbäume mit den Ertragsklassen 1 bis 3 bei starker Durchforstung gegenübergestellt.

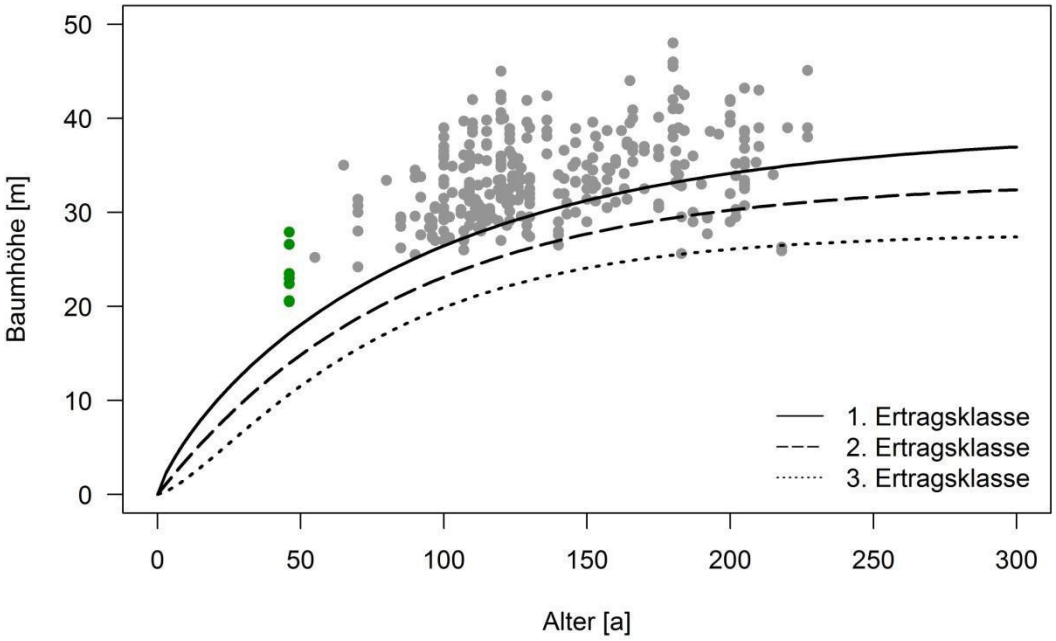

Abbildung 7: Höhenleistung der Stiel-Eichenplusbäume im Verhältnis zu den Ertragstafelwerten bei starker Durchforstung (SCHOBER 1975). Grüne Punkte = Plusbäume aus Versuchsflächen, graue Punkte = Plusbäume aus Beständen

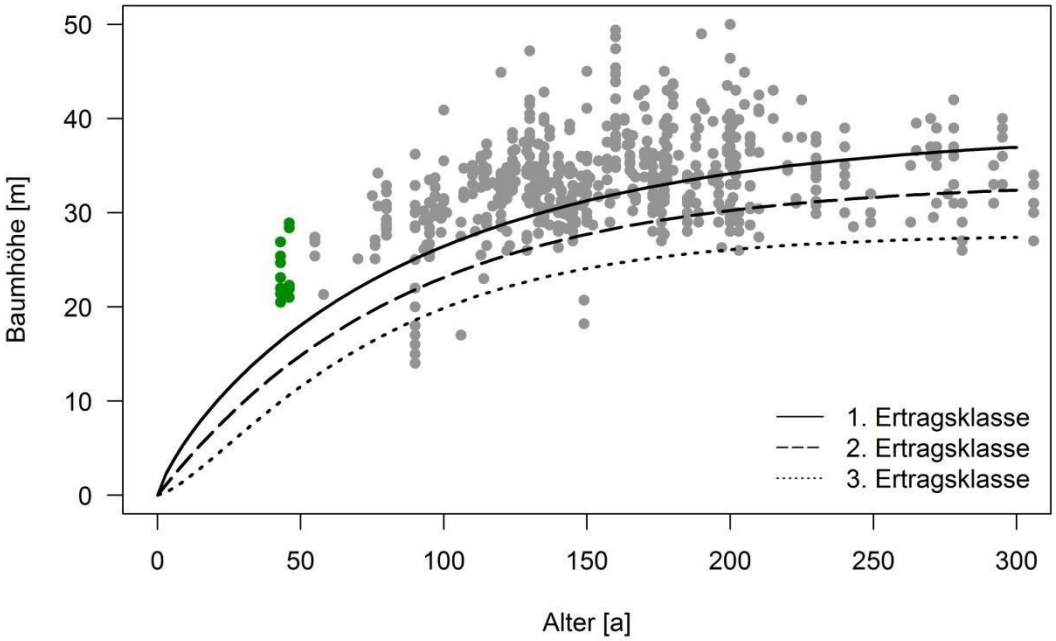

Abbildung 8: Höhenleistung der Trauben-Eichenplusbäume im Verhältnis zu den Ertragstafelwerten bei starker Durchforstung (SCHOBER 1975). Grüne Punkte = Plusbäume aus Versuchsflächen, graue Punkte = Plusbäume aus Beständen

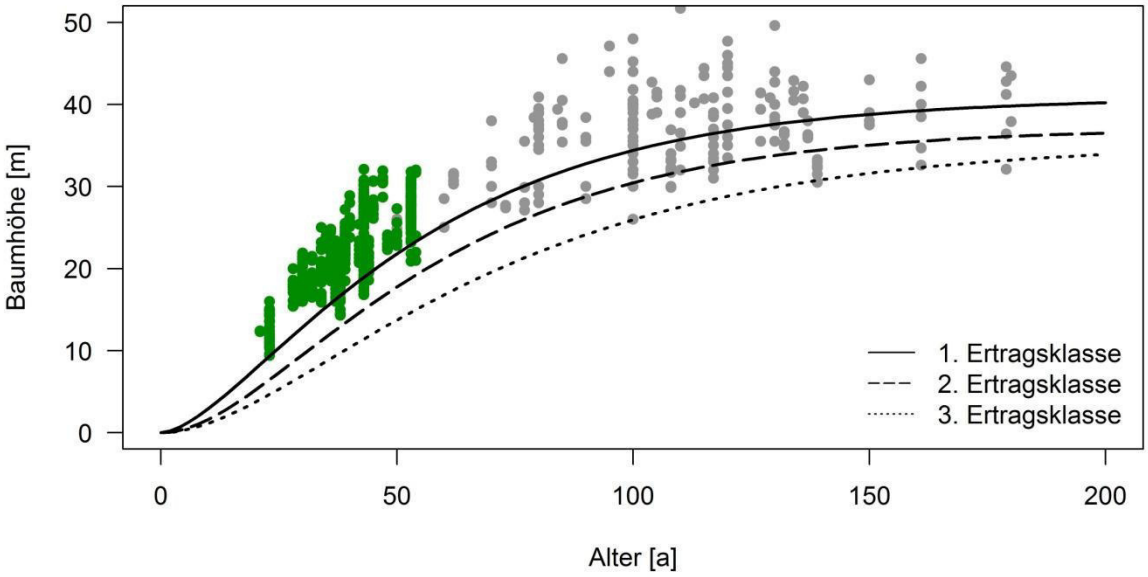

Abbildung 9: Höhenleistung der Fichtenplusbäume im Verhältnis zu den Ertragstafelwerten bei starker Durchforstung nach (SCHOBER 1975). Grüne Punkte = Plusbäume aus Versuchsflächen, graue Punkte = Plusbäume aus Beständen

Viele Plusbäume zeigten eine deutliche Wuchsüberlegenheit gegenüber der ersten Ertragsklasse. Die leistungsschwächeren Bäume stammen von mittleren oder eher schlecht ausgestatteten Standorten. Die im Verhältnis jungen Bäume der Fichte von Versuchsflächen zeigten immer eine bessere Wuchsleistung als die zweite Ertragsklasse und weitestgehend auch im Vergleich zur ersten Ertragsklasse, unabhängig vom Standort. Diese Ergebnisse demonstrieren eindrucksvoll das Potential, welches die ausgewählten Plusbäume für eine Zuchtpopulation mitbringen.

5. Plusbaumvermehrung

5.1 Reiserwerbung

Die Vermehrung ausgewählter Plusbäume wurde im Projekt während der Vegetationsruhe in den Monaten Januar bis März durchgeführt (Winterhandveredlung). In dieser Zeit wurden zertifizierte Baumsteigerunternehmen damit beauftragt, Reiser (1- oder 2-jährige Zweigabschnitte) aus der Lichtkrone der Plusbäume zu ernten, welche dann von Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern der NW-FVA über Pfropfung heterovegetativ vermehrt wurden. Vorbereitungen für die Ernte der Reiser und späteren Pfropfungen wurden stets im November/Dezember des Vorjahres getroffen. Pro Plusbaum wurden 30 Reiser (50 bei Eichen) geerntet. Die Reiserernte fand in enger Zusammenarbeit mit den zuständigen Landesforstverwaltungen und Forstbetrieben der Privatwaldbesitzer statt. Die Ernteeinsätze wurden immer von mindestens einer/ einem Projektangestellten begleitet, um das Aufsuchen des korrekten

Baumes und die Qualität der Pfropfreiser zu gewährleisten. Die Reiserwerbung wurde in den Wintermonaten der Jahre 2015 bis 2019 durchgeführt. In dieser Zeit wurde von insgesamt 1.476 Plusbäumen (Tabelle 7) Reisermaterial geerntet. Nach der Ernte wurden die etikettierten Reiser bis zur Pfropfung kühl und feucht gehalten. Außerdem fand ein Austausch von Reisermaterial zwischen den Teilprojekten statt. Von 180 Plusbäumen wurden Reiser geerntet und Projektpartnern für Pfropfarbeiten zur Verfügung gestellt.

Tabelle 7: Anzahl Plusbäume von denen im Teilprojekt 1 während der Projektlaufzeit 2014 bis 2019 Reiser geerntet wurden

Baumarten/-gruppe	2015	2016	2017	2018
Douglasie	20	40	29+40*	7
Fichte	25	70	112	120
Lärchen			49	119+50*
Kiefer			110	50
Berg-Ahorn	75	120	39	-
Eichen	33	133	165	160
∑	153	363	504+40*	456+50*

*NW-FVA hat Reiser der Plusbäume geerntet und den Projektpartnern für Pfropfarbeiten zur Verfügung gestellt.

Zusätzlich zur Ernte der Pfropfreiser wurden nach Absprache mit dem Projektpartner Staatsbetrieb Sachsenforst (Teilprojekt 3) Proben für ökophysiologische Untersuchungen geerntet und an den Projektpartner geliefert.

5.2 Pfropfungen

Im Berichtszeitraum wurden rund 32.619 Pfropfungen von 1.760 Plusbäumen im Teilprojekt 1 durchgeführt (Tabelle 8). Der größte Teil der Plusbaumvermehrung im Teilprojekt 1 wurden im Versuchskamp der NW-FVA, Abteilung Waldgenressourcen durchgeführt. Das Lehr- und Versuchsforstamt Arnsberger Wald hat hiervon 106 Plusbäume gepfropft (ca. 2.120 Pfropfungen). In den Jahren 2016 bis 2019 wurden die Pfropfungen an den Baumarten Stiel- und Trauben-Eiche, an eine auf diese Baumarten spezialisierte Baumschule, im Unterauftrag vergeben. Die Abgabe der Pfropfarbeiten geschah, um Pfropfkapazitäten an der NW-FVA für andere Baumarten des Projektes zu schaffen und die Anwuchsergebnisse bei den Pfropflingen zu verbessern. Die angewachsenen Pfropflinge wurden im Herbst desselben Jahres im Kamp der NW-FVA in Hann. Münden verschult (Abbildung 10).

Tabelle 8: Im Teilprojekt 1 durchgeführte Pfropfungen in den Jahren 2015 bis 2019

Baumarten/-gruppe	Genotypen	∑ Pfropfungen	davon Nachpfropfungen
Douglasie	152	2.940	-
Fichte	368	7.165	-
Kiefer	184	2.735	-
Lärche	174	2.230	-
Berg-Ahorn	229	5.637	1.057
Eiche	653	11.912	3.302
∑	**1.760**	**32.619**	**4.359**

Zur Verbesserung der Pfropfqualitäten bei den Eichenarten wurden zwei Workshops (Themen: Winter- und Sommerveredelung) von Projektbeschäftigten des Teilprojekt 1 organisiert. Neben dem Erfahrungsaustausch zwischen den an den Pfropfarbeiten Beteiligten nahm eine auf Eichenvermehrung spezialisierte Baumschulfirma an den Terminen teil, um Fachwissen zur Pfropfmethodik zu vermitteln.

Abbildung 10: Eichen-Pfropflinge im Versuchskamp der NW-FVA in Hann. Münden. Getopfte Pflanzen von 2019 (links) und aufgeschulte Pflanzen aus 2018 (rechts)

Im Rahmen der Plusbaumvermehrung kam es bei den Pfropflingen immer wieder zu Ausfällen, weil das Pfropfreis nicht auf der Veredlungsunterlage anwuchs oder aufgrund von Schädlingsbefall. Um eine ausreichende Stückzahl an Genotypen und Ramets für die Anlage der Klonarchive zu erhalten, wurden die Ausfälle jährlich nachgebessert. Insgesamt wurden 4.359 Pfropfungen (bzw. Okulationen bei der Sommerhandveredlung des Berg-Ahorns) durchgeführt. Die Nachbesserung erfolgte entweder über Sekundärpfropfungen mittels Reiser bereits vorhandener Pfropflinge oder bei Komplettausfällen durch eine wiederholte Reiserwerbung am Plusbaum im Bestand oder auf der Versuchsfläche.

Schädlinge an Pfropflingen der NW-FVA

Im August 2017 wurden an 84 Ei-Pfropflingen aus der Pfropfsaison 2017 Fraßschäden durch Mäuse festgestellt. Die betroffenen Pflanzen wurden mit einem Wundverschlussmittel behandelt. Von diesen Pflanzen sind bisher 7 abgestorben. Zum Schutz der übrigen Pflanzen wurden diese an einen anderen Standort transportiert und Mäuseschutz angewandt. Eine weitere Schädigung durch Mäuse blieb danach aus.

Zahlreiche Pfropflinge von Berg-Ahorn im Verschulbeet der NW-FVA (Abt. C in Hann. Münden) zeigten im Herbst 2017 Absterbeerscheinungen. Da die Symptome an den absterbenden Pflanzen auf eine Infektion mit Pilzpathogenen hinwiesen, wurden Pflanzenproben zur Untersuchung an die Abteilung Waldschutz der NW-FVA gegeben. Die Symptome waren absterbende Wurzel, einseitige oder bereits Stamm umfassende, oft rötlich-braun erscheinende Rindennekrosen mit teilweise schwarzen Pilzfruchtkörpern an abgestorbenen Trieb- und Zweigspitzen. Alle Pflanzen wiesen im Stammquerschnitt grünlich-bräunliche, meist ringförmige Verfärbungen auf.

Die Untersuchungen durch die Abteilung Waldschutz ergaben, dass am Hauptspross sowie an den abgestorbenen Trieb- und Zweigspitzen *Phomopsis* sp., *Fusarium* sp. und vereinzelt auch *Nectria* sp. vorhanden sind. Die verfärbten Stammquerschnitte wurden näher untersucht. Es wurden Abimpfungen aus den verfärbten Bereich vorgenommen sowie kleine Stammscheiben in einer "feuchten Kammer" gelagert und auswachsende Pilze beobachtet. Nach beiden Methoden wurde *Verticillium* sp. nachgewiesen. Eine genaue Artbestimmung ist noch nicht erfolgt. Als Hauptschadfaktor an den Pflanzen wurde der *Verticillium*-Befall (Verticillium-Welke) gewertet. Das Auftreten von *Phomopsis*, *Fusarium* und *Nectria* wurde als eher nachrangig eingestuft. Die *Verticillium*-Arten sind bodenbürtige Erreger, die über Jahre den Boden verseuchen können. Die Infektion der Bäume erfolgt über Wunden (Wurzelschnitte; Zweigschnitte). Der Pilz breitet sich im Leitungssystem der Pflanzen aus und sorgt für eine Verstopfung der Gefäße, in Verbindung mit der Ausscheidung von Welketoxinen.

6. Genetische Begleituntersuchungen an Plusbäumen und Berechnung der genetischen Diversität von Klonsammlungen

Im Zuge der Reiserwerbung von ausgewählten Plusbäumen wurden parallel von jedem beernteten Plusbaum Proben (Zweigabschnitte inkl. Knospen) für die genetische Analyse geschnitten, um einen genetischen Fingerabdruck jedes Plusbaumes zu erhalten. Dieses Probenmaterial wurde zur DNA-Analyse an den für die jeweilige Baumart zuständigen Projektpartner geliefert. Die genetische Analyse der von Eichen- und Fichten-Plusbäume wurde vom Projektpartner ASP (Teilprojekt 2) für die NW-FVA durchgeführt. Die Rohdaten wurden nach Fertigstellung wieder an die Baumartenkoordinatoren der NW-FVA übersandt und von diesen ausgewertet.

6.1 Artunterschiedung der Eichen-Plusbäumen

Für die spätere Einteilung in Zuchtpopulationen und die anschließende Auswahl für Samenplantagen ist die Artzugehörigkeit bei den Eichen besonders wichtig. Blattmerkmale werden häufig für die Artunterscheidung verwendet. Jedoch zeigen viele Merkmale eine hohe Varianz in ihrer Ausprägung und überlappen sich bei beiden Eichenarten. Zur sicheren Artbestimmung werden deshalb mehrere Merkmale benötigt (Krahl-Urban 1959). Im Bestand kann es sich durchaus als schwierig erweisen, beide Eichenarten präzise zu unterschieden. Erschwert wird dies, wenn Plusbäume in den Wintermonaten ausgewählt wurden und kein Blattmaterial vorliegt. Eine sichere Artunterscheidung mit genetischen Methoden ist daher unerlässlich für eine endgültige Bestimmung. Dafür wurden die vom ASP bereitgestellten Daten der Eiche-Plusbäume genutzt. In einem ersten Schritt wurden die Daten nach triploiden Individuen durchsucht. Bäume mit triploiden Strukturen wurden für spätere Analysen ausgeschlossen. Anschließend wurde mit dem Programm STRUCTURE (Version 2.3.4) die Artzugehörigkeit bestimmt. Von den bereits untersuchten Individuen zeigten 17 Bäume triploide Strukturen. Von den als Stiel-Eiche kartierten Plusbäumen, wurden 24 als Trauben-Eiche identifiziert. Im Gegenzug wurden stellten sich 51 Trauben-Eichen als Stiel-Eichen heraus. Nach den genetischen Analysen teilen sich die im Projekt ausgewählten Plusbäume in 356 Stiel-Eichen und 610 Trauben-Eichen auf. Die Differenz von 69 Plusbäumen (insgesamt 1.052 ausgewählte Plusbäume) ist darauf zurückzuführen, dass genetische Untersuchungen wiederholt werden mussten und die Ergebnisse der Wiederholung zum Zeitpunkt der Berichtanfertigung noch nicht vorlagen.

6.2 Genetische Vielfalt und Diversität

Fichte

Bis zum Zeitpunkt des Endberichts wurden an 587 bundesweit verteilten Plusbäumen genetische Analysen durchgeführt. Die Auswertung der Analyse als Gesamtkollektiv zeigt bei der Fichte eine deutlich geringere Anzahl von Allelen im Vergleich zu Stiel- und Trauben-Eiche (vgl. Tabelle 9 mit 10 und 11). Dieses Ergebnis lässt sich vor allem mit der über Generationen durchgeführten künstlichen Verjüngung von Fichtenbeständen sowie durch die nacheiszeitliche Rückwanderung begründen (SCHMIDT-VOGT 1977-1991). Insgesamt deckt die durch „FitForClim“ zur Verfügung gestellte neue Zuchtpopulation die genetische Vielfältigkeit der Fichten für Deutschland gut ab. Erkennbar ist dies an der stagnierenden Zunahme der Allelzahlen ab etwa 520 Genotypen (siehe Abbildung 11). Die neue Zuchtpopulation stellt somit für die Zukunft eine vielfältige Genreserve für gezielte züchterische Maßnahmen sowie für die *Ex-situ*-Generhaltung dar. Die Auswertung zeigt zudem, dass für zukünftige Samenplantagen ca. 40 bis 60 Genotypen verwendet werden sollten, dies ermöglicht die Etablierung genetisch diverser Samenplantagen die ca. 50 % der vorhandenen Allele beinhalten.

Tabelle 9: Diversitätsmaße der Fichtenplusbäume auf Lociebene; N = Anzahl Individuen, Ao = Anzahl Allele, Ae = Anzahl effektive Allele, Ho = beobachtete Heterozygotie, He = erwartete Heterozygotie

Genort	N	Ao	Ae	Ho	He
WS00716.F13	586	27	14,65	85,1	93,2
WS0092.M15	579	4	1,72	56,0	41,7
WS0022.B15	586	19	6,41	81,2	84,4
WS0073.H08	583	10	3,28	69,5	69,5
WS00111.K13	581	34	19,06	91,6	94,5
Pa44	579	8	1,40	30,6	28,4
Pa51	587	5	1,01	3,1	5,3
WS0023.B03	515	24	15,70	55,5	93,6
Pa47	518	9	1,67	48,8	40,0
Pa05	586	5	1,02	2,0	2,0
WS0092.A19	587	14	5,71	80,1	82,5
WS0046.M11	587	5	1,05	5,3	5,2
WS0032.M17	587	2	1,13	11,2	11,2

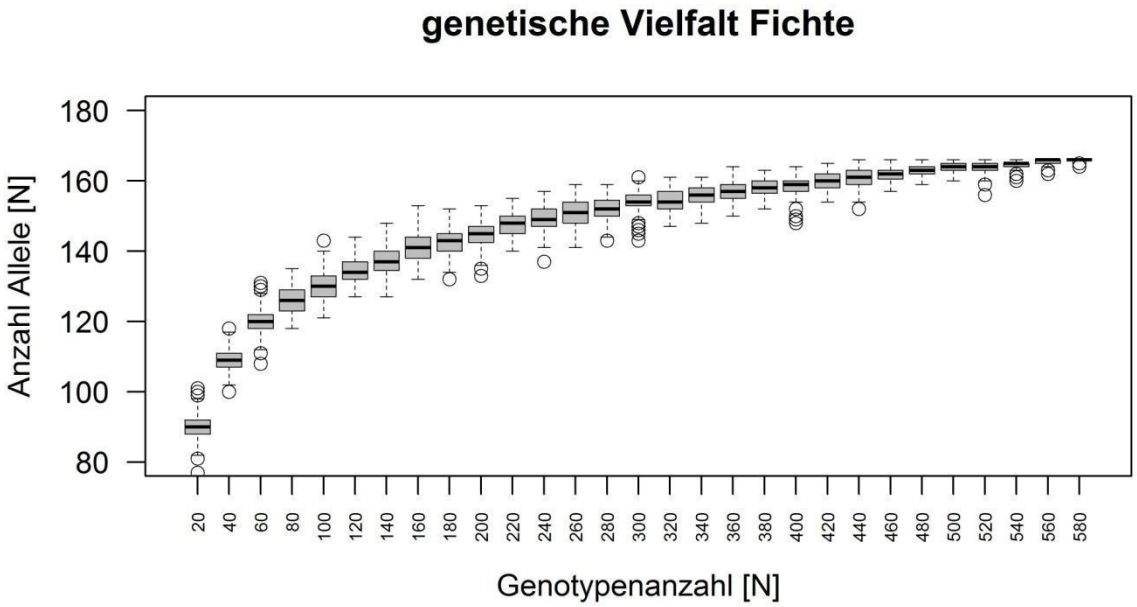

Abbildung 11: Entwicklung der genetischen Vielfalt in Abhängigkeit der verwendeten Genotypenanzahl. Grundlage der Daten sind die im Projekt gesuchten Plusbäume. Die Allelanzahl bei gegebener Genotypenanzahl wurde durch 100 Zufallsziehungen mit Zurücklegen berechnet

Stiel- und Trauben-Eiche

Bis zum Zeitpunkt des Endberichts wurden an 983 bundesweit verteilten Plusbäumen genetische Analysen durchgeführt. Für die weiteren Untersuchungen wurden die Kontingente nach Stiel- und Trauben-Eiche aufgeteilt. Es zeigt sich, dass die identifizierten Stiel-Eichen Plusbäume eine tendenziell höhere genetische Vielfalt vorweisen als die Trauben-Eiche. (vgl. Tabellen 10 und 11). Dies ist an der leicht höheren durchschnittlichen Anzahl der Allele (A_o) zu erkennen. Die Auswertung zeigt, dass für zukünftige Samenplantagen mindestens 60 bis 80 Genotypen verwendet werden müssen. Dadurch können diverse Samenplantagen mit ca. 50 % der vorhandenen Allele etabliert werden (Abbildungen 12 und 13).

Tabelle 10: Diversitäts- und Vielfaltsmaße der Stiel-Eichen Plusbäume auf Lociebene; N = Anzahl Individuen, Ao = Anzahl Allele, Ae = Anzahl effektive Allele, Ho = beobachtete Heterozygotie, He = erwartete Heterozygotie

Genort	N	A_o	A_e	Ho	He
QpZAG104	353	35	15,46	85,5	93,5
QpZAG15	355	18	4,03	71,5	75,2
QpZAG110	355	27	3,30	67,6	69,7
QrZAG65	353	43	24,31	89,5	95,9
QrZAG87	354	38	11,05	87,8	90,9
QrZAG7	355	22	11,35	90,1	91,2
QrZAG5b	353	43	18,72	90,4	94,7
QrZAG20	345	26	6,77	84,3	85,2
QrZAG11	351	31	13,50	90,9	92,6
QrZAG96	353	22	1,94	46,5	48,4
QrZAG112	348	31	6,88	87,4	85,5
MsQ13	352	13	4,04	73,0	75,3

Tabelle 11: Diversitäts- und Vielfaltsmaße der Trauben-Eichen Plusbäume auf Lociebene; N = Anzahl Individuen, Ao = Anzahl Allele, Ae = Anzahl effektive Allele, Ho = beobachtete Heterozygotie, He = erwartete Heterozygotie

Genort	N	Ao	Ae	Ho	He
QpZAG104	603	31	12,96	89,9	92,3
QpZAG15	610	25	4,68	78,2	78,6
QpZAG110	601	27	7,00	82,5	85,7
QrZAG65	595	45	22,36	86,4	95,5
QrZAG87	604	25	6,96	86,9	85,6
QrZAG7	606	25	13,30	73,4	92,5
QrZAG5b	604	42	13,54	88,9	92,6
QrZAG20	583	27	8,33	89,0	88,0
QrZAG11	601	25	3,32	67,9	69,9
QrZAG96	602	26	7,50	84,5	86,7
QrZAG112	610	16	1,70	39,5	41,2
MsQ13	601	17	5,31	80,7	81,2

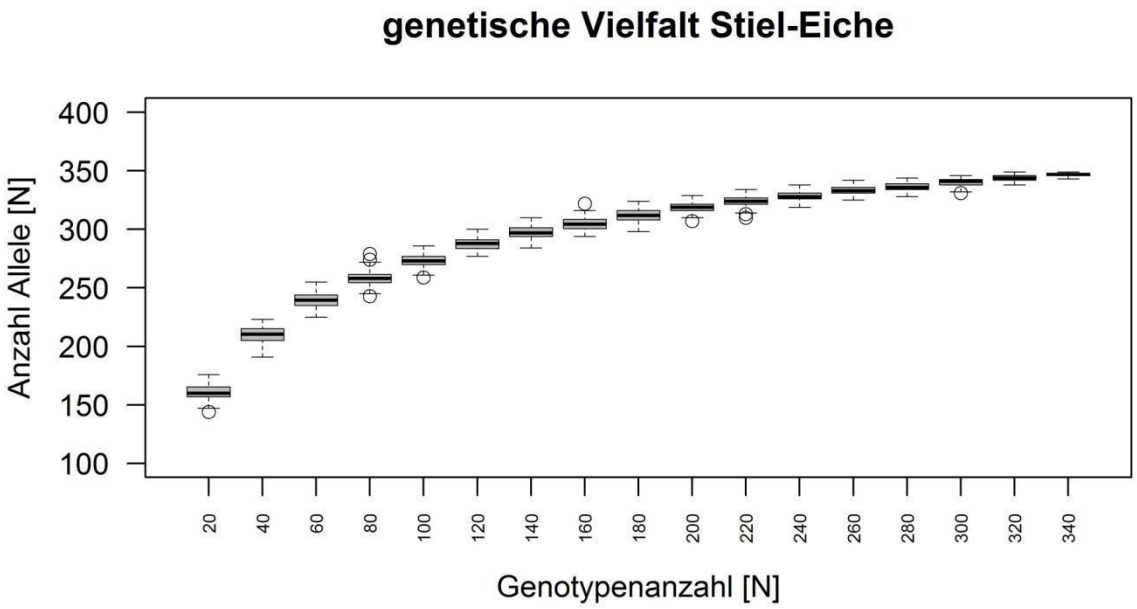

Abbildung 12: Entwicklung der genetischen Vielfalt in Abhängigkeit der verwendeten Genotypenanzahl. Grundlage der Daten sind die im Projekt gesuchten Plusbäume. Die Allelanzahl bei gegebener Genotypenanzahl wurde durch 100 Zufallsziehungen mit Zurücklegen berechnet

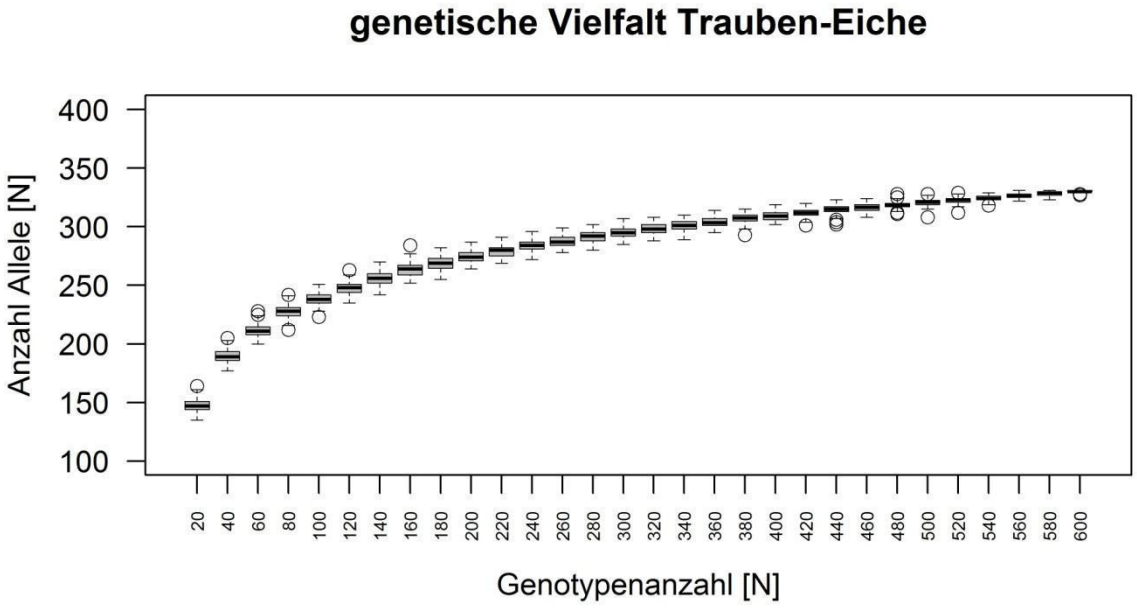

Abbildung 13: Entwicklung der genetischen Vielfalt in Abhängigkeit der verwendeten Genotypenanzahl. Grundlage der Daten sind die im Projekt gesuchten Plusbäume. Die Allelanzahl bei gegebener Genotypenanzahl wurde durch 100 Zufallsziehungen mit Zurücklegen berechnet

6.3 Genetische Diversität der Fichten-Klonprüfungen

Klonprüfungen der NW-FVA wurden hinsichtlich ihrer Eignung zur Umwandlung in Saatguterntebestände überprüft. Hierzu wurden 146 Versuchsflächen in 39 Serien nach Kriterien für die Anlage von Saatguterntebeständen wie beispielsweise Flächengröße, Klonanzahl und Anzahl an Parallelflächen in den Serien evaluiert. Auf der Basis dieser vorausgegangenen Beurteilung erfolgte eine nähere Betrachtung und vollständige statistische Auswertung der vielversprechendsten 82 Flächen in 13 Serien. Anhand dieser Auswertungen konnte die Auswahl weiter auf insgesamt 29 Flächen in 9 Serien eingegrenzt werden. Da einige Versuche aus unterschiedlichen Serien benachbart sind, konnten diese zu Versuchsflächenkomplexen zusammengefasst werden, was die Flächenanzahl auf 22 reduzierte. Diese Versuchsflächenkomplexe waren für die weitere Auswahl von besonderem Interesse, wenn hier vielversprechende Klonkollektive aus unterschiedlichen Serien in räumlich nächster Nähe zueinander vorhanden waren.

Insofern die Versuche nicht bereits für die Plusbaumauswahl rekonstruiert worden waren, wurde dies nachgeholt, um eine Probennahme für genetische Analysen vorzubereiten. Die Beprobung und Analyse sollte der Überprüfung und Verifizierung der Versuchsstruktur dienen und als Ausgang für eine mögliche Umwandlung der Flächen in Saatguterntebestände dienen. Als Gesamtumfang wurde im Voraus eine Beprobung von 2.000 Einzelbäumen geplant. Priorität in der Einzelbaumauswahl hatten hierbei die Klone, die sich in der Serienauswertung bezüglich der Wuchsleistung dem Sämlingsstandard signifikant überlegen gezeigt hatten. Der Sämlingsstandard wurde als Kontrolle ebenfalls beprobt.

Nach der Rekonstruktion und Bereisung der Flächen sowie einer Beurteilung zur Umwandlungseignung vor Ort wurden von insgesamt 1.269 Einzelbäumen auf 7 Flächen in 7 Serien Proben gewonnen. Die Probengewinnung selber erfolgte durch eine hierauf spezialisierte Fachfirma.

Die weitere Verarbeitung und Analyse des Probenmaterials erfolgte im Labor der NW-FVA. Hierzu wurden die Knospen gepuhlt, präpariert, extrahiert und analysiert sowie Rückstellproben zur Qualitätssicherung hinterlegt.

Aufgrund des krankheitsbedingten Ausfalls einer Mitarbeiterin dauert die Analyse des Probenmaterials noch an. Nach Abschluss der DNA-Analyse wird die Verifizierung der Versuchsstruktur vorgenommen und die genetische Diversität der Flächen betrachtet. Hier ist auch von besonderem Interesse inwiefern sich Klonmaterial gleicher Herkunft aus unterschiedlichen Serien und Absteckphasen gleicht.

7. Ausweisung von Verwendungszonen

Neben der Charakterisierung und Identifizierung von Plusbäumen wurde auch die Ausweisung von Verwendungszonen für hochwertiges Vermehrungsgut (als Erweiterung der bisherigen Herkunftsgebiete) mittels klimatisch relevanter Parameter fokussiert (MEIßNER et al. 2015). Der Begriff Verwendungszone wurde im Projektverbund definiert als Großregion, innerhalb der sich eine bestimmte Population einer Baumart aufgrund ihrer klimatischen Anpassung, in Herkunftsversuchen und Nachkommenschaftsprüfungen als besonders zum Anbau geeignet herausgestellt hat. Entsprechend sind Verwendungszonen baumarten-

spezifische Gebiete für die gezielt geeignetes genetisches Material ausgewählt, vegetativ vermehrt und anschließend in Klonarchiven und später in Samenplantagen zusammengestellt werden soll. Um die Verwendungszonen zu berechnen wurden die Daten geeigneter Versuchsserien mit klimatischen Daten in einem Modell verrechnet. Geeignete Versuchsserien enthielten möglichst viele Flächen mit orthogonalem Prüfgliedsatz und Prüfglieder die eine breite Klimaamplitude abdecken.

7.1 Versuchsflächenauswertungen zur Ausweisung der Verwendungszonen bei Fichte

Zur Berechnung der Verwendungszonen für die Baumart Fichte, wurden primär drei Serien mit Provenienzversuchen berücksichtigt (Tabelle 12).

Tabelle 12: Auswahl an Versuchsserien zur Berechnung der Verwendungszonen bei Fichte. PG = Prüfglieder pro Versuchsfläche

Name der Versuchsserie	Anzahl Flächen	Anzahl PG
Internationaler Fichtenprovenienzversuch SBS	8	100
Int. Provenienzversuch IUFRO 1962	4	169
Niedersächsicher Provenienzversuch 1980	3	58

Als am besten geeignet haben sich die Daten des internationalen Fichtenherkunftsversuch von 1962 herausgestellt. Dieser Herkunftsversuch wurde an vier verschieden Versuchsflächenstandorten (Nord-Süd Gradient) in Deutschland angelegt und besitzt einen orthogonalen Prüfgliedsatz von 168 Genotypen deren Ursprung sich über die wichtigsten europäischen Fichtenherkunftsgebiete verteilen. Gleichzeitig enthält er teilweise mit den großen IUFRO-Versuchen von 1968/69 und 1972 überlappende Herkünfte (LIESEBACH et al. 2010). Aus diesen Gründen wurde die Berechnung primär mit diesem Datensatz durchgeführt.

Als statistisches Verfahren wurde die *Multivariate Regression Tree Analysis* (MRT) (DE'ATH 2002) aus dem R-Paket „mvpart" verwendet. Das MRT-Modell kann die Wuchsleistung von Prüfgliedern auf verschiedenen Versuchsflächen durch klimatische Kennwerte des ursprünglichen Standorts des Prüfglieds (Ort der Saatgutgewinnung) erklären. Auf dieser Basis können Gruppierungen der Prüfglieder nach ihren standörtlichen Anpassungen vorgenommen und Zuchtpopulationen für Verwendungszonen zusammengestellt werden (NORDWESTDEUTSCHE FORSTLICHE VERSUCHSANSTALT 2017). Die biologisch relevanten Klimadaten für dieses Rechenmodell stammen aus der ClimateEU Software (Climate EU, v4.63 Softwarepackage, http://tinyurl.com/ClimateEU), welche auf dem *Parameter-elevation Regressions on Independet Slopes Model* (PRISM) (DALY et al. 2008) beruht. Zusätzlich zu den jährlichen und saisonalen Klimadaten der Saatgutregion fließen in die Modelle die Baumhöhendaten auf den Versuchsflächen ein.

Aus der Modellberechung ergeben sich für die Prüfglieder die Variablengrenzen des Breitengrads, der Temperatur sowie des herbstlichen Niederschlages. Die südlichen (Alpenraum) sowie die nördlichen (Skandinavischen) Herkünfte werden durch die Breitengradgrenzen herausgefiltert. Für Deutschland verbleiben ein niederschlagsreicherer Bereich mit einem

herbstlichen Niederschlag ≥ 196,5 mm (orangene Punkte) sowie der Bereich unterhalb dieser Grenze (grüne Punkte), dargestellt in Abbildung 14.

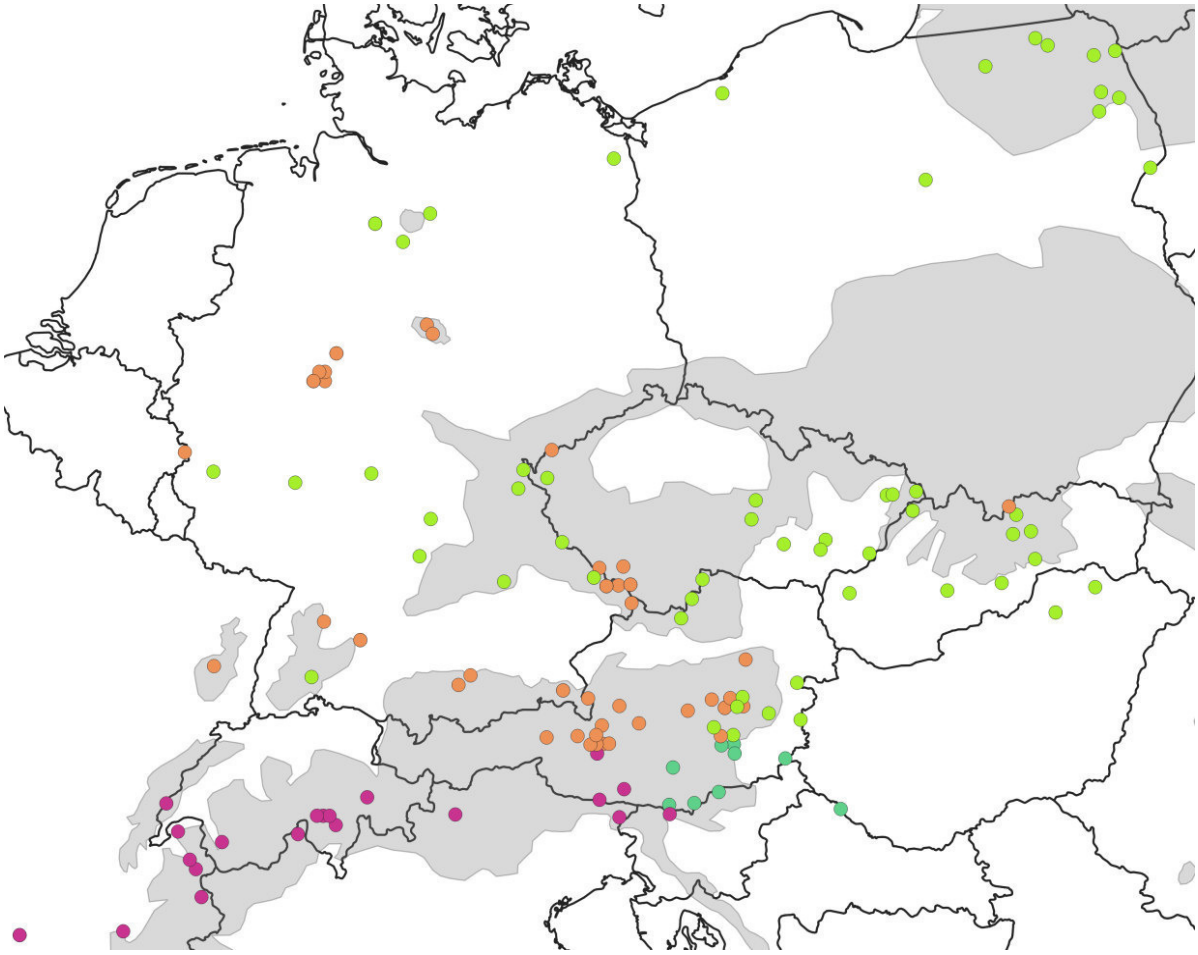

Abbildung 14: Farbige Punkte entsprechen den Einsammlungskoordinaten des Saatgutes. Mittels eines statistischen Modells bestehend aus Klima- und Höhendaten wurden die Bäume in unterschiedliche Cluster gruppiert. Orange Punkte höherer Niederschlag (eher höhere, regenreiche Lagen), grüne Punkte geringere Niederschläge (eher flachere, trockenere Lagen)

Bei weiteren Züchtungsaktivitäten mit den in „FitForClim“ kartierten und vermehrten Plusbäumen empfiehlt sich eine Auswahl nach höheren und mittleren Lagen sowie die Berücksichtigung der Niederschläge in der Vegetationszeit an den Standorten der Bäume. Diese Plusbäume befinden sich schon heute größtenteils außerhalb ihres ursprünglich optimalen Klimabereichs (Jahrestemperatur 6 °C, mittlerer Niederschlag ≥ 550 mm) (Schmidt-Vogt 1977-1991) (siehe Abbildung 15). Die Plusbäume zeigen außerhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebiets und Klimaoptimums eine überdurchschnittliche Leistungsfähigkeit im Vergleich mit anderen Genotypen der Fichte.

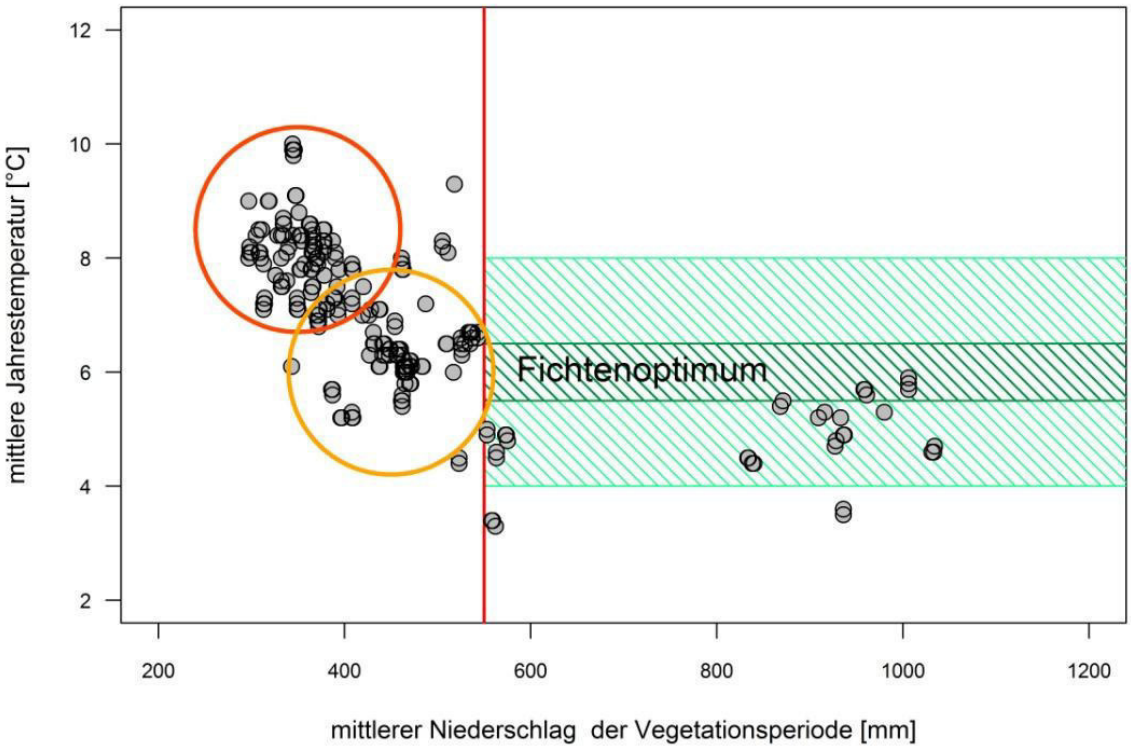

Abbildung 15: Im Projektverbund „FitForClim“ kartierte und vermehrte Plusbäume nach mittlerer Jahrestemperatur (°C) und Niederschlag (mm) in der Vegetationsperiode am Einsammlungsort (HARDTKE et al. 2017)

Klone oder Nachkommen dieser Bäume bieten sich besonders an, um in Zukunft für die Anlage von Samenplantagen oder für physiologische Untersuchungen mit Hinblick den Klimawandel genutzt werden. Insbesondere für die Baumart Fichte sind die Sicherung diese Plusbäume in Klonarchiven von besonderer Bedeutung, da bundesweit viele Bestände der extremen Trockenheit, den Stürmen und der Massenvermehrung des Borkenkäfers im Jahr 2018 erlegen sind. Die vegetative Vermehrung (Pfropfung) dieser besonders leistungsfähigen Bäume im Projekt „FitForClim“ bildet die Grundlage dafür, ihre Genetik für folgende Generationen zur Verfügung zu stellen.

7.2 Versuchsflächenauswertungen zur Ausweisung der Verwendungszonen für Eichen

Nach der Evaluierung und Aufarbeitung der bundesweit verfügbaren Versuchsflächendaten standen zu den Baumarten Stiel- und Trauben-Eiche insgesamt 15 geeignete Flächen in 4 Versuchsserien für die Auswertung zur Plusbaumsuche zur Verfügung (Tabelle 13). Ausgewertet wurde nach Möglichkeit über die gesamte Versuchsserie um möglichst form- und leistungsstarke Generalisten zu identifizieren. Dazu wurden hauptsächlich die Rohdaten der letzten Aufnahme verwendet, um Versuchseigenschaften wie Wiederholungen oder Blöcke zu berücksichtigen. Lagen diese nicht vor, wurden bereits aggregierte Daten der letzten Aufnahme genutzt.

Für die Ausweisung der Verwendungszonen wurden im Vorfeld alle in Frage kommenden Versuchsflächen auf ihre Eignung hin überprüft. Als Auswahlkriterien wurden, wie bei der Baumart Fichte, eine möglichst hohe orthogonale Prüfgliedanzahl und eine weiträumige geografische Verteilung benutzt. Aus dem Gesamtbestand der Versuchsflächen wurden 18 Flächen für die weiteren Berechnungen genutzt (Tabelle 13).

Tabelle 13: Auswahl an Versuchsserien zur Berechnung der Verwendungszonen bei Stiel- und Trauben-Eiche. PG = Prüfglieder pro Versuchsfläche

Name der Versuchsserie	Anzahl Flächen	Anzahl PG
Krahl-Urban	1	50
Internationale Serie Thünen	2	≥31
Französische Trauben-Eiche	9	17
Niedersächsische Trauben-Eiche	3	≥178

Für die Berechnung wurde das statistische Verfahren der „Regression Trees“ benutzt, welches in dem R-Packet „Rpart“ implementiert ist (THERNEAU et. al. 2018). Zusätzlich wurden monatliche und aggregierte Klimadaten der Climate EU Datenbank verwendet.

Trauben-Eiche

Die Auswertungen zeigten, dass sehr viele Flächen nicht für Berechnungen dieser Art geeignet sind, da sich die Modelgüte als unzureichend herausstellte. Lediglich von einer Versuchsfläche konnten die Ergebnisse für die Ausweisung von Verwendungszonen verwendet werden. Das Modell teilt die Prüfglieder unter Berücksichtigung ihrer Wuchsleistung klimatischen Bereiche zu. Nach dem Modell teilt ein Grenzwert von 73,5 mm Niederschlag im Juli Deutschland in trockene und mäßig trockene bis feuchte Gebiete ein. Aufgrund praktischer waldbaulicher Erfahrungen wurde der trockene Bereich Deutschlands nochmals in Ost und West unterteilt. Nach den Ergebnissen werden für die Trauben-Eiche 3 Verwendungszonen ausgewiesen (Abbildung 16):

1. Trauben-Eiche trockenere Gebiete Ostdeutschland (Abbildung 16, lila Kreis),

2. Trauben-Eiche trockenere Gebiete Westdeutschland (Abbildung 16, lila Kreis),

3. Trauben-Eiche mäßig oder feuchtere Gebiete Mitteldeutschland (Abbildung 16, blauer Kreis).

Für die Norddeutsche Tiefebene (bzw. Gebiete mit einer Höhenlage ≤ 87 m ü. NN) und den Süddeutschen Raum werden vorerst keine Verwendungszonen definiert. Zusätzlich wurde für den Klimaparameter ein Pufferbereich ausgewiesen, indem die Verwendung von Material beider Zonen möglich ist (gelber Bereich).

Stiel-Eiche

Für die Norddeutsche Tiefebene wurde eine Verwendungszone Stiel-Eiche ausgewiesen (Abbildung 16, gelber Kreis).

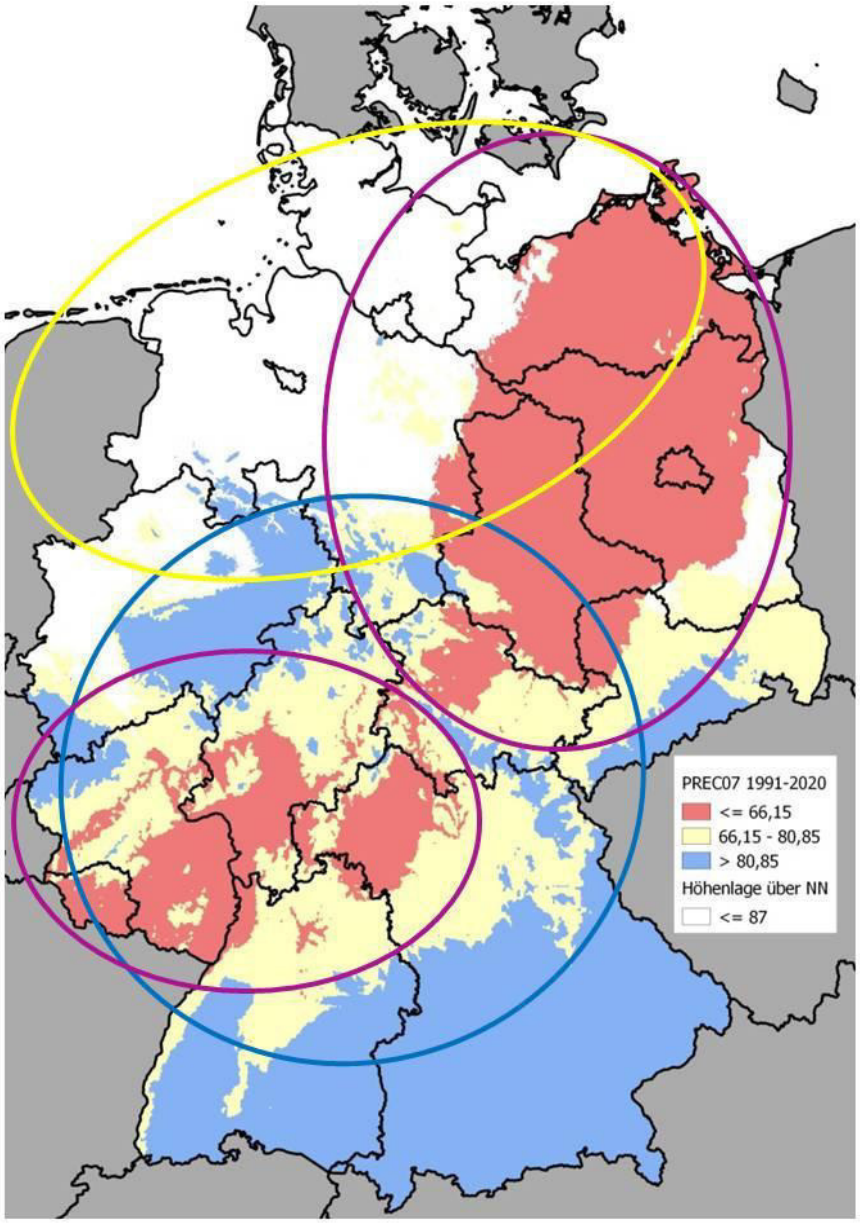

Abbildung 16: Übersicht über die Verwendungszonen für Eichen. Kreis lila = Verwendungszone Trauben-Eiche trocken Ost und West, Kreis blau = Verwendungszone Trauben-Eiche mäßige oder feuchtere Gebiete Mitteldeutschland, Kreis gelb = Verwendungszone Stiel-Eiche Norddeutsche Tiefebene

Es empfiehlt sich, diese Verwendungszonen für alle Baumarten langfristig dynamisch anzupassen, sei es durch Anpassung ihre Lage und Ausdehnung hinsichtlich des prognostizierten Klimawandels oder aufgrund der Entwicklung in neu anzulegenden Vergleichstests und darauf aufbauenden Modellrechnungen.

8. Behandlungs- und Bewirtschaftungskonzept für Eichen

Aktuell wird der Bedarf an Eichensaatgut primär über die Beerntung von zugelassenen Erntebeständen gedeckt. Samenplantagen, die höherwertiges Saatgut liefern, tragen nur zu einem geringen Umfang zur Saatgutversorgung bei. Die Versorgungssituation kann durch den Aufbau neuer Samenplantagen erst mittel- bis langfristig verbessert werden. Daher wurde nach Möglichkeiten gesucht, wie die Versorgung an hochwertigem Vermehrungsgut auch kurzfristig verbessert werden kann. Eine umfangreiche Literaturrecherche ergab, dass bei der Saatguternte besonderes Augenmerk auf der Auswahl der Samenbäume liegen muss. Einige Fachleute empfehlen daher die Saatguternte auf die besten Individuen eines Bestandes zu beschränken (CIESELAR 1923, BURGER 1944, KRAHL-URBAN 1955). In einem Beitrag werden auch weiterführende Maßnahmen aufgelistet, wie Saatguterntebestände zu behandeln wären, um eine Qualitätssteigerung zu erzielen (SCHÖNBACH 1952). Das Behandlungs- und Bewirtschaftungskonzept im Projekt „FitForClim“ sieht daher vor, Saatgut ausschließlich von phänotypisch guten Bäumen zu ernten und die Saatgutbestände zusätzlich waldbaulich zu behandeln, um die genetische Qualität des Saatgutes zu verbessern.

8.1 Vererbbarkeit phänotypischer Merkmale

Der Phänotyp eines Baumes wird von der Umwelt und seinen Erbkonstitutionen beeinflusst (ROHMEDER und SCHÖNBACH 1959). Die Umwelt eines Baumes kann über waldbauliche Maßnahmen beeinflusst werden, während auf die überwiegend genetisch kontrollierten Merkmale kein Einfluss genommen werden kann. Im Folgenden werden die genetischen Anteile der Klassifizierungsmerkmale aufgelistet.

Durchmesserwachstum:

Das Durchmesserwachstum wird zu 20 % von genetischen Faktoren bestimmt (GEBUREK 2004, NANSON 2001). In einer Untersuchung über die jährliche Jahrringbreite konnten bei Eichenpfropflingen Erblichkeiten von bis zu 25 % berechnet werden (NEPVEU 1984).

Höhenwachstum:

Schon früh zeigten sich Tendenzen, die auf eine genetische Veranlagung hinwiesen. In einem Stiel-Eichen Provenienzversuch zeigten Nachkommen von schnell wachsenden Müttern ebenfalls ein schnelles Wachstum, wenn sich das Anbauklima dem Herkunftsklima ähnelte (Cieslar 1923). Aktuell wird der Anteil der Genetik am Höhenwachstum auf ca. 20 bis 30 % geschätzt (GEBUREK 2004, NANSON 2001). In neueren Provenienzversuchen und Nachkommenschaftsprüfungen von Plusbäumen konnten Erblichkeiten von 50 bis 80 % ermittelt werden (BOGDAN et al. 2003, BOGDAN et al. 2017).

Geradschaftigkeit:

Bereits Anfang des 20. Jahrhunderts reifte bei einigen Forstwissenschaftlern die Erkenntnis, dass die Geradschaftigkeit auch von inneren Faktoren bestimmt wird (MAYR 1909). Neuere Untersuchungen belegen, dass Geradschaftigkeit bis zu 60 % von Erbfaktoren beeinflusst wird (GEBUREK 2004). In Nachkommenschaftsprüfungen konnten Erblichkeiten von 59 bis 95 % nachgewiesen werden (JENSEN et al. 1997, JENSEN 2000).

Zwieselwuchs und Steilastigkeit:

Ältere Untersuchungen deuteten schon darauf hin, dass die Zweig-, Ast- und Kronenbildung einer genetischen Kontrolle unterliegt (KRAHL-URBAN 1952, KRAHL-URBAN 1953a) Neuere

Isoenzymanalysen konnten eindeutige Familienstrukturen zwischen zwieseligen Altbäumen und der Verjüngung aufdecken (HOSIUS et al. 2003). Als besonderes Beispiel für die Vererbbarkeit des Aststellungswinkels kann die Pyramiden-Eiche angeführt werden (IRGENS-MOLLER 1955).

Drehwuchs:

In Beständen, die aus Naturverjüngung hervorgegangen sind, konnten drehwüchsige Individuen in Gruppen und Trupps nachgewiesen werden (Krahl Urban 1953b). Neuere Untersuchungen belegen, dass der Drehwuchs mit bis zu 60 % durch genetischen Faktoren beeinflusst wird (GEBUREK 2004). Einzelne Fallstudien belegen eine Erblichkeit von bis zu 70 % (TEISSIER DU CROS et al. 1988, NANSON 2001).

Wasserreiser:

Waldwachstumsversuche zeigen, dass neben waldbauliche auch genetische Komponenten für das Auftreten von Wasserreisern verantwortlich sind (WARD 1966, SPELLMANN 1985, NAGEL 2006). In Untersuchungen zu Wasserreiserbildung konnten Erblichkeiten von 38 bis 80 % ermittelt werden (HUBERT UND SAVILL 1999, JENSEN 2000).

8.2 Einrichtung der Testbestände und Einteilung in Qualitätsklassen

In den Jahren 2014 und 2015 wurden in 5 Saatguterntebeständen Testbestände eingerichtet, um die erarbeiteten Beerntungs- und Behandlungsvarianten zu evaluieren (Abbildung 17).

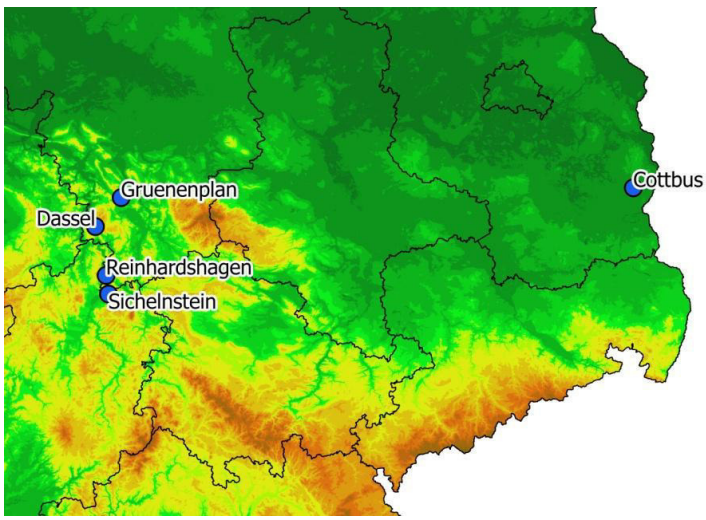

Abbildung 17: Geographische Lage der Saatguterntebestände in denen Testflächen für das Saatguterntekonzept angelegt wurden

Die Bestände unterteilen sich in Stiel- und Trauben-Eichenbestände, sind unterschiedlich alt und weisen unterschiedlich hohe Mischungsanteile anderer Baumarten auf. Innerhalb der Testbestände (Flächengröße 1,5 bis 3,0 ha) wurden alle Eichen aufgenommen und ihre Positionen exakt bestimmt. Zusätzlich wurden Wuchs- und Formparameter wie BHD, Baumhöhe, Vitalität, Geradschaftigkeit, Zwieselwuchs, Steilastbildung, Drehwuchs, Rosen und Wasserreiser aufgenommen. Anschließend wurden die Bäume anhand dieser Parame-

ter klassifiziert um ihre Eignung als Samenspender zu ermitteln. Die Abbildung 18 illustriert das Klassifikationsverfahren und Abbildung 19 zeigt beispielhaft Individuen der Qualitätsstufen. Mit Hilfe der Klassifizierung kann die phänotypische Ausstattung der Testbestände detailliert dargestellt werden.

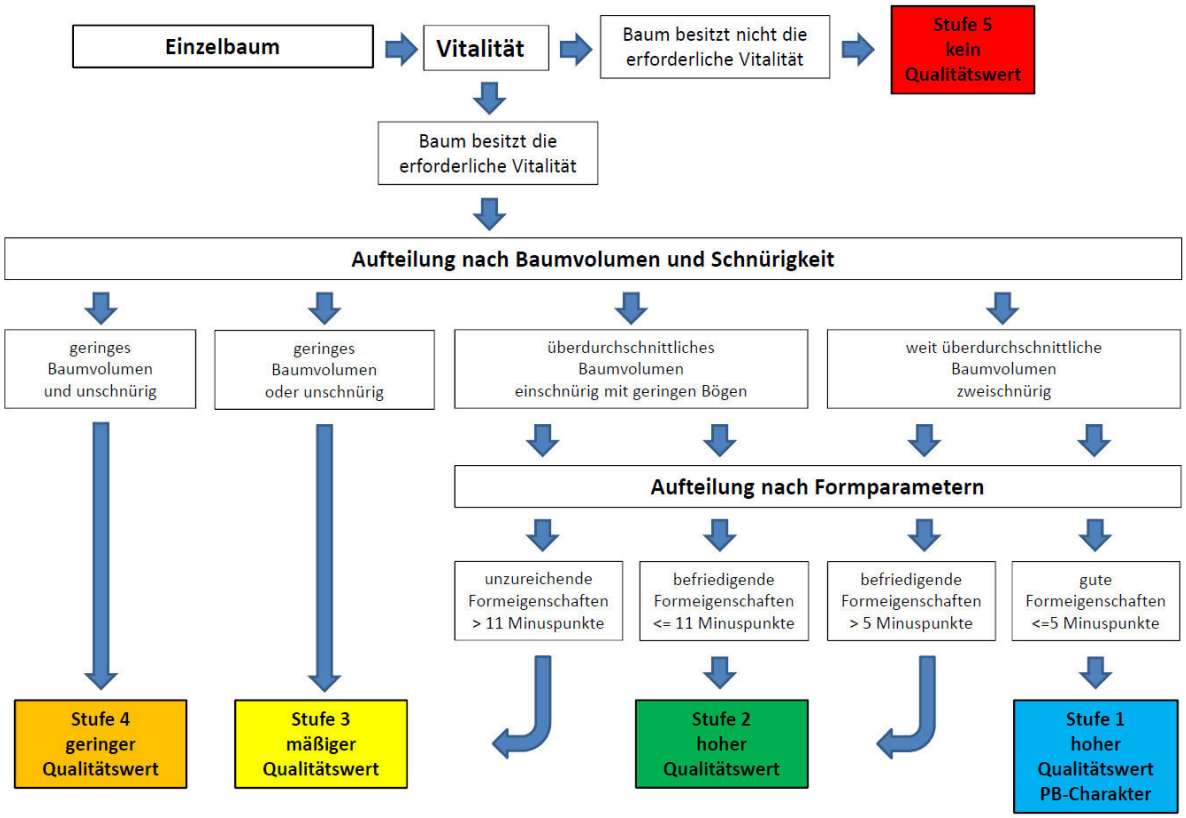

Abbildung 18: Klassifizierungsschema für die Ei der Testbestände aus HARDTKE et al. 2016a

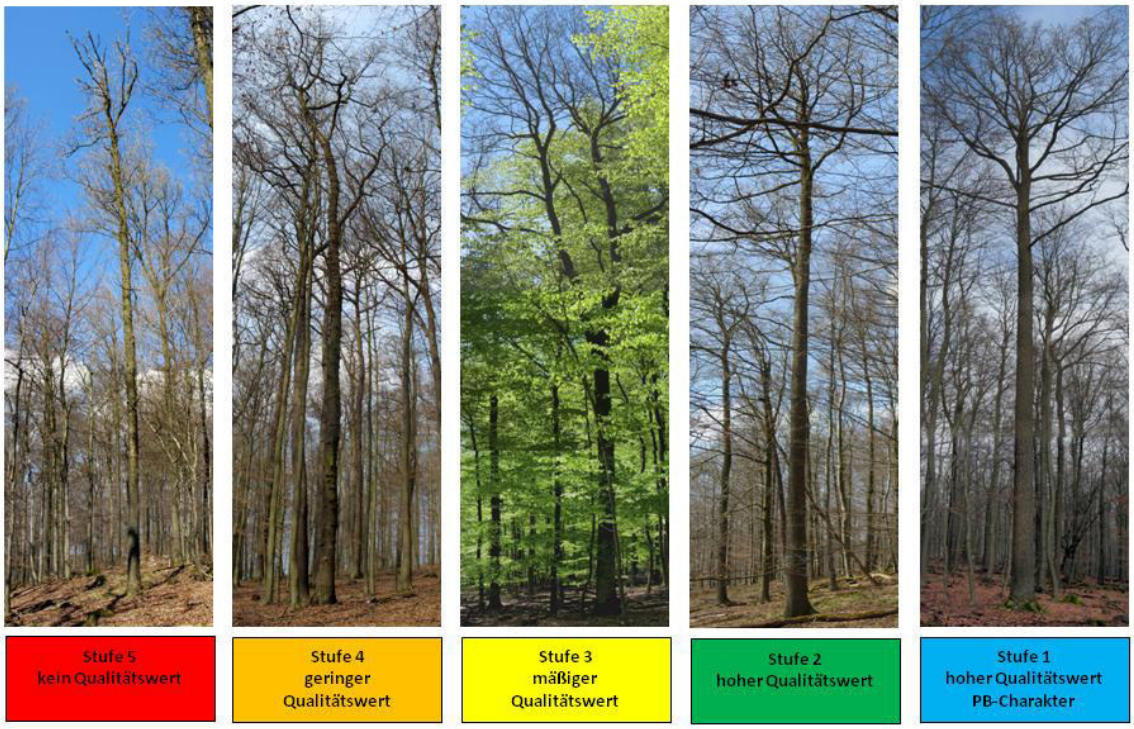

Abbildung 19 Beispiel der Baumklassifizierung aus HARDTKE et al. 2016a

8.3 Phänotypische Ausstattung der Testbestände

Je nach Testbestand wurden 140 bis 322 Bäume aufgemessen und klassifiziert. Die Klassifizierung zeigt eine große phänotypische Variation in den Saatguterntebeständen. Entsprechend sind für die Saatguternte 2 % bis 7 % der Bäume mit Qualitätswert „sehr hoch“ und 10 % bis 22 % mit „hoch“ für die Saatgutproduktion geeignet (Tabelle 14). Die Klassifizierung zeigt aber auch, dass selbst in Saatguterntebeständen ein hoher Anteil an Bäumen (bis 39 %) nicht für die Saatgutproduktion geeignet ist. Eine Beschränkung der Beerntung auf phänotypisch guten Individuen zur Steigerung der genetischen Saatgutqualität scheint daher notwendig zu sein.

Tabelle 14: Ergebnisse der Klassifizierung. Angegeben sind die prozentualen Anteile der Qualitätsklasse

Qualitätsstufe	Cottbus N = 280	Reinhardshagen N = 322	Dassel N = 229	Grünenplan N = 177	Sichelnstein N = 140
1 - sehr hoch	3	7	3	2	2
2 - hoch	18	22	18	10	18
3 - mäßig	55	43	49	48	39
4 - gering	19	25	27	30	39
5 - kein	6	3	3	10	2

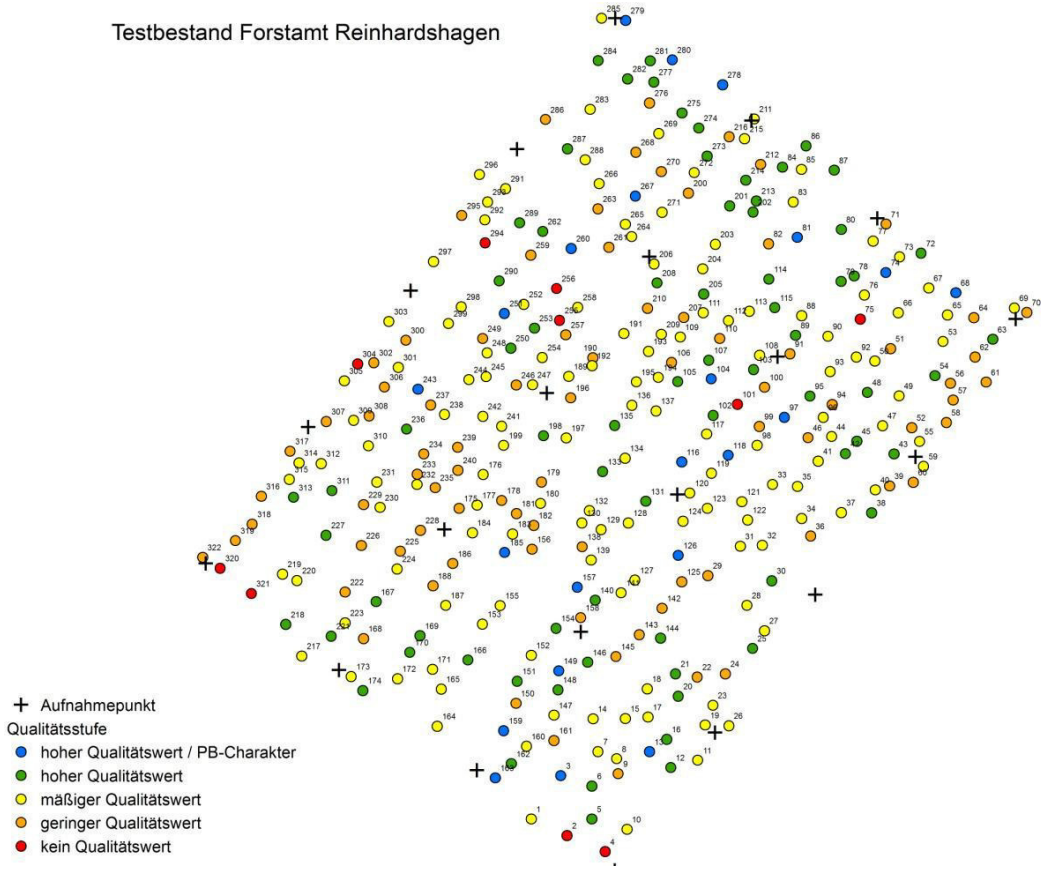

Abbildung 20: Lageplan der klassifizierten Eichen im Testbestand Reinhardshagen

Behandlungsvarianten der Saatguterntebestände

Mit dem Ziel die genetische Qualität des einzelbaumweise zu beerntenden Saatgutes zu verbessern, wurden theoretische Beerntungs- und Behandlungsvarianten mit unterschiedlicher Eingriffsstärke erarbeitet, um den Handlungsspielraum in den Saatguterntebeständen darzustellen:

Variante 1: Einzelbaumweise Beerntung der phänotypisch besten Bäume. Saatgut wird nur unter den vorher ausgewählten Individuen gesammelt. Ein Fremdsameneintrag durch andere Bäume wird beim Einsammeln toleriert.

Variante 2: Wie 1. Variante, aber ein Fremdsameneintrag durch andere Bäume wird beim Einsammeln nicht toleriert. Erntebäume werden soweit frei gestellt, dass der Fremdsameneintrag möglichst stark reduziert wird.

Variante 3: Wie 2. Variante, aber zusätzlich soll auf die Pollenwolke Einfluss genommen werden. Hierfür werden die schlechtesten Bestandesmitglieder (Qualitätsstufe 4 und 5) entfernt.

Variante 4: Wie 3. Stufe, aber bis auf die Erntebäume werden alle anderen Individuen des Bestandes entfernt.

Leistungsgewinn der Beerntungs- und Behandlungsvarianten

Um die Qualitätssteigerungen der Behandlungsvarianten zu verdeutlichen, wurde ein Qualitätsmodell entwickelt. Zusätzlich wurden Untervarianten formuliert bei denen entweder nur die Qualitätsklasse 1 (1.2, 2.2, 4.2 und 4.3) oder die Klassen 1 und 2 (2.1, 3.1 und 4.1) beerntet werden(Tabelle 15).

Den Qualitätsklassen wurden Leistungszahlen zugeordnet, die sich aus der Literatur ergaben (KLEINSCHMIT et al. 1975, VIDAKOVIC et al. 2000) und darüber eine prozentuale Qualitätsveränderung des Saatgutes berechnet. Demnach verbessert sich die Qualität des Saatgutes bei ausschließlicher Beerntung der Klasse 1 Bäume um 10 %, bei Klasse 2 um 5 % und bei Klasse 3 Bäumen um 0 %. Bei der Beerntung der Klasse 4 Bäume wird eine Qualitätsverschlechterung des Saatgutes um 5 % erwartet. Bäume der Klasse 5 bleiben aufgrund ihrer mangelnden Vitalität und unzureichender Fruktifikation unberücksichtigt.

Tabelle 15: Beteiligung der verschiedenen Qualitätsstufen im Altbestand an der Saatgutproduktion bei verschiedenen Behandlungsvarianten nach (HARDTKE et al. 2016b). Die Untervarianten unterscheiden ich hinsichtlich der zu beernteten Qualitätsklassen. Die Klammern symbolisieren den unbekannten Fremdsamenanteil benachbarter Bäume

Variante	mütterlicher Beitrag	väterlicher Beitrag
0	1,2,3,4	1,2,3,4
1.1	1,2,(3,4)	1,2,3,4
1.2	1,(2,3,4)	1,2,3,4
2.1	1,2	1,2,3,4
2.2	1	1,2,3,4
3.1	1,2	1,2,3
3.2	1	1,2,3
4.1	1,2	1,2
4.2	1	1,2
4.3	1	1

Der Leistungsgewinn einer Variante setzt sich aus dem halben Mittelwert der Leistungszahlen der jeweils beteiligten Mütter und Väterkollektive zusammen (Tabelle 16). Die Werte in den Klammern symbolisieren den unbekannten Beitrag der benachbarten Bäume.

Eine flächige Beerntung lässt Saatgut in Qualität der Ausgangsbestände erwarten. Die Abweichungen von Null sind dem Klassifikationsschema geschuldet. Eine Einzelbaumbeerntung hingegen steigert die Qualität. Am deutlichsten zeigt sich dies bei der alleinigen Beerntung von Bäumen der Klasse 1. Die Varianten bei denen zusätzlich die schlechtesten Vererber aus den Beständen entfernt werden steigern die Qualität nur gering. Erst ab der Variante 4.1 sind mit stärkeren waldbaulichen Eingriffen nochmals nennenswerte Zugewinne möglich.

Tabelle 16: Übersicht über den Leistungsgewinn (in %) der einzelnen Beerntungs- und Behandlungsvarianten in den 5 Testbeständen. Das X markiert den nicht bekannten Beitrag durch Fremdsamen. Verändert nach HARDTKE et al. 2016b

Variante	Cottbus	Dassel	Grünenplan	Reinhardshagen	Sichelnstein
0	0,30	-0,20	-0,88	0,54	-0,84
1.1	3,03-X	2,72-X	2,54-X	3,36-X	2,35-X
1.2	5,15-X	4,90-X	4,56-X	5,27-X	4,58-X
2.1	3,68	3,22	2,61	3,98	2,65
2.2	5,16	4,89	4,53	5,32	4,50
3.1	4,38	4,24	3,67	4,86	4,32
3.2	5,86	5,80	5,56	6,28	5,84
4.1	5,76	5,64	5,96	6,18	5,54
4.2	7,91	8,03	8,00	8,22	7,83
4.3	10,00	10,00	10,00	10,00	10,00

8.4 Auswirkungen einer selektiven Beerntung auf die Genetik des Saatgutes

In den Jahren 2016 und 2017 wurden alle Testbestände genetisch inventarisiert. Dazu wurden mit einem Locheisen Kambiumproben am Stammfuß des Baumes gewonnen. Die DNA-Extraktion erfolgte in abgewandelter Form nach dem Protokoll, welches am Laboratoire de génétique et d`amélioriation des arbes forstieres (INRA) entwickelt wurde (DUMOLIN et al. 1995). Für die genetischen Analysen wurden 2 Markersets mit jeweils 4 Mikrosatellitenmarkern verwendet (siehe Tabelle 17).

Tabelle 17: Loci der verwendeten Markersätze aus (LEPAIS et al. 2006)

Markersatz	Loci	Fragmentlängenbereich
1	QrZAG11	242-286
	QrZAG96	137-179
	QrZAG112	72-106
	QrZAG110	193-235
2	QrZAG5b	217-263
	QrZAG20	155-195
	QrZAG65	249-306
	QrZAG87	101-141

Zuerst wurden die Daten dafür genutzt, die Artzugehörigkeit der Einzelindividuen zu klären. Dafür wurde das Programm STRUCTURE Version 2.3.4 (Pritchard et al. 2000) genutzt. Zusätzlich wurde anhand der Daten überprüft, ob innerhalb der Bestände Arthybride anzutreffen sind. Dazu wurde der Software die Möglichkeit gegeben, die einzelnen Individuen in bis zu vier Gruppen zu unterteilen (K=1 bis K=4). Für jede Gruppenanzahl wurden 15 Berechnungen durchgeführt. Anschließend wurden nach dem Verfahren von EVANNO et al. (2005) die Anzahl an Subpopulationen bestimmt, die am wahrscheinlichsten ist. Dafür wurde das Programm STRUCTURE Harvester verwendet (EARL und VON HOLDT 2012).

Die Modelle mit der Aufteilung in 2 Subpopulationen zeigen bei allen Beständen die beste Anpassung (Tabelle 18). Die Bäume werden folglich in Stiel- und Trauben-Eiche unterteilt. Die genetischen Strukturen rechtfertigen nicht die Ausweisung einer dritten Subpopulation (Hybride).

Tabelle 18: Ergebnisse der Analyse mit dem Programm „STRUCTURE Harvester"; K = Anzahl der Subpopulationen

Bestand	K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	Ln´(K)	|Ln"(K)|	Delta K
Cottbus	1	-20011,98	1,35			
	2	-18865,80	3,18	1146,18	951,91	298,93
	3	-18671,53	6,19	194,27	88,58	14,30
	4	-18565,83	27,41	105,69		
Dassel	1	-18004,28	1,18			
	2	-17197,37	2,73	806,91	768,22	281,04
	3	-17158,69	23,64	38,69	380,61	16,10
	4	-17500,61	322,34	-341,93		
Grünenplan	1	-16231,88	0,74			
	2	-15261,22	1,26	970,66	890,69	707,57
	3	-15181,25	9,84	79,97	51,51	5,23
	4	-15049,76	41,54	131,49		
Reinhardshagen	1	-21402,56	1,40			
	2	-20579,04	2,13	823,52	701,65	329,52
	3	-20457,17	14,72	121,87	356,55	24,22
	4	-20691,86	176,01	-234,69		
Sichelnstein	1	-13937,63	0,77			
	2	-13115,17	1,71	822,46	666,84	388,85
	3	-12959,55	4,15	155,62	147,66	35,56
	4	-12951,59	328,26	7,96		

Die STRUCTURE Analysen zeigen, dass die Testbestände in Cottbus, Dassel, Reinhardshagen und Sichelnstein als Artrein bezeichnet werden können. Hier sind lediglich drei bis fünf Individuen der anderen Art anzutreffen. Anders verhält es sich mit dem Bestand in Grünenplan. Hier können von 176 Bäumen 58 der Stiel-Eiche zugeordnet werden (siehe Abbildung 21). Die Ergebnisse in Grünenplan wurden durch eine zusätzlich okulare Ansprache der Bäume bestätigt. Für die folgenden Berechnungen werden die Individuen der jeweils anderen Art ausgeschlossen. Der Testbestand in Grünenplan wird in einen Stiel- und Trauben-Eichen Bestand unterteilt.

Abbildung 21: Ergebnisse der STRUCTURE Analyse für den Bestand in Grünenplan; grün = Anteil posteriore Wahrscheinlichkeit Stiel-Eiche, rot = Anteil posteriore Wahrscheinlichkeit Trauben-Eiche

Mit den artbereinigten Datensätzen wurden die für das Konzept notwendigen Berechnungen durchgeführt. Betrachtet werden die genetische Vielfalt (AO) und die Diversität (Anzahl der efektiven Allele AE) Dafür wurde das Programm GSED Version 3.0 verwendet (Gillet 2010). Eine Gegenüberstellung der genannten Variationsparameter zeigt die genetische Ausstattung der einzelnen Testbestände (Tabelle 19).

Tabelle 19: Variationsmaße der Testbestände auf Genpoolebene; N = Anzahl berücksichtigter Individuen, A_O = gentische Vielfalt, A_E = genetische Diversität

Baumart	Testbestand	N	A_O	A_E
Stiel-Eiche	Dassel	220	224	5,44
Stiel-Eiche	Grünenplan	58	161	5,47
Stiel-Eiche	Reinhardshagen	316	235	5,12
Trauben-Eiche	Cottbus	277	174	5,58
Trauben-Eiche	Grünenplan	118	174	5,42
Trauben-Eiche	Sichelnstein	140	159	5,32

Mit Ausnahme des Testbestandes Grünenplan (Stiel-Eiche) weisen größere Bestände eine höhere genetische Vielfalt auf. Die genetische Diversität liegt bei allen Kollektiven auf annähernd gleichem Niveau.

In den Tabellen 20 und 21 sind die Ergebnisse für die einzelnen Bestände getrennt nach Qualitätsstufen aufgelistet. Die Klassifizierung bewirkt eine deutliche Verringerung der genetischen Vielfalt, die im direkten Zusammenhang mit der Gruppengröße steht. Die genetische Diversität wird nur in den Fällen merklich verringert, in denen die Gruppengröße sehr klein ist. Der Zusammenhang wird ersichtlich, wenn die Bäume aller Bestände einer Klasse zusammengefasst werden (Population 4). Hier zeigen sich dann nur noch geringe Unterschiede bei der Diversität. Die Vielfalt steigt ebenfalls mit der höheren Individuenanzahl. Sollen bei einer Einzelbaumbeerntung 50 % der vorhandenen Allele über die mütterliche Seite erfasst werden müssen bei der Stiel-Eiche ca. 28 Bäume und bei der Trauben-Eiche ca. 15 Bäume beerntet werden. Wir schätzen daher, dass mindestens 30 Bäume für eine genetisch nachhaltige Ernte beerntet werden müssen. Eine frühere Studie zur Etablierung einer Standardmethode zur genetisch nachhaltigen Ernte von forstlichem Vermehrungsgut kommt zu ähnlichen Ergebnissen (Degen et al. 2012).
Die hier getroffenen Aussagen beruhen auf theoretischen Annahmen. Schlussendlich können nur Saatguternten in den Testbeständen Klarheit liefern. Daher wurden in 2 der Testbestände (Dassel und Reinhardshagen) selektive und flächige Beerntungen an 2 Unterschiedlichen Terminen durchgeführt. Aufgrund des krankheitsbedingten Ausfalls einer Mitarbeiterin dauert die Analyse des Probenmaterials noch an. Die Ergebnisse werden zu einem späteren Zeitpunkt angemessen publiziert.

Tabelle 20: Variationsmaße auf Genpoolebene getrennt nach Beständen und Qualitätsstufen; K = Qualitätsstufe, Pop 1 = Stiel-Eiche Dassel, Pop 2 = Stiel-Eiche Grünenplan, Pop 3 = Stiel-Eiche Reinhardshagen, Pop 4 = alle Bestände zusammen, N = Anzahl Individuen Qualitätsstufe, A_O = genetische Vielfalt, A_E = genetische Diversität

K	Pop	N	A_O	A_E	Pop	N	A_O	A_E
1	1	5	49	4,19	3	1	14	1,60
2		39	136	4,97		6	63	4,11
3		108	200	5,46		30	125	5,64
4		61	165	5,21		16	101	4,77
5		7	62	4,16		5	46	3,48
1	2	22	103	4,52	4	28	119	5,41
2		68	164	4,70		113	198	4,92
3		137	194	5,25		275	242	5,50
4		79	177	5,05		156	214	5,27
5		10	77	4,05		22	117	4,62

Tabelle 21: Variationsmaße auf Genpoolebene getrennt nach Beständen und Qualitätsstufen; K = Qualitätsstufe, Pop 1 = Trauben-Eiche Cottbus, Pop 2 = Trauben-Eiche Grünenplan, Pop 3 = Trauben-Eiche Sichelnstein, Pop 4 = alle Bestände zusammen, N = Anzahl Individuen Qualitätsstufe, A_O = genetische Vielfalt, A_E = genetische Diversität

K	Pop	N	A_O	A_E	Pop	N	A_O	A_E
1	1	9	65	4,34	3	3	35	3,60
2		49	127	5,24		11	77	4,65
3		151	162	5,71		56	150	5,26
4		52	124	5,17		37	120	5,01
5		16	93	4,63		11	78	4,64
1	2	3	34	3,00	4	15	89	4,94
2		21	98	4,76		81	151	5,40
3		49	136	5,26		256	191	5,74
4		45	131	5,16		134	169	5,41
5		2	22	2,29		29	117	5,09

8.5 Ermittlung des Fremdsameneintrags

Um abzuschätzen, wie hoch der Anteil des Fremdsameneintrags bei der einzelbaumweisen Beerntung ist, fanden in 2 Testbeständen (Grünenplan und Cottbus) systematische Eichelernten statt. An 20 Linientransekten wurden zwischen 2 Bäumen in definierten Abständen Eicheln gesammelt und ihre exakte Position gemessen. Aus insgesamt 1.316 Eicheln wurden genetische Proben extrahiert und die Genetik ermittelt. Mit dem Programm CERVUS Version 3.0.7 (MARSHALL et al. 1998, KALINOWSKI et al. 2007) wurde die jeweilige Zugehörigkeit der Eichel zum Mutterbaum bestimmt. Die Ergebnisse zeigen, dass unter dem Kronentrauf des jeweiligen Erntebaumes ein erheblicher Anteil von Samen benachbarter Bäume zu finden ist (Abbildung 22, links und rechts). Auch konnte Samenverbreitung über weite Distanzen festgestellt werden (Abbildung 22, Mitte). Eine Freistellung der Samenbäume scheint nach den Ergebnissen erforderlich zu sein.

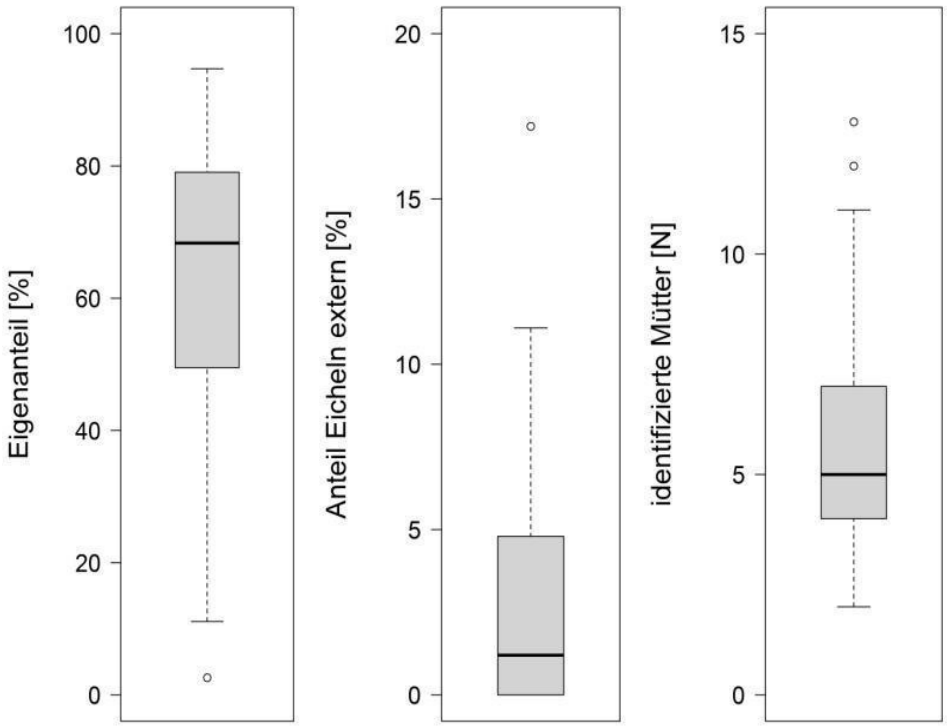

Abbildung 22: Aggregierte Ergebnisse der Elternschaftsanalysen (mütterliche Seite). Links: Anteil der Eicheln des Zielbaumes unter dem Kronentrauf des Zielbaumes. Mitte: Anteil der Eicheln unter dem Kronentrauf des Zielbaumes die keiner Mutter des Bestandes zugeordnet werden konnten. Rechts: Anteil der Identifizierten Mütter unter dem Kronentrauf des Zielbaumes

Mit Hilfe einer logistischen Regression wurden die Ergebnisse der Elternschaftsanalyse verwendet, um den Mindestabstand zu ermitteln, wie weit ein Baum frei gestellt werden muss, um einen Fremdsameneintrag bei der Ernte zu vermeiden. Hierfür wurden lediglich die Eicheln eines Transektes verwendet, die entweder zum Ziel oder zum direkten Nachbarbaum gehören. Mit Hilfe der logistischen Regressionen konnten Eintrittswahrscheinlichkeiten für den Fund von Eicheln vom Samenbaum berechnet werden. Diese nehmen bis zum Kronentrauf erheblich ab (Abbildung 23). Mit einer Optimierungsfunktion wurden anschließend der Nachbarbaum und damit seine Eicheln soweit verschoben, bis die geforderte Reinheit von 95% erreicht wird. Im Mittel muss der Mindestabstand vom Kronentrauf des Erntebaumes zum Nachbarbaum 3,5 m betragen. Näher stehende Bäume sollten entfernt werden.

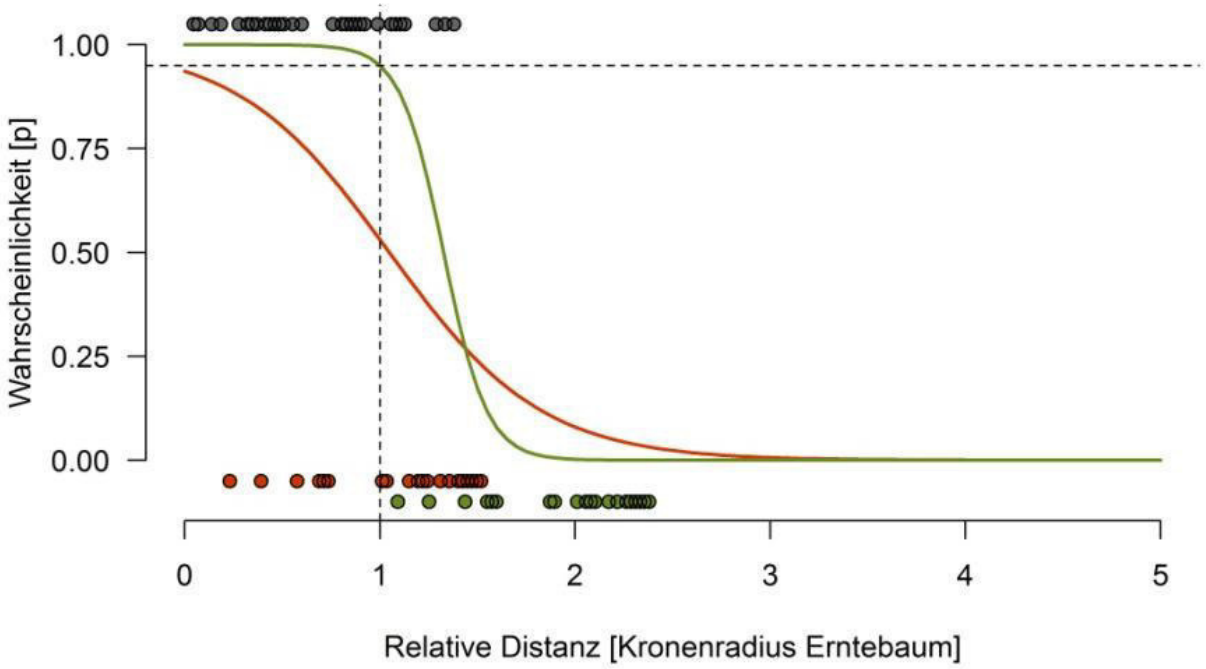

Abbildung 23: Ergebnisse einer logistischen Regression. Graue Punkte = Eicheln Erntebaum; rote Punkte = Eicheln Nachbarbaum vor Optimierung; rote Linie = Wahrscheinlichkeit der Eichelzugehörigkeit des Erntebaumes in Relation zum Kronenradius vor der Optimierung; grüne Punkte = Eicheln Nachbarbaum nach Optimierung; grüne Linie = Wahrscheinlichkeit der Eichelzugehörigkeit nach der Optimierung. Hier werden am Kronentrauf, relative Distanz = 1 (graue senkrechte Linie) 95 % Saatgutreinheit erreicht (graue waagerechte Linie)

Bestäubungsverhältnisse innerhalb der Testbestände

In den Behandlungsvarianten 3 und 4 ist eine Einflussnahme auf die Pollenwolke im Bestand inbegriffen, daher sind hier die Bestäubungsdistanzen zusätzlich von besonderer Bedeutung. Daher wurde von jeder Eichel aus dem Fremdsamenversuch ebenfalls der Vater (Pollenspender) bestimmt und die Distanz vom Mutterbaum zum Vaterbaum ermittelt (Abbildung 24).Hierfür wurde ebenfalls das Progra mm CERVUS verwendet. Die Zuordnung der Eicheln zu den Pollenspendern hat gezeigt, dass ein erheblicher Pollenanteil (50 %) von außerhalb der Testbestände eingetragen wird. Von den Pollenspendern die identifiziert werden konnten, sind lediglich 50 % näher als 30 m von der Mutter entfernt. Die verbleibenden Väter im Bestand sind bis zu 140 m von der Mutter entfernt. Das bedeutet, dass die Entnahme schlechter Vererber besonders in kleinen Beständen nicht zielführend ist. Über den Polleneintrag von außen könnten selbst nach dem Umbau große Mengen Pollen schlecht veranlagter Bäume gelangen. Nur in sehr großen Beständen kann in einer Kernzone mit einer Bestäubung durch ausschließlich erwünschte Individuen gerechnet werden. Nur hier darf dann auch geerntet werden.

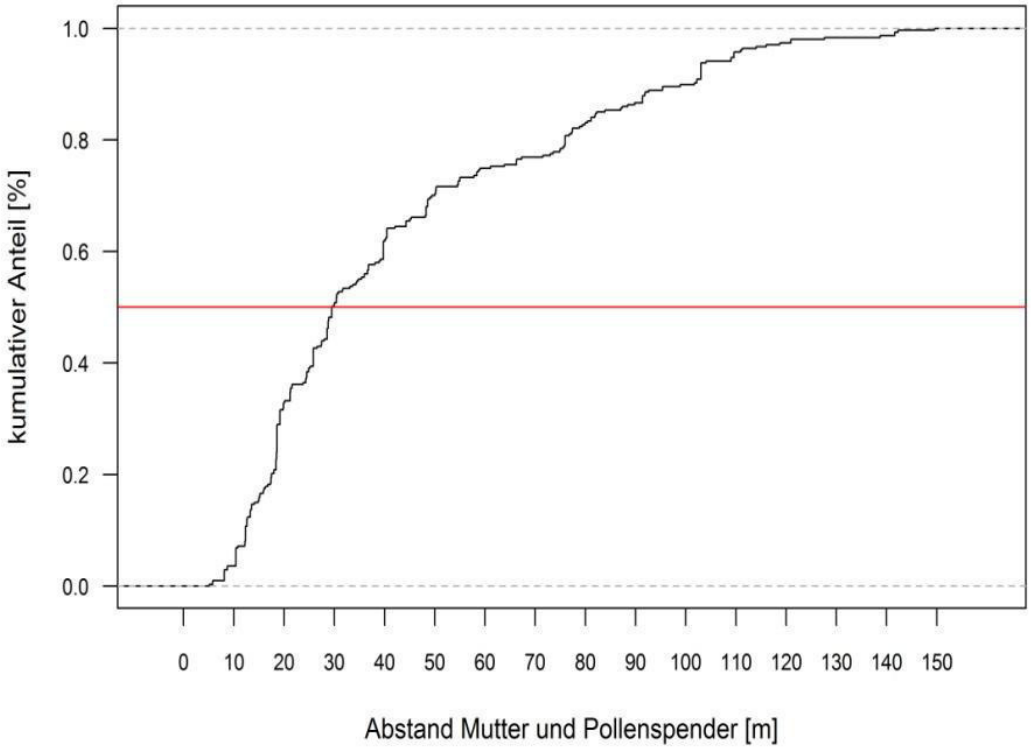

Abbildung 24: Empirische kumulative Verteilungsfunktion der Distanzen zwischen Mutter und Pollenspender im Testbestand Grünenplan. Die rote Linie zeigt den kumulativen Anteil von 50 %

8.6 Auswirkungen der Behandlungsvarianten auf die Genetik des Saatgutes

In einem nächsten Schritt sollen die Auswirkungen der einzelnen Beerntungs- und Behandlungsvarianten auf die Genetik des Saatgutes quantifiziert werden. In den Varianten 2.1 und 2.2 wurden bereits die Ergebnisse der Freistellung berücksichtigt. In den darauf folgenden Varianten wurden die jeweils weiteren unerwünschten Bäume entfernt und Variationsparameter für die verbleibenden Bäume berechnet. Hierfür wurde ebenfalls das Programm GSED verwendet.

Eine merkliche Reduzierung der genetischen Diversität erfolgt erst ab Variante 4.1. Bei der genetischen Vielfalt (Anzahl der Allele im Bestand) ist eine nennenswerte Reduktion schon ab Variante 2.1 sichtbar. Spätestens ab Variante 3.1 hat die Behandlung der Bestände z.T. deutliche Auswirkungen mit Allelverlusten von über 10 % der Bestandesvielfalt zur Folge (Tabelle 22 und 23). Die Ergebnisse zeigen, dass die intensiveren Behandlungsvarianten die Bestandesvielfalt und damit auch die Vielfalt des Saatgutes zu stark herabsetzen.

Es handelt sich hier ebenfalls um theoretische Annahmen. So sind die Abstände zwischen potentiellen Müttern und Vätern nicht berücksichtigt worden. Näher liegende Reproduktionspartner zeigen häufig höhere Bestäubungsraten als weiter entfernte (STREIFF et al. 1999, KREMER et al. 2008, DEGEN et al. 2012, GERBER et al. 2014). Dadurch können bereits in extensiveren Behandlungsvarianten starke Veränderungen bei der Vielfalt und Diversität auftreten. Zur abschließenden Klärung bedarf es an Saatgutsammlungen aus waldbaulich behandelten Saatguterntebeständen.

Tabelle 22: Genetische Diversität in den Testbeständen bei unterschiedlichen Behandlungsvarianten. SEi = Stiel-Eiche, TEi = Trauben-Eiche

Varian-	Cottbus	Dassel	Grünenplan		Reinhardshagen	Sichelnstein
			SEi	TEi		
0	5,58	5,44	5,47	5,42	5,12	5,32
1.1	5,58	5,44	5,47	5,42	5,12	5,32
1.2	5,58	5,44	5,47	5,42	5,12	5,32
2.1	5,61	5,49	5,45	5,27	4,97	5,33
2.2	5,61	5,45	5,48	5,39	5,07	5,34
3.1	5,75	5,43	5,58	5,22	4,91	5,29
3.2	5,68	5,49	5,64	5,37	5,05	5,26
4.1	5,23	5,27	4,22	5,10	4,75	4,83
4.2	5,24	5,43	4,22	5,00	4,78	4,77
4.3	4,34	4,19	1,60	3,60	4,52	3,00

Tabelle 23: Genetische Vielfalt (Anzahl der Allele) in den Testbeständen bei unterschiedlichen Behandlungsvarianten. SEi = Stiel-Eiche, TEi = Trauben-Eiche

Variante	Cottbus	Dassel	Grünenplan		Reinhardshagen	Sichelnstein
			SEi	TEi		
0	174	224	161	174	235	159
1.1	174	224	161	174	235	159
1.2	174	224	161	174	235	159
2.1	153	197	155	165	216	147
2.2	169	221	159	173	226	158
3.1	149	179	130	147	200	133
3.2	165	207	134	158	208	145
4.1	130	142	67	88	175	104
4.2	126	134	67	84	163	93
4.3	65	49	1	35	103	34

8.7 Auswirkungen der Behandlungsvarianten auf die Testbestände

Die Behandlungsvarianten führen zu Veränderungen in den Beständen. Jedoch dürfen biotische (z.B. Prachtkäfer) und abiotische (z.B. Sturm) Faktoren die Bestandesintegrität nicht gefährden. Zusätzlich müssen aus Gründen der Praktikabilität die Bestände ohne nenneswerte Pflegemaßnahmen beerntbar bleiben. Eine zu starke Auflichtung des Bestandes würde zu vermehrten Schäden und zu einem vermehrten Wachstum der Krautschicht und Verjüngung führen. Deshalb wurden zusätzlich die waldbaulichen Auswirkungen ermittelt. Mit den BHD der eingemessenen Eichen wurden zuerst die Grundflächen der einzelnen Bäume und anschließend die verbleibende Grundfläche der Behandlungsvarianten berechnet. Zur besseren Vergleichbarkeit sind die relativen Werte aufgelistet.

Es zeigt sich, dass die Freistellung der sehr guten Samenbäume (Variante 2.2) einen geringen Einfluss auf den verbleibenden Bestand hat. Werden die Bäume der Qualitätsstufe eins

und 2 frei gestellt (Variante 2.1), werden im Mittel bereits 30 % des Bestandes entfernt. Die weiteren Varianten verringern den verbleibenden Bestand nochmals deutlich. In der letzten Varianten (4.3) verbleibt nur noch ein kleiner Rest des Bestandes. Die Ergebnisse zeigen, dass unter waldbaulichen Gesichtspunkten nur die Variante 2.2 voll und Variante 3.2 bedingt vertreten werden kann. Alle anderen Varianten stellen zu starke waldbauliche Eingriffe dar (Tabelle 24).

Tabelle 24: Waldbauliche Auswirkungen der einzelnen behandlungsvarianten getrennt nach Testbeständen; Bestand 1 = Cottbus, Bestand 2 = Dassel, Bestand 3 = Grünenplan Stiel-Eiche, Bestand 4 = Grünenplan Trauben-Eiche, Bestand 5 = Reinhardshagen, Bestand 6 = Sichelnstein, $N_{V\%}$ = Anteil der verbleibenden Bäume im Testbestand, $GF_{V\%}$ = Anteil der verbleibenden Grundfläche im Testbestand.

Bestand	Variante	$N_{V\%}$	$GF_{V\%}$	Bestand	Variante	$N_{V\%}$	$GF_{V\%}$
1	2.1	50,5	54,2	4	2.1	79,7	81,4
	2.2	88,3	88,7		2.2	96,6	96,7
	3.1	40,2	46,8		3.1	48,3	52,8
	3.2	66,2	73,0		3.2	56,8	61,1
	4.1	21,0	26,9		4.1	11,9	14,9
	4.2	19,6	25,3		4.2	10,2	12,8
	4.3	3,2	4,2		4.3	2,5	3,2
2	2.1	56,8	58,5	5	2.1	65,2	67,1
	2.2	89,5	89,1		2.2	82,9	82,4
	3.1	40,6	45,6		3.1	50,3	56,0
	3.2	62,4	67,5		3.2	59,6	64,4
	4.1	20,5	26,1		4.1	28,9	37,1
	4.2	17,5	22,2		4.2	23,6	30,8
	4.3	2,2	3,2		4.3	6,8	9,9
3	2.1	87,9	88,9	6	2.1	61,4	61,4
	2.2	98,3	98,0		2.2	94,4	93,9
	3.1	56,9	64,5		3.1	35,7	39,9
	3.2	62,1	69,9		3.2	55,0	61,3
	4.1	12,1	13,1		4.1	17,9	24,6
	4.2	12,1	13,1		4.2	16,4	20,5
	4.3	1,7	2,2		4.3	2,1	3,7

8.8 Abschließende Evaluierung der Beerntungs- und Behandlungsvarianten

Die erzielten Ergebnisse der vorherigen Abschnitte werden für eine Evaluierung der einzeln Varianten benötigt. In Tabelle 25 sind die Vor- und Nachteile der einzelnen Varianten zusammen gefasst.

Tabelle 25: Gegenüberstellung der Vor- und Nachteile der einzelnen Behandlungsvarianten

Variante	Vorteile	Nachteile
0	• keine waldbaulichen Eingriffe • kein Verlust an Bestandesvielfalt	• keine Qualitätssteigerung
1.1	• keine waldbaulichen Eingriffe • kein Verlust an Bestandesvielfalt	• hoher Fremdsamenanteil • geringe Qualitätssteigerung
1.2	• keine waldbaulichen Eingriffe • kein Verlust an Bestandesvielfalt	• hoher Fremdsamenanteil • geringe Qualitätssteigerung
2.1	• mäßige Qualitätssteigerung • geringer Verlust an Bestandesvielfalt	• mäßige waldbauliche Eingriffe
2.2	• geringe waldbauliche Eingriffe • deutliche Qualitätssteigerung • kein Verlust an Bestandesvielfalt	
3.1	• mäßige Qualitätssteigerung • geringer Verlust an Bestandesvielfalt	• mäßig/starke waldbauliche Eingriffe • Polleneintrag von außen
3.2	• deutliche Qualitätssteigerung • geringer Verlust an Bestandesvielfalt	• mäßig/starke waldbauliche Eingriffe • Polleneintrag von außen
4.1	• hohe Qualitätssteigerung	• starke waldbauliche Eingriffe • Polleneintrag von außen • deutlicher Verlust an Bestandesvielfalt
4.2	• hohe Qualitätssteigerung	• starke waldbauliche Eingriffe • Polleneintrag von außen • deutlicher Verlust an Bestandesvielfalt
4.3	• sehr hohe Qualitätssteigerung	• sehr starke waldbauliche Eingriffe • Polleneintrag von außen • großer Verlust an Bestandesvielfalt

Die **Variante 0** stellt den Status quo da. Folglich ergeben sich bei der Variante keine Veränderungen zur heutigen Praxis. Eine leistungssteigernde Wirkung wird nicht erwartet.

Die **Varianten 1.1 und 1.2** erhöhen die genetische Qualität nur leicht, weil der Fremdsamenanteil wahrscheinlich die ermittelten Steigerungen deutlich reduzieren wird. Daher wäre die Variante höchstens für Bestände geeignet auf denen kein waldbaulicher Zugriff erfolgen kann.

Die **Varianten 2.1 und 2.2** erhöhen die genetische Qualität merklich und sind besonders für kleine bis mittlere Bestände geeignet, auf denen waldbaulicher Zugriff möglich ist. Die Bestandesvielfalt wird im Vergleich zu den anderen Varianten nur in geringem Maße verringert. Bei sehr kleinen Beständen kann das Saatgut mehrerer Einheiten zusammen gefasst werden, um der Reduktion der Bestandesvielfalt entgegen zu wirken. Das Verhältnis zwischen Verringerung der genetischen Vielfalt und der Qualitätssteigerung ist bei diesen Varianten am günstigsten.

Die **Varianten 3.1 und 3.2** erhöhen gegenüber den Vorgängervarianten die genetische Qualität nur leicht. Aufgrund des ermittelten hohen Fremdpolleneintrags kann die Qualitätssteigerung auch geringer ausfallen. Diese Varianten sind daher nur für sehr große Bestände denkbar, bei denen der ganze Bestand behandelt, aber nur in einer Kernzone geerntet wird. Der

Verlust an Vielfalt kann über das Zusammenführen von Saatgut aus mehreren Saatguteinheiten kompensiert werden.

Die **Varianten 4.1 bis 4.3** bringen die höchste genetische Verbesserung. Jedoch stellen sie extrem starke Eingriffe in die Bestände dar. Es ist fraglich, ob der waldbauliche Aufwand gerechtfertigt ist. Wie in der vorherigen Variante kann Saatgut nur in einer Kernzone gewonnen werden. Der Verlust an Vielfalt könnte auch hier über das Zusammenführen von Saatgut aus mehreren Saatguternteeinheiten kompensiert werden.

Analyse der Beerntungssituation mit Hilfe von Daten der Erntezulassungsregister der Länder

Von den zuständigen Landesstellen wurden Daten über die zugelassenen Saatguternteeinheiten und die Ernten der letzten 10 Jahre abgefragt. Diese wurden dahingehend ausgewertet, ob genügend Potential für eine selektive Beerntung und den Umbau von Saatguterntebeständen vorhanden ist. Die Ergebnisse zeigen, dass im betrachteten Zeitraum vielfach nur ein geringer Anteil der vorhandenen Saatguterntebeständen beerntet wurde. Dies gilt für die zugelassenen Einheiten, wie auch für die zugelassene Gesamtfläche (vgl. Abbildung 25).

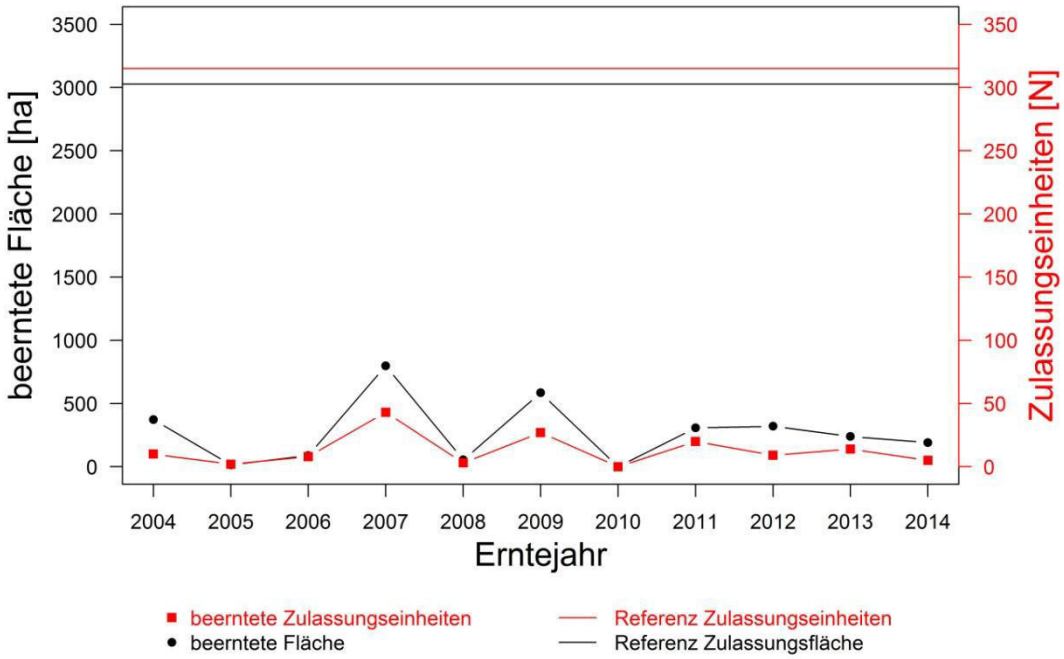

Abbildung 25: Übersicht für die beerntete Gesamtfläche und Zulassungseinheiten der Trauben-Eiche am Beispiel von Hessen.

Desweiteren wurden die geernteten Saatgutmengen auf einen Hektar normiert, um die Sammlungsintensität zu erfassen. Je nach Art können bis zu 2000 kg (Trauben-Eiche) und 4000 kg (Stiel-Eiche) von einem Hektar Saatguterntebestand geerntet werden. Die normierten Erntemengen zeigen, dass nur ein kleiner Teil des Saatgutangebotes geerntet wurde. In nur wenigen Fällen wird die maximal mögliche Erntemenge pro Hektar erreicht. Ein Großteil

des Saatgutes scheint in den Beständen zu verbleiben und wird nicht geerntet (vgl. Abbildung 26).

Zusammenfassend kann festgestellt werden, dass ausreichend Potential besteht, um höherwertiges Forstvermehrungsgut durch Einzelbaumbeerntung bereitstellen zu können. Die konventionelle Saatgutgewinnung wird dadurch nicht beeinflusst.

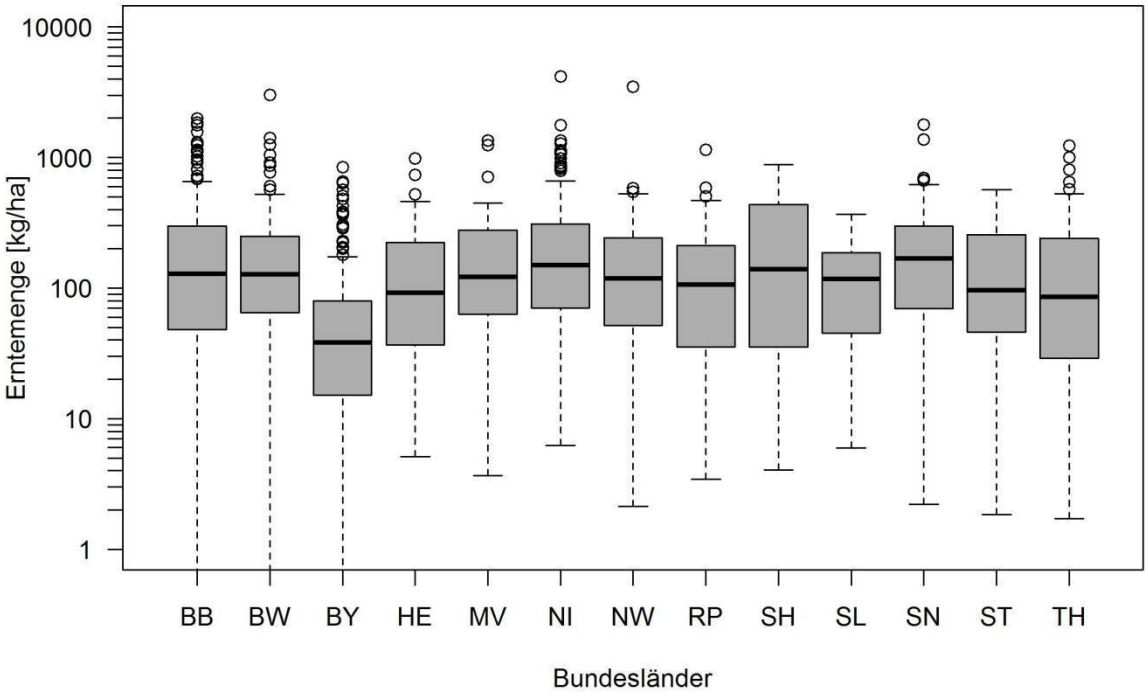

Abbildung 26: Normierte Erntemengen in kg/ha im Untersuchungszeitraum getrennt nach Bundesländern am Beispiel der Trauben-Eiche.

Von Interesse ist ebenfalls, wie viele Bestände für einen möglichen Umbau zu reinen Saatgutbeständen geeignet sind. Neben der Erhöhung der Saatgutreinheit sollen die Umbaumaßnahmen die Kronenentwicklung der Eichen fördern. Jedoch nimmt ab ca. 120 Jahren die Kronenplastizität ab (MAYER 1958), sodass Erntebestände nur bis zu diesem Alter für einen Umbau geeignet sind. Die Auswertung der Daten zeigt, dass ein erhebliches Potential für den Umbau vorhanden ist (Tabelle 26).

Tabelle 26: Übersicht über die für einen Umbau geeigneten Saatguterntebestände getrennt nach Baumart und Bundesländer.

	Stiel-Eiche		Trauben-Eiche	
Land	**Anzahl**	**Fläche [ha]**	**Anzahl**	**Fläche [ha]**
BB	39	159	36	256
BW	1	1	4	30
BY	22	81	60	463
HE	7	53	17	77
MV	39	140	6	19
NI	37	178	7	14
NW	55	225	10	48
RP	20	115	50	366
SH	32	170	4	10
SL	1	3	5	31
SN	7	14	11	38
ST	12	44	17	137
TH	3	16	6	60
Summe	275	1199	233	1549

Teilweise handelt es sich um kleinere Bestände, bei der die geforderte Mindesterntebaumanzahl von 20 Individuen nicht erreicht wird. Die geforderte Baumzahl kann durch das zusammenfassen mehrerer Ernten benachbarter Bestände erreicht werden. Hierfür müsste das Forstvermehrungsgutgesetz entsprechend angepasst werden.

8.9 Vergleich von Einzelbaumabsaaten

Das bislang entwickelte Saatguterntekonzept basiert auf der begründeten Annahme, dass die Nachkommen phänotypisch guter Eltern bessere Wuchs- und Qualitätseigenschaften aufweisen, als die Nachkommen phänotypisch schlechter Eltern. Es gibt aber noch nicht ausreichend experimentelle Belege dafür. Darum wurden in 5 zugelassenen Saatguterntebeständen (Tabelle 27) von insgesamt 17 Einzelbäumen Saatgut gesammelt. 8 Partien stammen von Bäumen, die annähernd Plusbaumqualität aufweisen. Die anderen 8 Partien zählen jeweils zu den schlechtesten des Bestandes bezüglich Qualität und Massenleistung. Eine Partie (Sonderform) zeichnet sich durch eine gute Massenleistung und eine extreme Steilastigkeit und Zwieselwuchs aus (Tabelle 28).

Tabelle 27: Übersicht über die beernteten Saatguteinheiten

Forstamt	Revier	Abteilung	Reg-Nr.	Bestand Nr.
Unterlüss	Kempelhorn	128 b1	03 3 81803 902 4	1
Unterlüss	Behren	1235c1 1236a 1237a1 1246b1 1247a1/2	03 4 81803 663 2	2
Oerrel	Bostelwiebeck	1419a4	03 3 81803 201 2	3
Oerrel	Schieringen	1135d1	03 3 81803 022 2	4
Göhrde	Schieringen	1127b	03 3 81803 026 2	5

Tabelle 28: Leistungs- und Formmerkmale der beernteten Bäume. PG = Prüfglied

PG-Nr.	Gruppe	Bestand	BHD	Höhe	Schaftform	Sonst. Formmerkmale
31	PB	1	60,5	33,5	zweischnürig	gut
32	PB	1	69,0	31,2	zweischnürig	gut
33	MB	1	46,5	26,1	unschnürig	Wasserreiser
34	MB	1	42,5	28,3	einschnürig	Wasserreiser
35	PB	2	71,5	34,3	zweischnürig	gut
36	PB	2	87,5	35,8	zweischnürig	gut
37	PB	2	87,5	31,4	einschnürig	gut
38	MB	2	53,0	27,5	unschnürig	Zwiesel, Wasserreise
39	MB	2	49,0	26,1	einschnürig	gut
40	MB	2	48,5	31,7	unschnürig	gut
41	SB	2	70,5	33,6	unschnürig	Zwiesel, Steiläste
42	PB	3	78,0	36,2	zweischnürig	gut
43	MB	3	59,0	31,8	unschnürig	Wasserreiser
44	PB	4	95,0	33,7	zweischnürig	gut
45	MB	4	66,5	33,1	unschnürig	Zwiesel, Steiläste, Wasserreiser
46	PB	5	63,0	34,4	zweischnürig	Gut
47	MB	5	45,0	28,8	unschnürig	Steiläste, Wasserreiser

Von jedem Baum wurden im Jahr 2015 fünf bis sechs kg Saatgut möglichst am Stammfuß gesammelt. Dadurch ist ein nur niedriger Fremdsamenanteil gewährleistet. Das Saatgut wurde unmittelbar nach der Ernte thermotherapiert und bei der FSB Oerrel eingelagert. Im Frühjahr 2016 wurde das Saatgut im Kamp der NW-FVA ausgesät. Ein Teil der Eicheln (49 Stück) wurde in dreifacher Wiederholung systematisch ausgesät. An ihnen wurden die Aufnahmen vorgenommen. Nach der ersten Vegetationsperiode wurden erste wichtige Parameter bonitiert. Darunter zählen das Pflanzenprozent, das Höhenwachstum und die Wuchsform.

In Abbildung 27 ist der Anwuchs der Pflanzen getrennt nach Parzellen und Prüfgliedern abgebildet. Auffällig sind 2 Prüfglieder (38 und 45) die Werte über 100% zeigen. Diese Werte

sind durch einen extrem hohen Anteil an mehrsamigen Eicheln zurückzuführen. Werden die Pflanzenprozente bei der Betrachtung ausgeschlossen, liegen im Mittel die phänotypisch guten und schlechten Bäume mit ca. 56% gleich auf. Dennoch zeigen sich z.T. deutliche Unterschiede zwischen einzelnen Prüfgliedern.

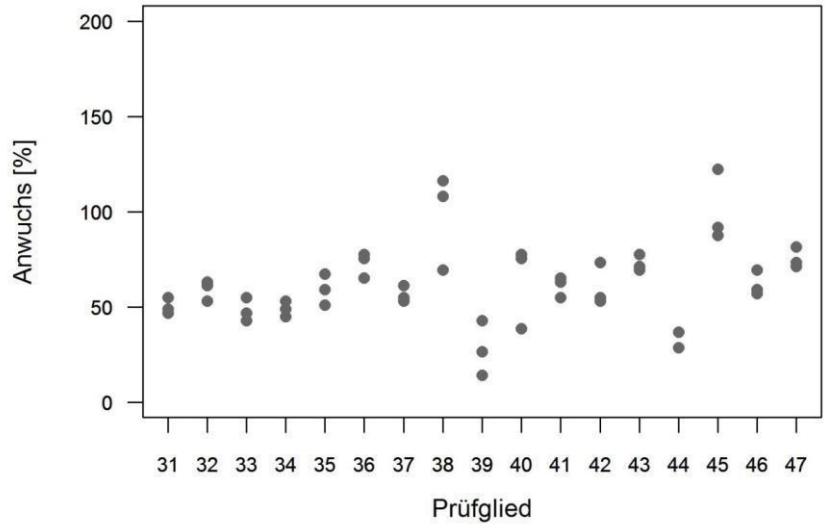

Abbildung 27: Pflanzenprozente der Einzelbaumabsaaten auf Parzellenebene.

Abbildung 28 zeigt die Wuchshöhen getrennt nach Prüfgliedern. Absaaten der phänotypisch guten Bäume zeigen nach einer Vegetationsperiode im Mittel mit 80,6mm ein etwas besseres Wachstum als die Absaaten der phänotypisch schlechten Bäume mit 63,8mm. Auffällig sind ebenfalls die stark schwankenden Wuchsleistungen einzelner Prüfglieder.

In Abbildung 29 sind die Ergebnisse der Formbonitur dargestellt. Im Mittel zeigen die Absaaten der phänotypisch guten Bäume im Gegensatz zu den phänotypisch schlechten Bäumen gleiche Formprozente. Jedoch zeigen sich deutliche Unterschiede zwischen einzelnen Prüfgliedern. Die zwei Prüfglieder mit der schlechtesten Formausbildung (Prüfglied 41 und 47) gehören zu den phänotypisch schlecht ausgeformten Erntebäumen.

In Summe unterscheiden sich die Absaaten der phänotypisch guten und schlechten Einzelbäume nur wenig. Es scheint, dass in dieser Altersphase die Samenquelle noch keine Rolle spielt. Im AdaptForClim Projekt werden die auf den Versuchsflächen ausgebrachten Pflanzen erneut vermessen. Vielleicht zeigen sich dann bereits deutlichere Unterschiede.

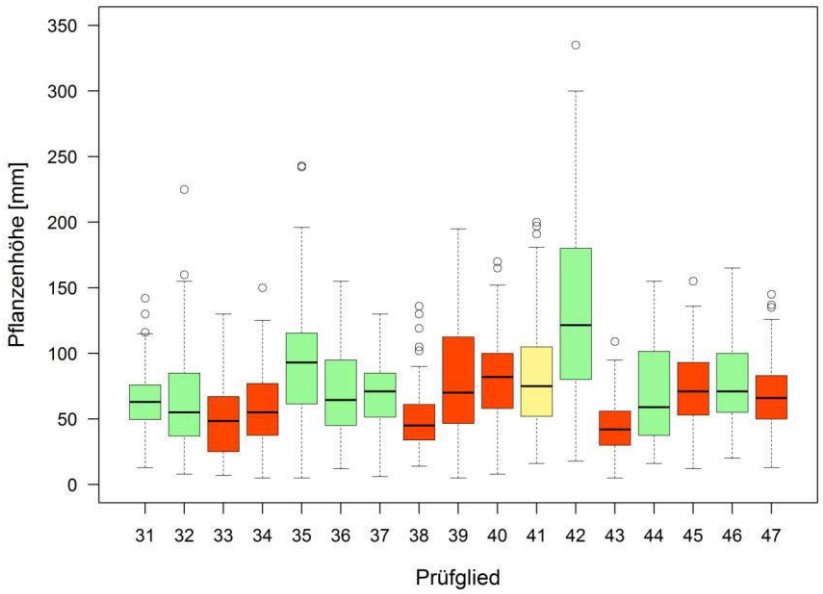

Abbildung 28: Höhenwuchsleistung der einjährigen Sämlinge; grüne Boxplot = Absaaten phänotypisch gute Bäume, rote Boxplots = Absaaten phänotypisch schleche Bäume, gelber Boxplot = Sonderbaum

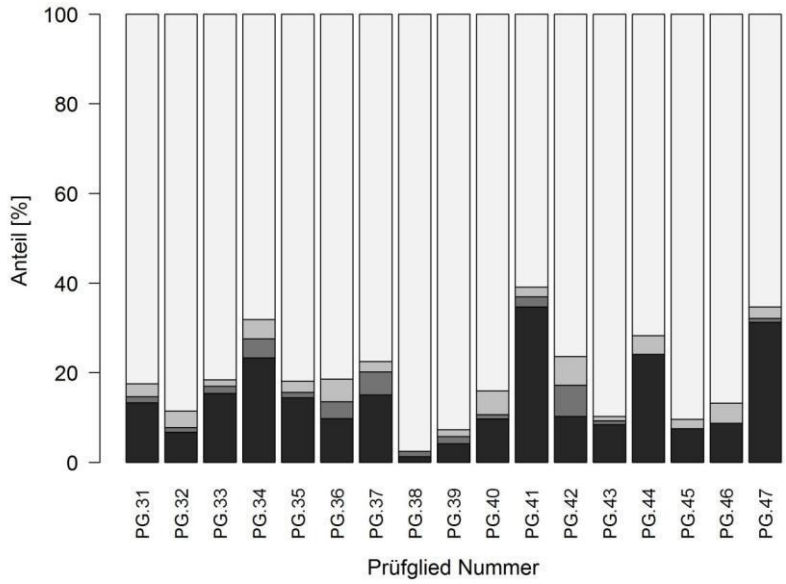

Abbildung 29: Formbonitur der Einzelbaumabsaaten; hellgrau = Anteil der Pflanzen mit durchgehender Hauptstammachse, grau = Anteil der Pflanzen mit seitlicher Verzweigung, dunkelgrau = Anteil der Pflanzen mit auflösender Hauptstammachse, schwarz = Anteil der Pflanzen mit buschigen Wuchsverhalten

Literatur

BATES, D., MAECHLER, M., BOLKER, B., WALKER, S. (2015): Fitting linear Mixed-Effects Models using lme4, Journal of Statistical Software,67 Jg., 1, 1-48.

BOGDAN, S., IVANKOVIC M., TEMUNOVIC, M., MORIC, M., FRANJIC J., BOGDAN, K. (2017): Adaptive genetic variability and differentation of croation and Austrian Quercus robur L. populations at a drought prone field trial, Annals of Forst Science, Jg. 60, 1, 33-46.

BOGDAN, S., KATICIC TRUPCEVIC, I., KAJBAN, D. (2003): Genetic Variation in Growth Traits in a Quercus robur L. Open-Pollinated Progeny test of the Slavonian Provenance, Silvae Genetica, Jg. 53, 5-6, 198-201.

BURGER, H., (1944): Über die künstliche Verjüngung von Eichenbeständen, Mitteilungen der Schweizerischen Anstalt für forstliches Versuchswesen, 23, 283-373.

CIESLAR, A., (1923): Untersuchungen über die wirtschaftliche Bedeutung der Herkunft des Saatgutes der Stieleiche, Centralblatt für das gesamte Forstwesen, 49, (4/6), 97-149.

DALY, C., HALBLEB, M., SMITH, J.I., GIBSON, W.P., DOGGETT, M.K., TYLOR, G.H, CURTIS, J., PASTERIS, P.P., (2008): Physiographically sensitive mapping of climatological temperature and precipitation across the conterminous United States. International Journal of Climatology, 28 Jg., 15, 2031-2064. doi: 10.1002/joc.1688.

DE'ATH, G., (2002): Multivariate regression trees: a new technique for modeling species-environment relationships. Ecology, Jg. 83, 4, 1105-1117.

DEGEN, B., JOLIVET, C., ROGGE, M., FUSSI, B., KONNERT, M., CREMER, E., BECKER, F., KÄTZEL, R., (2012): Etablierung einer Standardmethode zur genetisch nachhhaltigen Ernte von forstlichem Vermehrungsgut in zugelassenen Saatgutbeständen, Endbericht, Hohann Heinrich von Thünen-Institut, Institut für Forstgenetik.

DUMOLIN, S., DEMESURE, B., PETIT, R. (1995): Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculate oak investigated with an effizient PCR method, Theoretical and apllied Genetics, Jg. 91, 1253-1256.

EARL, D., VON HOLDT, B. (2012): STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method, Conservation Genetic Resources, Jg. 4, 2, 359-361.

EVANNO, G., REGNAUT, S., GOUDET, J. (2005): Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study, Molecular Ecology, Jg. 14, (, 2611-2620.

GEBUREK, T. (2004): Die Weitergabe genetischer Informationen – eine wichtige Komponente in der Waldverjüngung, BFW-Praxisinformation, 4, 18-20.

GERBER, S., CHADOEUF, J., GUGERLI, F., LASCOUX, M., BUITEVELD, J., COTTERELL, J., DOUNAVI, A., FINESCHI, S., FORREST, L., FOGELQUIST, J., GOICOECHEA, P., JENSEN, J., SALVINI, D., VENDRAMIN,G., KREMER, A. (2014): High rates of Gene Flow by Pollen and Seed in Oak Populations across Europe, PLos ONE, Jg. 9, 1, 1-16.

GILLET, E., (2010): Genetic Structure for Electrophoresis Data (GSED) Version 3.0 User´s Manual, Institut für Forstgentik der Universität Göttingen.

HARDTKE, A., MEISSNER, M., STEINER, W., JANSSEN, A. (2016a): Beerntungs- und behandlungsvarianten von Saatguterntebeständen der Eiche zur Optimierung der Saatgutqualität. In: Meissner, M. und Volmer, K., Hgg., Hochwertiges Forstvermehrungsgut im Klimawandel – Symposium des Verbundprojektes FitForClim vom 14. Bis 15 Juni 2016 in Chorin, Beiträge aus der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt. Universitätsverlag Göttingen.

HARDTKE, A., MEISSNER, M., STEINER, M., JANSSEN, A., AMMER, C. (2016b): Behandlungskonzept für Saatgutbestsände der Eichen, AFZ-Der Wald, Jg. 71, 24, 12-16.

HARDTKE, A., VOLMER, K., STEINER, W., JANßEN, A. (2017): Plusbäume – Fundament der Forstpflanzenzüchtung, AFZ-Der Wald, Jg. 72, 10, 17-21.

HOSIUS, B., LEINEMANN, L., BERGMANN, F., MAURER, W., TABEL, U. (2003): Genetische Untersuchungen zu Familienstrukturen und zur Zwieselbildung in Buchenbeständen, Forst und Holz, Jg. 58, 3, 51-54.

Hubert, J., Savill, P. (1190): Improving oak: The first steps towards a breeding programme, Quaterly Journal of Forestry, Jg. 93, 2, 117-125.

Irgens-Moller, H. (1955): Forest-tree genetics research: Quercus L., Economic Botany, Jg. 9, 1, 53-71.

JENSEN, J., WELLENDORF, H., JAGER, K., DE VRIES, S., JENSEN, V. (1997): Analysis of a 17-years old dutch open pollinated progeny trail with Quercus robur (L.),Forst Genetics, Jg, 4, 3, 139-147.

JENSEN, J. (2000): Provenance Variation in Phenotypic Traits in Quercus robur and Quercus petraea in Danish Provenance Trails, Scandinavian Journal of Forest Research, Jg. 15, 3, 297-308.

KALINOWSKI, S., TAPER, M., MARSHALL, T., (2007): Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment, Molecular Ecology, 16, (5), 1099-1106.

KLEINSCHMIT, J., OTTO, H., SAUER, A., (1975): Möglichkeiten der züchterischen Verbesserung von Stiel- und Trauben-Eiche (*Quercus robur* und *Quercus petraea*). Allg. Forst- u. J.-Ztg., 146 Jg, 9, 157-166.

KRAHL-URBAN, J. (1952): Hinweise auf individuelle Erbanlagen bei Eichen und Buchen, Zeitschrift für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Jg. 2, 51-59.

KRAHL-URBAN, J. (1953a): Baumtypen bei Eichen und Buchen, Allgemeine Forstzeitschrift, Jg. 8, 20, 245-248.

KRAHL-URBAN, J. (1953b): Drehwuchs bei Eichen und Buchen, Allgemeine Forstzeitschrift, Jg. 8, 49, 540-542.

KRAHL-URBAN, J., (1955): Forstgenetik in der Eichen- und Buchenwirtschaft, Forstarchiv, 26, (6), 121-131.

KRAHL-URBAN, J. (1959): Die Ei: Forstliche Monographie der Traubeneiche und Stieleiche, Verlag Paul Parey, Hamburg und Berlin.

KREMER, A., LOWE, A., MUNRO, R., DICK, J., CAVIERS, S. (2008): Intra and interspecific gene flow in oaks as mechanisms promoting genetic diversity and adaptive potential, OAKFLOW, Final Report, (2001-2005).

LENTH, R. V. (2016): Least-Squares means: The R package „lsmeans“, Journal of Statistical Software, Jg. 69, 1, 1-33.

LEPAIS, O., LEGER, V., GERBER, S., (2006): Short Note: High Throughput Microsatellite Genotyping in Oak Species, Silvae Genetica, 55, (4-5), 238-240.

LIESEBACH, M., RAU, H.-M., KÖNIG, A., (2010): Fichtenherkunftsversuch von 1962 und IUFRO-Fichtenherkunftsversuch von 1972. Ergebnisse von mehr als 30-jähriger Beobachtung in Deutschland. Beiträge aus der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt Bd. 5, 467 S.

MARSHALL, T., SLATE, J., KRUUK, L., PEMBERTON, J., (1998): Statistical confidence for likelihood-based Paternity inference in natural populations, Molecular Ecology, 7, (5), 639-655.

MAYER, R. (1958): Kronengröße und Zuwachslesitung der Traubeneiche auf süddeutschen Standorten, AFJZ, Jg. 129, 191-201.

MAYR, H. (1909): Waldbau auf naturgesetzlicher Grundlage, Verlagsbuchhandlung Paul Parey, Berlin.

MEISSNER, M., JANSSEN, A., KONNERT, M., LIESEBACH, M., WOLF, H. (2015): Vermehrungsgut für klima- und standortgerechten Wald, AFZ-Der Wald, Jg. 70, 11, 24-26.

NAGEL, R. (2006): Bestandesentwicklung, Einzelbaumwachstum und Qualitätsentwicklung von Stiel- und TraubenEichenbeständen in Nordwestdeutschland unter dem Einfluss unterschiedlicher Durchforstungsstärken, In: Nagel, J., Hrsg., Deutscher Verband Forstlicher Forschungsanstalten, Sektion Ertragskunde, Jahrestagung 21-23. Mai 2007.

NANSON, A. (2001): Natural Regeneration seen from the genetic stand Point, In: Meier-Dinkel, A., Steiner, W., Hgg.,Forest tree breeding in an Ecologically orientated Forest Management system, Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt, J. D. Sauerländer´s Verlag, Frankfurt am Main.

NEPVEU, G. (1984): Déterminisme génotypique de la structure anatomique du bois chez Quercus robur, Silvae Genetica, Jg. 33, 2-3, 91-95.

NORDWESTDEUTSCHE FORSTLICHE VERSUCHSANSTALT (Hrsg.) (2017): Hochwertiges Forstvermehrungsgut im Klimawandel. Symposium des Verbundprojektes „FitForClim“ vom 14. bis 15. Juni 2016 in Chorin. Beiträge aus der NW-FVA, Band 16, 147 S.

PETER, L., MEISSNER, M., STEINER, W., JANSSEN, A. (2017): Plusbaumkartierung: der Weg aus dem Bestand in die Projektdatenbank, Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (Hrsg.)

(2017): Hochwertiges Forstvermehrungsgut im Klimawandel. Symposium des Verbundprojektes „FitForClim“ vom 14. bis 15. Juni 2016 in Chorin. Beiträge aus der NW-FVA, Band 16, 147 S.

PRITCHARD, J., STEPHENS, M., DONNELLY, P., (2000): Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data, Genetics, 155, (2), 945-959.

ROHMEDER, E., SCHÖNBACH, H. (1959): Genetik und Züchtung der Waldbäume, Verlag Paul Parey, Hamburg und Berlin.

SCHMIDT-VOGT, H. (1977-1991): Die Fichte. Ein Handbuch in zwei Banden. Bd. 1 (1977, 2. Aufl. 1987), Bd. 2/1 (1986), Bd. 2/2 (1989), Bd. 2/3 (1991). Verlag P. Parey Hamburg und Berlin.

SCHOBER, R. (1975): Ertragstafeln wichtiger Baumarten, J.D- Sauerländer´s Verlag, Frankfurt a. M..

SCHÖNBACH, H., (1952): Fragen der Forstpflanzenzüchtung, insbesondere Anlage von Saatzuchtplantagen, Der Wald, 2, 342-346.

TEISSIER DU CROS, E., KLEINSCHMIT, J., AZOEUF, P., HOSLIN, R. (1988): Spiral Grain in Beech, Variability and heredity, Silvae Genetica, Jg. 29, 1, 5-13.

SPELLMANN, H. (1985): Holzqualität als Beurteilungskriterium im langfristigen Versuchswesen, Forst und Holz, Jg. 50, 23, 743-747.

STREIFF, R., DUCOUSSO, A., LEXER, C., STEIMKELLER, H., GLOESSL, J., KREMER, A. (1999): Pollen dispersal inferred from paternity analysis in a mixed oak stand of Quercus robur L. and Q. petraea (Matt.) Liebl., Molecular Ecology, Jg. 8, 5, 831-841.

THERNEAU, T., ATKINSON, B., (2018): rpart: Recursive Partitioning and Regression Trees. R package version 4.1-13. https://CRAN.R-project.org/package=rpart.

VIDAKOVIC, M., KAJBA, D., BOGDAN, S., PODNAR, V., BECAREVIC, J., (2000): Estimation of Genetic Gain in a Progeny Trail of Pedunculate Oak (*Quercus robur* L.). Glas. sum. Pokuse, 37, 375-381.

WARD, W. (1966): Epicormic Branching of Black and White oaks, Forest Science, Jg. 12, 3, 290-296.