

Eichenplusbäume und deren Verwendung

ANDRE HARDTKE und WILFRIED STEINER

Zusammenfassung

Im Jahr 2011 fand in Berlin ein Workshop mit dem Titel „Forstpflanzenzüchtung“ statt. Zwei Jahre später wurden die wichtigsten Ergebnisse des Workshops in einer Züchtungsstrategie veröffentlicht. Auf Grundlage dieser Strategie wurde der Verbundkomplex „FitForClim“ und „AdaptForClim“ ins Leben gerufen. Hauptziel des Verbundes ist die Bereitstellung von hochwertigem und anpassungsfähigem Forstvermehrungsgut für den Wald der Zukunft. Dafür sollen mit Hilfe einer Massenauslese Plusbäume identifiziert und Zuchtpopulationen aufgebaut werden.

Für die Plusbaumauswahl wurde zuerst ein Suchschema entwickelt, welches die Suche in Deutschland nach definierten und einheitlichen Anforderungen ermöglicht. Die Plusbaumauswahl erfolgte auf Grundlage von Versuchsauswertungen und in zugelassenen Saatguterntebeständen. Insgesamt zeigen die identifizierten Plusbäume vielfach eine deutliche gesteigerte Wachstumsleistung. Ergänzend zu den Herkunftsgebieten wurden Verwendungszonen definiert, die den Aufbau von Zuchtpopulationen und die Anlage von Samenplantagen ermöglichen. Für die Trauben-Eiche wurden in Deutschland vorerst 3 Verwendungszonen ausgewiesen.

Zukünftige Samenplantagen müssen eine hohe Diversität oder Vielfalt vorweisen. Simulationen an genetischen Daten zeigten, dass bei den Eichen mindestens 60 bis 80 Genotypen auf einer Samenplantage vertreten sein sollten. Für eine uneingeschränkte Reproduktion der einzelnen Genotypen ist deren Austrieb- und Blühverhalten ebenfalls von besonderer Bedeutung. Bisherige phänologische Beobachtungen geben Hinweise, dass Plusbäume aus größeren Regionen auf Samenplantagen zusammengestellt werden können und sich deren Blühzeiträume dennoch weitgehend überlappen.

Schlüsselworte: Suchschema, Plusbaumauswahl, Verwendungszonen, genetische Analysen, Phänologie

Abstract

Oak plus trees and their use

In 2011, a workshop entitled "Forest Plant Breeding" was held in Berlin. Two years later, the most important results of the workshop were published in a breeding strategy. On the basis of this strategy, the network complex "FitForClim" and "AdaptForClim" was created. The main objective of the network is to provide high-quality and adaptable forest reproductive material for the forest of the future. For this purpose, plus trees will be identified by a mass selection and breeding populations will be established.

For the selection of plus trees, a search scheme was developed, which makes it possible to search in Germany according to standardised requirements. The plus tree selection was carried out on the basis of trial evaluations and in approved seed stands. Overall, the identified plus trees often show a significant increase in growth performance. In addition to the areas of origin, breeding zones were defined which allow the establishment of breeding populations and seed orchards. In Germany, 3 breeding zones were initially designated for sessile oak.

Future seed orchards must show a high degree of diversity. Simulations of genetic data showed that at least 60 to 80 genotypes of oak trees should be represented on a seed orchard. For the unrestricted reproduction of the individual genotypes, their flowering behaviour is of particular importance.

Preliminary phenological observations show that plus trees from larger regions can be assembled on a seed orchard and that their flowering periods do not differ significantly.

Keywords: search scheme, plus tree selection, breeding zones, genetic analyses, phenology

Einleitung

In Berlin fand 2011 der vom Thünen-Institut für Forstgenetik und der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) organisierte BMELV-Workshop mit dem Titel „Forstpflanzenzüchtung“ statt. Der Workshop gab einen Überblick zum aktuellen Stand und dem enormen Potential der Forstpflanzenzüchtung. Als wichtigstes Züchtungsziel wurde die Bereitstellung von anpassungsfähigem und leistungsfähigem Forstvermehrungsgut genannt, welches im Klimawandel für den Aufbau von neuen stabilen Wäldern benötigt wird.

Im Jahr 2013 veröffentlichten die führenden deutschen Forstpflanzenzüchter auf Grundlage des Workshops eine gemeinsame Strategie zur mittel- und langfristigen Versorgung mit hochwertigem forstlichem Vermehrungsgut durch Züchtung in Deutschland. Das Strategiepapier benennt die Fokusbaumarten (Berg-Ahorn, Douglasie, Eiche, Fichte, Kiefer und Lärche) und die mittelfristigen, notwendigen Züchtungsaktivitäten zum Erreichen des Züchtungszieles. Veröffentlicht wurde die Strategie im Thünen Report 7 (LIESEBACH et al. 2013). Die Strategie zeigt aber auch, dass die genannten Ziele nur erreicht werden, wenn alle Forstpflanzenzüchtung betreibenden Institutionen zusammen arbeiten und eine mittelfristige Finanzierung gesichert ist.

Auf Grundlage dieser mittelfristigen Strategie wurde der Projektkomplex FitForClim und AdaptForClim ins Leben gerufen und eine Förderung beim Waldklimafonds beantragt. Im Jahr 2014 startete das Projekt an dem hauptsächlich die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, das Thünen-Institut für Forstgenetik, das Bayerische Amt für Waldgenetik und der Staatsbetrieb Sachsenforst beteiligt sind. Das Hauptziel der ersten Projektperiode war eine Massenauslese von Plusbäumen und die anschließende Sicherung in Klonarchiven. In anschließenden Projektperioden sollen mit Hilfe der Klonarchive Samenplantagen aufgebaut werden, die den Markt mit leistungsfähigem und klimastabilem Saatgut versorgen. Erstmals wurden die Arbeiten deutschlandweit harmonisiert. Zusätzlich ermöglichte der Projektverbund, an dem auch weitere Versuchsanstalten und Landesforstbetriebe teilnehmen, die Plusbaumauswahl im gesamten Bundesgebiet.

Im Zuge des Projektes wurden über 900 Eichen-Plusbäume (600 Trauben-Eichen und 300 Stiel-Eichen) ausgewählt. Bei der Suche sollten die bisherigen Züchtungsaktivitäten berücksichtigt werden. Ein weiteres Projektziel bestand darin, Verwendungszonen zu definieren. Mit Hilfe dieser Verwendungszonen sollen Zuchtpopulationen für den Aufbau von Samenplantagen zusammengestellt und die spätere Verwendung des Saatgutes geregelt werden.

Mittlerweile sind die Plusbaumauswahl und die Berechnung von Verwendungszonen abgeschlossen. Aktuell werden die über Pfropfung vermehrten Genotypen in Klonarchiven gesichert und die Anlage von neuen Samenplantagen geplant. Der Beitrag liefert einen Überblick über die Plusbaumsuche, die Leistungsfähigkeit des selektierten Materials und grundsätzliche Fragestellungen, die für die Anlage von neuen Samenplantagen beantwortet werden müssen.

Räumliches Suchschema

Zu Beginn der Plusbaumauswahl stand die Frage, wo und wie man nach den Plusbäumen suchen soll. Auf Projektebene einigte man sich schließlich darauf, für die einzelnen Baumarten detaillierte Suchschemata zu entwickeln. Besonders für die Eiche schien es wichtig zu sein, die Massenauslese nach definierten räumlichen Parametern zu steuern. Dadurch sollte verhindert werden, dass sich die Suche auf

kleinräumige Regionen konzentriert und andere Bereiche gänzlich bei der Plusbaumauswahl vernachlässigt werden.

In einem ersten Schritt wurden Kontingente ermittelt, wie viele Plusbäume in den einzelnen Bundesländern ausgewählt werden sollten. Dafür wurden die Ergebnisse der zweiten Bundeswaldinventur genutzt (BMELV 2002). Die absoluten Waldflächenanteile wurden hierfür in relative Anteile für jedes Land umgerechnet und mit der Gesamtzahl der zu suchenden Plusbäume verrechnet. Anschließend wurde nach einem Parameter gesucht, der die weitere Einteilung der Länderkontingente sinnvoll ermöglicht. Eine Literaturrecherche ergab, dass Eichenherkünfte durchaus unterschiedlich auf Trockenstress reagieren. So zeigten Herkünfte vom südlichen Alpenrand bessere Anpassungen als Herkünfte vom nördlichen (AREND et al. 2011). Die Auswertung eines europäischen Herkunftsversuches führt zu dem Ergebnis, dass die Überlebensraten abnehmen, wenn Herkünfte in wärmere und trockenere Regionen verbracht werden (SÁNEZ-ROMERO et al. 2017). Für die weitere Unterteilung der Länderkontingente wäre daher der Wasserhaushalt eine geeignete Größe. Um den Wasserhaushalt vollständig beschreiben zu können wird die klimatische Wasserbilanz (KWB) und die nutzbare Feldkapazität (nFK) der Standorte benötigt. Da einheitliche Flächendaten zur Berechnung des Wasserhaushaltes für Deutschland nicht zur Verfügung standen, wurde eine pragmatische Lösung gewählt. In Anlehnung an FALK et al. 2008 und AUGUSTIN 2016 wurde eine Durchschnittliche nFK der Waldböden von 133 mm angenommen. Somit wurde eine KWB von -133 mm in der Vegetationsperiode als Grenze definiert, die das Bundesgebiet in zwei Zonen mit unterschiedlich hohen Trockenstresswahrscheinlichkeiten aufteilt. Die roten Gebiete stellen hierbei Bereiche mit höherem und die grauen Gebiete mit geringerem Trockenstressrisiko dar (Abbildung 1).

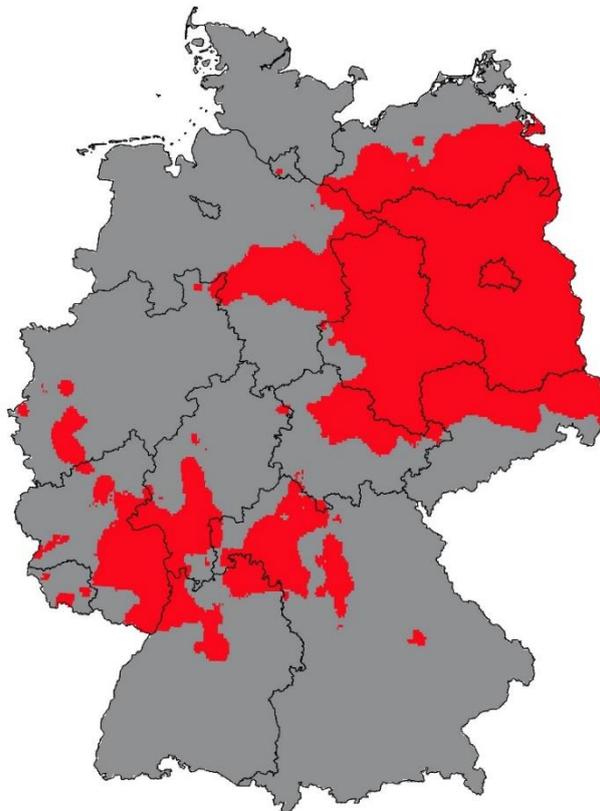


Abbildung 1: Gebietseinteilung nach der Klimatischen Wasserbilanz der Vegetationsperiode, Schwellenwert -133 mm. Rot: Regionen mit erhöhten Trockenstresswahrscheinlichkeiten

Ausgehend von den relativen Flächenanteilen der unterschiedlichen Trockenstresswahrscheinlichkeiten wurden die einzelnen Länderkontingente weiter aufgeteilt. Abschließend sollte der Standort ebenfalls berücksichtigt werden. Dafür wurden die Standortangaben der Waldökologischen Naturräume Deutschlands verwendet (ALDINGER et al. 2005). Das Ergebnis ist ein differenziertes Suchschema, das eine möglichst flächen- und standortrepräsentative Plusbaumsuche in Deutschland ermöglichte.

Plusbaumauswahl

Innerhalb des Projektes wurde für die Eichenplusbaumsuche ein einheitlicher Aufnahmebogen erarbeitet, der die wichtigsten phänotypische Merkmale umfasst. Dabei handelt es sich um Leistungsmerkmale (Baumhöhe und Brusthöhendurchmesser) und Formmerkmale, die zu gewissen Anteilen einer genetischen Kontrolle unterliegen. Zu nennen wären Geradschaftigkeit, Zwieselwuchs, Steilastigkeit, Drehwuchs und Wasserreiserbesatz. Die Plusbäume müssen eine überdurchschnittliche Leistung bei guten bis sehr guten Formen zeigen, wenn sie als Plusbäume ausgewählt werden sollen. Zusätzlich wurde die Vitalität der Plusbäume berücksichtigt. Hierfür wurde im Sommer die Kronenverlichtung (AG KRONENZUSTAND) oder im Winter die Kronenmorphologie (AG DBF/LII-KRONENZUSTAND 2001) angesprochen. Lediglich Bäume mit einer guten Vitalität wurden letztendlich ausgewählt.

Die Stiel- und Trauben-Eichen sind bisher in Deutschland und Europa nur wenig züchterisch bearbeitet worden. Züchtungsaktivitäten beschränkten sich hauptsächlich auf die Plusbaumauswahl zur Anlage von Zuchtpopulationen oder Samenplantagen (KLEINSCHMIT et al. 1975, HUBERT & SAVILL 1999). Dementsprechend kann nur auf einen geringen Züchtungsfortschritt zurückgegriffen werden. Nur wenige Eichen-Versuchsflächen konnten ausgewertet und für die Auswahl von Plusbäumen genutzt werden.

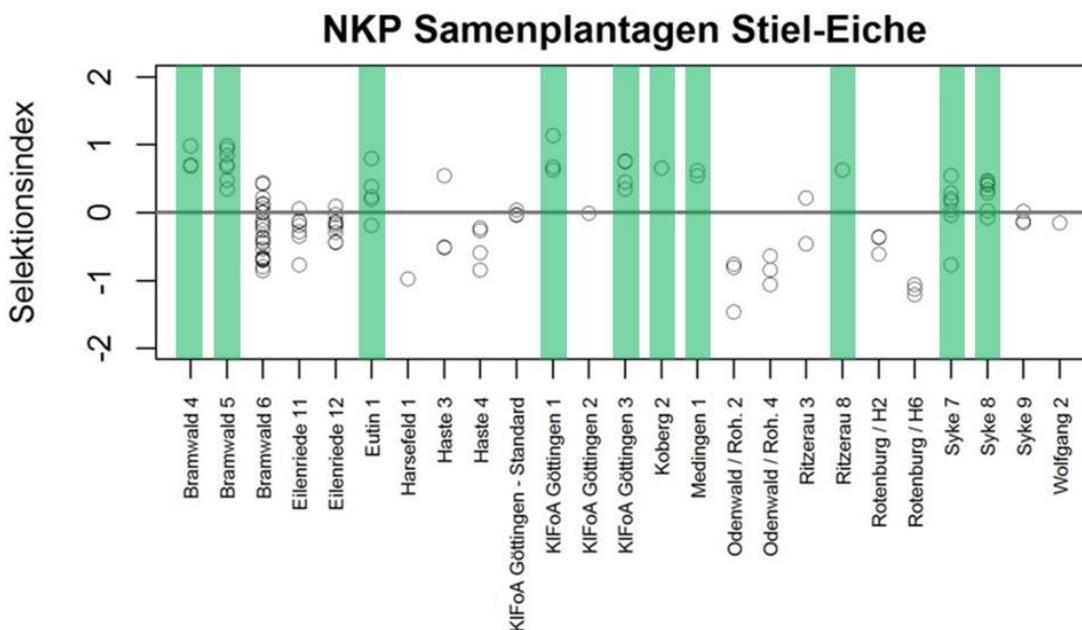


Abbildung 2: Auswertung von Einzelbaumabsaaten einer Stiel-Eichen-Samenplantage. Abgebildet ist der Wert des Selektionsindex. Grün hinterlegt sind die Herkünfte in denen nach Plusbäumen gesucht werden sollte.

Auf Projektebene einigte man sich darauf, mit einem Selektionsindex zu arbeiten, der Leistungs- und Formmerkmale vereint. Mit Hilfe der Z-Transformation wurden die einzelnen Merkmale standardisiert (auf einen Durchschnittswert 0 normiert) und zu festgelegten Anteilen addiert. Bei den Eichenversuchsflächen waren dies zur Hälfte die Wuchshöhe als Leistungsmerkmal und zur anderen Hälfte

die Geradschaftigkeit als Formmerkmal. Das Ergebnis ist ein Indexwert, der bei guten Eigenschaften im positiven und bei schlechten im negativen Bereich liegt. Für jede Versuchsfläche wurde der Selektionsindex berechnet und grafisch abgebildet. Lediglich in Herkünften mit mehrheitlich positiven Werten wurden Plusbäume gesucht. Herkünfte mit durchweg negativen Ergebnissen wurden nicht herangezogen (Abbildung 2).

An der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt existieren mehrere ältere Serien mit Einzelbaumabsaaten von Samenplantagen. Hier konnte nach der statistischen Auswertung direkt auf den Versuchsflächen nach Plusbäumen gesucht werden. Leider konnten nicht mehr alle Flächen sicher rekonstruiert werden, sodass in Summe nur 35 Plusbäume direkt aus Versuchen identifiziert werden konnten. Weitere Versuche, meist Bestandesabsaaten aus jüngeren Jahren konnten zwar mit dem gleichen statistischen Verfahren bewertet werden, jedoch waren die Flächen zu jung für eine direkte Plusbaumauswahl. In diesen Fällen wurden die Elternbestände aufgesucht und dort nach Plusbäumen gesucht. Ein Großteil der identifizierten Plusbäume stammt jedoch aus Saatguterntebeständen oder Beständen mit hervorragenden Formeigenschaften, die mit Hilfe der Forsteinrichtungswerke der Landesforstbetriebe ausgewählt wurden. Insgesamt wurden im Verbundprojekt 1052 Plusbäume identifiziert, die sich wie geplant recht homogen in Deutschland verteilen (Abbildung 3).

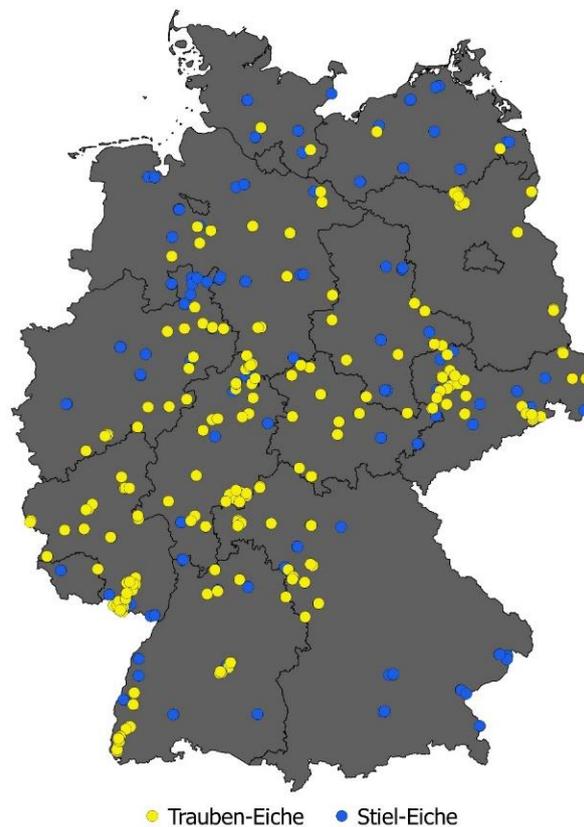


Abbildung 3: Verteilung der Eichen-Plusbäume in Deutschland, die im FitForClim-Projekt gesucht wurden

Die identifizierten Plusbäume zeigen vielfach eine deutliche Überlegenheit gegenüber der ersten Ertragsklasse (Abbildungen 4 und 5). Bemerkenswert sind die selektierten Plusbäume aus Samenplantagen-Absaaten. Diese zeigen immer eine deutlich Überlegenheit gegenüber der ersten Ertragsklasse. Die Auswahl nach mehreren Ertragskomponenten steigert zwar den Gesamtertrag erheblich, jedoch kann bei einzelnen Komponenten die Merkmalsausprägung schlechter ausgeprägt sein

(Hattemer 1993). Daher liegt die Wuchsleistung einiger Bäume unterhalb der ersten Ertragsklasse. Auch können schlechtere Standorte zu geringeren Höhenwuchsleistungen führen.

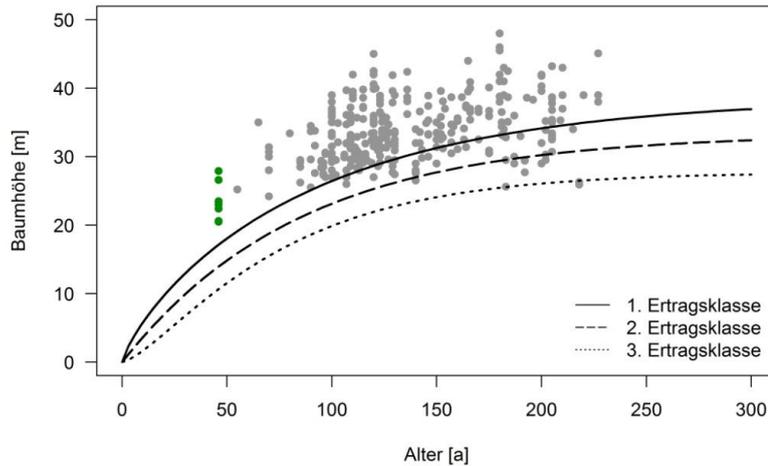


Abbildung 4: Höhenwuchsleistung der Stiel-Eichen-Plusbäume in Relation zu den Ertragstafelwerten. Grundlage für die Höhenkurven sind die Werte für die starke Durchforstung (SCHÖBER 1975). Grün hervorgehoben sind die Plusbäume, die aus Versuchsfeldern selektiert wurden.

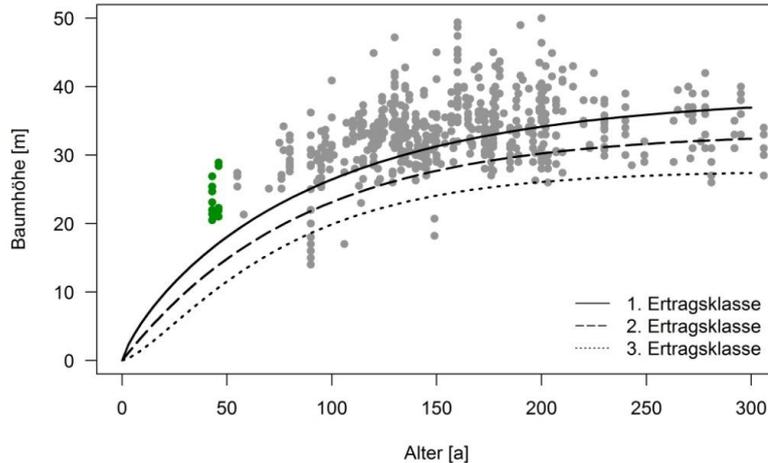


Abbildung 5: Höhenwuchsleistung der Trauben-Eichen Plusbäume in Relation zu den Ertragstafelwerten. Grundlage für die Höhenkurven sind die Werte für die starke Durchforstung (SCHÖBER 1975). Grün hervorgehoben sind die Plusbäume, die aus Versuchsfeldern selektiert wurden.

Verwendungszonen

Zusätzlich sollten Verwendungszonen berechnet werden. Diese sind als Ergänzung zu den bestehenden Herkunftsgebieten zu verstehen und werden für den Aufbau von Zuchtpopulationen benötigt. In folgenden Projektperioden sollen für die ausgewiesenen Zonen Samenplantagen aufgebaut werden, die der Forstpraxis besonders hochwertiges und für die Region klimatisch angepasstes Saatgut liefern sollen.

Für die Berechnung von Verwendungszonen sollten die Daten aus Versuchsserien verwendet werden. Als statistische Methode wurde der Ansatz der Regressionsbäume gewählt, mit deren Hilfe Daten binär in unterschiedliche Gruppen mit möglichst homogenen Eigenschaften aufgeteilt werden können. Der Vorteil des Verfahrens liegt in der recht einfachen Interpretation der Ergebnisse. Zur Berechnung wurde die Statistik Software R (R-CORE TEAM 2018) und das Packet `r-part` verwendet (THERNEAU & ATKINSON 2018). Genutzt wurden Höhendaten des Versuchs und monatliche sowie aggregierte Klimadaten aus der Climate EU Datenbank (ClimateEU v4.63). Diese Methode stellt jedoch gewissen Anforderungen an die Datengrundlage. Entscheidendes Kriterium war die Prüfgliedanzahl und deren Verteilung. Fast alle Versuchsserien erwiesen sich als ungeeignet, weil die Serien nur wenige Prüfglieder umfassten, oder diese nur kleinräumig verteilt sind. Letztendlich erwies sich nur eine Fläche aus dem Zuständigkeitsbereich der NW-FVA auf Grund ihrer Prüfgliedanzahl (50 Herkunftse Trauben-Eiche) und deren Verteilung in Deutschland als brauchbar.

Das Modell errechnete als wichtigste Einflussgröße auf die Höhenwuchsleistung die Variable Niederschlag im Juli am Herkunftsort des Prüfglieds. Bei einem Wert von 73,5 mm Niederschlag im Juli teilt das Modell die Prüfglieder in zwei Gruppen mit einer mittleren Wuchshöhe von 16,3 m (Prüfgliedgruppe 1, Juliniederschlag <73,5 mm) und 18,3 m (Prüfgliedgruppe 2, Juliniederschlag > 73,5 mm). Damit wird Deutschland in zwei Zonen unterteilt, eine mit weniger und eine mit mehr Niederschlag (siehe Abbildung 6). Man erkennt klar, dass Herkunftse aus trockeneren Regionen auf der Versuchsfläche (84 mm Niederschlag im Juli) eine bessere Höhenwuchsleistung zeigen als Herkunftse von feuchteren Regionen (siehe Abbildung 6). Anscheinend nutzen Bäume der trockeneren Herkunftse das Wasserangebot am Versuchsflächenstandort effizienter. Umgekehrt bedeutet das aber auch, dass Bäume feuchterer Herkunftse in trockenen Regionen weniger gut angepasst sind.

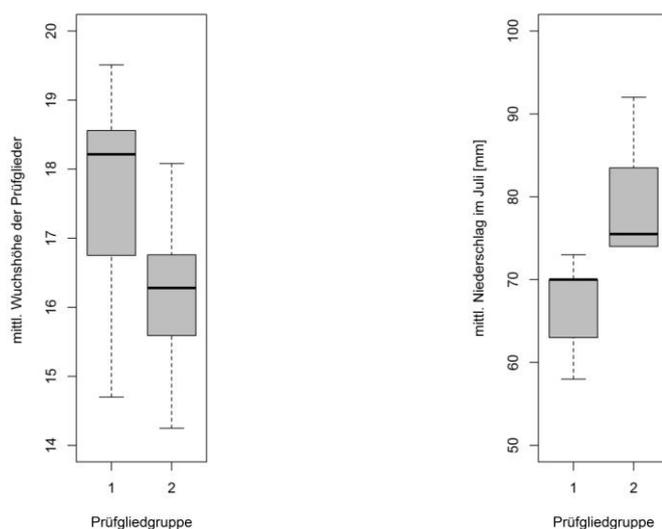


Abbildung 6: Links: mittlere Wuchshöhen der Prüfglieder getrennt nach Eingruppierung des R-Part Modells. Rechts: Mittlere Niederschläge der Prüfglieder am Herkunftsort getrennt nach Eingruppierung des R-Part Modells. Prüfgliedgruppe 1 = Herkunftse von trockeneren Gebieten, Prüfgliedgruppe 2 = Herkunftse von feuchteren Gebieten.

Aufbauend auf den Ergebnissen wurde Deutschland primär in 2 Zonen unterteilt (trockenere und feuchtere Gebiete). Aus administrativen Gründen wurden die trockenen Regionen in einen westlichen und östlichen Bereich unterteilt. Schlussendlich wurden für die Trauben-Eiche in Deutschland 3 Verwendungszonen ausgewiesen. Die erste umfasst die feuchteren Regionen der Mittelgebirge, die zweite

die trockeneren Regionen in Ost-Deutschland und die dritte die trockeneren Regionen in West-Deutschland (Abbildung 7). Zusätzlich wurde ein Übergangsbereich von $\pm 5\%$ des Grenzwertes ausgewiesen. Innerhalb des Übergangsbereiches kann die Verwendung von Material beider Verwendungszonen empfohlen werden. Für den nordwestlichen und südlichen Raum wurden vorerst keine Verwendungszonen ausgewiesen, weil es sich um klassische Stiel-Eichen Standorte handelt, oder waldbaulich die Trauben-Eiche keine große Rolle spielt.

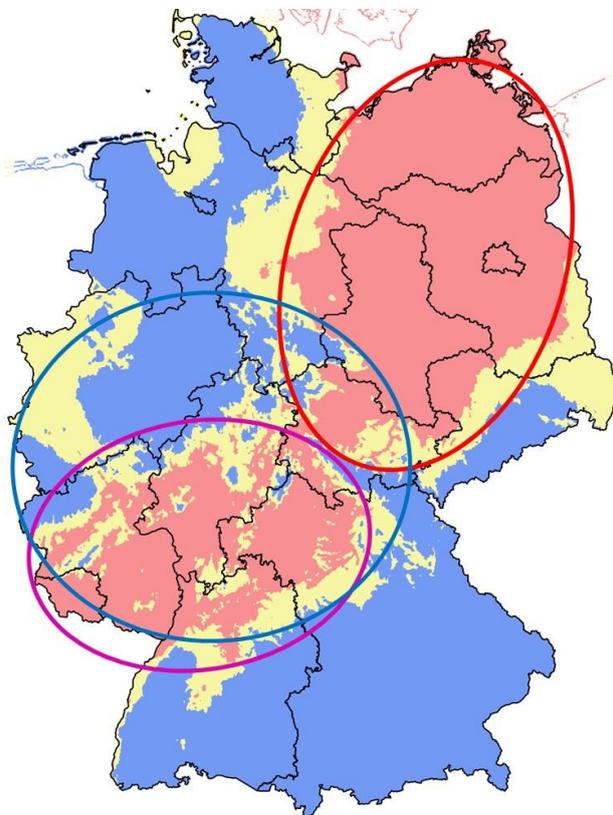


Abbildung 7: Ausgewiesene Verwendungszonen in Deutschland. Grundlage ist das R-Part Model. Der rote Bereich stellt die Regionen mit einem Niederschlag von weniger als 69,8 mm und die blauen Bereiche Regionen mit mehr als 77,3 mm dar. Zusätzlich ist ein Pufferbereich von 69,9 bis 77,2 mm Niederschlag (gelb) ausgewiesen. Blaue Umrandung = Verwendungszone feuchtere Regionen; pinke Umrandung = Verwendungszone trockenere Regionen West-Deutschland; rote Umrandung = Verwendungszone trockenere Regionen Ost-Deutschland.

Genetische Analysen

Alle identifizierten Plusbäume wurden ebenfalls genetisch charakterisiert. Dafür wurden 12 Mikrosatelliten genutzt, die sich in der Vergangenheit besonders für die Artunterscheidung bewährt haben: QrZAG65, QrZAG87, QrZAG7, QrZAG5b, QrZAG20, QrZAG104, QrZAG15, QrZAG110, QrZAG11, QrZAG96, QrZAG112 und MsQ13 (LEPAIS et al. 2006, STEINKELLNER et al. 1997, DOW et al. 1995). Die Bereitstellung der genetischen Daten erfolgte durch das Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG).

Grundsätzlich wurden die Daten für eine exakte Artunterscheidung benötigt. Die Aufnahme der Plusbäume erfolgte auch in den Wintermonaten, in der eine Artansprache am Laub schlecht möglich war. Das führte dazu, dass einige Bäume bei der Kartierung als falsche Art angesprochen wurden. So konnten insgesamt 69 Bäume durch genetische Analysen der jeweils anderen Art zugeordnet werden. Weitere 16

Individuen zeigten triploide Strukturen und sind damit für die spätere Anlage von Samenplantagen ungeeignet.

Darüber hinaus können die genetischen Daten für konzeptionelle Überlegungen zur Anlage von Samenplantagen genutzt werden. Im Vordergrund stand hierbei die Frage, wie viele Genotypen auf einer Samenplantage ausgepflanzt werden müssen, damit das Saatgut nicht nur leistungsfähig, sondern auch nachhaltig divers ist. Mit Hilfe der Plusbaumdaten wurde der Zusammenhang zwischen der Anzahl der Genotypen und populationsgenetischen Variationsmaßen Vielfalt und Diversität untersucht. Verwendet wurden hierfür die genetische Vielfalt und die Diversität nach GREGORIUS (1978). In Simulationen wurden für verschiedene Anzahlen von Genotypen (Abstufung in 20er Schritten) jeweils 100 zufällige Stichproben aus der Grundgesamtheit aller Plusbäume gezogen und die genannten Parameter berechnet.

In den Abbildungen 8 und 9 sind die Ergebnisse der Simulationen für die genetische Diversität dargestellt. Bei der Stiel-Eiche zeigt sich, dass sich der Median von 40 auf 60 Individuen noch einmal deutlich verschiebt. Danach bleibt er abgesehen von geringen Schwankungen auf einem Niveau (siehe Abbildung 8). Ein t-Test zeigte ebenfalls, dass sich ab 60 Genotypen die Verteilungen nicht mehr signifikant voneinander unterscheiden. Bei der Trauben-Eiche zeigte sich ähnliches, jedoch erst ab einer Individuenzahl von 80 (Abbildung 9). Der t-Test zeigte ab diesen Punkt ebenfalls keine signifikanten Unterschiede zwischen den Verteilungen. Nach dieser Auswertung sollten bei den Eichen mindestens 60 bis 80 Genotypen für eine hohe Diversität auf einer Samenplantage vertreten sein. Sollen zu einem späteren Zeitpunkt, aufbauend auf Ergebnissen einer Nachkommenschaftsprüfung, die schlechtesten Vererber entfernt werden, sollten anfänglich höhere Genotypenzahlen vorgesehen werden. Daher wird empfohlen, neue Eichensamenplantagen mit ca. 100 Genotypen zu begründen.

Bei der genetischen Vielfalt verhält es sich anders. Hier können durchweg höhere Vielfaltswerte durch die Hinzunahme weiterer Genotypen erzielt werden (Abbildungen 10 und 11). Auch der t-Test zeigt selbst bei hohen Individuenzahlen signifikante Unterschiede zwischen den Verteilungen. Jedoch werden bei einer vorgesehenen Plantagengröße von 100 Genotypen ca. 75% der überhaupt möglichen Allele erfasst. Somit weisen Plantagen in der angestrebten Größe eine ebenfalls hohe Vielfalt auf.

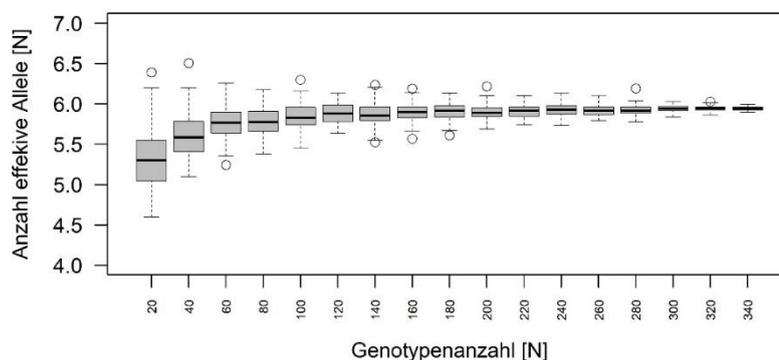


Abbildung 8: Genetische Diversität der Stiel-Eichen-Plusbäume in Abhängigkeit von der Genotypenzahl. Für die Berechnung eines Boxplots wurden jeweils 100 zufällig gezogene Teilpopulationen verwendet.

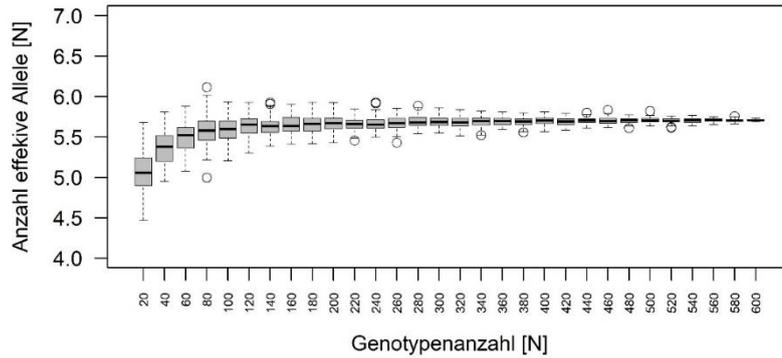


Abbildung 9: Genetische Diversität der Trauben-Eichen Plusbäume in Abhängigkeit von der zu Grunde liegenden Genotypenzahl. Für die Berechnung eines Boxplots wurden jeweils 100 zufällig gezogene Teilpopulationen verwendet.

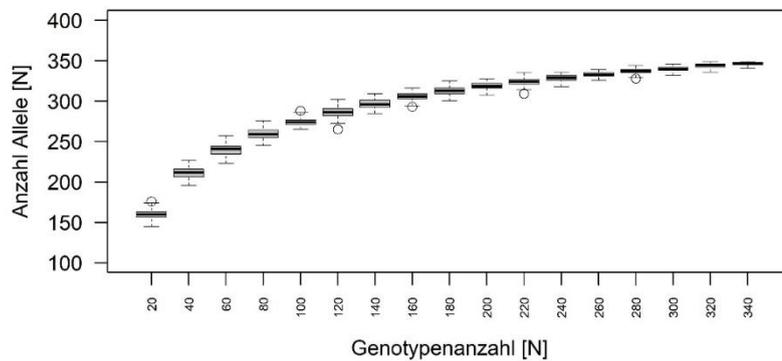


Abbildung 10: Genetische Vielfalt der Stiel-Eichen-Plusbäume in Abhängigkeit von der Genotypenzahl. Für die Berechnung eines Boxplots wurden jeweils 100 zufällig gezogene Teilpopulationen verwendet.

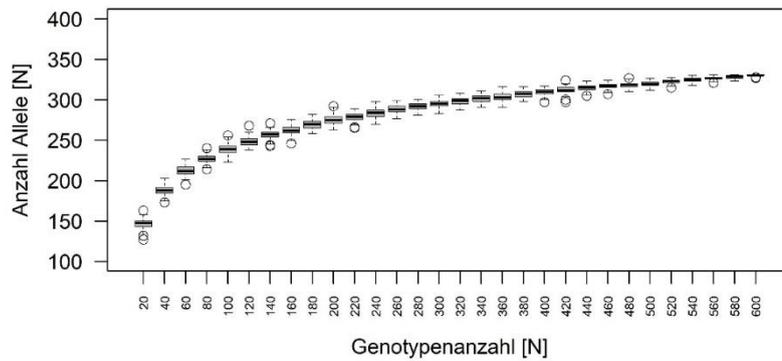


Abbildung 11: Genetische Vielfalt der Trauben-Eichen Plusbäume in Abhängigkeit von der zu Grunde liegenden Genotypenzahl. Für die Berechnung eines Boxplots wurden jeweils 100 zufällig gezogene Teilpopulationen verwendet.

Phänologische Aufnahmen

Für die Anlage von Samenplantagen ist neben der genetischen Zusammensetzung das Blühverhalten der Genotypen von besonderem Interesse. Auf den Plantagen werden möglichst Panmixie nahe Reproduktionsverhältnisse angestrebt. Diese ist nur erreichbar, wenn sich die Blühzeiten weitestgehend überschneiden und keine Teilkollektive mit disjunkten Blühintervallen bestehen.

In den Knospen sind die Blatt- und Blütenanlagen für die kommende Vegetationsperiode angelegt. Generell laufen Blütenentwicklung und Blattentfaltung synchron ab (KRAHL-URBAN 1959) und werden zeitlich von Erb- und Umweltfaktoren bestimmt (CHESNOIU et al. 2009). Die Blüte findet jedoch vor der vollständigen Blattentfaltung statt (ROHMEDEK & SCHÖNBACH 1959). Durch die Beobachtung des Austriebsverhaltens einzelner Genotypen können daher auch Rückschlüsse über die Blühzeiten gezogen werden.

Im Pflanzkamp der NW-FVA standen Pflanzlinge von 445 Eichengenotypen (197 Stiel-Eichen und 248 Trauben-Eichen). Im Zeitraum vom 08.04.2019 bis zum 27.05.2019 wurde an 15 Terminen der Austrieb der Knospen bonitiert. Dafür wurde auf einen Boniturschlüssel zurückgegriffen, der sich für die Aufnahme an jungen Pflanzen bewährt hat (TREES4FUTURE 2015). Dieser unterscheidet den Austrieb in 5 Stufen: Knospe geschlossen, Knospe geschwollen, Knospe geöffnet, Blätter entfalten sich und Blätter vollständig entfaltet. Die Bonitur wurde an bis zu 4 Pflanzen eines Genotyps durchgeführt und ein Mittelwert je Genotyp berechnet. Für die deskriptiven Auswertungen wurden Klimadaten aus der ClimateEU Datenbank genutzt.

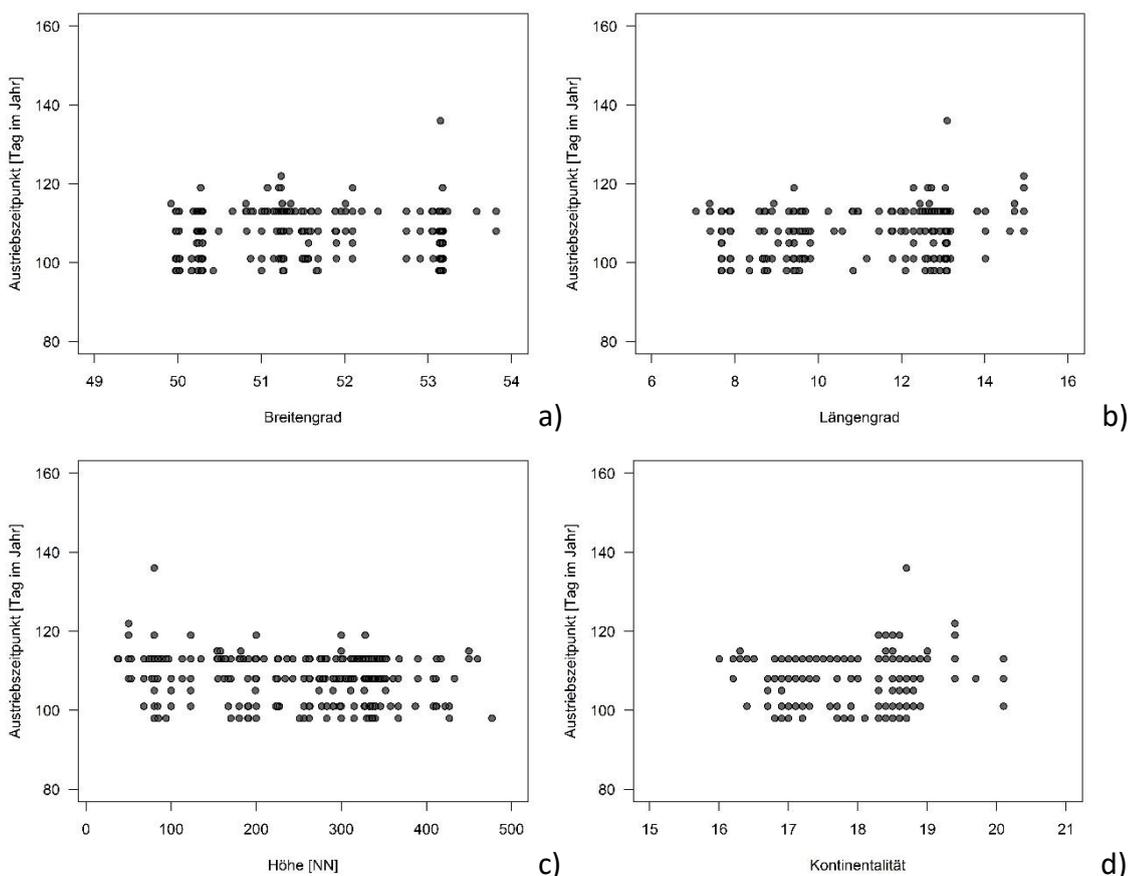


Abbildung 12: Zusammenhang zwischen dem Austriebsstermin (Stadium der Knospenschwellung) und ausgewählten Lage- und Klimaparametern der Plusbaumherkünfte der Trauben-Eichen.

Die Auswertungen zeigen, dass bei den vorhandenen Eichenherkünften keine Zusammenhänge zwischen den Austriebszeitpunkt (Knospe angeschwollen) und ausgewählten Lage- und Klimaparametern bestehen (Abbildung 12). Genotypen einer Samenplantage können daher auch großräumig zusammengestellt werden.

Auf Grundlage der genetischen Untersuchungen wurden bereits Individuen für die Anlage von Samenplantagen ausgesucht. Davon sind einige Genotypen im Kamp der NW-FVA vertreten. Eine Gegenüberstellung der Austriebszeiträume (Knospe geschwollen bis Laub vollständig entfaltet) der Genotypen zeigt eine große Übereinstimmung (Abbildung 13). Es ist zwar zu erkennen, dass nicht zwischen allen Genotypen gleiche Paarungswahrscheinlichkeiten bestehen, aber es können auch keine Teilkollektive mit völlig disjunkten Austriebszeiträumen identifiziert werden. Selbst sehr frühe oder späte Genotypen haben die Möglichkeit, sich mit weiteren Genotypen an der Reproduktion auf der Samenplantage zu beteiligen.

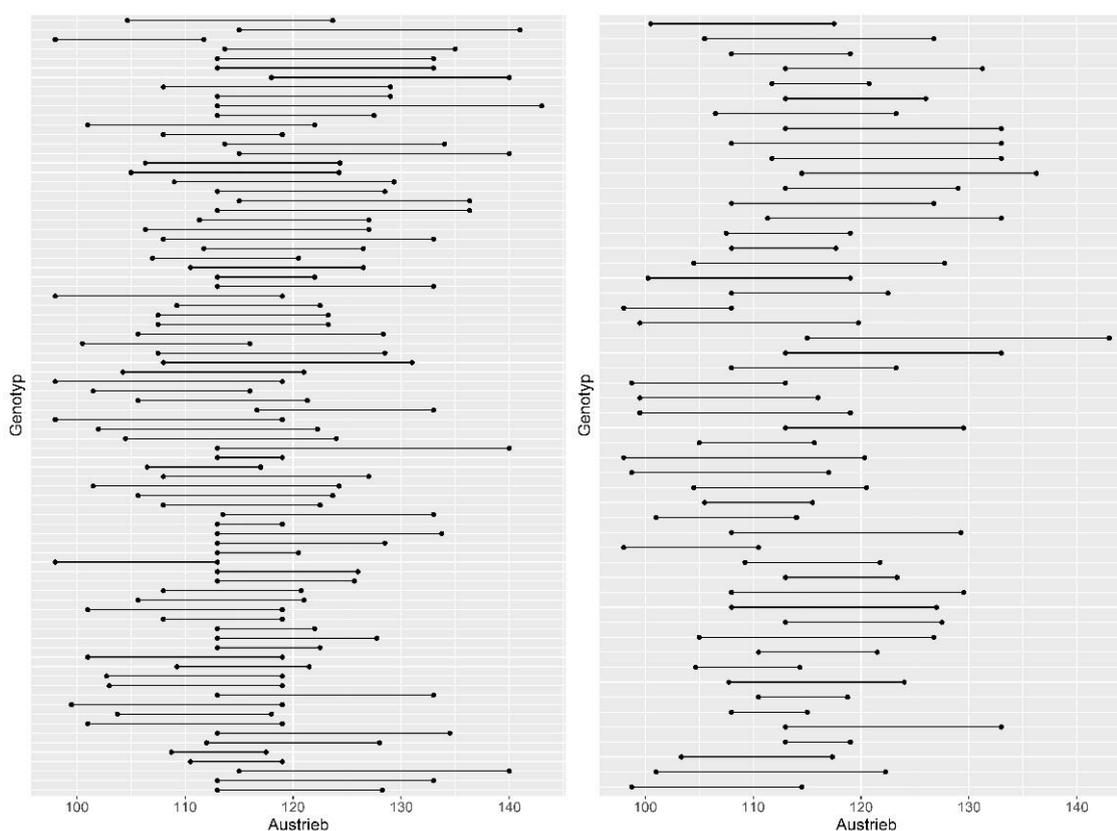


Abbildung 13: Zeiträume des Austriebs der für Samenplantagen vorgesehenen Genotypen. Abgebildet ist der Zeitraum von der geschwollenen Knospe bis zur vollständigen Blattentfaltung abhängig vom Tag im Jahr. Rechts: Genotypen für die Samenplantage Trauben-Eiche trockenerer Regionen West-Deutschland, links: Genotypen für die Samenplantage Trauben-Eiche trockenerer Regionen Ost-Deutschland.

Aktueller Stand und Ausblick

Aktuell werden die Genotypen mit zu wenigen Wiederholungen nachgepfropft und Klonarchive zu Sicherung des Materials angelegt. Die erzielten Ergebnisse helfen unter anderem, zukünftige Samenplantagen optimal zu designen und mit den geeigneten Genotypen zu bestücken. In kommenden Projektperioden sollen durch Sekundärpfropfungen von Pflanzen aus den Klonarchiven heraus neue

Samenplantagen begründet werden, die dann der Forstpraxis das dringend benötigte leistungsfähige und klimastabilere Saatgut zur Verfügung stellen.

Danksagung

Die Verbundprojekte "FitForClim" und "AdaptForClim" wurden über den Waldklimafonds vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und dem Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit aufgrund eines Beschlusses des deutschen Bundestages gefördert (Förderkennzeichen: 28WB400701).

Literatur

- AG DBF/LII-KRONENZUSTAND (2001): Kronenstrukturschlüssel für Alteichen. Arbeitsgemeinschaft Dauerbeobachtungsflächen / Levell- Kronenzustand des Bundes und der Länder.
- AG KRONENZUSTAND (2007): Waldbäume – Bildserie zur Einschätzung von Kronenverlichtung bei Waldbäumen. Arbeitsgemeinschaft Kronenzustand des Bundes und der Länder.
- ALDINGER E, ASCHKE N, AYDIN CT, BAUMGART A, BURSE K, ERHARD M, FENKNER-GIES U, FRITZ E, GAUER J, GAUGER T, GRÜLL M, HOCKE R, HOLZHAUSEN M, KATZSCHNER W, KÖLLING C, LEMKE E, MICHIELS HG, MILBERT G, SCHMIDT GA, SCHMIDT W, STÜBER V, ULLRICH T, WIEBEL M, WOLFF B (2005) Waldökologische Naturräume Deutschlands – Forstliche Wuchsgebiete und Wuchsbezirke. Mitteilungen des Vereins für Forstliche Standortskunde und Forstpflanzenzüchtung. Nr. 43.
- AREND M, KUSTER T, GÜNTHARDT-GEORG M S, DOBBERTIN M (2011) Provenance-specific growth response to drought and air warming in three European oak species (*Quercus robur*, *Q. petraea* and *Q. pubescens*)
- AUGUSTIN S, BRAUN S (2016) Der Wasserhaushalt der Waldböden. Züricher Wald, 4: 16-20.
- BMELV (2002): Die zweite Bundeswaldinventur – BWI²-Der Inventurbericht.
- CHESNOIU E, SOFLETEA N, CURTU A, TOADER A, RADU R, ENESCU M (2009) Bud burst and flowering phenology in a mixed oak forest from Eastern Romania. *Annals of Forest Research*, 52(1): 199-206.
- DOW BD, ASHLEY MV, HOWE HF (1995) Characterization of highly variable (GA/CT) n microsatellites in the bur oak, *Quercus macrocarpa*. *Theoretical and Applied Genetics*, 91(1): 137-141.
- FALK W, DIETZ E, GRÜNERT S, SCHULZE B, KÖLLING C (2008) Wo hat die Fichte genügend Wasser? *LWF aktuell*, 66: 21-25.
- GREGORIUS H-R (1978) The concept of genetic diversity and its formal relationship to heterozygosity and genetic distance. *Math. Biosciences* 41: 253-271.
- HATTEMER HH, BERGMANN F, ZIEHE M (1993) Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaft. J. D. Sauerländer's Verlag. Frankfurt am Main.
- HUBERT J, SAVILL P (1999) Improving oak: The first steps towards a breeding programme. *Quarterly Journal of Forestry* 93 (2): 117-125.
- KLEINSCHMIT J, WITTE R, SAUER A (1975) Möglichkeiten der züchterischen Verbesserung von Stiel- und Traubeneichen (*Quercus robur* und *Quercus petraea*). *Inventur der Eichen-Samenplantagen. Allgemeine Forst- und Jagdzeitung* 146 (9): 157-166.
- KRAHL-URBAN J (1959) Die Eichen: Forstliche Monographie der Traubeneiche und Stieleiche. Verlag Paul Parey. Hamburg und Berlin.
- LEPAIS O, LEGER V, GERBER S (2006) Short note: high throughput microsatellite genotyping in oak species. *Silvae Genetica* 55 (4-5): 238.
- R CORE TEAM (2018): R: A language and environment for statistical computing, Austria.
- ROHMEDER E, SCHÖNBACH H (1959) Genetik und Züchtung der Waldbäume. Verlag Paul Parey. Hamburg und Berlin.
- SÁNEZ-ROMERO C, LAMY JB, DUCOUSSO A, MUSCH B, EHRENMANN F, DELZON S, CAVERS S, CHALUPKA W, DAGDAS S, HANSEN JK, LEE SJ, LIESEBACH M, RAU HM, PSOMAS A, SCHNECK V, STEINER W, ZIMMERMANN NE, KREMER A (2017) Adaptive and plastic responses of *Quercus petraea* populations to climate across Europe. *Global Change Biology* 23 (7): 2831-2847.
- SCHOBER R (1975) Ertragstabellen wichtiger Baumarten. J. D-Sauerländer's Verlag. Frankfurt a. M.

STEINKELLNER H, FLUCH S, TURETSCHKE E, LEXER C, STREIFF R, KREMER A, BURG K, GLÖSSL J (1997) Identification and characterization of (GA/CT)_n-microsatellite loci from *Quercus petraea*. *Plant Molecular Biology* 33 (6): 1093-1096.

THERNEAU R, ATKINSON B (2018) Recursive Partitioning and regression Trees, R package version 4.1-15, <https://CRAN.R-project/package=rpart>.

TREES4FUTURE (2015): TREES4FUTURE – Designing Trees for the Future, D2.1 – Common protocols and reference standards for selected traits and species.
http://www.trees4future.eu/uploads/t4fdeliverables/T4F_D21_submitted.pdf (2019-12-20)

Autoren

ANDRÉ HARDTKE, Dr. WILFRIED STEINER

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), Abteilung C Waldgenressourcen Prof.-Oelkers-Str. 6,
34346 Hann. Münden
andre.hardtke@nw-fva.de