

ENDBERICHT

**Johann Heinrich von Thünen-Institut,
Institut für Forstgenetik**

in Zusammenarbeit mit dem

**Bayerischen Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht
(Projektpartner I)**

**Universität Hamburg, Zentrum Holzwirtschaft,
Arbeitsbereich Weltforstwirtschaft
(Projektpartner II)**

**Landesbetrieb Wald und Holz NRW, Lehr- und Versuchsforstamt
Arnsberger Wald, Fachgebiet Waldökologie und Forstgenetik
(Projektpartner III)**

**Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Fachbereich
Waldentwicklung /Monitoring
(Projektpartner IV)**

zum Thema

***„Etablierung einer Standardmethode zur genetisch
nachhaltigen Ernte von forstlichem Vermehrungsgut
in zugelassenen Saatgutbeständen“****

(07/BM009)

von

**Bernd Degen, Céline Jolivet, Martin Rogge, Barbara Fussi, Monika
Konnert, Eva Cremer, Frank Becker, Ralf Kätzel**

Projekt- und Berichtszeitraum

Januar 2008 – Juni 2012

*Das diesem Bericht zugrunde liegende Verbund-Modell- und Demonstrationsvorhaben wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) gefördert.

Gliederung

1	<i>Aufgabenstellung und Ziel des Vorhabens</i>	3
2	<i>Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde</i>	3
3	<i>Planung und Ablauf</i>	4
3.1	Planung	4
3.2	Ablauf und Abweichungen zur ursprünglichen Planung	7
4	<i>Methode</i>	8
4.1	Beschreibung der Bestände / Saatguternte	8
4.1.1	Kirsche	8
4.1.2	Eiche.....	13
4.2	Genetische Inventuren Kirsche	15
4.3	Stichprobennahme und genetische Inventuren Eiche	16
4.4	Genetische Maße	18
4.5	Bestimmung der Qualität des Saatgutes	19
4.6	Baumschulversuche	19
4.7	Anlage der Versuchsflächen (Folgebestand)	20
4.8	Simulationstudien	22
5	<i>Ergebnisse</i>	24
5.1	Kirsche	24
5.1.1	Demographische und räumlich genetische Struktur der Bestände	24
5.1.2	Vergleich der genetischen Zusammensetzung verschiedener Entwicklungsstadien	25
5.1.3	Paarungssystem	28
5.1.4	Simulationsergebnisse	30
5.1.5	Saatgutqualität	34
5.1.6	Baumschulversuch (Vitalität, Wachstum).....	34
5.1.7	Versuchsflächen	37
5.2	Eiche	38
5.2.1	Demographische und räumlich genetische Struktur der Bestände	38
5.2.2	Vergleich der genetischen Zusammensetzung verschiedener Entwicklungsstadien	40
5.2.3	Paarungssystem	43
5.2.4	Simulationsergebnisse	46
5.2.5	Saatgutqualität	48
5.2.6	Baumschulversuch	49
6	<i>Diskussion und Schlussfolgerungen für die Praxis</i>	52
7	<i>Zusammenfassung</i>	54
8	<i>Summary</i>	57
9	<i>Literatur</i>	59

1 Aufgabenstellung und Ziel des Vorhabens

Ziel des Modellvorhabens war es, eine Standardmethode zur Ermittlung der Mindestfläche und Mindestbaumzahl sowie der Mindestzahlen zu beerntender Bäume in zugelassenen Erntebeständen für eine genetisch nachhaltige Durchführung der Saatguternte zu entwickeln. Mit Hilfe von genetischen Inventuren sollte an ausgewählten Beispielen untersucht werden, in welchem Umfang die genetische Zusammensetzung und genetische Vielfalt des geernteten Vermehrungsgutes derjenigen des Ausgangsbestandes entspricht und ob bzw. wie sich die genetische Zusammensetzung des gewonnenen Saatgutes in Abhängigkeit von Baumzahl und Baumverteilung ändert.

Das geerntete Vermehrungsgut sollte ferner in zwei Baumschulen einzelbaumweise angezogen werden, um die Angepasstheit, Qualität und genetische Zusammensetzung der Sämlingspopulationen in Abhängigkeit von der Anzahl an beernteten Bäumen zu beurteilen. Die gewonnenen Daten sollten dann im Rahmen der wissenschaftlichen Betreuung einer integrierten Auswertung unterzogen werden. Hierbei sollten die genetischen Daten gemeinsam mit Informationen zur Bestandesstruktur, Blühphänologie, Blühintensität, Fruktifikationsstärke und Pollenverbreitung in Simulationsstudien mit dem Computermodell EcoGene einfließen. Dadurch sollten die Mindestanforderungen für Flächengröße, Baumzahl und Anzahl an Erntebäumen unter variierenden Bedingungen des Paarungssystems ermittelt werden, um die Übertragbarkeit auf andere Bestände derselben Baumart sowie auf andere Baumarten möglich zu machen.

Mit der Entwicklung einer Standardmethode zur Erarbeitung von Vorgaben zur Ernte von forstlichem Saatgut sollte das Vorhaben zur Entwicklung und Erprobung von Konzepten und Verfahren für eine verstärkte und verbesserte Nutzung genetischer Ressourcen in der Forstwirtschaft beitragen.

2 Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde

Die nachhaltige und multifunktionale Waldentwicklung ist langfristig auf die ökologische Stabilität und damit auf die Erhaltung der Anpassungsfähigkeit der Wälder auf sich vielfältig ändernde Umweltfaktoren ausgerichtet. Eine Grundvoraussetzung hierfür ist die generationenübergreifende Erhaltung der genetischen Vielfalt der Populationen. Gerade im Zuge des Klimawandels gewinnt der Bestandesumbau und damit die künstliche Verjüngung eine neue Bedeutung. Forstlich relevante Gesetze, Verordnungen und Handlungsempfehlung sind an diesem Leitbild auszurichten. Dies gilt auch für das im Mai 2002 verabschiedete Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG), das das Ziel verfolgt „den Wald mit seinen vielfältigen positiven Wirkungen durch die Bereitstellung von hochwertigem und identitätsgesichertem forstlichen Vermehrungsgut in seiner genetischen Vielfalt zu erhalten und zu verbessern sowie die Forstwirtschaft und ihre Leistungsfähigkeit zu fördern.“

Die Gewinnung von forstlichem Vermehrungsgut laut FoVG erfolgt überwiegend in zugelassenen Erntebeständen der Kategorie „Ausgewählt“. In der Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung (FoVZV) wird die Zulassung dieser Erntebestände geregelt. Bei der Zulassung ist u.a. auf folgendes zu achten: „Die Erntebestände der bestandesbildenden Baumarten müssen eine baumartenspezifische Mindestfläche aufweisen, wobei die Anteilsfläche der zugelassenen Baumart ausschlaggebend ist. Erntebestände müssen aus fruktifikationsfähigen Bäumen bestehen, die so zahlreich und gut verteilt sind, dass zwischen den Bäumen eine ausreichende gegenseitige Befruchtung gewährleistet ist. Zur Vermeidung der Gefahr eines Verlusts an genetischer Vielfalt wird die Zulassung mit der Auflage versehen, dass die Ernte von einer Mindestzahl etwa gleichmäßig über den Erntebestand verteilter Einzelbäume erfolgen muss.“ Insgesamt unterliegen 26 Baumarten dem FoVG.

Darunter sind nicht nur bestandesbildende Baumarten sondern auch solche, die in Mischung vorkommen und deren Populationsumfang deutlich geringer ist als bei den Hauptbaumarten.

In der Verordnung findet sich eine Tabelle, in der für jede Baumart die Mindestfläche der zugelassenen Bestände, die Mindestzahl der Bäume im Bestand und die Mindestzahl der zu beerntenden Bäume festgelegt wird. Als Mindestzahl fruktifikationsfähiger Bäume im Bestand gibt das Gesetz je nach Baumart und Lage des Bestandes 20 oder 40 an, die Mindestanzahl von Bäumen, die beerntet werden müssen, liegt in der Regel bei 20. Für seltene bzw. einige Mischbaumarten und Bestände in Extremlagen oder Randgebieten der natürlichen Verbreitung ist sie auf 10 reduziert. Die Festlegung auf diese Zahlen erfolgte willkürlich als Kompromiss zwischen üblicher Erntepraxis und Erhalt der genetischen Vielfalt im Saatgut.

Das Projekt sollte diese Zahlen überprüfen und neue Vorgaben zur Mindestzahl und räumlichen Verteilung von Samenbäumen auf wissenschaftlicher Basis erarbeiten.

3 Planung und Ablauf

3.1 Planung

Das Projekt wurde von den folgenden vier Projektpartnern bearbeitet:

- Partner I: Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP)
- Partner II: Universität Hamburg, Zentrum Holzwirtschaft, Arbeitsbereich Weltforstwirtschaft
- Partner III: Landesbetrieb Wald und Holz NRW, Lehr- und Versuchsforstamt Arnsberger Wald, Fachgebiet Waldökologie und Forstgenetik
- Partner IV: Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Fachbereich Waldentwicklung /Monitoring
- Für die wissenschaftliche Betreuung (WB) und Gesamtkoordinierung war das Thünen Institut für Forstgenetik zuständig.

Tabelle 1 gibt einen Überblick zu den Arbeitsschritten und der ursprünglichen Zeitplanung gemäß Antrag. Tabelle 2 zeigt die Arbeitsteilung zwischen den Partnern auf.

Mit Hilfe von genetischen Inventuren sollte im Projekt für Vogelkirsche und Rotbuche untersucht werden, in welchem Umfang die genetische Zusammensetzung und genetische Vielfalt des geernteten Vermehrungsgutes derjenigen des Ausgangsbestandes entspricht und ob bzw. wie sich die genetische Zusammensetzung des gewonnenen Saatgutes in Abhängigkeit von Baumzahl und Baumverteilung ändert.

Auswahl und genetische Charakterisierung der Erntebestände

Untersucht werden sollten für beide Baumarten je drei zugelassene Erntebestände (Kategorie „Ausgewähltes Vermehrungsgut“) in den Bundesländern Brandenburg, Bayern und Nordrhein-Westfalen. In jedem Erntebestand sollte die genetische Zusammensetzung der reproduzierenden Population durch eine Vollaufnahme der reproduktionsfähigen Altbäume ermittelt werden. Die Anzahl der Bäume hängt von der Bestandesgröße und Individuendichte ab (ca. 200-1000 Bäume). Bei der Buche sind häufig große Ernteeinheiten mit einer Größe von über zehn ha zugelassen. Die Saatguternte erfolgt in diesen großen Ernteeinheiten jedoch häufig in einem Teilbereich (ca. 4 ha). Daher sollte bei dieser Baumart in Anlehnung an die

Erntepraxis eine genetische Vollerhebung in einer solchen Ertekernzone des Bestandes durchgeführt werden.

Als Genmarker sollten bi-parental vererbte co-dominante Mikrosatelliten verwendet werden. Die Genmarker waren zu Projektbeginn bereits entwickelt worden und standen für die praktische Anwendung im Rahmen des Projekts zur Verfügung (Clarke and Tobutt 2003; Schueler et al. 2006; Schueler et al. 2003; Vaughan and Russell 2004; Jump and Penuelas 2007; Magri et al. 2006; Scalfi et al. 2004; Vettori et al. 2004).

Jahr	2008		2009		2010		2011	
Halbjahr	I	II	II	II	I	II	I	II
Einmessen Altbäume	xx							
Stichprobennahme Altbäume	xxxxxx							
Saatguternte		xxxxxx						
Saatgutaufbereitung Saatgutprüfung		xxxxxx	xxxxxx					
Baumschulversuch			xxxxxx	xxxxxx	xxxxxx	xxxxxx		
Genetische Analysen Altbäume		xxxxxx						
Genetische Analysen Saatgut		xxx	xxxxxx	xxxxxx				
Genetische Analysen Jungpflanzen					xxxxxx			
Kunstverjüngung mit Jungpflanzen aus Baumschule							xxxx	xxx
Auswertung + Simulationsstudien						xxxxxx	xxxxxx	
Erstellung von Zwischen- und Endbericht				xxxxxx				xxxxxx

Tabelle 1: Ursprünglicher chronologischer Arbeitsplan (x = 1 Monat)

Einmessen der Altbäume

Für die integrative Auswertung mit Hilfe von Computersimulationen sollten möglichst vollständige Eingangsdatensätze angelegt werden. Hierzu zählte neben den Genotypen der Altbäume auch deren räumliche Position und Durchmesser.

Ernte und genetische Charakterisierung des Saatguts

In jedem ausgewählten Bestand sollte Saatgut von 40 Einzelbäumen beerntet werden. Pro Baum sollten ca. 1000 volle Samen geerntet werden. Das Saatgut sollte einzelbaumweise getrennt gehalten werden. Für die genetische Inventur sollten pro Einzelbaumnachkommenschaft 20 Samen an 8-12 Mikrosatelliten-Genorten untersucht werden. In Anlehnung an die forstliche Praxis sollte die Beerntung des Saatguts bei der Buche durch 40 Netze unter einzelnen Buchen erfolgen.

Saatgutprüfung und Anzucht des Saatguts in der Baumschule

Für das Saatgut jedes Einzelbaumes sollte zunächst eine Saatgutprüfung nach den ISTA-Vorgaben durchgeführt werden. Repräsentative Saatgutproben der 3x40 Einzelbäume sollten

getrennt nach Nachkommenschaften parzellenweise (240 Einzelparzellen je Baumschule mit mindestens 200 Sämlingen) ausgebracht werden. In Brandenburg sollten hierbei die Buchen und in Nordrhein-Westfalen die Kirschen angezogen werden. Die Einzelnachkommenschaften sollten anschließend hinsichtlich ihres Anwuchserfolges, ihres Wachstums, der Vitalität, Wuchsformen und ihrer genetischen Struktur untersucht werden.

Sofern in der Baumschule deutliche Unterschiede in der Mortalität zwischen Einzelbaumnachkommenschaften beobachtet würden, sollte im zweiten Jahr nach der Aussaat von den überlebenden Sämlingen/Jungpflanzen eine weitere Stichprobe von 20 Pflanzen pro Einzelbaumnachkommenschaft genetisch untersucht werden. Hierdurch sollte die Auswirkung der genetischen Selektion bestimmt werden.

Partner	I	II	III	IV	WB
Aufgaben					
Auswahl Erntebestände Eiche	E1		E2	E3	
Auswahl Erntebestände Kirsche	K1		K2	K3	
Einmessen Altbäume Eiche	E1		E2	E3	
Einmessen Altbäume Kirsche		K1,K2,K3			
Beprobung Altbäume Eiche für genetische Analysen	E1	E3	E2		
Beprobung Altbäume Kirsche für genetische Analysen		K1,K2,K3			
Saatguternte + Saatgutaufbereitung Eiche	E1		E2	E3	
Saatguternte + Saatgutaufbereitung Kirsche	K1		K2	K3	
Saatgutprüfung Eiche	E1	E3	E2		
Saatgutprüfung Kirsche	K1	K3	K2		
Baumschulversuch + Kunstverjüngung Eiche				E1,E2,E3	

Tabelle 2: Die zwischen den einzelnen Partnern (I, II, III, IV) und der Wissenschaftlichen Betreuung (WB) vereinbarte Arbeitsteilung ; E1, K1 = Eichen- und Kirschen-Bestand Bayern, E2, K2 = Eichen- und Kirschen-Bestand NRW, E3, K3= Eichen- und Kirschen-Bestand Brandenburg

Auswertung

Pro Baumbestand sollten nach Abschluss der genetischen Inventuren Daten zur genetischen Zusammensetzung von drei Kollektiven vorliegen: (a) Altbestand, (b) Saatgut und (c) Sämlinge am Ende der Anzuchtzeit in der Baumschule. Diese genetischen Daten der drei Kollektive sollten hinsichtlich der genetischen Vielfalt (Anzahl an Allelen und Genotypen, Heterozygotie etc.) und genetischen Unterschiedlichkeit (genetische Abstände) verglichen werden. Die Daten des Saatguts sollten genutzt werden, um Aussagen zum Paarungssystem (Anteil Fremdbestäubung, effektive Anzahl Väter, Pollenverbreitung etc.) der Bestände zu machen. Ebenso sollten in der Auswertung die Ergebnisse in der Baumschule zu Wachstum, Vitalität und Wuchsformen in Abhängigkeit von der Anzahl an beernteten Bäumen einfließen. Die Auswertung der Daten sollte durch das Thünen-Institut für Forstgenetik als Einrichtung der wissenschaftlichen Betreuung durchgeführt werden.

Die gewonnenen Daten sollten zudem im Rahmen der wissenschaftlichen Betreuung einer integrierten Auswertung unterzogen werden. Hierbei sollten die genetischen Daten gemeinsam mit Informationen zur Bestandesstruktur, Blühphänologie, Blühintensität, Fruktifikationsstärke und Pollenverbreitung in Simulationsstudien mit dem Computermodell Eco-Gene einfließen. Die Simulationsstudien der Auswertung sollten dem Zweck dienen, die

Mindestzahlen für Flächengröße, Baumzahl und Anzahl an Erntebäumen unter variierenden Bedingungen des Paarungssystems zu testen. Hierdurch sollten Informationen zur Übertragbarkeit der Ergebnisse auf andere Bestände derselben Baumart und andere Baumarten erhalten werden.

Verwendung des Vermehrungsgutes nach Abschluss des Vorhabens

Die Partner hatten sich verpflichtet, das Vermehrungsgut nach Abschluss des Versuchs für die künstliche Begründung von Baumbeständen bzw. Versuchsflächen zu verwenden.

3.2 Ablauf und Abweichungen zur ursprünglichen Planung

Jahr 2008

Entsprechend der Arbeitsplanung konnte nach Auswahl geeigneter Bestände die erforderliche Saatgutmenge in allen drei Kirschen-Beständen geerntet werden. Die ausgewählten Bestände waren relativ groß und hatten ca. doppelt so viele reproduktionsfähige Altbäume wie ursprünglich geplant. Hierdurch fiel bei Projektpartner II (Universität Hamburg) der Zeitaufwand für das Einmessen, Beprobieren und die genetische Analyse der Altbäume (Flächen K1, K2, K3 –siehe Tabelle 2) sowie der Mittelbedarf für Reisen zu den Versuchsflächen und für Laborarbeiten höher aus als ursprünglich geplant.

Im Jahr 2008 hatte die Rot-Buche in keinem der drei Bundesländer ausreichend fruktifiziert und konnte daher entgegen den Planungen nicht beprobt werden. Auch bei der Ersatzbaumart Stiel-Eiche konnte nur in dem bayerischen Bestand Saatgut in ausreichender Menge geerntet werden. Die gleichzeitige Anzucht der Eichensämlinge konnte somit nicht erfolgen.

Jahr 2009

Auch im Jahr 2009 erfolgte die Projektdurchführung bei der Kirsche wie geplant. Die Altbestände wurden vollständig eingemessen und genotypisiert. Die Genotypen des Saatgutes wurden bestimmt. Der Baumschulversuch wurde im Jahr 2009 planungsgemäß angelegt. Der Anteil gekeimter Kirschen war allerdings mit 20 % bis 30 % für die meisten Nachkommenschaften geringer als vermutet. In der Baumschule wurden planungsgemäß Jungpflanzen für genetische Untersuchungen beprobt.

Das Saatgut des im Jahr 2008 beernteten bayerischen Stieleichenbestandes wurde im Frühjahr 2009 im Baumschulversuch in Brandenburg ausgesät. Ein Jahr später als ursprünglich geplant wurde dann in NRW ein zweiter Stieleichenbestand mit ausreichender Fruktifikation gefunden und das notwendige Saatgut geerntet. In Brandenburg musste die Beerntung des Saatgutes in einem zugelassenen Traubeneichenbestand durchgeführt werden. Ein Stieleichenbestand mit ausreichender Saatgutproduktion konnte auch im Jahr 2009 hier nicht gefunden werden. Der Baumschulversuch wurde im Herbst 2009 mit den Aussaaten des Materials der Saatgutbestände aus NRW und Brandenburg ergänzt. Die genetischen Untersuchungen an den Jungpflanzen mussten jedoch anders als geplant noch bis zum Jahr 2011 fortgeführt werden. Dies galt bei den Eichen auch für den Baumschulversuch, der ebenfalls ein Jahr länger als geplant bis zum Frühjahr 2011 fortgeführt wurde. Der Vergleich zwischen den verschiedenen Eichenbeständen war so insbesondere im Hinblick auf die Ergebnisse des Baumschulversuchs nur bedingt möglich.

Jahr 2010

Die erforderlichen genetischen Inventuren wurden am gesamten Kirschen-Material im Jahr 2010 abgeschlossen. Der Baumschulversuch mit den Kirschen wurde im Jahr 2010

planungsgemäß fortgeführt. Die Pflanzen standen damit für die Begründung von Versuchsflächen im Jahr 2011 zur Verfügung.

Im Jahr 2010 erfolgte ein großer Teil der genetischen Inventuren bei der Eiche.

Jahre 2011-2012

Die genetischen Inventuren bei den Eichensämlingen wurden im Jahr 2011 vervollständigt. Bei der praxisüblichen Beerntung des Eichensaatgutes mit Netzen bzw. bei der Handsammlung unter den Bäumen besteht keine 100 % Sicherheit, dass das Eichensaatgut von einem einzigen Mutterbaum stammt. Die genetischen Inventuren zeigten sehr rasch, dass die Zuordnung der Samen zu den potentiellen Mutterbäumen häufig fehlerhaft war. Deswegen mussten im Jahr 2011 zusätzliche Samen genetisch untersucht werden, um die angestrebte Stichprobengröße je Mutterbaum zu erreichen und so die Zielsetzung des Projektes nicht zu gefährden. Auch der Baumschulversuch der Eichen musste im Jahr 2011 fortgesetzt werden. Im Frühjahr 2012 wurden mit den Eichen Versuchsflächen angelegt.

Beim vTI wurden die integrative Datenauswertung und die Modellierung wegen der verzögerten genetischen Inventuren bei der Eiche erst in den Jahren 2011 und 2012 durchgeführt. Die Erstellung des Endberichts verzögerte sich dadurch bis September 2012.

4 Methode

4.1 Beschreibung der Bestände / Saatguternte

4.1.1 Kirsche

Für die Untersuchungen wurden folgende Bestände der Vogelkirsche (*Prunus avium*)- (im folgenden auch kurz als *Kirsche* bezeichnet) ausgewählt (Tabelle 3a; Abbildungen 1, 2a, 2b, 2c).

Fläche	Bundesland	Standort	Koordinaten
K1	Bayern	Gnotzheim	49,623 ° N - 10,192 ° E
K2	Nordrhein-Westfalen	Rheinbach	50,608 ° N - 6,939 ° E
K3	Brandenburg	Große Heide, Prenzlau	53,477 ° N - 13,719 ° E

Tabelle 3a: Übersicht über die drei in das Projekt einbezogenen Kirschen-Bestände

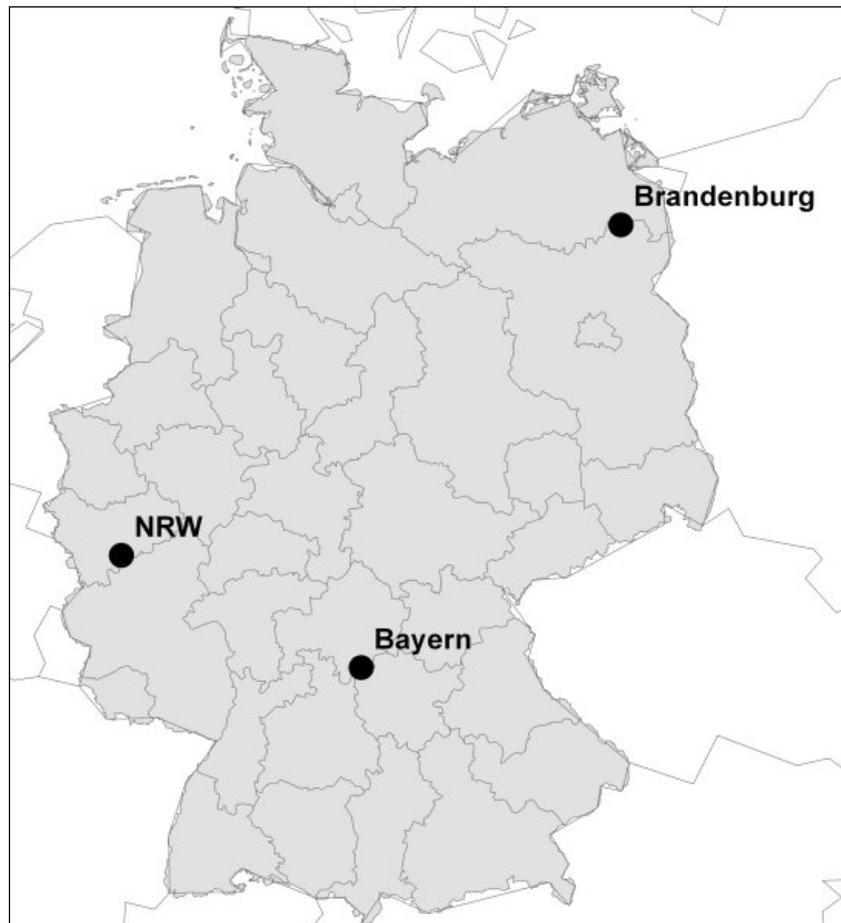


Abbildung 1: Lage der drei untersuchten Wildkirschen-Bestände, Bayern =B1, NRW = B2, Brandenburg = B3

Bestand K1

Der Kirschen-Bestand Bayern (K1; Eigentümer Fürstlich Schwarzenberg'sche Familienstiftung, Domäne Schwarzenberg) befindet sich im Wuchsgebiet Fränkische Platte, Wuchsbezirk, südliche Fränkische Platte in 260-300 m N.N. Es handelt sich um einen autochthonen zugelassenen Kirschen-Saatgut-Erntebestand der Kategorie „Ausgewählt“ (Herkunftsgebiet 81404, Registernummer 091 814 04 039 2) gelegen bei Gnötzheim in Unterfranken. Die Bestandesbegründung erfolgte in den Jahren 1920 bis 1960. Die Gesamtfläche des Bestandes beträgt 68 ha, die Anteilfläche mit Kirsche 1,5 ha.

Die **Beerntung** erfolgte vom 09.- 14. Juli 2008 auf Planen bzw. Netze durch das ASP unter Mithilfe eines gewerblichen Unternehmers. Die Aufarbeitung, Zwischenlagerung und Prüfung des Saatgutes erfolgte durch Projektpartner I in Teisendorf.

Bestand K2

Der Kirschen-Bestand NRW (K2; Eigentümer Stadt Rheinbach) befindet sich im Wuchsgebiet Nordeifel in 220 m N.N. auf mäßig staufrischem, nährstoffreicheren Schiefergebirgslehm mit Lößanteilen. Das Gelände ist eben und leicht wellig. Es handelt sich um einen ca. 8,5 ha großen rd. 60-jährigen Mischbestand aus Traubeneiche, Vogelkirsche und Europäischer Lärche. Im Unterstand finden sich Rotbuche, Douglasie und Winterlinde. Traubeneiche und Vogelkirsche stammen aus Naturverjüngung. Die reduzierte Vogelkirschen-Fläche beträgt im Gesamtbestand rund 1,9 ha. Aufgrund ihres spontanen, standortangepassten Vorkommens und ihrer Qualität wurde die Vogelkirsche bereits früh als

Generhaltungsobjekt behandelt und später als Saatgutbestand unter der Registernummer 05 1 81404 001 2 zugelassen.

Die **Ernte 2008** erfolgte gemäß der Projektvorgaben mittels Rüttler eines gewerblichen Ernteunternehmers auf Planen bzw. Netze. Die Aufarbeitung und Zwischenlagerung des Saatgutes erfolgte durch Projektpartner III in Arnsberg.

Bestand K3

Die Fläche K3 liegt in der ökologische Grundeinheit 10, Wuchsgebiet Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland, Wuchsbezirk Angermünder-Strasburger Grund-(Wellen-) Moräne. Als potentielle natürliche Waldgesellschaft kommt hier der Perlgras-Buchenwald im Komplex mit Frühlingsplatterbsen-Buchenwald vor. Es handelt sich um einen mäßig frischen Standort mit guter bis sehr guter Nährstoffversorgung. Ausgangssubstrate sind lehmige bis sandig-lehmige Substrate (Geschiebemergel). Es handelt sich um privaten Wirtschaftswald der unter fachlicher Beratung durch die Landesforstverwaltung Brandenburg nach den Zielen des Eigentümers bewirtschaftet wird. Ein Schutzstatus als NSG oder FFH-Gebiet liegt nicht vor. Planungsziel ist eine mäßige Hochdurchforstung nach Maßgaben des Eigentümers sowie die fortlaufende Beerntung der Vogelkirsche durch private Unternehmer zur Vermarktung des Saatgutes. Die Gesamtfläche des Bestandes beträgt 67,0 ha, die Anteilfläche der Kirsche ca. 2,0 ha (ca. 400 St.) Die Erntezulassungsnummer lautet 12 3 81402 001 2.

Die **Beerntung** der Kirsche im Bestand K3 erfolgte im Juli 2008 durch ein privates Unternehmen. Die Kirschen wurden dort so wie im Bestand NRW mittels eines an einem Unimog an der Frontzapfwelle befestigten Rüttlers in zuvor ausgelegte Netze gerüttelt. Die Erntemenge übertraf mit durchschnittlich 3,5 kg pro Baum das kalkulierte Gewicht von 2,5 kg pro Erntebaum, das in etwa 1.000 Samen entsprechen sollte. Nach Abmessen von je 100 Samen pro Erntebaum erfolgte die Festlegung, bei 3,5 kg zu bleiben, um die angestrebten 2000 Körner pro Absaat zu erreichen. Insgesamt wurden 141 kg Kirschen von 40 Einzelbäumen geerntet. Die in Eimer abgefüllten Partien wurden der Samendarre Jatznick zwecks Reinigung und Aufbereitung übergeben.

Ein paar Tage nach der Ernte der Kirschen wurden die Samen getrocknet und bei -5°C gelagert. Im Januar 2009 wurde das Saatgut stratifiziert. Im Mai 2009 wurden die Samen in einer Baumschule in Bad Waldliesborn (NRW, Deutschland) ausgesät. Im Herbst 2009 wurden Blätter von 24 Sämlingen pro Einzelbaumabsaat für die genetische Analyse entnommen.

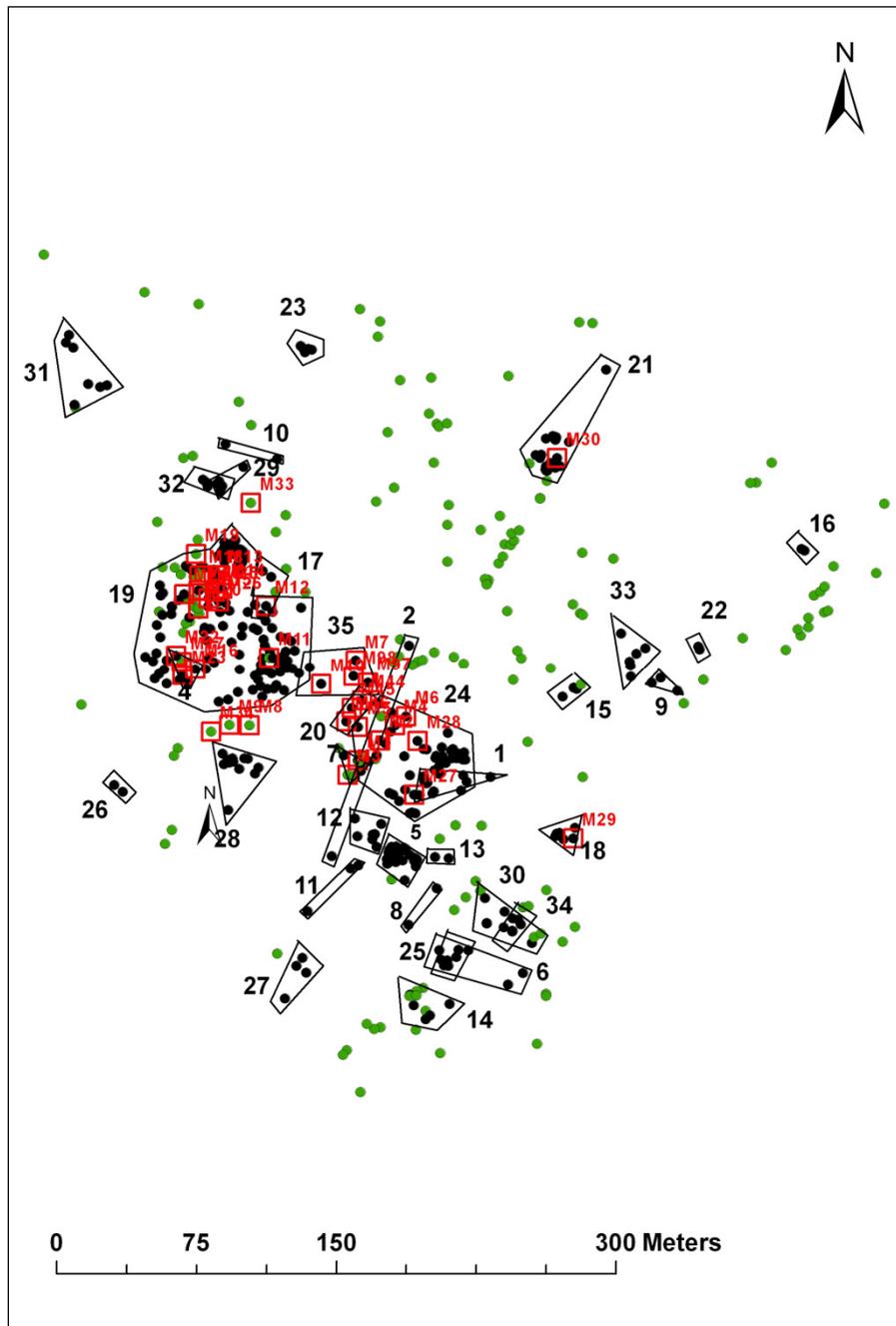


Abbildung 2a: Räumliche Position der beprobten Kirschen im bayerischen Bestand (K1). Die Saatgutbäume sind mit roten Quadraten gekennzeichnet; individuelle Genotypen sind grün markiert, Individuen des gleichen Klon schwarz markiert und alle Individuen desselben Klon mit schwarzen Polygonen umrandet.

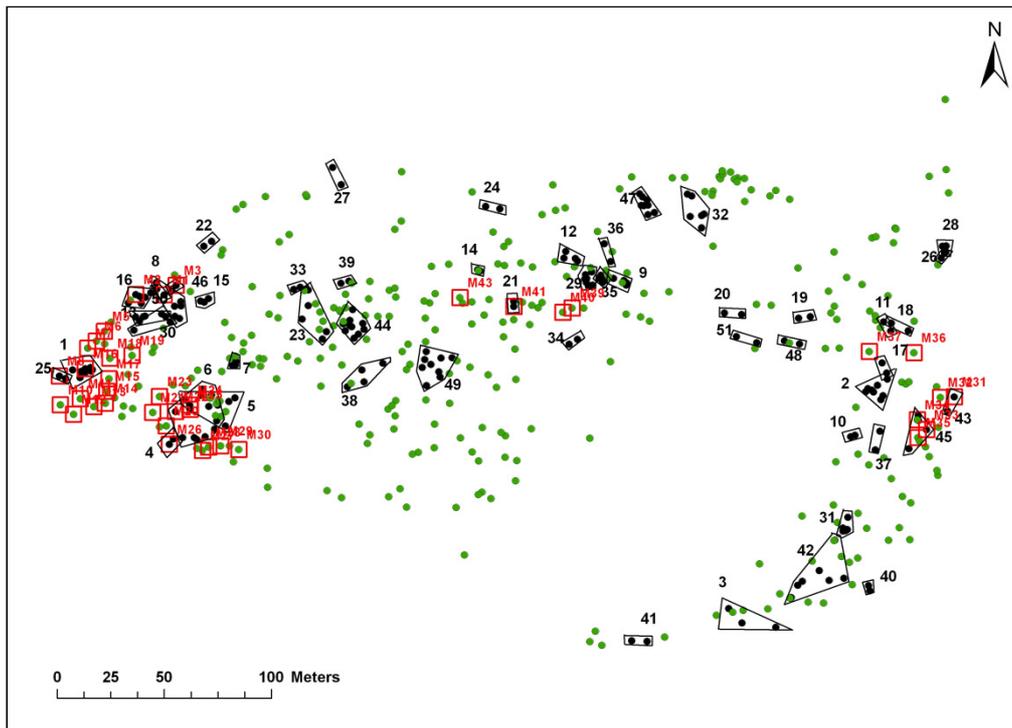


Abbildung 2b: Räumliche Position der beprobten Kirschen im Bestand aus NRW (K2). Die Saatgutbäume sind mit roten Quadraten gekennzeichnet; individuelle Genotypen sind grün markiert, Individuen des gleichen Klons schwarz markiert und alle Individuen desselben Klons mit schwarzen Polygonen umrandet.

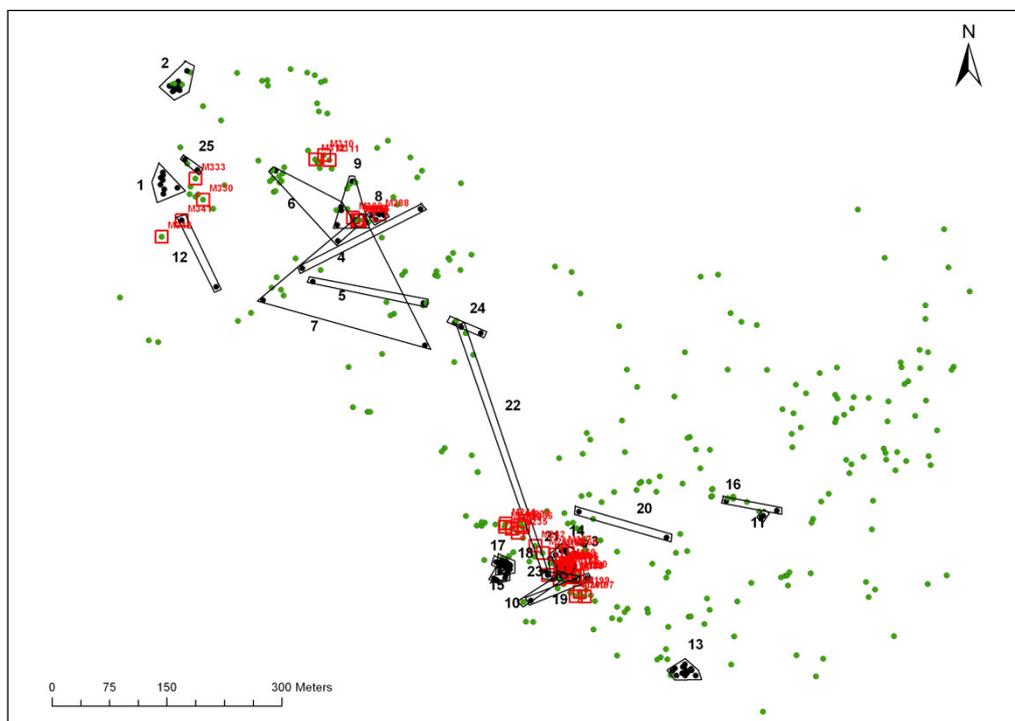


Abbildung 2c: Räumliche Position der beprobten Kirschen im Bestand aus Brandenburg (K3). Die Saatgutbäume sind mit roten Quadraten gekennzeichnet; individuelle Genotypen sind grün markiert, Individuen des gleichen Klons schwarz markiert und alle Individuen desselben Klons mit schwarzen Polygonen umrandet.

4.1.2 Eiche

Die genetische Charakterisierung der Eiche wurde auf den drei in Tab. 3 und Abb. 3 und 4 aufgeführten Flächen durchgeführt. Beim Bestand Bayern (**E1**, Abb. 4a) handelt es sich um einen ca. 2,4 ha großen, 215 – 222 -jährigen Stiel-Eichenbestand mit etwas Buche, Hain-Buche, Linde, Esche, Bergahorn, Kirsche, Tanne sowie reichem Nebenbestand und Naturverjüngung der genannten Baumarten. Die Wuchsleistung entspricht ungefähr der I. Ekl. nach JÜTTNER: 200 Jahre: unterer Höhengrenzwert 33 m; BHD 70 cm; Stammzahl 70 Stück pro ha; Derbholzmasse 500 Vfm. Nach stärkeren Eingriffen in den letzten 3 Jahren liegen leider noch keine neuen Daten zu Stammzahlen, Vorrat und Bestandesaufbau vor. Der Bestockungsaufbau gestaltet sich folgendermaßen: auf eine Alt-Eiche treffen rund 6 Mischbaumarten > 10 cm BHD. Damit entspricht der Bestockungsaufbau ziemlich genau der Richtzahl SCHÄDELINS für Altbestände zwischen Elite- und dienenden Begleitbaumarten. Die Schaftform der Bäume ist durchwegs gut bis sehr gut, die Krone überwiegend gut und der Stamm auffallend feinborkig. Der Bestand wurde im Jahr 1991 als Erntebestand in der Kategorie „ausgewählt“, Herkunftsgebiet 09 (Süddeutsches Hügel- und Bergland sowie Alpen) zugelassen. Die Beerntung erfolgt über Netze, deren Auslage allerdings bei der sich flächig entwickelnden Naturverjüngung immer mehr eingeschränkt wird. Seit seiner Zulassung wurde der Bestand sechsmal beerntet mit einer Gesamtsaatgutmenge von 5.749 kg.

Bei dem Eichen-Bestand NRW (**E2**; Abb. 4b) handelt es sich um einen rund 230-jährigen, vitalen Stieleichen-Buchen-Hainbuchen-Mischbestand von 12,7 ha Gesamtgröße auf grundfeuchtem bis mäßig frischem, teilweise sandigem bis schluffigem Lößlehm im Wuchsgebiet Weserbergland. Das Gelände ist eben bis leicht wellig. Als weitere Baumarten kommen Sandbirke, Roterle und Eberesche vor. Der Stieleichen-Anteil beträgt rund 70%. Der Bestand wird seit 2001 im Erntezulassungsregister als zugelassener Saatgutbestand unter der Register-Nr. 052 81706 058 2 geführt. Aufgrund seines Alters und der Bestandesgeschichte dürfte der Bestand aus örtlichem Saatgut hervorgegangen sein. Er ist damit von besonderer Bedeutung für die Erhaltung der regionalen genetischen Ressourcen der Stieleiche. Die waldbauliche Planung sieht eine konsequente Entnahme von mit der Stieleichen konkurrierenden Rotbuchen vor, um den Bestand möglichst lange als Erntebestand nutzen und evt. natürlich verjüngen zu können.

Der Bestand Brandenburg (**E3**; Abb. 4b) ist ein Traubeneichenbestand mit einer Gesamtfläche von 17,2 ha und einer Anteilfläche der Traubeneiche von ca. 2,6 ha und liegt auf einer Meereshöhe von 56 m üNN. Die potentielle natürliche Waldgesellschaft ist ein Flattergras-Buchenwald im Komplex mit Schattenblumen-Buchenwald. Es handelt sich um einen mäßig frischen Standort mit mittlerer Nährstoffversorgung. Ausgangssubstrat sind sandige Substrate ohne anlehmigen bis lehmigen Sand im Oberboden. Es ist ein Wirtschaftswald der unter fachlicher Beratung durch die Landesforstverwaltung nach den Zielen des Eigentümers bewirtschaftet wird. Ein Schutzstatus als NSG oder FFH-Gebiet liegt nicht vor. Der Bestand liegt im Naturpark "Barnim" und im Landschaftsschutzgebiet "Barnimer Heide". Planungsziel ist eine schwache Hochdurchforstung nach Maßgaben des Eigentümers und eine fortlaufende Beerntung der Traubeneiche zur Vermarktung des Saatgutes (Die Holznutzung ist durch Splitter stark beeinträchtigt, durch die Nähe zur Stadt Eberswalde wird der Bestand durch Erholungssuchende stark frequentiert).

Forstliches Herkunftsgebiet	Waldort	Bundesland	Koordinaten (Gauß- Krüger)	Bezeichnung	Art
817 09 Süddeutsches Hügel- und Bergland, sowie Alpen	Eichet/ Eichel- garten	Bayern	4572530/ 5302628	E1	Stieleiche
817 01 Niedersächsischer Küstenraum und Rheinisch- Westfälische Bucht	Großer Bruch am Wellbach	Nordrhein- Westfalen	3470790/ 5768060	E2	Stieleiche
818 04 Ostdeutsches Tiefland	Eberswalde/ Stadtsee	Branden- burg	5420222/ 5854999	E3	Trauben- eiche

Tabelle 3b: Übersicht über die drei in das Projekt einbezogenen Eichenbestände

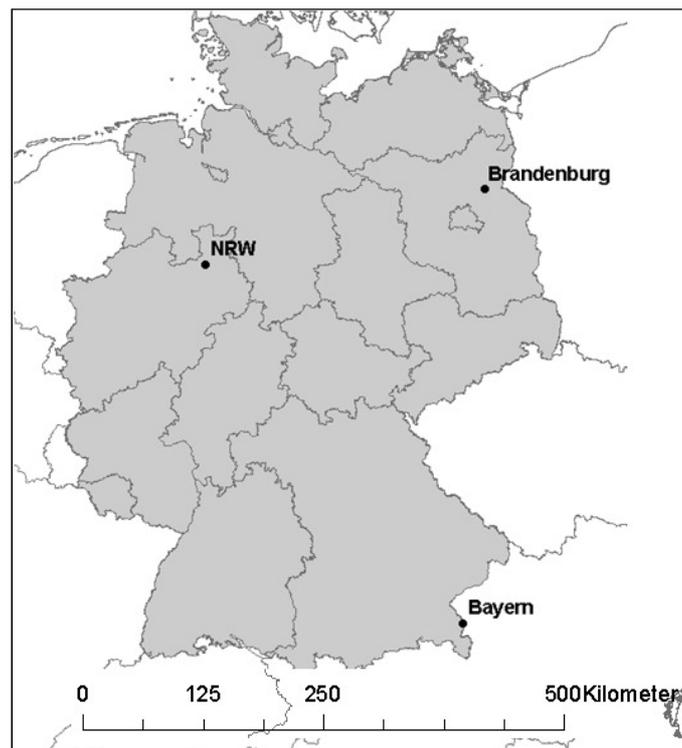


Abbildung 3: Lage der drei untersuchten Eichenbestände (Bayern E1, NRW E2, Brandenburg E3)

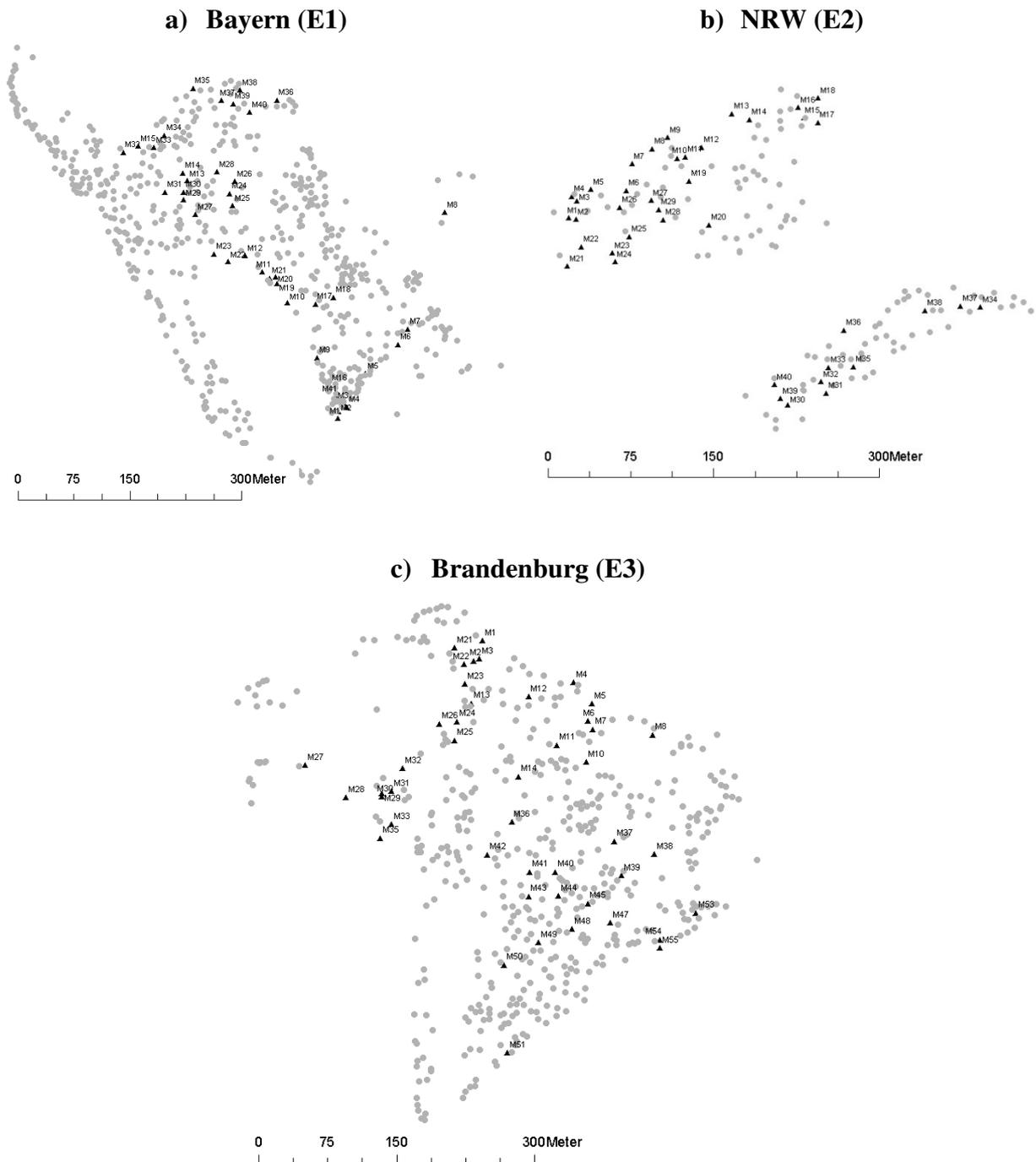


Abbildung 4 a,b,c: Räumliche Verteilung der Eichen in den drei Versuchsfeldern, die Position der Netze unter den Mutterbäumen ist jeweils mit „M“

4.2 Genetische Inventuren Kirsche

Im Sommer 2008 wurden in jedem Bestand Saatgut-Proben von 38-40 Erntebäumen geerntet (Einzelbaumabsaaten). Für die genetische Analyse wurden ferner Blätter oder Knospen von allen Bäumen mit einem BHD größer als 4 cm im Bestand entnommen sowie die räumliche Position der Bäume bestimmt. Der bayerische Bestand hatte schätzungsweise mehr als 1.000 reproduktionsfähige Bäume. Daher hatten wir dort die untersuchte Fläche auf ein Areal von 38 Mutter-Bäumen sowie eine zusätzliche Zone von 100 m um diese Bäume herum eingegrenzt. Im Bestand in NRW konnte im Herbst 2008 Saatgut nur von 39 anstatt der gewünschten 40 Erntebäume Saatgut geerntet werden.

DNA wurde aus Knospen (Altbäume), Blättern (Altbäume, Sämlinge) und Samen extrahiert. Danach wurden alle Proben an acht Kernmikrosatelliten nach Jolivet *et al.* (2011) untersucht. Für Altbäume und Samen wurden außerdem die Genotypen am Selbstinkompatibilitätssystem (SI) nach Vaughan *et al.* (2008) und Sonneveld *et al.* (2003) bestimmt. Die Genotypisierung wurde mit dem DNA-Sequenzierer (Megabace Genetic Analyzer von Amersham Biosciences) durchgeführt.

Die Stichprobenumfänge der drei untersuchten Entwicklungsstadien in den drei Beständen finden sich in Tabelle 4. Für die Altbäume wurden die Genotypen der Mikrosatelliten und des SI-Systems benutzt, um Klone bzw. Gruppen von Klonen zu identifizieren. Hierbei wurden mögliche Fehler bei der Genotypisierung berücksichtigt, in dem für jedes Individuum für einen Genort eine fehlende Übereinstimmung zugelassen wurde.

Reduzierte Kirschenfläche	Bayern 1,5 ha	NRW 1,9 ha	Brandenburg 2,0 ha
Altbäume			
Anzahl Individuen (N)	504	510	455
Anzahl Genotypen (Ng)	192	362	347
Klonale Diversität (Ng/N)	0,38	0,71	0,76
Anzahl Klone	34	51	21
Mittlere Anzahl Individuen je Klon (min – max) = mittlere Anzahl Ramets	10,2 (2-122)	3,9 (2-12)	6,14 (2-20)
Samen			
Anzahl Einzelbaumabsaaten	38	39	40
Anzahl Samen	760	780	800
Sämlinge			
Anzahl Einzelbaumabsaaten	37	39	40
Anzahl Sämlinge	888	936	960

Tabelle 4: Stichprobengrößen für die genetischen Untersuchungen in den drei Wildkirschen-Beständen und Ausmaß der Verklonung

4.3 Stichprobennahme und genetische Inventuren Eiche

Im Eichenbestand E1 wurden alle Stieleichen mittels GPS-Gerät eingemessen und beprobt. Die Beprobung des Bestandes E2 erfolgte nicht im gesamten zusammenhängenden Gebiet, sondern in zwei Teilgebieten. Für alle beprobten Bäume sind Koordinaten vorhanden. An den ausgewählten Saatgutbestand schließen weitere Eichen an und sind im weiteren Umfeld sehr häufig. Im Bestand E3 wurden alle Eichen beprobt und mittels GPS eingemessen. In unmittelbarer Nähe an den zugelassenen Saatgutbestand schließen sich weitere Eichenbestände an.

Im Eichen-Erntebestand E1 wurde an 41 Plätzen möglichst einzelbaumweise Saatgut gewonnen mit einer Erntemenge zwischen 5 und 8 kg je Baum/Netz (ungereinigt). Das Eichensaatgut wurde einzelbaumweise aufbereitet, d.h. gereinigt und bis auf einen

Feuchtegehalt von 40% getrocknet, anschließend thermobehandelt und bei -3°C bis zur Aussaat eingelagert. An je 200 Eicheln von vier der 41 Saatgutpartien wurde bereits ein Keimversuch angesetzt, um ggf. vergleichen zu können, wie sich der Keimverlauf nach Lagerung verändert hat. Dabei lag die mittlere Keimfähigkeit der vier Einzelbaumproben bei 78 %. In den Beständen in NRW und Brandenburg wurde das Saatgut per Handsammlung unter einzelnen Bäumen geerntet

Die spätere Analyse des Saatgutes zeigte jedoch, dass in den einzelnen Netzen bzw. in der Handsammlung unter den Bäumen zwar die Eicheln des jeweiligen Mutterbaumes dominierten, oft aber auch einzelne Samen von Nachbarbäumen zu finden waren (bei 60 bis 70 % der Bäume einer Fläche, je Mutterbaum 1-10 fremde Samen). Um in den folgenden Simulationsauswertungen keine Informationen zu verlieren, wurden durch die Untersuchung weiterer Samen die „falschen“ Samen durch solche ersetzt, die zum jeweils beernteten Mutterbaum passten. Tabelle 5 enthält eine Übersicht aller Eichenproben, die im Vorhaben molekulargenetisch untersucht wurden. Für jeden Bestand ist die Anzahl der Proben (Samen und Sämlinge) angeführt, die zusätzlich untersucht wurden, um die „falschen“ Samen und Sämlinge zu ersetzen. Insgesamt wurden 7145 Proben untersucht.

	Bayern 2,4 ha	NRW 12,7 ha	Brandenburg 17,2 ha
Altbäume			
Anzahl Individuen (N)	596	154	513
Samen			
Anzahl Einzelbaumabsaaten	41	39	45
Anzahl Samen	809	787	923
Anzahl zusätzlich untersuchter Samen	86	152	237
Sämlinge			
Anzahl Einzelbaumabsaaten	38	39	40
Anzahl Sämlinge	888	936	960
Anzahl zusätzlich untersuchter Sämlinge	164	168	134

Tabelle 5: Übersicht über das Probenmaterial, das bei der Eiche genetisch untersucht wurde.

Aufbereitung der Blattproben von Jungpflanzen

Nachdem bei allen Nachkommenschaften das Auflaufprozent unter 80 % lag, mussten laut Projektplanung Sämlinge aller Nachkommenschaften untersucht werden. Die Eicheln aus Bayern waren im Frühjahr 2009, die aus Nordrhein-Westfalen und Brandenburg im Frühjahr 2010 vom Projektpartner IV in einer Baumschule in Brandenburg ausgesät worden. Im Herbst 2010 wurden durch den Projektpartner IV von den einzelbaumweisen Nachkommenschaften aller drei Versuchsflächen Blattproben entnommen und an das ASP geschickt. Insgesamt waren dies 4800 Einzelproben (40 Sämlinge pro Nachkommenschaft). Für die Analysen waren 20 Sämlinge pro Nachkommenschaft vorgesehen. Aus der Erfahrung mit den Samen (Analyse von mehr als 20 Samen notwendig, wenn Samen nicht zum Mutterbaum passen) wurden von Beginn an mehr als 20 Sämlinge beprobt, um auch für Wiederholungen genügend Material zur Verfügung zu haben. Für die DNA-Untersuchungen wurde ein Teil des Blattmaterials von jeder Probe zerkleinert und gefriergetrocknet. Das übrige Material wurde

eingefroren und steht für eventuelle Wiederholungen oder spätere Untersuchungen mit weiteren Genmarkern zur Verfügung.

Molekulargenetische Marker (Kernmikrosatelliten)

Aus den Altbäumen (Blattmaterial und Kambium) und aus den Einzelbaumabsaaten (Samen und Sämlinge) wurde die DNA mithilfe der ATMAP-Methode (Dumolin et al. 1995) extrahiert. Der DNA-Gehalt wurde mittels Photometer (Gene Quant Pro, Amersham Bioscience) bestimmt und auf ca. 20ng/μL verdünnt.

Bei der Analyse der Kernmikrosatelliten kamen 11 hochvariable Marker in 3 Multiplexreaktionen zum Einsatz.

- multiplex A (QpZAG36, QpZAG16, QpZAG46) (Steinkellner et al. 1997),
- multiplex B (QpZAG104-, QpZAG110, QpZAG15) (Steinkellner et al. 1997)
- multiplex C (QrZAG87, QrZAG7, QrZAG65, QrZAG5b, QrZAG20) (Kampfer et al. 1998).

Die Multiplex PCRs wurden mit Fluoreszenzfarbstoffen markierten Primern durchgeführt und mit einem automatischen Sequenziergerät (CEQ8000 Beckman-Coulter) analysiert.

4.4 Genetische Maße

Als Maß für die genetische Ähnlichkeit zwischen benachbarten Individuen wurde der kindship-Index (Loiselle *et al.*, 1995) in fünf verschiedenen Entfernungsklassen berechnet. Signifikant positive Werte des Index zeigen an, dass die Individuen ähnlicher sind, als man es durch den Zufall erwarten würde. In den meisten Fällen ist dies ein Ausdruck der genealogischen Verwandtschaft. Für die Berechnungen wurde das Programm SpaGedi v 1.3c (Hardy and Vekemans, 2002) genutzt. Details zur Berechnung dieses Index bei der Wildkirsche finden sich bei Jolivet *et al.* (2011).

Als Parameter für die genetische Diversität wurde die Anzahl verschiedener Allele (A), die effektive Anzahl Allele (A_e) und die allelische Reichhaltigkeit (A_r) berechnet. Die effektive Anzahl Allele berücksichtigt die häufigen Allele stärker, die allelische Reichhaltigkeit korrigiert die Anzahl verschiedener Allele mit der Stichprobengröße (El Mousadik and Petit, 1996). Um signifikante Unterschiede zwischen den Diversitätsparametern der einzelnen Entwicklungsstadien zu bestimmen wurde der t-Test genutzt.

Die Fixierungsindices (F) dienen als Maß zur Bestimmung des Überschusses an Homozygoten (+ Werte) oder Heterozygoten (negative Werte) im Vergleich zu den erwarteten Werten bei Zufallspaarung und unendlichen Populationsgröße (Hardy-Weinberg-Proportionen). Für die Kirsche wurden in die Berechnung der F -Werte nur die Mikrosatelliten einbezogen, da beim GIS-Genort alle Individuen heterozygot sind. Signifikante Abweichungen von den Hardy-Weinberg-Proportionen wurden mit Hilfe eines Permutationstests bestimmt. Die Statistische Signifikanz von Unterschieden bei den F -Werten zwischen verschiedenen Entwicklungsstadien eines Bestandes wurde mit paarweisen t-Tests ermittelt. Die Berechnungen wurden mit den Computerprogrammen Fstat v. 2.9.3.2 (Goudet, 1995) und GDA_NT (Degen, unveröffentlicht) durchgeführt, die statistischen Auswertungen mit R v 2.0.6 (R Development Core Team 2004).

Für die Samen wurden Vaterschaftsanalysen mit dem Programm CERVUS v. 3.0.3 (Marschall *et al.* 1998; Kalinowski *et al.* 2007) durchgeführt, um verschiedene Parameter des Paarungssystems zu messen. Hierbei wurden die Allelhäufigkeiten anhand der Daten der Altbäume geschätzt. Als Pollenspender (Vater) eines Samens wurde derjenige Kandidat mit der höchsten Wahrscheinlichkeit (LOD Score) zugeordnet. Die Wahrscheinlichkeit ergibt sich hierbei aus den Häufigkeiten der Allele der fraglichen Nachkommen bei den potentiellen

Vätern. Für die Berechnungen wurden bei den Kirschen acht Mikrosatelliten-Genorte sowie der SI-Locus des Selbstinkompatibilitätssystems genutzt. Der zugeordnete Vater musste mindestens eine Wahrscheinlichkeit von 95% aufweisen und durfte maximal an einem der neun Genorte zum Samen und zum Mutterbaum nicht kompatibel sein. Letzteres ist die tolerierte Fehlerrate, die durch eine falsche Bestimmung des Genotyps im Labor verursacht sein könnte. Weitere Einzelheiten zum Vaterschaftstest sind bei Jolivet et al. (2012a) beschrieben. Mit Hilfe der Vaterschaftsanalyse wurde für jeden Mutterbaum die fehlerkorrigierte Anzahl effektiver Väter (K) nach Nielsen et al. (2003) berechnet. Dieses Maß ist ein guter Schätzwert für die genetische Diversität, die im Saatgut durch die verschiedenen Pollenspender zu finden ist. Aus dem räumlichen Abstand zwischen Mutterbaum und dem gefundenen Pollenspender im Bestand wurde die Entfernung der Pollenverbreitung ermittelt. Einige Berechnungen zum Paarungssystem wurden mit den Programmen MLTR (Ritland 2002) durchgeführt.

4.5 Bestimmung der Qualität des Saatgutes

Die Lebensfähigkeit der Samen wurde bei der Kirsche mit einem Tetrazolium-Test von 200 Samen pro Einzelbaumabsaat bestimmt. Die Analysen wurden für jeden Bestand von einem zertifizierten Labor gemäß den ISTA-Regeln (International Seed Testing Association) durchgeführt.

Die Saatgutprüfung bei Eiche wurde ebenfalls nach den ISTA-Vorgaben am ASP Teisendorf durchgeführt. Von jeder Einzelbaumabsaat wurden hierbei 200 Eicheln untersucht. Die wichtigsten Parameter waren der Hohlkornanteil, das Tausendkorngewicht und die Keimfähigkeit. Daraus wurde die Anzahl lebender Keime pro kg Saatgut berechnet.

4.6 Baumschulversuche

Anzucht der Kirsche in den Forstbaumschulen Peter Jungermann, Lippstadt

Nach Zwischenlagerung der Einzelbaumabsaaten der Projektpartner I, III und IV wurde Anfang Januar 2009 mit ihrer Stratifikation (nass, 2 Wochen bei 20°C, dann bei 4°C) begonnen. Die Aussaat fand am 13. und 14. Mai 2009 statt. Aufgrund der einzelbaumweisen Trennung wurde von Hand ausgesät. Alle anderen Aussaat-Parameter waren praxisüblich: 5-reihige Aussaat in Baumschul-Standardbeeten, rd. 100 Samen/lfm, Aussaattiefe rd. 1 bis 2 cm, lockere manuelle Überdeckung der Aussaat mittels Harke und Substrat (humoser Sand).

Die Saatbeete wurden unmittelbar nach der Aussaat getunnelt. Die Einzelbaumsaaten liefen zügig und überwiegend zahlreich auf. Präventive Pflanzenschutzmaßnahmen wurden praxisüblich durchgeführt. Düngungen erfolgten nach Bedarf. Bestandesbedrohende Krankheiten wurden nicht festgestellt. Ebenso gab es keine augenfälligen Ausfälle der Keimlinge.

Die Vogelkirschen-Sämlinge standen aufgrund des guten Auflaufens und weiteren Wachstums im ersten Jahr in einem Standraum, der eine Aufschulung der Pflanzen zur Vermeidung von übermäßiger Konkurrenz der Sämlinge untereinander im 2. Standjahr erforderte. Entsprechend wurden die Sämlinge am 26. März 2010 gerodet und im Kühlhaus zwischengelagert. Nach praxisüblicher Aussortierung eines geringen Anteils unterdrückter und beschädigter Pflanzen wurden die Sämlinge vom 10. bis 13. Mai 5-reihig maschinell aufgeschult. Die weitere Behandlung der aufgeschulten Pflanzen erfolgte praxisüblich: Präventive Pflanzenschutzmaßnahmen wurden durchgeführt, Düngungen erfolgten nach Bedarf. Auffälligkeiten wie Krankheiten oder Mangelsymptome wurden bei Kontrollen in der Vegetationsperiode des 2. Standjahres nicht festgestellt. Bereits kurz nach der Verschulung wurden jedoch die benachbart stehenden nordrhein-westfälischen Einzelbaumabsaaten 16 bis 28, teilweise auch 30 und 31 auffällig. Die Pflanzen blieben im Wachstum deutlich zurück ohne jedoch Krankheitssymptome zu zeigen und starben in der Folge fast vollständig ab. Der

Schaden zog sich scharf abgegrenzt leicht schräg (aber parallel in Breite eines Baumschulbeetes, also auch Maschinenarbeitsbreite) durch das Verschulquartier und betraf überwiegend ein Beet. Nach dem Schadbild ist es möglich, dass die Ursache im unbekanntem Leerlaufenlassen eines Pflanzenschutzmittelrestes aus einer Spritze mit entsprechenden Folgen für die aufgeschulten Pflanzen liegt. Augenfällige Ausfälle ohne erkennbaren Grund – möglicherweise aber durch Verschulstress begründet – gab es bei den Absaaten: Brandenburg 13, 14, 16, 17, 24, 31, 32 (hoch). Ende September 2010 traten erste Verbisschäden durch Kaninchen und Hasen auf. Betroffen waren vor allem Außenreihen der Beete sowie Beetanfänge, die von Wegen aus für das Wild leicht zugänglich waren. Besonders betroffen durch Verbiss waren die Absaaten: Bayern 20, 25, 44, 91, 46, 97 (extrem) und 98; Brandenburg 7; NRW 1. Die Verbisschäden verstärkten sich im Oktober 2010 unerwartet und drohten sich derart auszuweiten, dass die Pflanzen unverzüglich gerodet werden mussten. Sie wurden im Kühlhaus zwischengelagert und wurden seit dem 24.11.2010 gemessen, gezählt, gebündelt und verbissicher im Freiland eingeschlagen. Bei der Messung der Pflanzen wurden bei einer zufälligen Stichprobe von 20 Pflanzen einer Einzelbaumabsaat jeweils die Sprosslänge in cm und der Wurzelhalsdurchmesser in mm erfasst.

Bei einzelnen Einzelbaumabsaaten wurde insgesamt die Zielpflanzenzahl von mindestens 200 Pflanzen nicht erreicht, wenngleich die Zielpflanzenzahl von gesamt 24000 mit 25315 abgabefähigen Verschul-Pflanzen nach Sortierung und Bündelung leicht überschritten wurde. Vom 21. bis 29. März 2011 wurden die Pflanzen in Absprache mit den Projektpartnern zur Anlage von Versuchs- und Beobachtungsflächen abgegeben.

Anzucht der Eiche in der Forstbaumschule Stadtsee, Eberswalde

Im Herbst 2008 erfolgte die Ernte des Eichensaatgutes im bayerischen Bestand E1. Zur Vermeidung von Pilzbefall wurden ca. 240 kg Eicheln in Kartoffelsäcken für 2,5 Stunden im Wasserbad bei 41 °C thermobehandelt und anschließend auf eine Feuchte von ca. 40 % getrocknet (ca. 1-2 Tage an der Luft ausgebreitet). Anschließend wurden die Eicheln einzelpartieweise in Stapelkisten bei -3°C eingelagert (bis März 2009). Am 1. April 2009 wurden 38 Einzelpartien zu je 600 Stück Eicheln in der FBS Stadtsee gesät, zwei Parteien waren durch Mäusefraß vernichtet worden. Auf 206 m Beetlänge wurden dabei 22.800 Eicheln von Hand gesät. Der Abstand im Beet ist dabei durch die von der Pflanzmaschine gezogenen Rillen vorgegeben, er beträgt ca. 16 cm. Zwischen den Eicheln wurde ca. eine Eichellänge Abstand gewahrt, also ca. 4 cm. Die gleiche Vorgehensweise wurde bei den Eicheln der Bestände E2 (NRW) und E3 (Brandenburg) im Folgejahr angewandt.

Nach der Saat wurden die Beete eingemessen und in einem Quartierbuch dokumentiert.

Im Juli 2009 erfolgte eine Auflaufbonitur der bayerischen Eichen (E1) mit Hilfe eines 1 m² großen Holzrahmens. In der Mitte des jeweiligen Beetes wurden im Holzrahmen die Pflanzen gezählt und auf die Beetlänge hochgerechnet. In sehr lückigen Parteien fand eine Vollzählung statt. Zusätzlich wurde stichprobenartig die mittlere Höhe pro Partie bestimmt. Die Auflaufbonitur der Absaaten E2 und E3 wurde im Juli 2010 nach dem gleichen Schema durchgeführt.

4.7 Anlage der Versuchsflächen (Folgebestand)

Kirsche

Versuchsflächen des Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde

Mit dem in Nordrhein-Westfalen angezogenem Pflanzgut konnten im Frühjahr 2011 in Brandenburg vom Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde drei Versuchsflächen angelegt werden: die Flächen Falkensee, Trämmersee und Maienpfuhl (Tabelle 6). Nach Flächenvorbereitung durch Pflügen und Zäunung wurden in einem Verband von 2 mal 3 Meter je 5 Pflanzen einer Absaat in dreifacher Wiederholung gepflanzt. Auf der ungezäunten

Fläche Falkensee wurden die Pflanzen mit einem Verbissschutzmittel behandelt, im zweiten Standjahr ist auch diese Fläche gezäunt worden.

Herkunft	Falkensee		Trämmersee		Maienpfehl	
	Absaaten	Stück	Absaaten	Stück	Absaaten	Stück
Bayern (K1)	41	602	40	595	40	588
Nordrhein-Westfalen (K2)	35	529	36	528	36	532
Brandenburg (K3)	36	524	37	549	39	585
Summen		1655		1672		1705

Tabelle 6: Übersicht zu den ausgebrachten Kirschen auf den Versuchsflächen des Landeskompetenzzentrums Forst Eberswalde

Nicht immer waren von einer Absaat noch 15 Pflanzen vorhanden, daraus ergibt sich eine Differenz zur theoretisch möglichen Anzahl an Pflanzen (Anzahl Absaaten mal 15 = Stückzahl). Insgesamt fanden 5.032 Pflanzen Verwendung. Auf den drei Flächen wurden alle Pflanzen eingemessen, im Sommer 2011 erfolgte eine Anwuchsbonitur. Bei der Aufnahme des Anwuchsprozentes wurde eine Qualitätsansprache der Pflanzen durchgeführt. Im März 2012 wurden auf der Fläche Maienpfehl alle Höhen gemessen, bei Pflanzen größer als 1,30 Meter auch der Brusthöhendurchmesser mit einer Schiebelehre. Gleichzeitig wurden Zwiesel und Steiläste mit einer Astschere entfernt.

Versuchsflächen des Thünen-Instituts für Forstgenetik

Am 21. März 2011 wurden die bereits leicht angetriebenen Pflanzen aus dem Einschlag in der Baumschule in Lippstadt (Nordrhein-Westfalen) abgeholt, wo die Pflanzen angezogen worden sind, und im Kühlraum des Thünen-Instituts für Forstgenetik in Großhansdorf eingelagert. Angesichts der Größe des überwiegenden Teils der Pflanzen wurde von einer weiteren Aufschulung abgesehen. Für die Anlage der Fläche in Brandenburg wurden Mitte April 2011 die Kirschen nach Waldsiefersdorf gebracht. Angesichts des bereits vorangeschrittenen Zustandes der Kirschen und der zwischenzeitlich herrschenden Frühjahrstrockenheit wurde das Versuchsdesign angepasst. Es wurde ein Pflanzverband von 2m x 1m gewählt, um trockenheitsbedingte Ausfälle zu kompensieren. Die Einzelbaumnachkommenschaften wurden in Parzellen mit 2 Reihen von je 5 Pflanzen mit 5facher Wiederholung gepflanzt.

Bei der Fläche in Waldsiefersdorf (Oberförsterei Hangelsberg, Revierförsterei Waldsiefersdorf Abteilung 6158) handelt es sich um einen sandigen, schwach nach Osten geneigten Waldstandort, auf dem zuvor *Pinus contorta* wuchs. Der Schlagabraum war auf Wällen zusammengetragen, so dass der Abstand zwischen den Reihen im Bereich der Wälle größer ausfiel. Durch die noch im Boden verbliebenen Wurzelstöcke kam es auch zu Abweichungen im Pflanzverband innerhalb der Reihe. Insgesamt sind auf der Versuchsfläche Waldsiefersdorf 3700 Kirschen von 74 Einzelbaumnachkommenschaften ausgepflanzt. Dabei ist der Bestand aus Bayern (K1) mit 28 Einzelbaumnachkommenschaften, der aus Nordrhein-Westfalen (K2) mit 29 Nachkommenschaften und der aus Brandenburg (K3) mit 17 Nachkommenschaften vertreten.

Die bereits bei der Pflanzung herrschende Trockenheit setzte sich in den folgenden Wochen fort, so dass mehrfach die Pflanzen aufwendig gewässert wurden. Der bedrängende Aufwuchs an *Prunus serotina* und *Betula pendula* wurde in der ersten Vegetationsperiode zurück geschnitten. Die gepflanzten Kirschen trockneten zum Teil am Terminaltrieb ein, trieben

jedoch größtenteils an der Basis erneut aus. Am Ende der ersten Vegetationsperiode belief sich die Überlebensrate auf etwa 80 %. Mit den noch verfügbaren Restpflanzen, die in der Baumschule des Instituts in Großhansdorf aufgeschult waren, wurden im Frühjahr 2012 ausgefallene Pflanzen ersetzt. In der laufenden Vegetationsperiode wurde auf der Fläche der bedrängende Begleitwuchs gemäht.

Mit weiteren 20 Nachkommenschaften wurde eine Erhaltungsfläche in Trenthorst / Schleswig-Holstein angelegt. Unter den 20 Einzelbaumnachkommenschaften sind 6 aus Bayern (K1), 5 aus Nordrhein-Westfalen (K2) und 9 aus Brandenburg (K3). Insgesamt wurden 472 Kirschen ausgepflanzt, wobei die Anzahl je Einzelbaumnachkommenschaft zwischen 6 und 59 variiert und im Mittel bei 24 liegt. Die ehemals ackerbaulich genutzte Fläche wurde Ende Mai 2012 im Verband 2 m x 1 m bepflanzt. Auch auf dieser Fläche wurde in der ersten und in der laufenden Vegetationszeit der verdämmende Begleitwuchs gemäht.

Eiche

Mit dem angezogenen Pflanzenmaterial aus der Forstbaumschule Stadtsee wurden im Frühjahr 2012 zwei Herkunftsversuchsflächen in Brandenburg angelegt: Stadtsee 505 und Voigtswiese 3573 (Tabelle 7). Die Pflanzung erfolgte als Voranbau unter aufgelichteter Kiefer bzw. Birke im Verband 1,5 mal 2 Meter in zweifacher Wiederholung.

Herkunft	Stadtsee 505	Voigtswiese 3573
Bayern	4.200	1.650
Nordrhein-Westfalen	4.000	1.900
Brandenburg	4.100	2.000
Summen:	12.300	5.550

Tabelle 7: Pflanzenzahl der Eichen in den Herkunftsversuchen

Anwuchsbonturen werden erstmals im Sommer 2012 durchgeführt werden. Dazu werden fest eingemessene Zählreihen mit je 200 Pflanzen pro Herkunft angelegt werden.

4.8 Simulationsstudien

Die Simulationsstudien zur optimalen Saatguterntestrategie für die Kirschen und Eichen wurden mit dem Modell "EcoGene" (Degen et al 1996, Degen et al 2004) durchgeführt. Das Modell simuliert alle wesentlichen Prozesse eines Baumbestandes, die Einfluss auf die genetische Zusammensetzung haben (u.a. Pollen- und Samenverbreitung, Blühphänologie, Fertilität, Wachstum und Reproduktionsfähigkeit). Für die Besonderheiten der Kirschen (Selbstinkompatibilitätssystem und vegetative Vermehrung) wurde das Modell bereits vor kurzem angepasst (Jolivet & Degen, 2011). Als Eingangsdaten der Simulationen dienten die Genotypen der Altbäume, ihre räumlichen Positionen und ihre Durchmesser (BHD). Vor den eigentlichen Simulationsstudien zur Saatguternte wurden die Parameter zur Pollenverbreitung mit den tatsächlich beobachteten Werten kalibriert.

Kirsche

In den Szenarien zur Saatguternte bei den Kirschen wurden die Samen direkt an den Mutterbäumen geerntet. Dies entspricht der üblichen forstlichen Praxis und war auch bei der Probenahme des Saatgutes in diesem Projekt der Fall. Ein wesentlicher Eingangsparameter, der in den einzelnen Szenarien modifiziert wurde, war die Anzahl beernteter Samenbäume (2,

5, 10, 15, 20, 25, 40, 50). Ferner wurde in den einzelnen Szenarien die Auswahl der Samenbäume gemäß ihrer räumlichen Position variiert. Hier simulierten wir Szenarien mit unterschiedlichem Mindestabstand gemessen in Metern zwischen den Erntebäumen (Szenarien: „Abstand 20m“, „Abstand 50m“, „Abstand 80m“) Insbesondere in Kirschenbeständen wird häufig eine sehr starke räumliche genetische Struktur gefunden und eine effektive Pollenverbreitung, bei der benachbarte Bäume häufiger gemeinsame Samen bilden (Jolivet *et al.*, 2012a). Es wurde vermutet, dass eine Saatguternte, die den Abstand zwischen den beernteten Saatgutbäumen maximiert, am wenigsten negativ von diesen Faktoren beeinflusst wird. Ferner wurde erwartet, dass die Anzahl und räumliche Ausdehnung von Klonen mit ihren Ramets (genetisch identische Individuen) ebenfalls einen starken Einfluss auf die genetische Diversität des Saatgutes hat. Daher wurden Szenarien simuliert, in denen die Saatgutbäume zufällig ohne Berücksichtigung ihrer Klonzugehörigkeit ausgewählt wurden (Szenarium „Zufall“) und Szenarien, in denen maximal ein Individuum je Klon als Saatgutbaum ausgewählt wurde (Szenarium „Klon“). Andere Szenarien gaben eine maximale Dichte an reproduzierenden Individuen (N=50 und N=100) in einem Radius von 50m um einen selektierten Saatgutbaum vor (Szenarien „Dichte 50“, „Dichte 100“.)

Für die Auswahl der Saatgutbäume in den einzelnen Szenarien wurde ein Script mit der Software R programmiert. Jedes Szenarium wurde 100mal wiederholt. Eine optimale Saatguternte zeichnet sich dadurch aus, dass die genetische Diversität im Saatgut hoch ist und der genetische Unterschied zwischen dem Saatgut und den Altbäumen des Erntebestandes gering ist. Daher wurden als Ergebnis der Simulationen (a) die effektive Anzahl Allele im Saatgut (A_e), (b) die Anzahl verschiedener Genotypen an jedem einzelnen Genort (NG) sowie (c) der genetische Abstand nach Gregorius & Roberds (1986) zwischen den Altbäumen und dem Saatgut (D) berechnet. Dieselben Parameter wurden auch für die tatsächlich beobachteten Daten berechnet. Damit konnten die Simulationsergebnisse mit der „Realität“ verglichen werden. Der Zusammenhang zwischen der Anzahl an Saatgutbäumen und der genetischen Diversität im Saatgut wird stark von der Reihenfolge, mit der das Saatgut der einzelnen Familien in die Berechnung einfließt, beeinflusst. Um diesen Effekt bei der Berechnung der „tatsächlichen“ Werte zu berücksichtigen, wurden hier Mittelwerte aus 10 Permutationen der Reihenfolge ermittelt.

Eiche

In den drei Eichenbeständen wurden die Samen entsprechend der üblichen forstlichen Praxis mit Netzen (E1) bzw. per Hand unter den Mutterbäumen (E2, E3) geerntet. Dabei kommt es vor, dass die Samen im Netz bzw. unter dem Baum nicht nur von dem darüber stehenden Baum, sondern auch von den benachbarten Bäumen stammen. Dies wurde in die Szenarien eingebaut, in dem die Saatguternte bei den Eichen mit unterschiedlich vielen (2, 5, 10, 15, 20, 25, 40, 50) und unterschiedlich positionierten 10m x 10m großen Netzen simuliert wurde. Wie bei der Kirsche wurde mit Szenarien mit verschiedenen Mindestabständen zwischen den Netzen („Abstand 20 m“, „Abstand 50 m“, „Abstand 80 m“) gerechnet. Ebenso wurden verschiedene Szenarien zur maximalen Dichte in einem Radius von 50 m um ein Netz herum („Dichte 30“, „Dichte 50“) berücksichtigt.

5 Ergebnisse

5.1 Kirsche

5.1.1 Demographische und räumlich genetische Struktur der Bestände

Bei der Lichtbaumart Kirsche wird die Verjüngung sehr stark durch die Bestandesbehandlung gesteuert. Die Verteilung der Durchmesser (Abbildung 5) zeigt, dass die Altbäume in den Beständen Bayern und NRW schwächer sind als die Bäume des Brandenburger Bestandes. Dies weist auf eine stärkere Regeneration in den ersten beiden Beständen hin. Im Bestand Bayern geht dies einher mit einer starken vegetativen Vermehrung (Klonierung). Hier beobachteten wir ungewöhnlich große Klon-Gruppen (Abbildung 2a). Im Bestand NRW, war die vegetative Vermehrung weniger ausgeprägt (Abbildung 2b). Hier liegt eine zweigipfelige Durchmesserverteilung vor. Dies kann mit der Bestandesbehandlung erklärt werden. Eine Auflichtung des Bestandes während der letzten 10 Jahre hat vermutlich die Regeneration stark stimuliert.

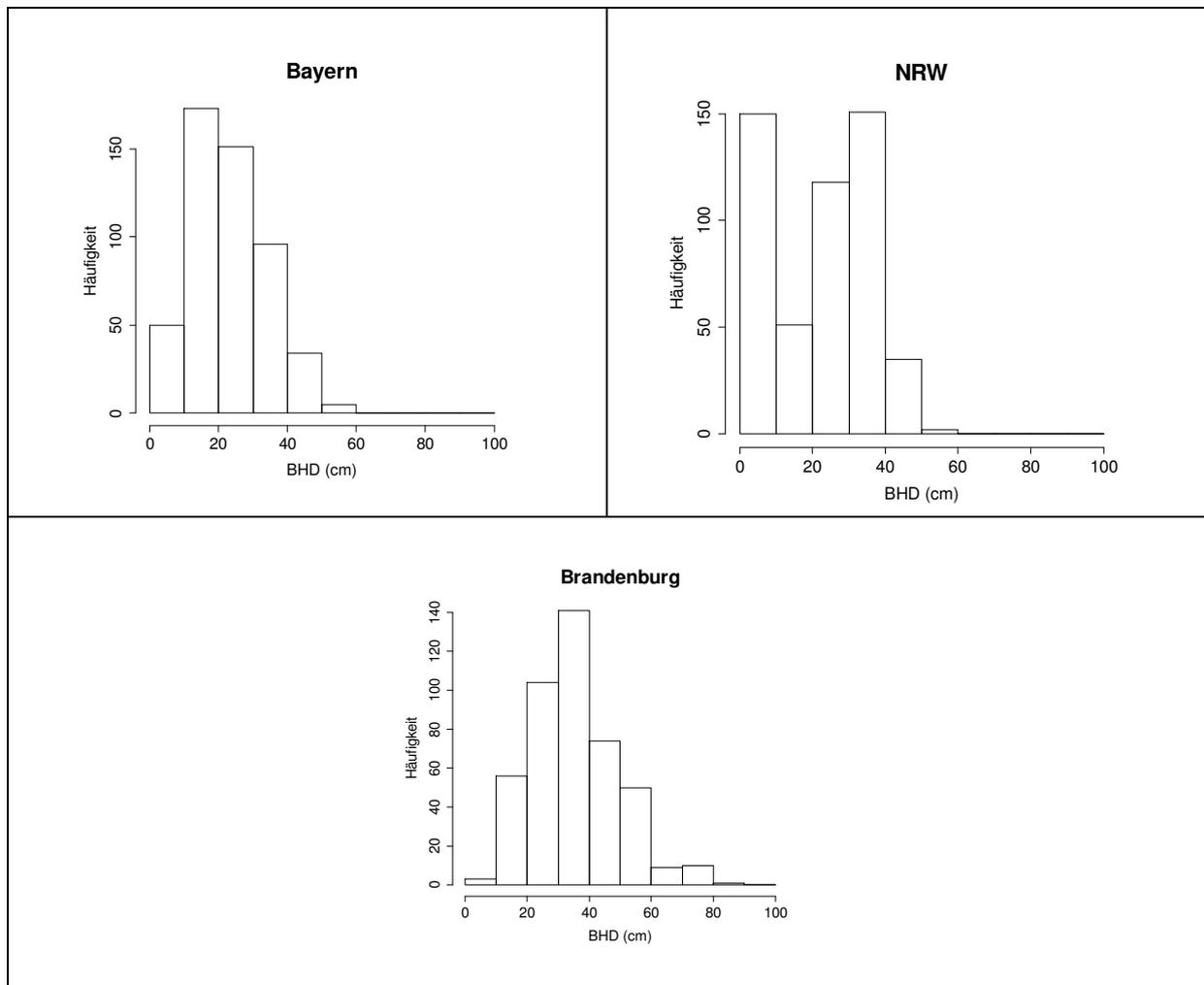


Abbildung 5: Verteilung der Brusthöhendurchmesser (BHD) in den drei Kirschenbeständen

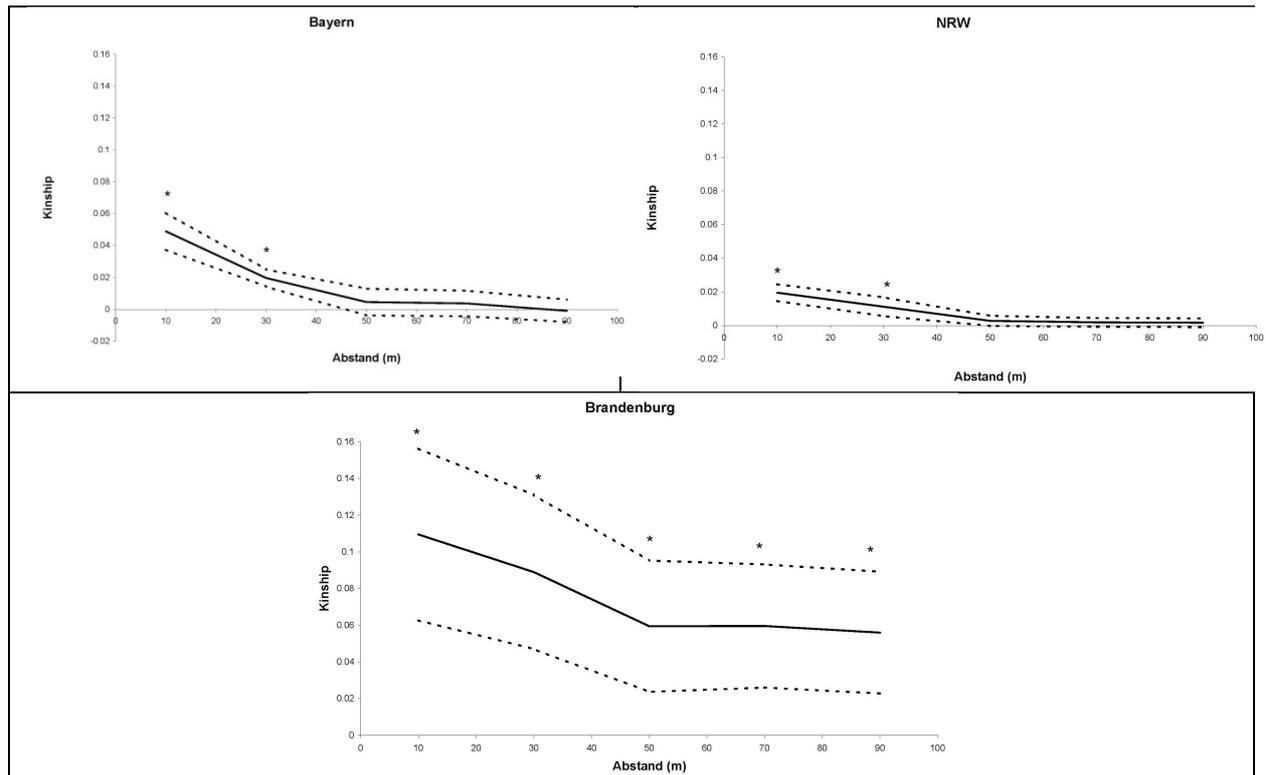


Abbildung 6: Räumliche genetische Struktur der Altbäume in den drei Kirschenbeständen

In allen drei Kirschenbeständen gab es eine signifikante räumliche genetische Struktur (Abbildung 6). Das heißt, benachbarte Bäume waren genetisch ähnlicher, als man es bei einer zufälligen Verteilung der Genotypen im Raum erwarten würde. Am stärksten war die räumlich genetische Struktur im Brandenburger Bestand. Als Ursache kommen in allen drei Beständen Paarungen zwischen verwandten Individuen in Betracht. Ein weiterer Faktor, der die räumliche genetische Struktur verursacht, ist die vegetative Vermehrung (Jolivet & Degen 2011). Bei der Berechnung der räumlichen genetischen Struktur wurde jedoch je Klon nur ein Individuum berücksichtigt und somit dieser Effekt heraus gerechnet. Generell sind räumlich genetische Strukturen ein Hinweis auf natürliche Verjüngung. Bei künstlicher Verjüngung erwartet man eine Durchmischung der Genotypen in der Fläche.

5.1.2 Vergleich der genetischen Zusammensetzung verschiedener Entwicklungsstadien

Verglichen wurde die effektive Anzahl von Allelen (A_e) bei Altbäumen, Samen, und Sämlingen in jedem Bestand. Bei Mikrosatelliten und dem SI-Locus war die genetische Vielfalt (Anzahl und Reichhaltigkeit von Allelen) am größten im stark verklonten Bestand in Bayern und am niedrigsten in Brandenburg (Tabelle 8). Im Bestand Bayern, gab es eine signifikante Reduktion der effektiven Anzahl an Allelen und der Reichhaltigkeit der Allele (A_e : $t_7=4.18$, $P=0.004$; A_r : $t_7=2.52$, $P=0.039$) zwischen Altbäumen und Samen. In diesem Bestand gab es auch signifikante Unterschiede zwischen der Reichhaltigkeit von Allelen zwischen Samen und Sämlingen (A_r : $t_7=4.24$, $P=0.004$). In den Beständen NRW und Brandenburg wurden keine signifikanten Unterschiede der Diversitätswerte zwischen verschiedenen Entwicklungsstadien beobachtet (alle P-Werte > 0.05). Wahrscheinlich führte die Art der Saatguternte zum Verlust der genetischen Vielfalt in dem am höchsten verklonten Bestand aus Bayern.

Die genetischen Unterschiede zwischen den drei Beständen gemessen mit dem genetischen Abstand und der Populationsfixierung (F_{st}) waren alle signifikant (Tabelle 9, Abbildung 7). Der genetische Abstand erfasst hierbei Unterschiede bei den Häufigkeiten der Allele während die Populationsfixierung misst, wie stark die Häufigkeiten der Allele auf einzelne Varianten fixiert sind. Auch innerhalb der Bestände waren die Unterschiede zwischen den verschiedenen Entwicklungsstadien in fast allen Fällen signifikant, jedoch stets deutlich geringer als die Unterschiede zwischen verschiedenen Beständen. Die genetischen Unterschiede zwischen Samen und Sämlingen waren hierbei insgesamt sehr gering.

	Bayern									NRW									Brandenburg											
	Altbäume			Samen			Sämlinge			Altbäume			Samen			Sämlinge			Altbäume			Samen			Sämlinge					
	A	A _e	A _r	A	A _e	A _r	A	A _e	A _r	A	A _e	A _r																		
Microsatelliten																														
UDP98_411	10	2.4	10.0	10	1.9	8.2	9	1.8	7.3	9	3.0	8.2	11	3.0	8.3	12	2.8	8.4	9	3.6	9.0	9	3.2	9.0	10	3.5	9.2	10	3.5	9.2
UDP98_412	12	4.8	12.0	11	4.6	9.5	11	4.7	9.5	8	3.4	7.7	12	3.8	7.7	13	3.9	8.8	6	3.2	6.0	6	2.9	5.3	9	2.8	6.4	9	2.8	6.4
BPPCT_040	9	4.2	9.0	9	3.2	7.7	10	3.3	7.6	6	4.1	6.0	8	4.4	6.7	8	4.2	7.0	7	3.4	7.0	8	3.4	6.0	8	3.1	6.2	8	3.1	6.2
UDP96_005	8	3.2	8.0	9	2.7	6.6	7	2.7	5.6	7	3.6	6.3	8	3.4	6.2	11	3.6	7.3	5	3.4	5.0	5	3.8	5.0	5	3.7	5.0	5	3.7	5.0
UDP96_001	6	2.5	6.0	7	2.2	6.6	7	2.2	5.8	5	1.7	4.5	4	1.8	3.9	6	1.9	3.6	3	2.2	3.0	3	2.7	3.0	4	2.8	3.2	4	2.8	3.2
UDP98_021	7	3.0	7.0	7	2.4	5.6	5	2.4	4.8	4	2.1	4	4	2.2	4.0	5	2.2	4.9	4	1.7	4.0	4	2.0	3.6	5	2.0	3.8	5	2.0	3.8
UDP98_410	9	3.7	9.0	10	3.7	9.3	9	3.3	8.4	8	3.0	6.8	7	2.8	5.6	7	2.8	5.9	5	2.9	5.0	5	2.6	4.4	6	2.5	5.0	6	2.5	5.0
BPPCT_034	10	5.5	10.0	11	4.6	9.8	11	4.6	9.5	11	5.9	10.4	11	5.5	9.5	11	5.7	9.3	7	4.2	7.0	8	3.9	7.2	7	4.1	7.0	7	4.1	7.0
Summe/ Mittel	71	3.7	8.9	74	3.2	7.9	69	3.1	7.3	58	3.3	6.8	65	3.4	6.5	73	3.4	6.9	46	3.1	5.7	48	3.0	5.4	54	3.1	5.7	54	3.1	5.7
SI	20	12.9	20	21	8.4	18.2	-	-	-	16	11.3	15.5	19	10.9	16.2	-	-	-	15	9.0	14.5	16	7.1	13.0	-	-	-	-	-	-

Table 8: Anzahl Allele (A), effektive Anzahl Allele (A_e) und allelische Reichhaltigkeit (A_r) bei Mikrosatelliten und dem SI-Locus verschiedener Entwicklungsstadien der drei Kirschenbestände.

		Bayern			NRW			Brandenburg		
		Altbäume	Samen	Sämlinge	Altbäume	Samen	Sämlinge	Altbäume	Samen	Sämlinge
Bayern	Altbäume	-	0.0110 *	0.0113 *	0.0438 *	0.0378 *	0.0356 *	0.0808 *	0.0869 *	0.0925 *
	Samen	0.130 ***	-	0.007 *	0.0731 **	0.0663 *	0.0626 *	0.1069 *	0.1113 *	0.1186 *
	Sämlinge	0.139 ***	0.041 ***	-	0.0727 *	0.0648 *	0.0612 *	0.1097 *	0.1114 *	0.1189 *
NRW	Altbäume	0.239 ***	0.295 ***	0.296 ***	-	0.0026 *	0.0026 *	0.0687 *	0.0885 *	0.0900 *
	Samen	0.222 ***	0.285 ***	0.279 ***	0.064 ***	-	0.0004 ns	0.0720 *	0.0873 *	0.0896 *
	Sämlinge	0.213 ***	0.277 ***	0.271 ***	0.067 ***	0.035 ***	-	0.0657 *	0.0810 *	0.0832 *
Brandenburg	Altbäume	0.330 ***	0.371 ***	0.375 ***	0.301 ***	0.304 ***	0.296 ***	-	0.0233 *	0.0234 *
	Samen	0.354 ***	0.386 ***	0.386 ***	0.307 ***	0.313 ***	0.299 ***	0.153 ***	-	0.0005 ns
	Sämlinge	0.364 ***	0.395 ***	0.395 ***	0.314 ***	0.317 ***	0.306 ***	0.151 ***	0.034 ***	-

Table 9: Genetische Unterschiede innerhalb und zwischen den drei Kirschenbeständen. Obere Diagonale: Fst Werte. Untere Diagonale: Genetischer Abstand nach Gregorius. Signifikanzniveau: ns nicht signifikant, * p<0.05, ** p<0.01, *** p<0.001

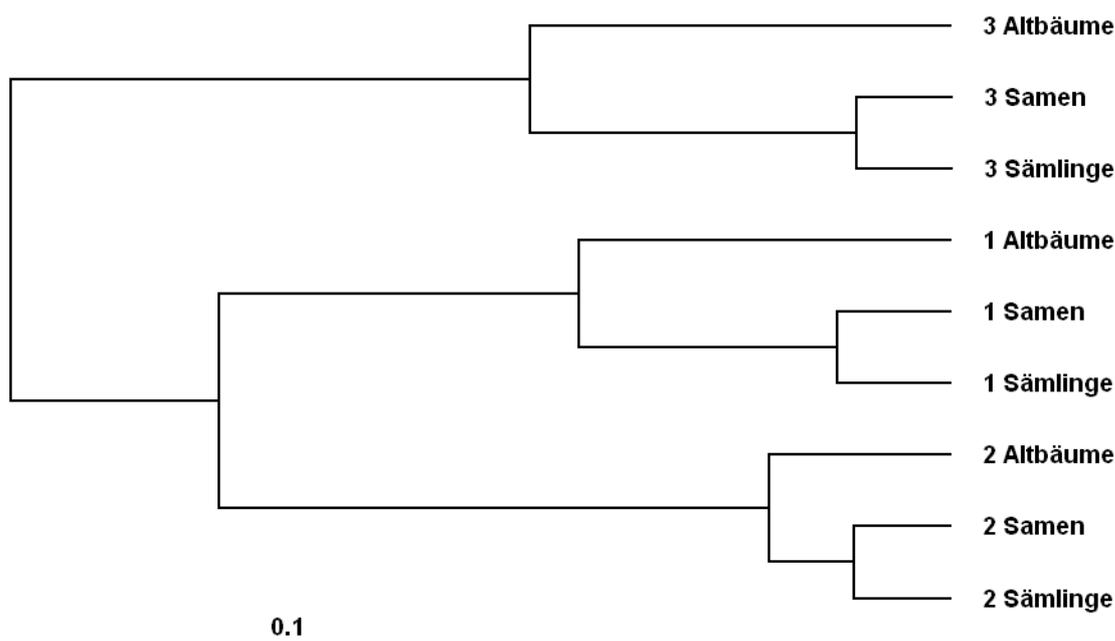


Abbildung 7: Genetische Unterschiede innerhalb und zwischen den verschiedenen Entwicklungsstadien der drei Kirschenbestände (1 = Bayern, 2 = NRW, 3 = Brandenburg) dargestellt als Dendrogram einer UPGMA Clusteranalyse berechnet aus den genetischen Abständen.

5.1.3 Paarungssystem

Die Wildkirsche ist auf Grund der Anwesenheit eines SI Systems selbstinkompatibel. Deshalb sind zwei Individuen, die dieselben Genotypen am SI-Locus tragen, nicht kompatibel, d.h. sie können sich nicht gegenseitig befruchten. Das bedeutet auch, dass die Paarung unter Ramets desselben Klons nicht möglich ist. In Beständen, die eine starke Verklonung aufweisen, wird dies die Verfügbarkeit an Paarungspartnern negativ beeinflussen und daher zu geringerer genetischer Diversität und höherer genetischer Homogenität bei den Einzelbaumnachkommen führen. Um diesen Kloneffekt genauer zu ermitteln, wurde die Zahl von kompatiblen Bäumen mit einem Radius von 50 m um jeden Erntebaum (MA) geschätzt.

Im Bestand Bayern war der Fixierungsindex in allen drei Stadien negativ (Überschuss an Heterozygoten). Hierbei waren die F-Werte für Samen und Sämlinge signifikant (Abbildung 8). In NRW hatten die Sämlinge und die Altbäume negative F-Werte. Bei den Altbäumen war der Wert signifikant. Im Bestand Brandenburg hatten die Samen und die Sämlinge signifikant positive F-Werte (Überschuss an Homozygoten). Der Fixierungsindex von Samen und Altbäumen unterschied sich nicht signifikant im Bestand Bayern (T-Test, $P > 0.1$). Jedoch gab es eine signifikante Abnahme der F-Werte vom Saatgut über die Sämlinge hin zu den Altbäumen in den Beständen NRW ($t_7=3.71$, $P=0.007$) und Brandenburg ($t_7=3.49$, $P=0.01$). Dies kann mit einer Selektion gegen ingezüchtete Individuen erklärt werden (Jolivet et al. 2012b).

Bei der Vaterschaftsanalyse konnte für 75% bis 92% der Samen in den Beständen ein Vater zugeordnet werden (Tabelle 10). Der Polleneintrag von Bäumen außerhalb der Bestände lag damit zwischen 25% und 8%. Mehr als 50% der Genotypen der Bestände hatten erfolgreiche Pollen und trugen damit zur Saatgutproduktion bei. Hierbei war es jedoch nicht möglich, zwischen den einzelnen Ramets eines Klons zu unterscheiden. Der relative Beitrag der

potentiellen Vätern zur Saatgutproduktion war unterschiedlich. In den drei Beständen waren die 5 erfolgreichsten Vätern an der Produktion von 12% bis 26% der Samen beteiligt.

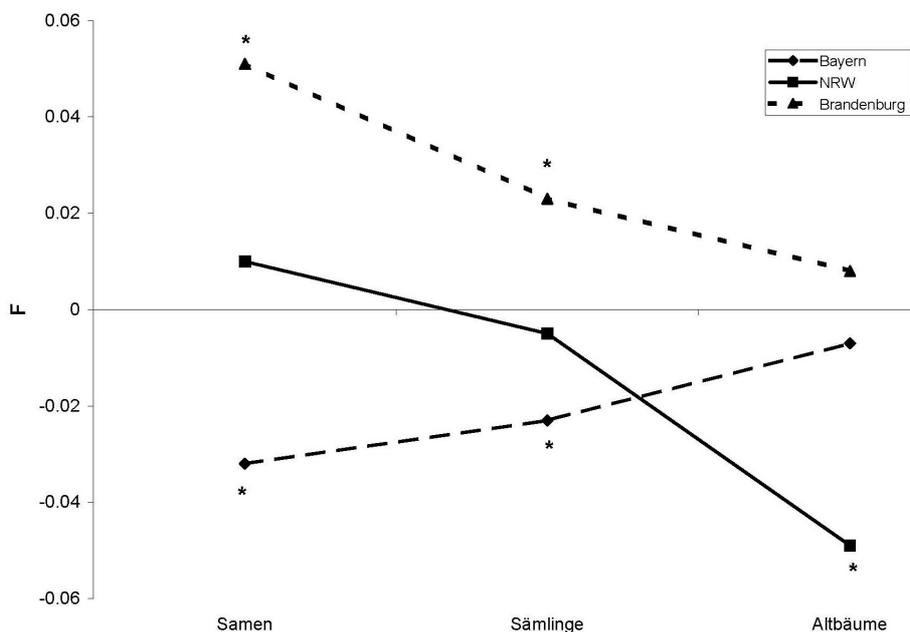


Abbildung 8: Fixierungsindex der verschiedenen Entwicklungsstadien in den drei Kirschenbeständen. * = signifikante Abweichung zu den erwarteten Werten bei Zufallspaarung.

	Bayern	NRW	Brandenburg
Samen mit einem Vater im Bestand	84 %	75 %	92%
Anteil Genotypen des Bestandes mit erfolgreichen Pollen	119 (62 %)	204 (56 %)	217 (62 %)
Anteil Samen von den besten 5 Vätern	26 %	12 %	12 %

Tabelle 10: Ergebnisse der Vaterschaftsanalyse in den drei Kirschenbeständen

Die effektive Anzahl an Vätern war im Bestand Bayern mit 15 geringer als in den Beständen NRW (32) und Brandenburg (35). Große Unterschiede bei der Anzahl effektiver Vätern gab es auch zwischen den Einzelbaumnachkommenschaften. Es gab keine Korrelation zwischen der Anzahl potentiell verfügbarer kompatibler Vätern und der Anzahl effektiver Vätern in den Nachkommenschaften. Daher muss gefolgert werden, dass andere Faktoren das Paarungsmuster prägten. Genau so wie in anderen Kirschenbeständen bereits beobachtet (Jolivet *et al.*, 2012a) gab es auch in den drei Versuchsbeständen eine überproportionale Pollenverteilung zwischen benachbarten Individuen (Abbildung 9). Eine solche Paarung zwischen benachbarten Individuen führt auf Dauer zur Herausbildung von Familienstrukturen und ist eine mögliche Erklärung für die räumlichen genetischen Strukturen der Altbäume.

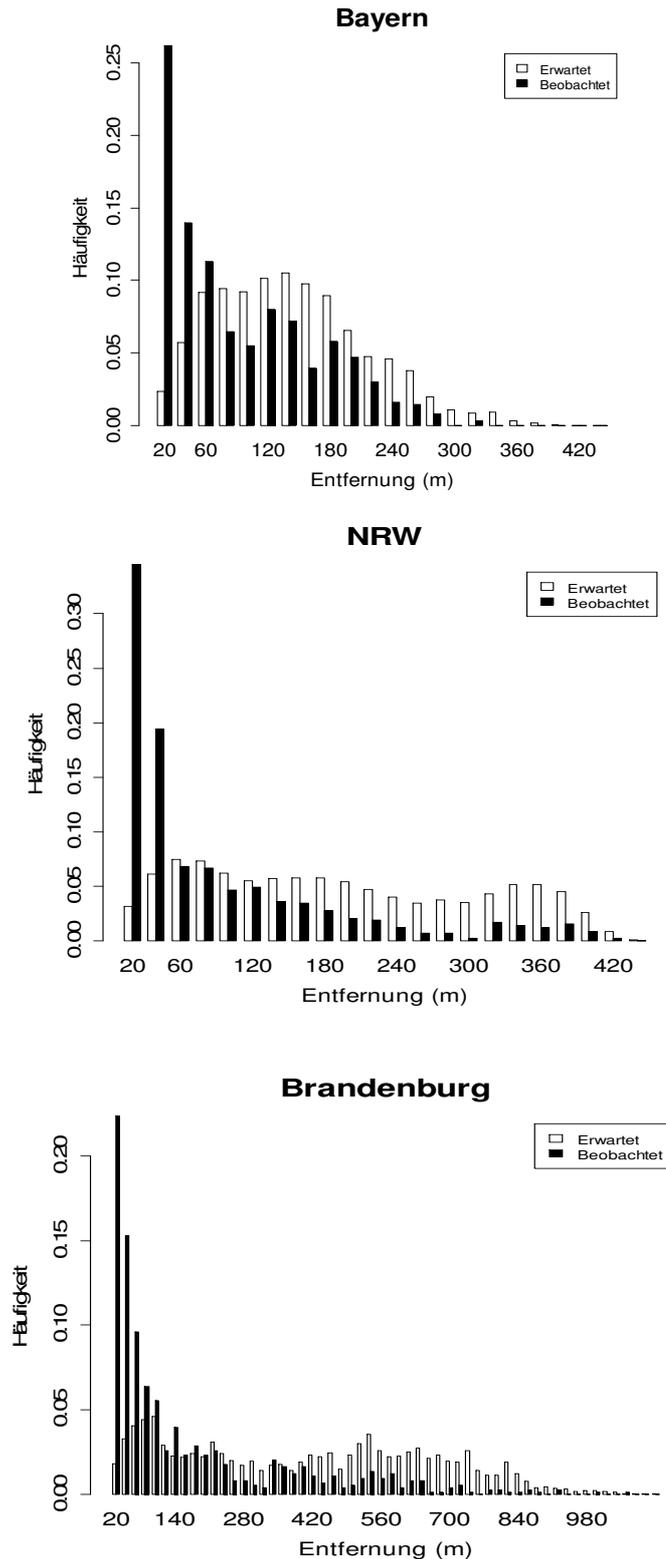


Abbildung 9: Verteilung der tatsächlich beobachteten Pollenverbreitung und der erwarteten Verteilung bei zufälliger Paarung in den drei Kirschenbeständen

5.1.4 Simulationsergebnisse

Vergleich simulierte und tatsächliche Nachkommenschaften

Mit dem Simulationsmodell Eco-Genie wurden in allen drei Beständen für dieselben Samenbäume Nachkommen simuliert, die auch im Projekt beerntet und genetisch untersucht

wurden (realen Werte). Im Bestand Bayern war die effektive Anzahl Allele in den Simulationen deutlich geringer als die realen Werte (Abbildung 10). Dieser Unterschied kann mit Pollenkontaminationen von außerhalb des Bestandes erklärt werden, da diese nicht in den Simulationen berücksichtigt werden. Die Anzahl der Genotypen und der genetische Abstand zwischen Altbäumen und Nachkommen zeigten jedoch eine gute Übereinstimmung zwischen simulierten und beobachteten Werten. In den Beständen NRW und Brandenburg stimmten die simulierten und die beobachteten Werte für die Anzahl Genotypen und die effektive Anzahl der Allele gut miteinander überein. Der genetische Abstand zwischen Altbäumen und Samen war in den Simulationen für den Bestand Brandenburg jedoch deutlich geringer als der beobachtete Wert. Insgesamt stimmten in allen drei Beständen die simulierten und beobachteten Werte für die Anzahl Genotypen in den Nachkommen gut miteinander überein.

Einfluss der räumlichen Verteilung der Samenbäume

Eine optimale Saatguternte aus genetischer Sicht zeichnet sich durch eine hohe genetische Diversität im Saatgut (Anzahl Genotypen, effektive Anzahl Allele) und einen geringen genetischen Abstand zwischen Altbäumen und Saatgut aus. Gemessen an diesen Parametern war in den Simulationen zur Saatguternte das Szenarium „Zufall“ mit der zufälligen Auswahl der Samenbäume in den Beständen Bayern und Brandenburg optimaler als die reale Auswahl der Samenbäume im Projekt (Abbildung 10). Dies kann damit erklärt werden, dass bei der tatsächlichen Ernte häufiger Samenbäume derselben Klongruppe ausgewählt wurden und so geringere Diversitätswerte im Saatgut beobachtet wurden als in den Simulationen.

Nur im Bestand Bayern wurden größere Unterschiede zwischen den verschiedenen Szenarien zur Auswahl der Samenbäume beobachtet. Hier wurden die höchsten Diversitätswerte und geringsten genetischen Abstände für die Szenarien „Klon“ (Auswahl nur eines Individuums je Klon) und „Dichte 50“ (maximale Dichte von 50 Individuen im Radius von 50 m um ausgewählten Baum) gefunden. Das Szenarium „Dichte 50“ führte jedoch im Bestand NRW zu größeren genetischen Abständen. Insgesamt über alle Bestände betrachtet waren die Szenarien „Klon“ und „Abstand 20m“ (Mindestabstand von 20 m zwischen Erntebäumen) die effektivsten (hohe genetische Diversität, geringe genetische Abstände). Das Szenarium „Klon“ vermied die mehrfache Beerntung von Individuen desselben Klons. Das Szenarium „Abstand 20m“ wählte nur Samenbäume aus, die einen Abstand von mindestens 20 m voneinander hatten. Da die Kenntnis der Klonzugehörigkeit aufwendige genetische Untersuchungen voraussetzt, ist für die forstliche Praxis die Beerntung von Bäumen mit einem Mindestabstand von 20 m zu empfehlen. In größeren Beständen sollte dieser Mindestabstand dann auf 50 m erhöht werden.

Einfluss Anzahl Saatgutbäume

In den Simulationen wurde auch der Einfluss der Anzahl beernteter Samenbäume auf die genetische Zusammensetzung des Saatguts untersucht und die Werte mit den real analysierten Samen verglichen. Als optimal wurde eine Saatguternte definiert, wenn 95% der maximalen genetischen Diversität (effektive Anzahl Allele, Anzahl Genotypen) und ein genetischer Abstand zwischen Saatgut und Altbestand von maximal 5% über dem Minimalwert erreicht wurden. Diese Werte stellen dann per Definition die Schwellenwerte da. Die Anzahl Samenbäume, bei denen diese Werte erreicht wurden, sind in der Tabelle 11 aufgeführt. In Bezug auf die effektive Anzahl an Allelen wurden die 95% Werte schon bei nur 5 beernteten Bäumen erreicht. Dieses Maß gibt allerdings den häufigen genetischen Varianten ein hohes Gewicht. Um den genetischen Abstand zwischen Saatgut und Altbäumen unter den Schwellenwert zu bringen, mussten zwischen 25 und 50 Samenbäume beerntet werden. Der Schwellenwert für die Anzahl Genotypen wurde in den meisten Fällen mit 25 Samenbäumen erreicht. Eine Ausnahme war hier der Bestand Bayern. Bei den tatsächlich untersuchten Samen mussten in den Beständen NRW und Brandenburg 40 Samenbäume beerntet werden,

um den Schwellenwert zu erreichen. Über alle Parameter und Szenarien hinweg betrachtet, führte die Beerntung von 25 Samenbäumen in den meisten Fällen zur Einhaltung der Schwellenwerte.

<u>Szenarium</u>	Bayern			NRW			Brandenburg		
	A _e	NG	D	A _e	NG	D	A _e	NG	D
Zufall	5	25	25	5	25	50	5	20	50
Klon	10	40	50	5	25	50	5	20	50
Dichte 50	5	40	25	5	20	25	5	25	25
Dichte 100	5	25	40	5	15	40	5	20	50
Abstand 20m	5	40	40	5	40	50	5	20	40
Abstand 50m	(5)	(20)	(20)	(5)	(10)	(10)	5	15	50
Abstand 80m	-	-	-	-	-	-	(5)	(15)	(40)
<u>Tatsächliche Samen</u>	2	25	20	5	40	40	5	40	25

Tabelle 11: Anzahl der Samenbäume in den verschiedenen Szenarien und für die tatsächlich analysierten Samen, die beerntet werden mussten, um 95% der maximal genetischen Diversität (effektive Anzahl Allele = A_e; Anzahl Genotypen = NG) im Saatgut und 105% des minimalen genetischen Abstandes (D) zu erreichen. Einige Szenarien konnten wegen der Bestandesstruktur nur mit reduzierter Anzahl Samenbäume simuliert werden = Werte in Klammern

<u>Szenarien</u>	Bayern			NRW			Brandenburg		
	% NG		% NG	% NG		% NG	% NG		% NG
	NG	Max Sim	AB	NG	Max Sim	AB	NG	Max Sim	AB
Zufall	181.8	95.3	97.2	155.2	96.7	107.0	143.1	96.9	114.4
Klon	190.5	91.0	101.9	157.1	96.0	108.4	142.4	97.1	113.9
Dichte 50	189.8	94.2	101.5	154.3	96.4	106.4	148.5	99.7	118.8
Dichte 100	182.8	95.3	97.8	154.7	95.7	106.7	143.9	97.4	115.1
Abstand 20m	185.8	93.1	99.4	155.3	94.7	107.1	142.9	96.4	114.3
Abstand 50m	191.2	100.0	102.2	-	-	-	143.8	98.0	115.0
Abstand 80m	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>Tatsächliche Samen</u>	169	95.5	90.4	151.5	92.9	104.5	118.4	92.5	94.7

Tabelle 12: Anzahl Genotypen (NG) als ein Maß für genetische Vielfalt, die mit 25 beernteten Samenbäumen erreicht werden im Vergleich zu den Maximalwerten (Max Sim) und zu den Werten der Altbäume (AB).

Wenn 25 Samenbäume ausgewählt wurden, dann war der Unterschied bei der Anzahl Genotypen zu den Szenarien mit der Auswahl von 50 Samenbäumen sehr gering und das Niveau der Anzahl Genotypen im Saatgut entspricht oder übertrifft das Niveau der Altbäume (Tabelle 12). In den Beständen Brandenburg und NRW waren die Unterschiede zwischen den einzelnen Szenarien gering. Im Bestand Bayern führte das Szenarium „Abstand 50m“ zu der höchsten Anzahl Genotypen im Saatgut.

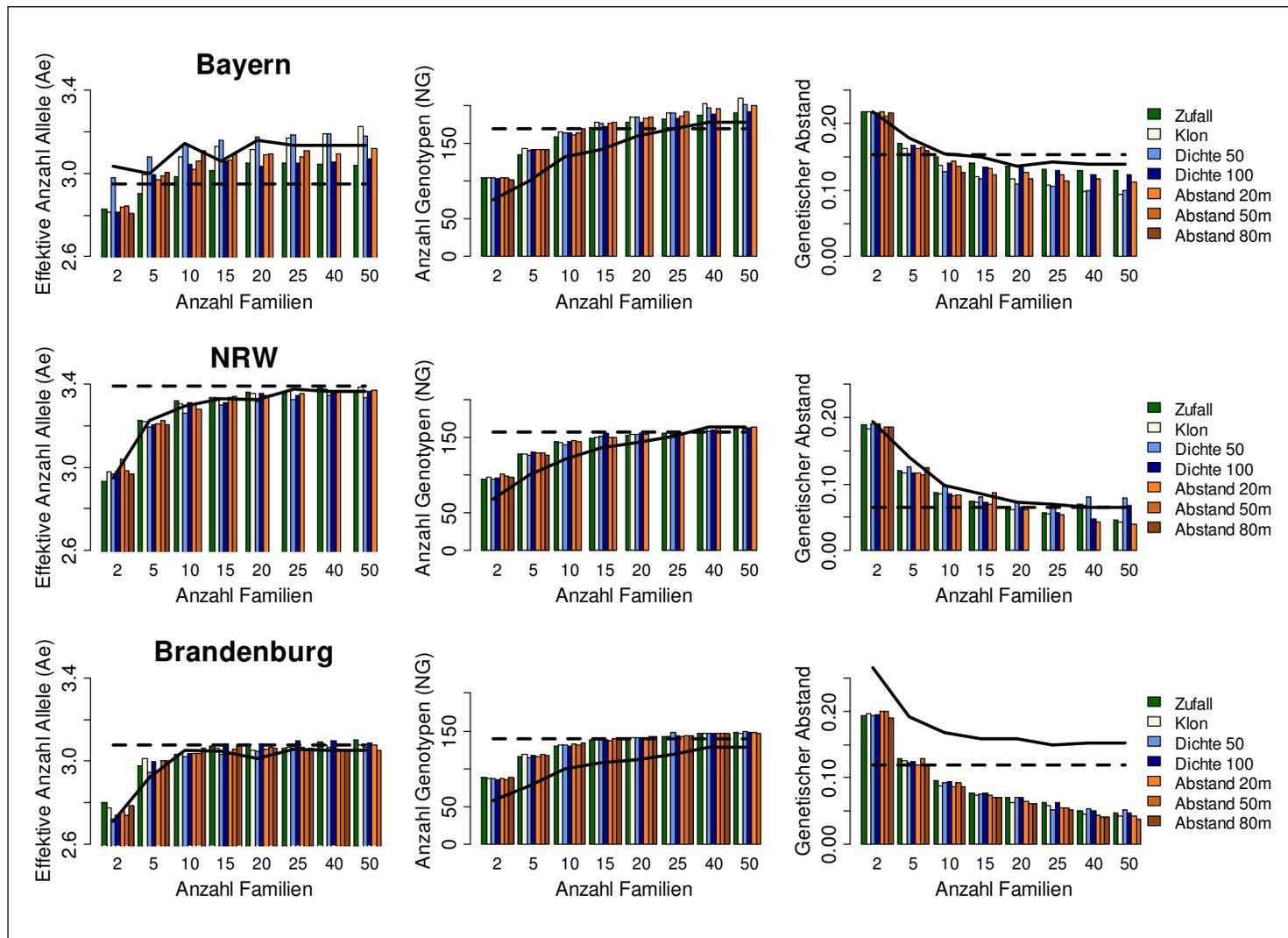


Abbildung 10: Ergebnisse der Simulationen für verschiedene Szenarien der Saatguternte in den drei Kirschenbeständen. Die durchgezogene schwarze Linie gibt die Mittelwerte von 10 Permutationen der tatsächlich analysierten Samen wieder. Die gestrichelte Linie gibt die Simulationsergebnisse für die tatsächlich beernteten 40 Samenbäume wieder. Die Werte der einzelnen Szenarien sind Mittelwerte aus 100 Wiederholungen.

5.1.5 Saatgutqualität

Die Überprüfung der Viabilität nach den ISTA-Vorgaben (Tetrazolium-Test) ergab in allen drei Beständen sehr hohe Werte. Auffällig war die hohe Viabilität des Saatgutes aus NRW (Abbildung 11). Beim Kirschensaatgut des Bestandes Brandenburg gab es eine große Variation in der Viabilität zwischen den einzelnen Familien (großer Box-Plot). Unerwartet war die negative Korrelation des Tausendkorngewichts mit den Viabilitäten. In jedem Bestand verglichen wir die Qualität des Saatgutes von Klonen mit der Qualität des Saatgutes von nicht verklonten Mutterbäumen. Signifikante Unterschiede fanden wir dabei nicht.

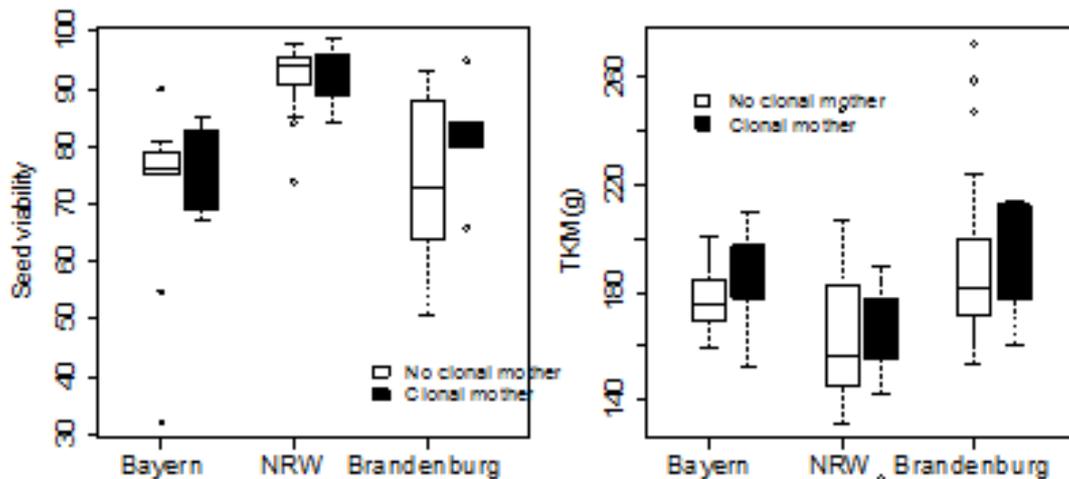


Abbildung 11: Viabilitäten des Kirschensaatgutes und Tausend-Korn-Gewichte (TKM) in den drei Beständen. Die schwarzen Box-Plots geben die Variation der Einzelbaumnachkommenschaften für verklonte Individuen und die weißen Box-Plots geben die Variation für Nachkommenschaften nicht verklonten Mutterbäume wieder

5.1.6 Baumschulversuch (Vitalität, Wachstum)

Einige zusammengefasste (durchschnittliche) Daten zu den Pflanzenqualitäts-bezogenen Messergebnissen der fertigen Kirschenpflanzen finden sich in Tabelle 13.

Bestand	Anzahl pflanz-fähiger Kirschen	Spross-Länge (cm)	Wurzelhalsdurchmesser (mm)	Verhältnis Spross-Länge / WHD x 10
Bayern	8980	141	16,4	86
Nordrh.-Westf.	10200	118	14,8	80
Brandenburg	6135	119	15,0	79

Tabelle 13: Ergebnisse zu Pflanzenzahl, mittlerer Sprosslänge, mittlerem Wurzelhalsdurchmesser der Nachkommenschaften der drei Kirschenbestände, Messwerte von Herbst 2011

Auffällig ist der deutliche Sprosslängen-Vorsprung der bayerischen Herkunft und die deutlich geringere Ausbeute der brandenburgischen Herkunft.

Der bereits im 1. Standjahr vorhandene Sprosslängenvorsprung der bayerischen Herkunft hat sich fortgesetzt. Dagegen haben sich die durchschnittlichen Unterschiede zwischen der nordrhein-westfälischen und brandenburgischen Herkunft in der Sprosslänge im 2. Standjahr verringert. Diese Entwicklung kann nicht durch die Anzuchtbedingungen erklärt werden. Sie ist nicht gleichgerichtet mit der weiter bestehenden quantitativen Differenz zwischen beiden Herkünften. Der Habitus der Pflanzen war sehr einheitlich: Die Kirschen waren für verschulte

Pflanzen sehr schlank aber trotzdem stabil. Dieser Eindruck wird durch die o. g. Werte bestätigt.

Diese Einheitlichkeit gilt auch für Blattfarbe, -größe und ggf. (während der Anzucht allerdings fehlende) Anzeichen für Schädlingsbefall oder Krankheiten als Vitalitätsmerkmale. Es bestand ein Widerspruch zwischen Ausbeute, Sprosslänge und dem Wurzelhalsdurchmesser, die ebenfalls (indirekt) als Weiser für die Vitalität gewertet werden können. So war zum Beispiel die Ausbeute (Anzahl Sämlinge) der Familie 8 des bayerischen Fläche (K1) sehr gering. Jedoch fielen die überlebenden Sämlinge/ Jungpflanzen durch große Wüchsigkeit (Sprosslänge, Wurzelhalsdurchmesser) auf.

Wie Abbildung 12 verdeutlicht, sind die Unterschiede sowohl zwischen den drei Herkünften als auch den Einzelbäumen für die Ausbeute offensichtlich deutlich größer als für die Sprosslänge und den Wurzelhalsdurchmesser. Durch die einzelbaumweise getrennte Anzucht wurden Unterschiede in Ausbeute, Sprosslänge und Ausbeute zwischen den Nachkommenschaften deutlich, die bei praxisüblicher Anzucht einer Mischabsaat aus dem Erntebestand so nicht erkennbar geworden wären.

Unerwarteter Weise gab es gemessen mit dem Spearman-Rang-Koeffizienten keine Korrelation zwischen den Tetrazoliumtests des Saatguts der Familien bei der Saatgutprüfung und den späteren Auflaufprozenten in der Baumschule (K1=0.20 ns; K2=0.24 ns; K3=0.09 ns).

Da die Anzucht unter sehr homogenen Baumschul-Bedingungen stattfand, können die zwischen den Herkünften und Einzelbaumabsaaten beobachteten Unterschiede mit hoher Wahrscheinlichkeit genetisch beeinflusst sein.

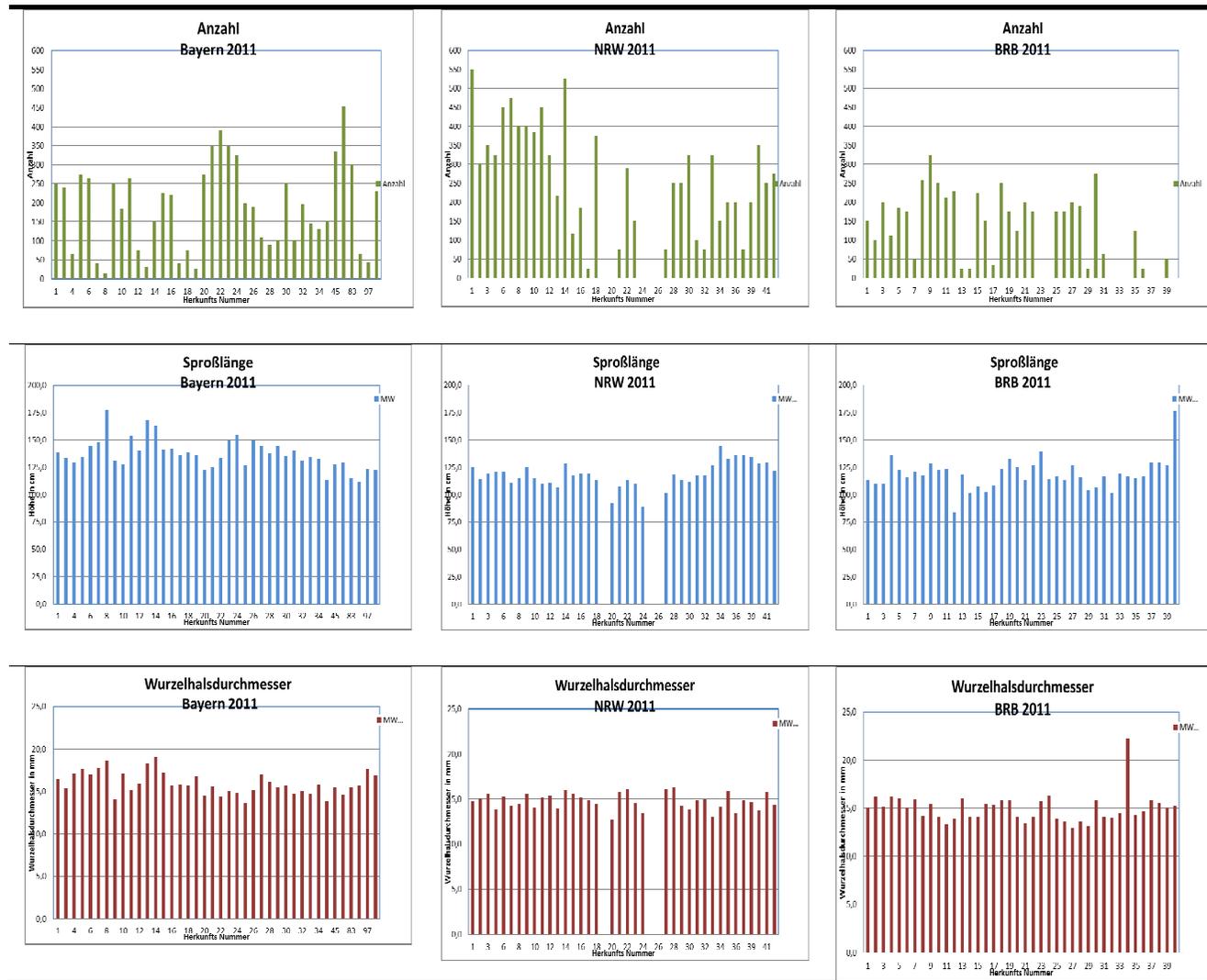


Abbildung 12: Ergebnisse des Baumschulversuchs für die Einzelbaumnachkommenschaften der drei Kirschenbestände

5.1.7 Versuchsflächen

Erste Ergebnisse des Kirschen-Herkunftsversuch des Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde

1) Anwuchsbonituren

Während die Flächen Falkensee und Maienpfuhl keine nennenswerten Ausfälle zeigten, waren diese auf der Fläche Trämmersee mit insgesamt 45% erheblich. Die Fläche hatte im Frühjahr 2011 unter der für Brandenburg typischen Frühjahrstrockenheit gelitten, diese setzte unmittelbar nach der Pflanzung ein. Auch ist der Standort der Fläche Trämmersee weniger feucht als in Falkensee oder Maienpfuhl. Wider Erwarten zeigte die lokale Herkunft Brandenburg (K3) den zweithöchsten Ausfall nach der Herkunft Bayern (K1). Nordrhein-Westfalen (K2) zeigt einen um die Hälfte geringeren Ausfall als Brandenburg (Tabelle 14).

Fläche	Falkensee	Trämmersee	Maienpfuhl
Herkunft	Ausfall	Ausfall	Ausfall
Bayern	2%	61%	2%
Nordrhein-Westfalen	1%	26%	0%
Brandenburg	1%	53%	0%
Gesamt	2%	45%	1%

Tabelle 14: Ergebnisse der Anwuchsbonituren der Kirschenherkunftsversuche des Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde im Sommer 2011

Schäden durch Frost oder Mäuse konnten bislang nicht beobachtet werden. Allerdings ist die ungezäunte Fläche Falkensee massiv durch Wildschäden betroffen, obwohl die Pflanzen nach der Pflanzung mit einem Verbisschutzmittel bestrichen wurden. Es waren Verbiß durch Damwild und Fegeschäden durch Rehwild zu beobachten. Im Frühjahr 2012 wurde die Fläche ebenfalls gezäunt. Rund 80% der Pflanzen weisen Wildschäden auf, die Herkunft Bayern hat zwar weniger Verbiss, dafür aber mehr abgeknickte Pflanzen. Die ist auf größere Pflanzhöhen zurückzuführen, zum Abäsen der Blätter hat das Damwild die größeren Pflanzen umgeknickt.

2) Qualität auf der Versuchsfläche Maienpfuhl

Beim Merkmal Steiläste zeigte sich in allen Herkunftten ein ungefähr gleicher Anteil von ca. einem Drittel (Tabelle 15).

Herkunft	Wipfelschäftig	Steilast	Zwiesel
Bayern	62%	31%	6%
NRW	59%	32%	9%
Brandenburg	55%	34%	12%
Summen	59%	32%	9%

Tabelle 15: Ergebnisse der Qualitätsbonitur im Sommer 2011

Beim Merkmal „Zwiesel“ zeigt die Herkunft Brandenburg (K3) sowohl absolut als auch bezogen auf die Gesamtpflanzenzahl einen deutlich höheren Anteil dieses qualitätsmindernden Merkmals. Da einzelne Absaaten als besonders „zwieselig“ identifiziert werden können (z.B. Familien Nr. 38: 31%, Nr. 28: 26%), wäre der Vergleich mit den Qualitätsmerkmalen des jeweiligen Mutterbaums interessant.

3) Höhe und Durchmesser auf der Versuchsfläche Maienpfuhl

Die Herkunft Bayern (K1) stellt nach der ersten Vegetationsperiode die stärksten und höchsten Pflanzen auf der Versuchsfläche Maienpfuhl (Abbildung 13). Dieser Trend deutete sich sowohl in der Anzucht als auch bei der Pflanzung an. Nordrhein-Westfalen und Brandenburg unterscheiden sich sowohl in der Höhe als auch im Durchmesser kaum voneinander, wenn auch die Kirschen aus Brandenburg in beiden Kategorien leicht höhere Werte aufweisen.

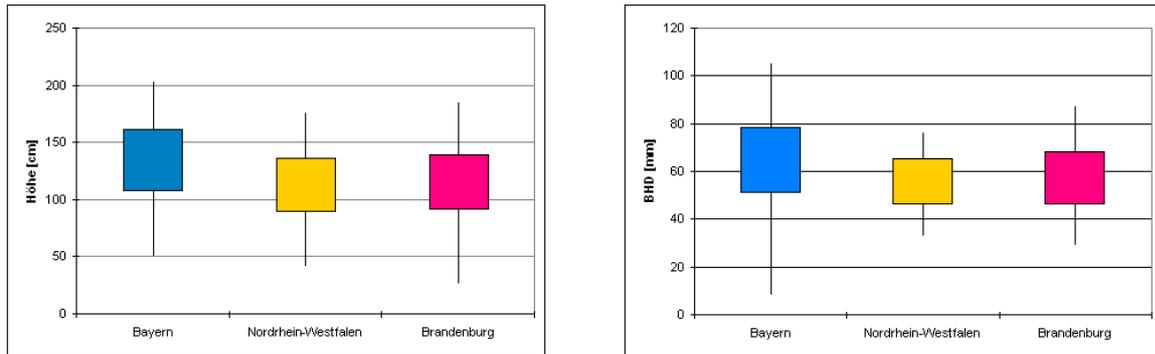


Abbildung 13: Höhen (links) und Brusthöhendurchmesser (rechts) der drei verschiedenen Herkünfte (K1, K2, K3).

5.2 Eiche

5.2.1 Demographische und räumlich genetische Struktur der Bestände

Die Verteilung der Durchmesser (Abb. 14) war in allen drei Beständen eingipflig. Die größten Durchmesser fanden sich im Bestand NRW. In allen drei Beständen gab es eine signifikant positive räumliche Struktur (Abb. 15). Mit zunehmender Nähe zwischen den Bäumen waren diese genetisch ähnlicher. Dies ist in den meisten Fällen das Ergebnis von Naturverjüngung, bei der sich Familienstrukturen herausbilden. Am deutlichsten war die räumliche genetische Struktur in den Beständen Bayern und Brandenburg mit signifikanten Werten bis zu einem Radius von 90 m bzw. 70 m.

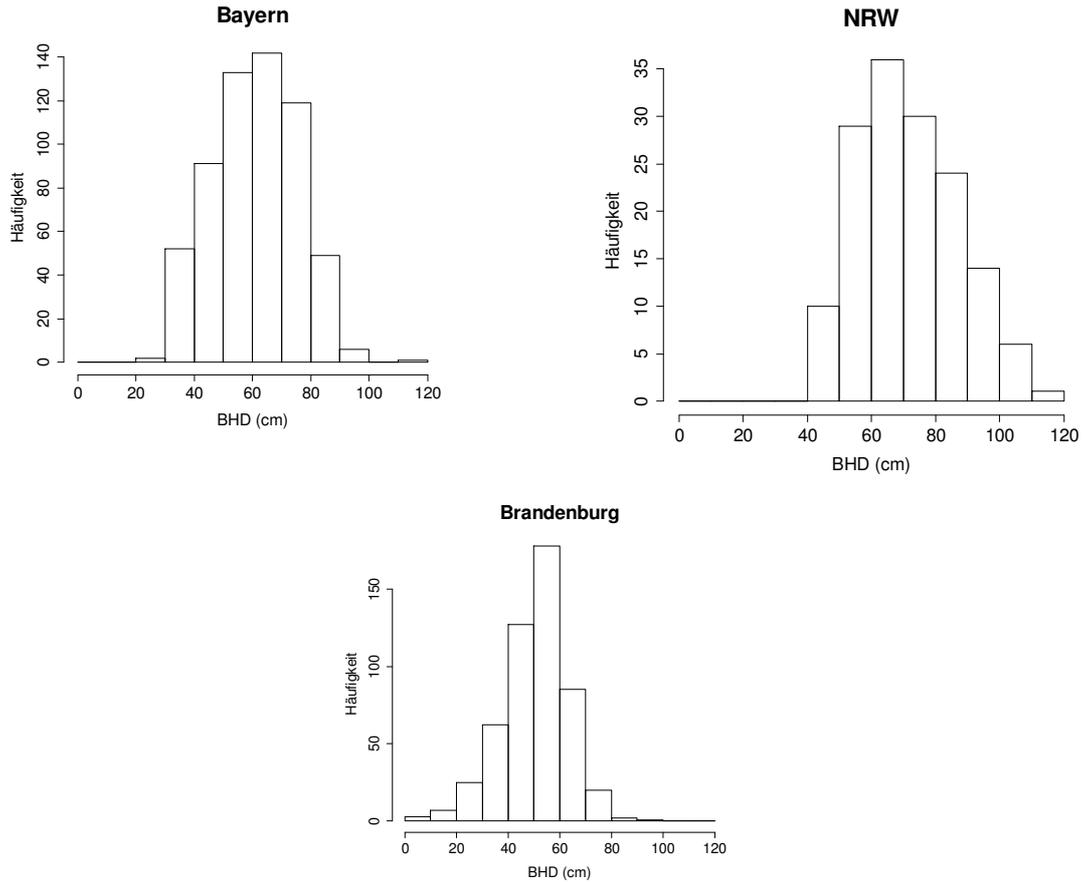


Abbildung 14: Verteilung der Brusthöhendurchmesser (BHD) in den drei Eichenbeständen

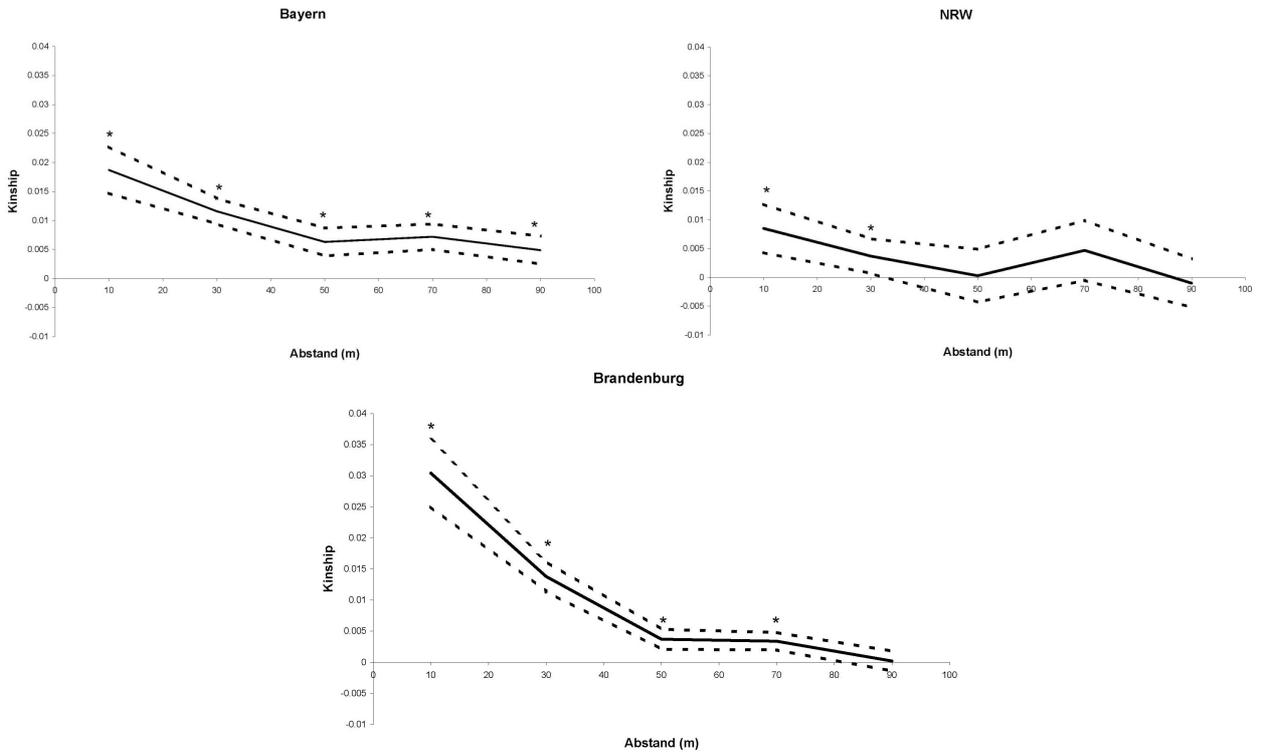


Abbildung 15: Räumlich genetische Struktur in den drei Eichenbeständen

5.2.2 Vergleich der genetischen Zusammensetzung verschiedener Entwicklungsstadien

Die Flächen E1 und E3 hatten eine höhere genetische Vielfalt ausgedrückt als mittlere Anzahl Allele per Locus als die Fläche E2 (Tab. 16). Die Fläche E2 hatte die geringste Anzahl an Allelen und mit 152 untersuchten Bäumen auch die geringste Anzahl an Altbäumen. Die Anzahl effektiver Allele (A_e) war auf der Fläche E1 am niedrigsten und auf der Fläche E3 am höchsten. Die beobachtete und die erwartete Heterozygotie steigen ebenfalls von E1 über E2 zu E3 an. Die Altbäume aller drei Bestände hatten signifikant positive F-Werte. Die Werte waren jedoch sehr niedrig und zeigten unterschiedliche Ergebnisse für die einzelnen Genorte. Der Genort QpZAG46 zeigt sehr hohe positive Werte (0,029-0,122), wohingegen der Genort QpZAG15 sehr niedrige bis negative F-Werte zeigt (0,016 bis -0,041). Diese Ergebnisse deuten nicht auf Inzuchteffekte in den Altbeständen hin, sondern könnten genortspezifische Effekte sein (z. B. Null-Allele).

Fläche	A	A_e	H_O	H_E	F-Wert
E1	27,2	9,1	0,819	0,842	0,028**
E2	24,3	10,6	0,853	0,864	0,016*
E3	27,5	11,2	0,870	0,894	0,028**

Tabelle 16: Die genetischen Parameter zur Beschreibung der genetischen Vielfalt: mittlere Anzahl Allele je Genort (A), mittlere Anzahl effektiver Allele (A_e), beobachtete Heterozygotie (H_O) und Fixierungsindex für alle drei Entwicklungsstadien je Fläche für Bayern (E1), Nordrhein-Westfalen (E2) und Brandenburg (E3)

Bei der mittleren Anzahl der Allele per Locus und den Heterozygotie-Werten unterscheiden sich die Kollektive jeder Fläche nur wenig (Tab. 17). Interessant ist, dass auf der bayerischen Fläche (E1) in den Samen und Sämlingen weniger Allele gefunden wurden, als bei den Altbäumen. Diese Unterschiede lassen sich auf seltene Allele zurückführen, die in sehr niedrigen Frequenzen (>1%) im Altbestand öfter vorkommen als in den Verjüngungsstadien. Unterschiede in seltenen Allelen können durch zufällige Effekte in der Stichprobennahme in den Samen und Sämlingen erklärt werden. Auf dieser Fläche wurden alle Altbäume (596) inventarisiert. Die Fläche ist von anderen Eichenflächen isoliert, so dass wahrscheinlich der Genfluß von außen gering ist. Auf der Fläche aus NRW (E2) wurden bei den Samen mehr Genvarianten nachgewiesen, als bei den 154 untersuchten Altbäumen. Eine mögliche Erklärung ist, dass nicht alle Altbäume aus dem Bestand beprobt wurden. Außerdem kam es wahrscheinlich zu einem Genfluss von außerhalb des Bestandes, da in der näheren Umgebung viele weitere Eichenbestände vorkommen.

Die Fläche aus Brandenburg (E3) verhält sich ähnlich der Fläche E2, auch hier wurden mehr Genvarianten bei den Samen als bei den Altbäumen gefunden, und der Wert ging bei den Sämlingen wieder leicht zurück. Da hier alle Bäume im Bestand beprobt wurden, ist der Anteil an zusätzlichen Allelen wahrscheinlich durch Genfluß von außen zu erklären.

Bestände	E1			E2			E3		
	A	S	SD	A	S	SD	A	S	SD
Anzahl der Allele (A)	27,2	25,7	26,3	24,3	28,2	25,5	27,5	28,9	26,2
Anzahl effektiver Allele (A_e)	9,1	8,8	8,9	10,6	10,5	10,2	11,1	10,6	10,3
Beobachtete Heterozygotie (H_O)	0,819	0,822	0,826	0,853	0,846	0,852	0,870	0,866	0,870
Fixierungsindex	0,028**	0,018**	0,009*	0,016*	0,017**	0,008**	0,028**	0,024**	0,017**

Tabelle 17: Genetische Vielfalt und Diversität der drei Entwicklungsstadien (A = Altbäume, S = Samen, SD = Sämlinge) in den drei untersuchten Eichenbeständen (E1, E2, E3); * $p < 0.05$, ** $p < 0.01$

Der Fixierungsindex war positiv und hochsignifikant für die Bestände in Bayern (E1) und Brandenburg (E3) (Tab. 17). Der Bestand NRW zeigte einen niedrigeren Fixierungsindex, der signifikant auf dem $p < 0.05$ Niveau war. In den Samen und Sämlingen der Bestände E1 und E3 zeigte sich ein niedrigerer Fixierungsindex, als bei den Altbäumen. Im Bestand E2 ist der Fixierungsindex in den Samen am höchsten. In allen Beständen zeigte sich der niedrigste Fixierungsindex in den Sämlingen. Auch bei den Samen und Sämlingen zeigen sich genortspezifische F-Werte und deuten somit nicht auf Inzucht hin.

Die genetische Differenzierung zwischen den Beständen und zwischen den Entwicklungsstadien innerhalb der Bestände wird in Tab. 18 und Abbildung 16 dargestellt. Die genetischen Unterschiede zwischen den Kollektiven von unterschiedlichen Flächen (genetischer Abstand zwischen 24,6 und 45,9 %) sind vergleichsweise hoch bis sehr hoch. Vor allem die Werte zum Bestand E3 sind als sehr hoch einzustufen. Dies bestätigt die unterschiedliche Artenzusammensetzung der Bestände. Bei den Beständen E1 und E2 handelt es sich um Stieleiche, bei Bestand E3 um Traubeneiche.

Die Abstandswerte innerhalb der Flächen sind deutlich geringer als zwischen den Flächen (5,5-12,1%) und zeigen die große genetische Ähnlichkeit der Kollektive einer Fläche. In allen drei Flächen liegen die genetischen Abstände zwischen den Generationen (Altbäume zu Samen und Sämlingen) zwischen 10,3 und 12,1%. Die geringsten und nicht signifikanten genetischen Abstände wurden zwischen Samen und Sämlingen innerhalb der Bestände gefunden (5,5-5.6%).

	E1_S	E1_SD	E2_A	E2_S	E2_SD	E3_A	E3_S	E3_SD
E1_A	0,107**	0,121**	0,251**	0,252**	0,246**	0,422**	0,436**	0,435**
E1_S		0,055 n.s.	0,27**	0,263**	0,258**	0,444**	0,455**	0,453**
E1_SD			0,271**	0,262**	0,257**	0,446**	0,459**	0,456**
E2_A				0,112*	0,113**	0,423**	0,433**	0,436**
E2_S					0,056 n.s.	0,431**	0,438**	0,44**
E2_SD						0,431**	0,437**	0,438**
E3_A							0,103**	0,113**
E3_S								0,056 n.s.

Tabelle 18: Genetischer Abstand D nach Gregorius & Roberds (1986) zwischen den Beständen (E1, E2, E3) und zwischen den drei Entwicklungsstadien (A = Altbäume, S = Samen, SD = Sämlinge) innerhalb der drei Eichenbestände; Signifikanzen aus Permutationstests: ** $p > 0.99$; * $p > 0.95$; n.s. nicht signifikant)

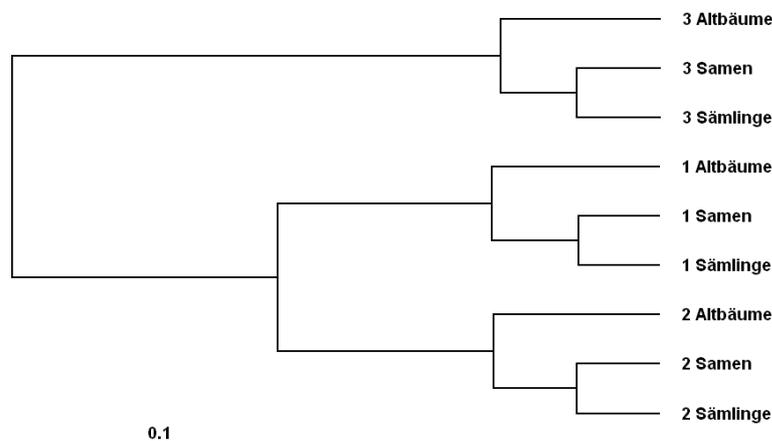


Abbildung 16: Genetische Unterschiede innerhalb und zwischen den verschiedenen Entwicklungsstadien der drei Eichenbestände (1 = Bayern = Stieleiche, 2 = NRW = Stieleiche, 3 = Brandenburg = Traubeneiche) dargestellt als Dendrogramm einer UPGMA Clusteranalyse berechnet aus den genetischen Abständen

Vergleich von Saatgut und Sämlingen vor und nach der Aussaat

Ein Auflaufprozent von durchschnittlich mehr als 70 % kann als hoch eingestuft werden. Daher waren allenfalls geringen Driteffekte und/oder Selektionseffekte zu erwarten. Die Unterschiede in der mittleren Anzahl der Allele pro Locus und der effektiven Anzahl der Allele waren zwischen den Samen und Sämlingen gering (Abb. 17). Gleiches gilt auch für die erwarteten Heterozygotie. Auffallend war das Vorkommen von relativ vielen privaten Allelen in den Samen der Bestände E2 und E3 und der starke Rückgang dieses Parameters in den Sämlingen dieser Bestände. Diese Unterschiede könnten auf genetische Drift oder Selektion hinweisen oder einfach ein Stichprobeneffekt gewesen sein. Im Bestand E1 war die Anzahl der privaten Allele bei Samen und Sämlingen gleich. Die genetischen Abstände zwischen Samen und Sämlingen innerhalb der Bestände waren sehr gering und nicht signifikant (5,5 - 5.6%) für den gesamten Genpool. Demnach zeigte sich eine sehr große Ähnlichkeit für das Saatgut und die daraus gewonnenen Pflanzen innerhalb der einzelnen Bestände.

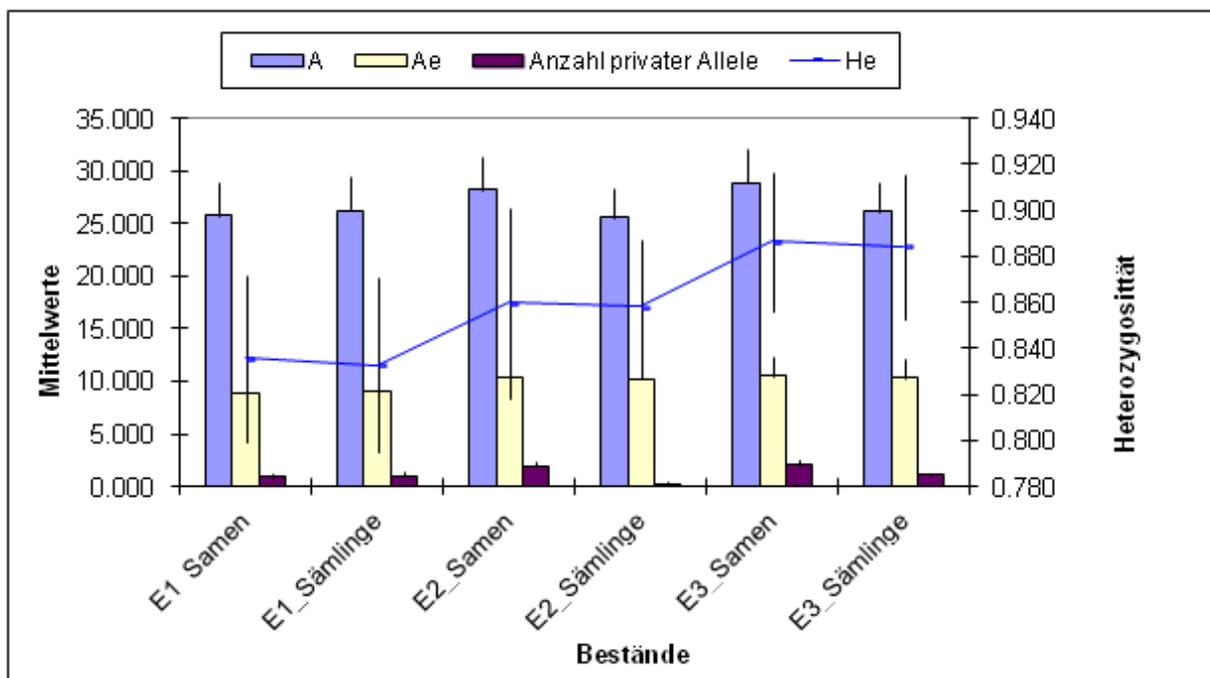


Abbildung 17: Allelprofile der Samen und Sämlinge innerhalb der Bestände (E1, E2, E3). Na mittlere Anzahl der Allele, Ne Anzahl effektiver Allele, He erwartete Heterozygotie

Um Selektionseffekte an jedem einzelnen Genort beurteilen zu können, wurde der genetische Abstand nach Gregorius & Roberds (1986) für jeden Genort zwischen Samen und Sämlingen jeder Fläche berechnet. Dieser lag unter 10% bei allen Genorten. Für vier Genorte konnte jedoch für einige Kombinationen ein signifikanter Abstand festgestellt werden (Tab. 19). Für die Flächen E1 und E2 war der genetische Abstand an zwei Genorten signifikant. Für die Fläche E3 zeigte nur der Genort QpZAG104 einen signifikanten genetischen Abstand. Aus diesen Ergebnissen lässt sich nur in geringem Maße auf Selektionseffekte an wenigen Genorten bei der Aufzucht schließen.

	QpZAG104	QpZAG110	QrZAG7	QrZAG65
E1 S - SD	6,1n.s.	5,3*	4,5n.s.	9,2*
E2 S - SD	7,4n.s.	5,6*	7,8**	5,3n.s.
E3 S - SD	8,7**	6,0n.s.	6,3n.s.	7,0n.s.
** p>0.99	* p>0.95	n.s. nicht signifikant		

Tabelle 19: Genetische Abstände an einzelnen Genorten zwischen Samen (S) und Sämlingen (SD) jeder Fläche.

5.2.3 Paarungssystem

Für die Analysen zum Paarungssystem und zur Pollenausbreitung wurden die genetischen Daten der Einzelbaumabsaaten verwendet (Tab. 20). Aus dem Bestand E1 wurden 41 Einzelbaumabsaaten untersucht, 39 aus Bestand E2 und 45 aus Bestand E3. Von der Fläche E1 standen nach Aufbereitung der Samen und Aussaat noch Sämlinge von 38 Nachkommenschaften zur Verfügung, auf der Fläche E3 noch 40.

Entwicklungsstadien	E1		E2		E3	
	S	SD	S	SD	S	SD
Analysierte Samen/Sämlinge je Netz/Baum	12-21	16-23	11-23	11-25	16-24	20-26
Anzahl der Nachkommenschaften je Bestand	41	38	39	39	45	40

Tabelle 20: Übersicht über die analysierten Proben, die für die Berechnungen zum Paarungssystem in allen drei Beständen (E1, E2, E3) verwendet wurden. S=Samen, SD=Sämlinge

Die Fremdbefruchtungsrate ist in allen drei Beständen sehr hoch (Tab. 21). Dies spricht für einen hohen Pollenfluß im Bestand. Der Anteil des von außerhalb des Bestandes stammenden Pollens ist im Bestand E1 vergleichsweise gering (17 %). Für den Bestand E3 ist der Pollenfluß von außen mehr als doppelt so hoch wie im Bestand E1. Im Bestand E2 sind sowohl nicht genotypisierte Bäume innerhalb des Bestandes, sowie Pollen von außerhalb für den relativ hohen Anteil der nicht identifizierbaren Väter verantwortlich. Die Anzahl effektiver Pollenspender gibt die potentielle Anzahl der Väter pro Einzelbaumabsaat an und wird für kleine Probenzahlen korrigiert. Wenn sich viele Väter an einer Einzelbaumabsaat beteiligen ist dieser Wert hoch, bei wenigen Pollenspendern pro Einzelbaumabsaat ist dieser Wert klein. Der Mittelwert der effektiven Pollenspender ist im Bestand E2 am geringsten (~9 Väter pro Einzelbaumabsaat). Bei den Beständen E1 und E3 ist die Anzahl der effektiven Pollenspender vergleichbar hoch (~33 bzw. ~27), d.h. es beteiligen sich viele Väter an jeder Einzelbaumabsaat. Die Schwankungsbreite dieses Wertes ist in den Beständen E1 und E3 sehr groß. Bei hohen Werten ist zu erwarten, dass die Anzahl der Pollenspender noch zunimmt, wenn weitere Eicheln untersucht werden. Bei niedrigen Werten würde jedoch bei mehr untersuchten Eicheln je Mutterbaum die Anzahl der Pollenspender nicht oder nur in geringem Maße ansteigen. Das Ergebnis passt gut zu der Gesamtgröße der Bestände. E2 ist deutlich kleiner und umfasst insgesamt deutlich weniger reproduktionsfähige Eichen. Die Anzahl der Bäume je Bestand, die sich als Pollenspender in den untersuchten Samen beteiligten, liegt zwischen 47 % (E1) und 69 % (E2). Diese Werte zeigen, dass im Saatgut dieses Jahres die Gene von ca. der Hälfte bis zwei Drittel der Bäume für die Folgegeneration

zur Verfügung stehen. Diese Werte hängen stark vom Blütezeitpunkt der Bäume im Bestand, von der Wetterlage und der Windrichtung zum Blütezeitpunkt ab.

Der Anteil der Vollgeschwister bei den Samen innerhalb der Bestände war gering (0-5,6%). Der Anteil der Verwandtenpaarung war in allen drei Beständen etwa gleich (14,6-16,0%) und lag in einem Bereich, der für Buche auch in anderen Studien (z.B. Projekt zum genetischen Monitoring) festgestellt wurde.

	E1	E2	E3
Fremdbefruchtungsrate	99,6%	98,1%	99,2%
Pollen von außerhalb des Bestandes	16,9%	41,6%	36,9%
Anzahl effektiver Pollenspender (Mittelwert)	33,1	9,8	27,4
Anzahl effektiver Pollenspender (Min-Max)	2,4-136	1-50,9	2-136
Anteil der Bäume als Pollenspender	46,9%	68,7%	68,6%
Anteil Vollgeschwister (Multilocuskorrelation von p)	0	5,5%	5,6%
Anteil Verwandtenpaarung (Differenz t_m-t_s)	16,0%	14,6%	15,9%

Tabelle 21: Übersicht über die Ergebnisse zum Paarungssystem für die drei Eichenflächen (B1, B2, B3)

Pollenverbreitung

Die Pollenverbreitung wurde mithilfe von Vaterschaftsanalysen im Programm CERVUS (Kalinowski et al. 2007) berechnet. Zuerst wurde der höchst wahrscheinliche Vater für jede Eichel geschätzt, danach wurde der Abstand der Mutter zum Vater berechnet und somit der Pollenfluß bestimmt (Tab. 22, Abb. 18).

	E1	E2	E3
Minimum	0	0	0
Maximum	412,6	334,1	441,3
Mittelwert	88,1	50,3	110,3
Median	54,1	29,2	71,3

Tabelle 22: Ergebnisse der Pollenverbreitungsdistanz [m] in allen drei Eichenflächen

Zwischen den Beständen gab es Unterschiede in der Pollenausbreitung, mit den niedrigsten Werten für die Fläche E2 und den höchsten Werten für die Fläche E3. Die mittlere Pollenverbreitung schwankte zwischen 50,3 m und 110,3 m. Die maximal beobachtete Pollenverbreitung lag zwischen 334,1 m (Fläche E2) und 441,3 m (Fläche E3). In jedem Bestand gab es eine L-förmige Verteilung der Pollen mit deutlich überproportionalem Anteil effektiven Pollens in den ersten Entfernungsklassen (Abb. 18).

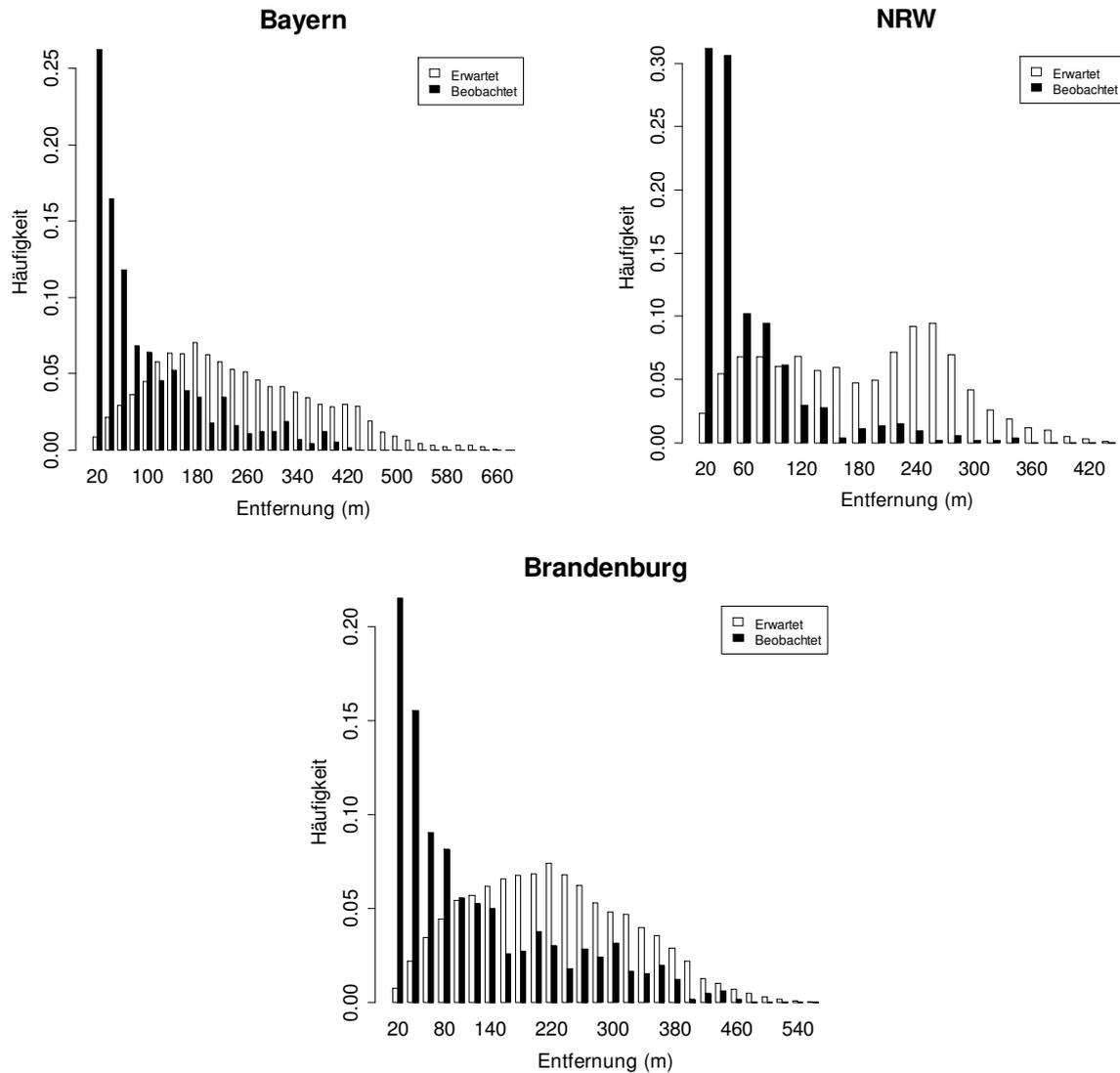


Abbildung 18: Verteilung der tatsächlich beobachteten Pollenverbreitung und der erwarteten Verteilung bei zufälliger Paarung in den drei Eichenbeständen

Unterschiede zwischen den Einzelbaumabsaaten der drei Bestände

Im Bestand E1 lag die Anzahl der Allele der einzelnen Nachkommenschaften zwischen 6,1 und 10,4. Die Anzahl der effektiven Allele lag in diesem Bestand zwischen 3,3 und 4,4. Die erwartete Heterozygotie zeigte Werte zwischen 0,636 und 0,761. Die Anzahl der Allele zeigte im Bestand E2 die größte Schwankung zwischen den Nachkommenschaften mit 6,1-10,6. Die Anzahl der effektiven Allele lag hier zwischen 3,4 und 4,7. Die erwartete Heterozygotie schwankte im Bestand E2 am meisten (0,653-0,783). Im Bestand E3 schwankte die Anzahl der Allele zwischen 8,4 und 11,3. Die Anzahl der effektiven Allele zeigte in diesem Bestand die größte Schwankungsbreite. 3,4-5,1. Die erwartete Heterozygotie zeigte hier die höchsten Werte aller drei Eichenflächen mit Werten zwischen 0,679 und 0,802. Die geringen Unterschiede zwischen den Einzelbaumabsaaten in allen drei Beständen sprechen dafür, dass die Auswahl eines bestimmten Baumes im Bestand von geringer Bedeutung ist.

5.2.4 Simulationsergebnisse

Vergleich simulierte und tatsächliche Nachkommenschaften

Mit dem Simulationsmodell Eco-Gene wurden in allen drei Beständen für dieselben Bäume Nachkommen simuliert, die auch tatsächlich per Netz oder Handsammlung beerntet und genetisch untersucht wurden. Der genetische Abstand zwischen Saatgut und Altbestand war in allen drei Beständen in den Simulationen für 40 Familien geringer als die tatsächlich beobachteten Werte (Abbildung 19). Das bedeutet, dass die Simulationen eine größere genetische Ähnlichkeit ermitteln als in der Wirklichkeit beobachtet wurde. Dies mag daran liegen, dass das Modell verschiedene Faktoren, die in der Wirklichkeit variabel sind, nicht vollständig berücksichtigte (z.B. Variation in der Blühphänologie, Pollenkontamination von außerhalb des Bestandes, unregelmäßige Segregation der mütterlichen Allele, Überschätzung der Samenverbreitung). Der Einfluss der Anzahl Netze/ Plätze der Handsammlung auf den genetischen Abstand wurde jedoch vom Modell sehr gut wiedergegeben.

Die Anzahl Genotypen im Saatgut zeigten für die volle Anzahl an beernteten Netzen eine gute Übereinstimmung zwischen Simulationen und tatsächlich beobachteten Werten im Bestand Bayern. Im Bestand NRW überschätzten und im Bestand Brandenburg unterschätzten die Simulationen die tatsächlichen Werte. Bei einer geringeren Anzahl Familien, lagen die simulierten Werte immer über den beobachteten. Dies ist ein Stichprobeneffekt, da in den Simulationen in jedem Fall die gleich große Anzahl an Samen simuliert wurde und dann bei der hohen Anzahl an Allelen viele Genotypen gebildet werden können.

Die effektive Anzahl Allele wurde in den Beständen Bayern und NRW für die vollständige Anzahl beernteter Netze in guter Übereinstimmung mit den tatsächlichen Werten vorhergesagt. Im Bestand Brandenburg wurden die tatsächlichen Werte in den Simulationen leicht unterschätzt.

Einfluss der räumlichen Verteilung der Samenbäume

Im Bestand NRW gab es insgesamt nur 154 Individuen und die Dichte in der Umgebung der Saatgutbäume war gering. Daher konnten für diesen Bestand nur die „Abstands“-Szenarien simuliert werden. Insgesamt gab es nur sehr geringe Unterschiede zwischen den verschiedenen Szenarien zur räumlichen Verteilung der Saatguternte. Viel größeren Einfluss hatte die Anzahl an Netzen/ Orte der Saatguternte im Vergleich zur räumlichen Anordnung.

Einfluss Anzahl Saatgutbäume

Diesen Einfluss haben wir wegen der besseren Übereinstimmung von Simulationen und Realität nur anhand der effektiven Anzahl Allele und der Anzahl Genotypen abgeschätzt. Wir ermittelten für jeden Bestand die Anzahl Netze die erforderlich war um 95% der maximalen Werte zu erreichen (Tabelle 23). In allen Szenarien reichten 10 bis 15 Netze hierfür aus.

	Bayern		NRW		Brandenburg	
	A _e	NG	A _e	NG	A _e	NG
Dichte 30	10	15	-	-	5	10
Dichte 50	10	10	-	-	10	10
Abstand 20	5	15	10	15	10	10
Abstand 50	(10)	(15)	-	-	(5)	(10)
Abstand 80	(10)	(10)	-	-	(5)	(10)
Tatsächliche Samen	15	40	20	40	20	40

Table 23: Anzahl erforderlicher Netze, um 95% der maximalen effektiven Anzahl an Allelen (A_e) und Anzahl an Genotypen (Ng) zu erreichen

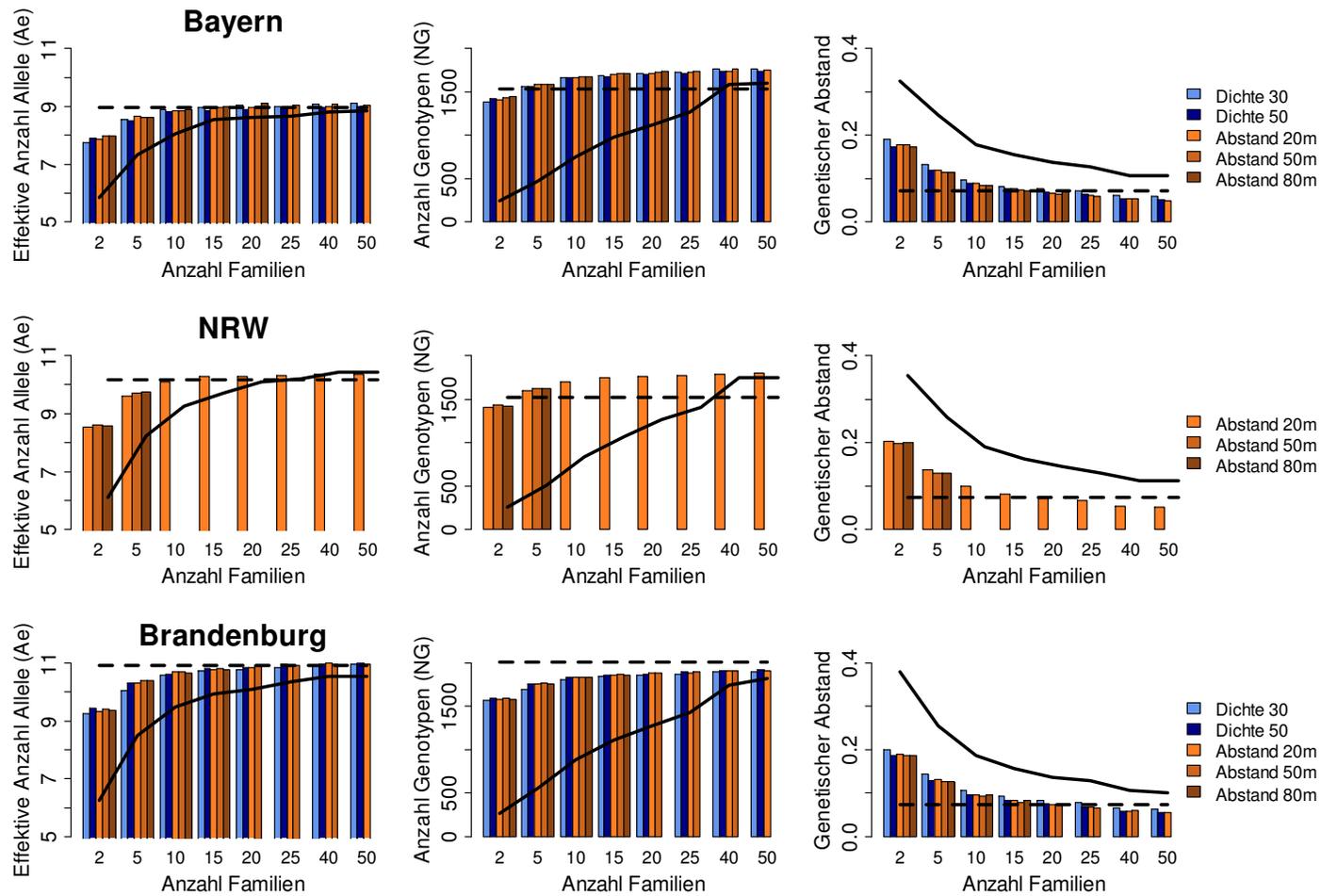


Abbildung 19: Simulationsergebnisse zur Saatguternte bei der Eiche. Die durchgezogene schwarze Linie gibt die Mittelwerte von 10 Permutationen der tatsächlich analysierten Samen wieder. Die gestrichelte Linie gibt die Simulationsergebnisse für die tatsächlich beernteten Netzpositionen wieder

5.2.5 Saatgutqualität

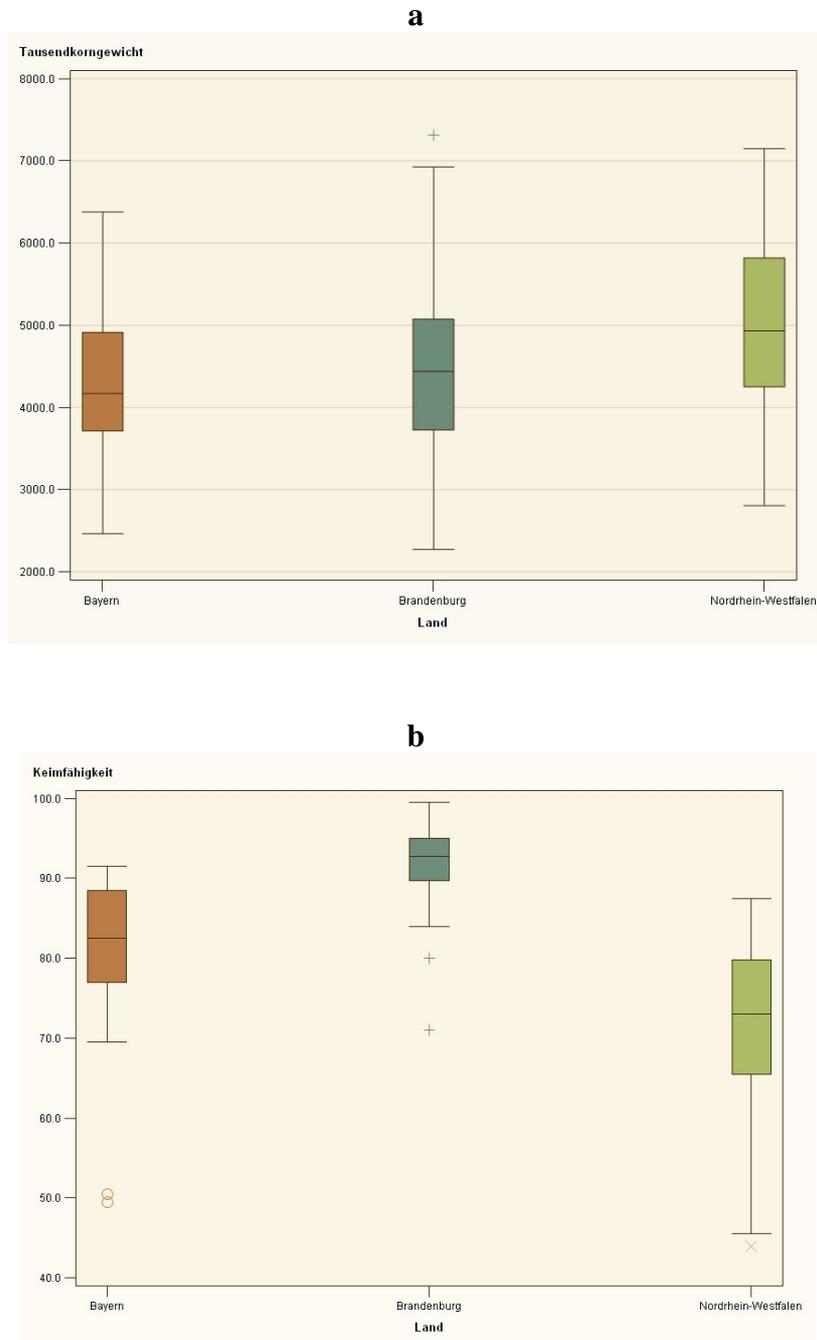


Abbildung 20: Darstellung der Keimfähigkeit (b) und des Tausendkorngewichts [g] (a) für das Saatgut der drei Eichenflächen (Bayern E1, Brandenburg E3, Nordrhein-Westfalen E2).

Für die Samen der drei untersuchten Bestände (Bayern, Brandenburg und Nordrhein-Westfalen) sind die Verteilungen der Werte der Einzelbaumabsaat für Keimfähigkeit und das Tausendkorngewicht in Abbildung 20 dargestellt. Die Keimfähigkeit war beim Saatgut aus Brandenburg (E3) am höchsten. Der Mittelwert lag hier bei 91,6%. Im Bestand E1 lag die Keimfähigkeit bei 80,6% und im Bestand E2 nur bei 71,1%. Die Variation zwischen den Einzelbaumabsaaten war im Bestand Brandenburg am geringsten (71,0% - 99,5%) und im Bestand NRW am größten (44,0%-87,5%). Ausreißer mit extremen Werten kommen in allen drei Beständen vor.

Das Tausendkorngewicht war in allen drei Beständen im Mittel sehr ähnlich, allerdings mit einer großen Variationsbreite zwischen den Einzelbaumabsaaten (zwischen 2,3 und 7,3 kg). Das Tausendkorngewicht im Bestand E1 lag zwischen 2,4 und 6,4 kg, im Bestand E2 zwischen 2,8 und 7,1 kg und im Bestand E3 zwischen 2,3 und 7,3 kg. Der Mittelwert war im Bestand E2 am größten mit 4,9 kg und im Bestand E1 am niedrigsten mit 4,3 kg. Interessant war hier, dass die Werte für den Traubeneichenbestand (E3) zwischen denen der beiden Stieleichenbestände (E1 und E2) liegen.

5.2.6 Baumschulversuch

Bei der Erstbonitur der Stieleichen bayerischer Herkunft (E1) wurden im Jahr 2009 mit Hilfe eines 1m² großen Holzrahmens in der Mitte des jeweiligen Beetes die Pflanzen gezählt und auf die Beetlänge hochgerechnet (Abb. 21). Insgesamt wurden so 13.357 St. Pflanzen ermittelt. Die Spanne des Anwuchsprozentes bezogen auf 600 gesäte Eicheln reichte von 27 % (BAY36) bis 74 % (BAY11). Das mittlere Anwuchsprozent betrug 59 % (Abb. 22). Zusätzlich wurde stichprobenartig die mittlere Höhe pro Partie bestimmt. Die schlecht aufgelaufene Partie BAY36 wies auch die niedrigste mittlere Höhe von 10 cm auf, die größte Höhe mit 22 cm erreichte BAY23, die mittlere Höhe lag bei 15 cm.



BAY2: Anwuchsprozent 73%, 440 St.; H 21 cm

BAY20: Anwuchsprozent 43%, 260 St.; H 11 cm

Abbildung 21: Verschiedene Anwuchsprozente, Stückzahlen und Höhen während der Aufnahme am 22.07.2009

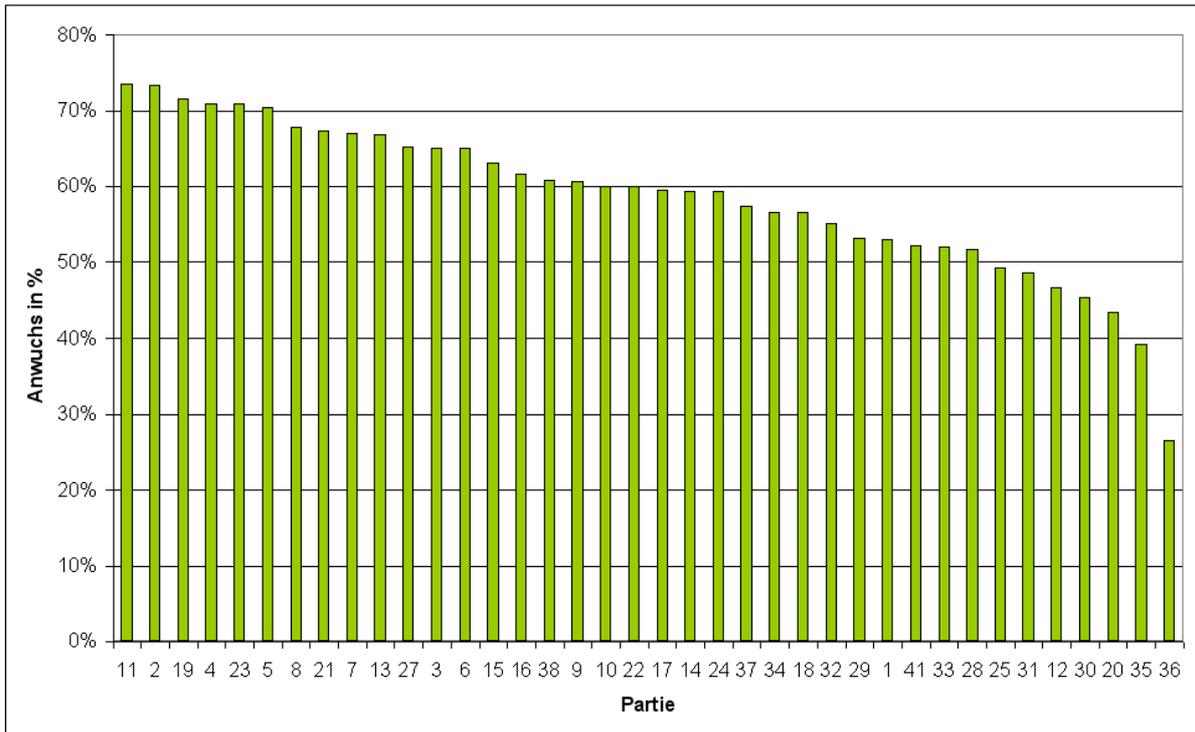


Abbildung 22: Absteigend sortierte Anwuchsprozente der Herkunft Bayern (E1), Stand Juli 2009

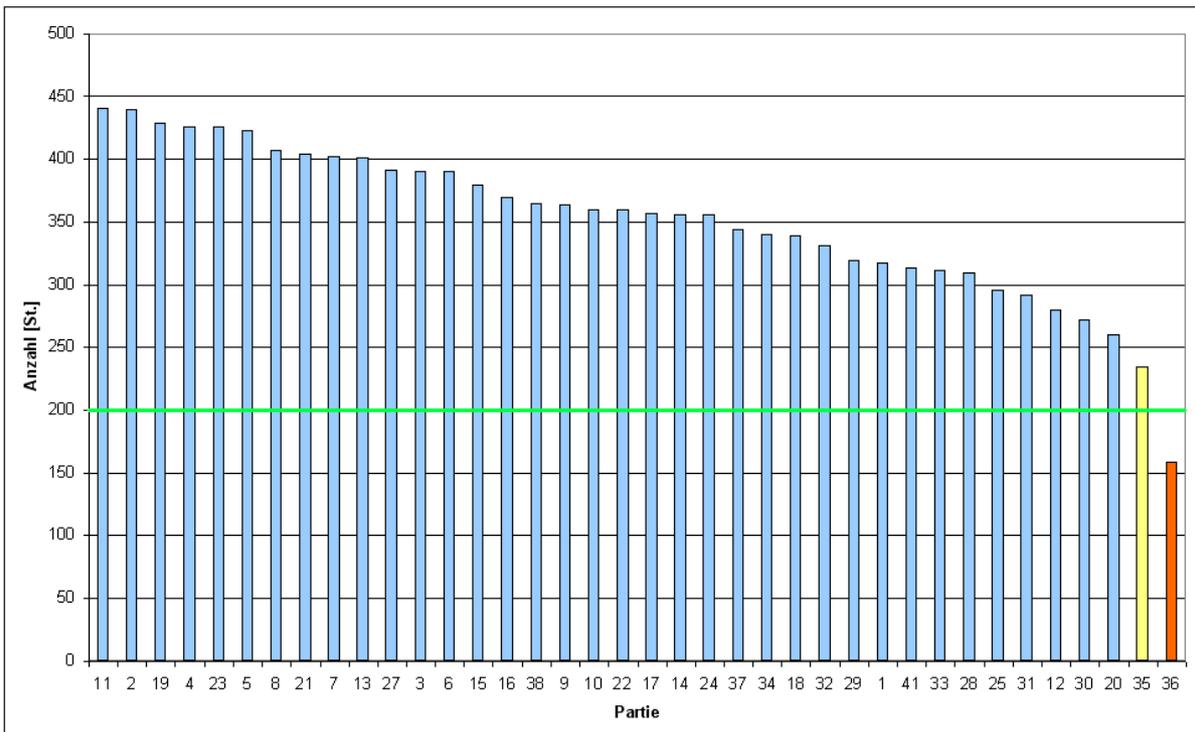


Abbildung 23: Stückzahlen der Herkunft Bayern (E1), Stand Juli 2009

Im Ergebnis lässt sich festhalten, dass bis auf die Partie BAY36 (159 St.) bei allen anderen Absaaten die angestrebte Pflanzenzahl von 200 St. erreicht wurde keine weiteren Ausfälle vorausgesetzt (Abb. 23).

Bei der Erstbonitur der Stieleichen aus NRW bzw. der Traubeneiche aus Brandenburg wurden im Jahr 2010 18.278 St. (NRW) bzw. 13.930 St. (Brandenburg) Pflanzen ermittelt. Die Spanne des Anwuchsprozentes reichte von 15 % (BBG33) bis 97 % (NRW20). Das mittlere Anwuchsprozent betrug für NRW 63 %, für Brandenburg 61 % (Abb. 24). Zusätzlich wurde stichprobenartig die mittlere Höhe pro Partie bestimmt. Erwartungsgemäß hatten die Brandenburger Traubeneichen eine niedrigere mittlere Höhe von 12 cm gegenüber einer mittleren Höhe von 18 cm der Stieleichen aus NRW (Zum Vergleich: Stieleiche aus Bayern 2009 15 cm).

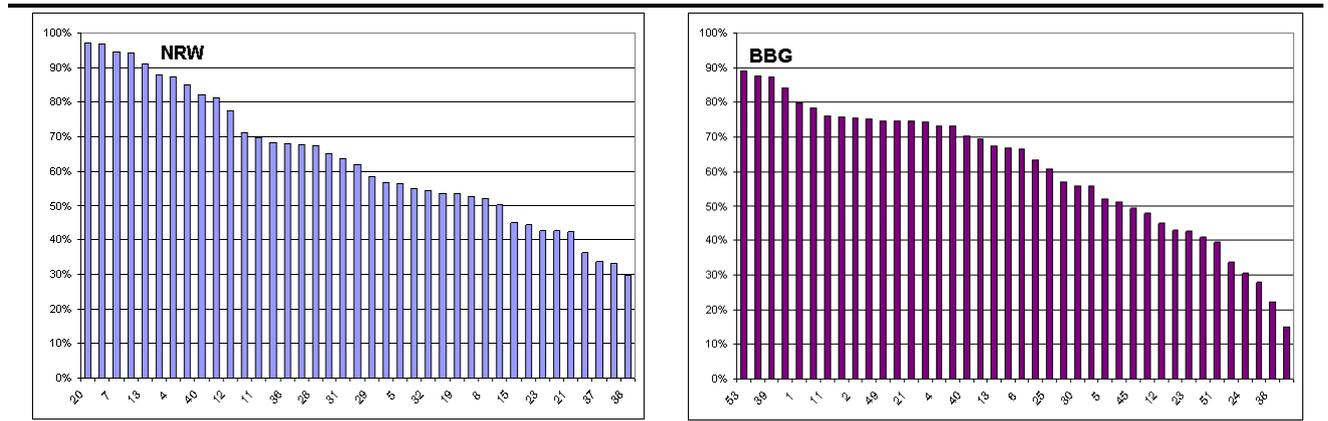


Abbildung 24: Absteigend sortierte Anwuchsprozente der Herkünfte NRW und Brandenburg, Stand Juli 2010

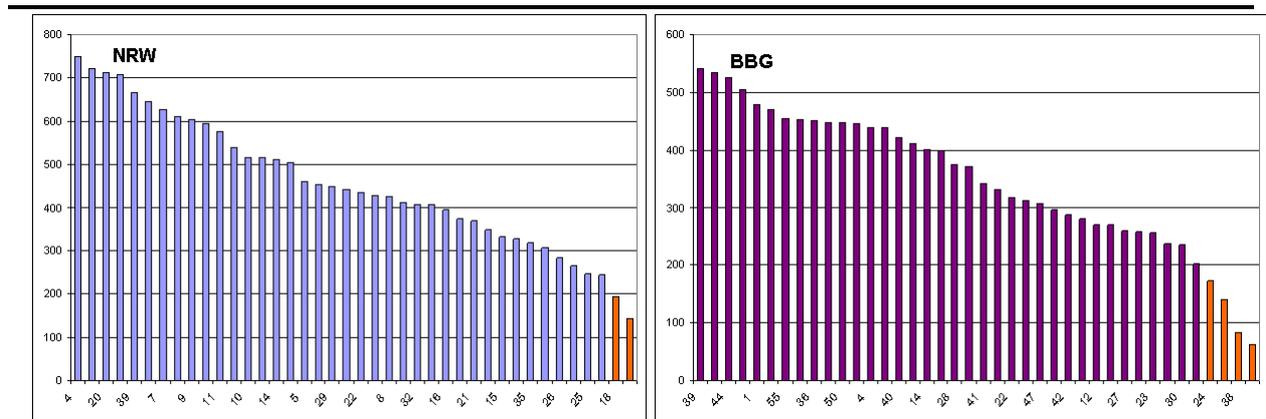


Abbildung 25: Stückzahlen der Herkünfte NRW und Brandenburg, Stand Juli 2010

Im Ergebnis ließ sich festhalten, dass in der Herkunft Bayern drei Familien, in der Herkunft NRW zwei und in der Herkunft Brandenburg vier Familien die angestrebte Pflanzenzahl von 200 St. nicht erreichten (Tabelle 22, Abb. 23, 25).

Herkunft	St. mittel	St. Gesamt	Anwuchs%	Höhe [cm]	Partien >200 St.
Bayern	352	13,357	59%	15	37
Brandenburg	384	13,930	61%	12	36
Nordrhein-Westfalen	457	18,278	63%	18	38
Mittel /Summe	398	45,565	61%	15	

Tabelle 25: Ergebnisse der Auflaufbonituren

Das Anwuchsprozent schwankte um im Mittel 61 %, die drei Herkünfte unterschieden sich nicht gesichert voneinander. Die etwas geringere Höhe der Herkunft E3 aus Brandenburg ist artspezifisch, hier wurde Traubeneiche verwendet. In zwei von drei Beständen gab es eine signifikant positive Korrelation zwischen der Vitalität der Familien in der Saatgutprüfung und den Auflaufprozenten in der Baumschule ($B1= 0.44^{**}$; $B2=-0.044$ ns; $B3=0.44^{**}$).

6 Diskussion und Schlussfolgerungen für die Praxis

Räumlich genetische Strukturen

Sowohl in den drei Kirschenbeständen als auch in den drei Eichenbeständen konnten wir eine positive räumliche genetische Struktur in den ersten Entfernungsklassen nachweisen. Das heißt räumlich benachbarte Bäume waren genetisch ähnlicher als man es per Zufall erwarten würde. Diese genetischen Strukturen waren bei den Kirschen ausgeprägter als bei den Eichen. Ein wesentlicher Grund für die Herausbildung der räumlich genetischen Struktur dürfen für beide Baumarten Paarungen zwischen verwandten Individuen in vorhergehenden Generationen und eine räumlich begrenzte Samenverbreitung sein. So bilden sich im Laufe der Zeit in naturverjüngten Beständen Familienstrukturen heraus. Bei der Kirsche kommt verstärkend noch die ausgeprägte Neigung zur vegetativen Vermehrung durch Wurzelbrut hinzu. Dadurch bilden sich im Laufe der Zeit teilweise sehr große bis zu über 50 m Radius umfassende Klongruppen heraus. Innerhalb einer Klongruppe sind alle Individuen genetisch identisch. Für eine genetisch nachhaltige Saatguternte sind solche räumliche genetische Strukturen und insbesondere Klongruppen kritisch zu sehen. Wird Saatgut von verwandten oder gar genetisch identischen Individuen geerntet, dann ist dieses genetisch weniger variabel, d.h. genetisch eingenger als man es bei Saatgut nicht verwandter Individuen erwarten würde. Durch die Einhaltung von Mindestabständen zwischen Erntebäumen kann dieses Risiko deutlich eingegrenzt werden (siehe weiter unten).

Genetische Unterschiede zwischen Altbäumen, Samen und Sämlingen desselben und verschiedener Bestände

Die genetischen Unterschiede zwischen verschiedenen Beständen waren für alle sechs Bestände deutlich größer als die genetischen Unterschiede verschiedener Entwicklungsstadien (Altbäume, Samen, Sämlinge) desselben Bestandes. Noch größer waren die genetischen Unterschiede auf Artebene zwischen allen Entwicklungsstadien der Stiel- und Traubeneichen. Innerhalb jedes Bestandes waren zudem die genetischen Unterschiede zwischen Samen und hieraus angezogenen Sämlingen sehr gering und die genetischen Abstände zwischen Samen und Sämlingen zu den Altbäumen deutlich größer. Dies zeigt, dass die Weichen für die genetische Struktur im Pflanzgut bei der Ernte gestellt werden und Einflüsse bei der Pflanzenanzucht weitaus geringer sind. Im Vergleich zu den Vorgaben zur Ernte von Saatgut in der Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung (FoVZV) hatten wir mit für 38 bis 40 Einzelbaumnachkommenschaften für die genetischen Untersuchungen deutlich mehr Bäume beerntet als vorgeschrieben (10 Erntebäume bei der Kirsche und 20 Erntebäume bei der Eiche).

Anzahl Samenbäume und genetische Zusammensetzung des Saatgutes

Eine genetisch nachhaltige und damit optimale Saatguternte zeichnet sich dadurch aus, dass es im Saatgut eine hohe genetische Vielfalt (effektive Anzahl Allele, Anzahl Genotypen) gibt und dass es möglichst geringe genetische Unterschiede (genetischer Abstand) zwischen dem Saatgut und den Altbäumen des Erntebestandes gibt. Für beide Baumarten konnte sowohl anhand der real genetisch untersuchten Samen als auch mit den Simulationsstudien gezeigt werden, dass mit zunehmender Anzahl beernteter Samenbäume die genetische Diversität des

Saatgutes steigt und die genetische Ähnlichkeit des Saatguts mit den Altbäumen zunimmt. Hierbei handelt es sich jedoch nicht um lineare Zusammenhänge, sondern um exponentielle Funktionen. Das bedeutet, dass es einen Schwellenwert (Wendepunkt der Funktionen) gibt, ab dem zusätzliche Samenbäume nur noch einen geringen Effekt haben. Bei den Kirschen wurde dieser Schwellenwert bei 25 Saatgutbäumen erreicht, bei den Eichen waren hierfür zwischen 30 und 40 Saatgutbäume erforderlich. Die höheren Werte bei den Eichen erklärten sich aus dem größeren Fremdpolleneintrag.

Räumliche Verteilung der Samenbäume und genetische Zusammensetzung des Saatgutes

Bei den Kirschen insbesondere in dem stark verklonten Bestand in Bayern (K1) führten die Simulationen mit unterschiedlichen Szenarien der räumlichen Verteilung der Erntebäume zu Unterschieden in der genetischen Zusammensetzung des Saatgutes. Bei den Eichen konnten solche Auswirkungen der räumlichen Anordnung der Erntebäume kaum nachgewiesen werden. Die Vaterschaftsanalysen haben sowohl für alle drei Kirschenbestände als auch für die drei Eichenbestände eindeutig überproportional viele Bestäubungen in den ersten Entfernungsklassen ergeben. Je begrenzter die Pollenverbreitung in einem Bestand ist und je ausgeprägter Klon bzw. Familienstrukturen sind, umso kritischer ist die Saatguternte von benachbarten Bäumen. Für die Praxis empfehlen wir daher in kleineren Beständen (<10 ha) einen Mindestabstand von 20 m zwischen den Samenbäumen und in größeren Beständen (>10 ha) einen Mindestabstand von 50 m zwischen Saatgutbäumen. Wenn die Baumkronen stark überlappen, dann müssen die Abstände entsprechend größer gewählt werden.

Pollenverbreitung

Sowohl bei den Kirschen als auch in allen drei Eichenbeständen wurde eine effektive Pollenverbreitung nachgewiesen, bei der benachbarte Bäume überproportional häufig an Bestäubungen beteiligt waren. Der Anteil erfolgreicher Pollen von außerhalb des Bestandes lag bei den Kirschen zwischen 8 % und 25 % und bei den Eichen zwischen 17 % und 42% . Externer Pollen steigert zwar die Diversität im Saatgut, er verringert jedoch auch die genetische Ähnlichkeit zwischen den Altbäumen des Saatgutbestandes und deren Nachkommen.

Qualitätsprüfung Saatgut und Auflaferfolg in der Baumschule

Insgesamt gab es nur eine sehr schwache Korrelation der Ergebnisse der Saatgutprüfung zur Vitalität der Nachkommenschaften und den späteren Auflaufprozenten in der Baumschule. Kein Wert war signifikant bei den Kirschen und bei den Eichen nur zwei von drei. Bei den Kirschen wurde in der Saatgutprüfung die Vitalität des Saatgutes mit dem Tetrazoliumstest ermittelt. Hiermit wird deutlich, dass für die Praxis bessere Methoden zur Vitalitätsabschätzung des Saatgutes entwickelt werden müssen. Wüchsigkeit und Vitalität von Nachkommen der Kirschen, deren Mutterbäume zu Klongruppen gehörten, waren nicht schlechter als Nachkommen von nicht verklonten Eltern. Das SI-System der Kirsche funktioniert offensichtlich sehr gut.

7 Zusammenfassung

Die nachhaltige und multifunktionale Waldentwicklung ist langfristig auf die ökologische Stabilität und damit auf die Erhaltung der Anpassungsfähigkeit der Wälder auf sich vielfältig ändernde Umweltfaktoren ausgerichtet. Eine Grundvoraussetzung hierfür ist die generationenübergreifende Erhaltung der genetischen Vielfalt der Populationen. Das im Mai 2002 verabschiedete Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) verfolgt das Ziel „den Wald mit seinen vielfältigen positiven Wirkungen durch die Bereitstellung von hochwertigem und identitätsgesichertem forstlichen Vermehrungsgut in seiner genetischen Vielfalt zu erhalten und zu verbessern sowie die Forstwirtschaft und ihre Leistungsfähigkeit zu fördern.“

Die Gewinnung von forstlichem Vermehrungsgut laut FoVG erfolgt überwiegend in zugelassenen Erntebeständen der Kategorie „Ausgewählt“. In der Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung (FoVZV) wird die Zulassung dieser Erntebestände geregelt. Zur Vermeidung der Gefahr eines Verlusts an genetischer Vielfalt wird die Zulassung mit der Auflage versehen, dass die Ernte von einer Mindestzahl etwa gleichmäßig über den Erntebestand verteilter Einzelbäume erfolgen muss.“ Insgesamt unterliegen 26 Baumarten dem FoVG. Darunter sind nicht nur bestandesbildende Baumarten sondern auch solche, die in Mischung vorkommen und deren Populationsumfang deutlich geringer ist als bei den Hauptbaumarten. In der Verordnung findet sich eine Tabelle, in der für jede Baumart die Mindestfläche der zugelassenen Bestände, die Mindestzahl der Bäume im Bestand und die Mindestzahl der zu beerntenden Bäume festgelegt wird.

Ziel des Modellvorhabens war es, eine Standardmethode zur Ermittlung der Mindestzahlen zu beerntender Bäume in zugelassenen Erntebeständen für eine genetisch nachhaltige Durchführung der Saatguternte zu entwickeln. Mit Hilfe von genetischen Inventuren sollte an ausgewählten Beispielen untersucht werden, in welchem Umfang die genetische Zusammensetzung und genetische Vielfalt des geernteten Vermehrungsgutes derjenigen des Ausgangsbestandes entspricht und ob bzw. wie sich die genetische Zusammensetzung des gewonnenen Saatgutes in Abhängigkeit von Baumzahl und Baumverteilung ändert.

Das Vorhaben begann im Jahr Januar 2008 und endete im Juni 2012. An der Durchführung des Projekts waren die folgenden fünf Einrichtungen beteiligt:

1. Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (Dr. Monika Konnert, Dr. Barbara Fussi, Dr. Eva Cremer)
2. Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE) (Dr. Ralf Kätzel, Frank Becker)
3. Landesbetrieb Wald und Holz NRW, (Martin Rogge)
4. Universität Hamburg (Dr. Céline Jolivet, Prof. Michael Köhl)
5. vTI, Institut für Forstgenetik (Dr. Bernd Degen, Dr. Céline Jolivet)

Die wissenschaftliche Koordinierung des Vorhabens erfolgt durch das Thünen-Institut für Forstgenetik. Als Modellbaumarten dienten im Vorhaben die Wildkirsche (*Prunus avium*) und die Stiel- und Traubeneiche (*Quercus robur* + *Quercus petraea*). Alle drei Baumarten unterliegen dem FoVG. Die Wildkirsche ist eine eher seltene, insektenbestäubte Baumart, die zumeist als Nebenbaumart in den Beständen zu finden ist. Sie ist eine lichtbedürftige Pionierbaumart mit einer Lebenserwartung von zumeist weniger als 100 Jahren. Ihre Samen werden von Vögeln verbreitet und sie verfügt über ein gametisches Selbstinkompatibilitätssystem, das Selbstbestäubungen verhindert und Paarungen zwischen Verwandten reduziert. Die Eichen sind wichtige Hauptbaumarten mit einem Anteil von 9,6 % (Bundeswaldinventur II) der Waldfläche in Deutschland. Sie haben eine lange

Lebenserwartung mit zumeist deutlich mehr als 100 Jahren. Sie werden vom Wind bestäubt sind monözisch und die Samen werden vom Wind und Vögeln (Eichelhäher) verbreitet. In der Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung (FoVZV) wird für die Kirsche die Ernte von mindestens 10 Mutterbäumen und für die Eiche von mindestens 20 Mutterbäumen in zugelassenen Beständen gefordert.

Im Projekt wurden jeweils ein zugelassener Erntebestand der Kirsche und Eiche in Bayern, NRW und Brandenburg ausgewählt. In den Beständen wurden alle reproduzierenden Bäume bzw. ein Block aller reproduzierenden Bäume (N Kirsche = 455 bis 510, N Eiche = 154 bis 596) im Bereich der 40 Saatgutbäume für genetische Untersuchungen an 8 bis 11 Mikrosatelliten-Genmarkern beprobt. Für die Kirschen wurden zudem die Genotypen am Selbstinkompatibilitätslocus (SI locus) bestimmt. Die räumlichen Positionen der Bäume und ihr Durchmesser wurden ermittelt. Im Jahr 2008 ernteten wir in jedem der drei Kirschenbestände jeweils von ca. 40 Bäumen Saatgut. Bei den Eichen wurden im Jahr 2008 im bayerischen Bestand und im Jahr 2009 in den Beständen in Brandenburg und NRW jeweils unter 40 Bäumen Saatgut geerntet. Das Saatgut der einzelnen Bäume wurde getrennt gehalten. Jeweils ca. 20 Samen je Nachkommenschaft nutzten wir für genetische Untersuchungen an Mikrosatelliten-Genorten. Ein anderer Teil wurde für die Saatgutprüfung nach den Regeln der ISTA verwendet. Der größte Teil diente jedoch der Begründung eines Baumschulversuchs für die Kirsche im Landesbetrieb Wald und Holz NRW und für die Eiche am Landeskompetenzzentrum Forst in Eberswalde. Für jede Einzelbaumnachkommenschaft wurde das Keimprozent, sowie die Entwicklung von Pflanzenhöhe und -durchmesser gemessen. Bei allen Einzelbaumnachkommenschaften mit einem Keimprozent von unter 80% wurden in den Baumschulversuchen erneut Proben für genetische Inventuren gesammelt (jeweils 20 Nachkommen je Familie). Insgesamt wurden im Laufe des Projekts 6593 Kirschen und 5032 Eichen genetisch untersucht.

Sowohl in den drei Kirschenbeständen als auch in den drei Eichenbeständen konnten wir eine positive räumliche genetische Struktur in den ersten Entfernungsklassen nachweisen. Das heißt räumlich benachbarte Bäume waren genetisch ähnlicher als man es per Zufall erwarten würde. Diese genetischen Strukturen waren bei den Kirschen ausgeprägter als bei den Eichen. Ein wesentlicher Grund für die Herausbildung der räumlich genetischen Struktur dürften für beide Baumarten Paarungen zwischen verwandten Individuen in vorhergehenden Generationen und eine räumlich begrenzte Samenverbreitung sein.

Die genetischen Unterschiede zwischen verschiedenen Beständen waren für alle sechs Bestände deutlich größer als die genetischen Unterschiede verschiedener Entwicklungsstadien (Altbäume, Samen, Sämlinge) desselben Bestandes. Auf Artebene waren die genetischen Unterschiede zwischen allen Entwicklungsstadien der Stiel- und Traubeneichen größer als die Unterschiede zwischen den beiden Beständen der Stieleiche. Innerhalb jedes Bestandes waren zudem die genetischen Unterschiede zwischen Samen und hieraus angezogenen Sämlingen sehr gering und die genetischen Abstände zwischen Samen und Sämlingen zu den Altbäumen deutlich größer.

Eine genetisch nachhaltige und damit optimale Saatguternte zeichnet sich dadurch aus, dass es im Saatgut eine hohe genetische Vielfalt (effektive Anzahl Allele, Anzahl Genotypen) gibt und dass es möglichst geringe genetische Unterschiede (genetischer Abstand) zwischen dem Saatgut und den Altbäumen des Erntebestandes gibt. Für beide Baumarten konnte sowohl anhand der real genetisch untersuchten Samen als auch mit den Simulationsstudien gezeigt werden, dass mit zunehmender Anzahl beernteter Samenbäume die genetische Diversität des Saatgutes steigt und die genetische Ähnlichkeit des Saatguts mit den Altbäumen zunimmt. Bei

den Kirschen zeigte sich, dass für eine genetisch nachhaltige Ernte 25 Saatgutbäume ausreichen, bei den Eichen waren wegen des höheren Fremdpolleneintrags hierfür zwischen 30 und 40 Saatgutbäume erforderlich.

Bei den Kirschen führten die Simulationen mit unterschiedlichen Szenarien der räumlichen Verteilung der Erntebäume zu Unterschieden in der genetischen Zusammensetzung des Saatgutes. Bei den Eichen konnten solche Auswirkungen der räumlichen Anordnung der Erntebäume kaum nachgewiesen werden. Aus den Ergebnissen empfehlen wir für die Praxis in kleineren Beständen (<10 ha) einen Mindestabstand von 20 m zwischen Samenbäumen und in größeren Beständen (>10 ha) einen Mindestabstand von 50 m zwischen Saatgutbäumen. Falls die Baumkronen stark überlappen, dann muss dieser Mindestabstand entsprechend erhöht werden.

Sowohl bei den Kirschen als auch in allen drei Eichenbeständen wurde eine effektive Pollenverbreitung nachgewiesen, bei der benachbarte Bäume überproportional häufig an Bestäubungen beteiligt waren. Der Anteil erfolgreicher Pollen von außerhalb des Bestandes lag bei den Kirschen zwischen 8 % und 25 % und bei den Eichen zwischen 17 % und 42 %. Die einzelnen Pollenspenden beteiligten sich sehr ungleich an der Reproduktion. In den Kirschenbeständen waren die jeweils fünf erfolgreichsten Väter an der Bestäubung von 12% bis 26% aller Samen beteiligt. Bei den Eichen wurde geschätzt, dass das Saatgut eines Baumes zwischen 10 bis 33 Pollenspendern abstammt.

Insgesamt gab es nur eine sehr schwache Korrelation der Ergebnisse der Saatgutprüfung zur Vitalität der Nachkommenschaften und den späteren Auflaufprozenten in der Baumschule. Kein Wert war signifikant bei den Kirschen und bei den Eichen zwei von drei. Bei den Kirschen wurde in der Saatgutprüfung die Vitalität des Saatgutes mit dem Tetrazoliumstest ermittelt. Hiermit wird deutlich, dass für die Praxis bessere Methoden zur Vitalitätsabschätzung des Saatgutes entwickelt werden müssen. Wüchsigkeit und Vitalität von Nachkommen der Kirschen, deren Mutterbäume zu Klongruppen gehörten, waren nicht schlechter als Nachkommen von nicht verklonten Eltern. Es zeigten sich in den Baumschulversuchen deutliche Unterschiede zwischen den Beständen, aber auch insbesondere zwischen den einzelnen Nachkommenschaften bei den Auflaufprozenten sowie beim Höhen- und Dickenwachstum.

Das verbleibende Pflanzgut der Kirsche wurde genutzt um vier Versuchsflächen in Brandenburg und eine Fläche in Nordrhein-Westfalen anzulegen. Das Eichenmaterial fand Verwendung in zwei Versuchsflächen in Brandenburg.

8 Summary

Establishment of a standard method for the genetically sustainability of seed harvest in approved seed stands

Bernd Degen, Céline Jolivet, Martin Rogge, Barbara Fussi, Monika Konnert, Eva Cremer, Frank Becker, Ralf Kätzel

Sustainability and multifunctionality of forest management strongly depends on the ecosystem stability and adaptability of forest to changing environments. Therefore, a strategy to maintain genetic diversity over generations is needed. To this end, the law on forest reproductive material (FoVG) was signed in May 2002.

According to the FoVG, the production of forest seed reproductive material occurs in certified stands and must fulfill several criteria. To avoid loss of genetic diversity, harvesting have to be conducted on a minimum of seed-trees distributed all over the stand. For each of the 26 species concerned by the FoVG, tables are published and contain data such as the minimum area of the stand, the minimum number of trees within the stand, and the minimum number of seed-trees.

The aim of this project was to establish a standard method to define the minimum number of seed-trees within a certified stand to allow genetically sustainable harvesting. Genetic inventories were conducted on wild cherry (*Prunus avium*) and sessile/pedunculate oak (*Quercus petraea* + *Quercus robur*) in three certified stands for each species to disentangle the effects of the amount of seed-trees sampled and their distribution within the stand. Wild cherry is a pioneer and rare species, pollinated by insects and self-incompatible. Oaks species are abundant (10-20% of forest area in Germany), long-lived (much more than 100 years), pollinated by wind, self-compatible and the seeds are dispersed by wind and birds. According to the FoVG, the minimum number of seed-trees is 10 for cherry and 20 for oak. For each species, one stand was selected in each of the regions Bavaria, North-Rhine Westphalia (NRW) and Brandenburg. In each stand, all or a plot of mature trees were sampled (N= 455 to 510 for cherry and N=154 to 596 for oak) around the selected 40 seed-trees and genetic analyses were conducted at 8 to 11 microsatellite markers. For cherry, the self-incompatibility locus was also genotyped. Spatial coordinates and diameter at breast height of mature trees were also recorded. Seeds were collected from 40 seeds-trees in 2008 in each cherry stand and in an oak stand Bavaria. Oak stands in NRW and Brandenburg were harvested in 2009. Seeds from each seed-tree were stored separately, but were divided in three seed lots for further analyses. Twenty seeds were used for genetic analyses, a second seed lot was used for quality testing according to ISTA rules and a third lot was planted in a nursery (Landesbetrieb Wald und Holz NRW for cherry and Landeskompetenzzentrum Forst in Eberswalde). Germination success, seedling height and diameter were recorded for each progeny. In progenies exhibiting a germination success lower than 80%, samples were collected to conduct genetic inventories (20 seedlings per progeny). The total number of samples analyzed with genetic markers was 6593 for cherry and 5032 for oak.

A positive spatial genetic structure was observed in all cherry and oak stands. This indicates that neighbor trees exhibit a stronger genetic relatedness than expected by chance. This structure originated from mating among related individuals and restricted seed dispersal in the previous generation. The spatial genetic structure was stronger in cherry than in oak.

Genetic diversity varied more among stands than within stands among life-stages (mature, seed, seedling). Genetic distances among seed and seedlings were low compared to genetic distances among mature trees and seeds/seedlings.

To ensure optimal and sustainable harvesting, genetic diversity (effective number of alleles, number of genotypes) should be high within seeds, and differences (genetic distance) among seeds and mature trees low. For each species, the results on harvested and simulated seeds show that genetic diversity increases with the number of seed-trees harvested, whereas the genetic distance among mature trees and seeds decreases. Genetically sustainable harvesting was reached for cherry with 25 seed-trees and for oak with 30 to 40 seed-trees. The higher values for the oaks is caused by a higher percentage of successful pollen from outside the stands.

Modeling showed that the genetic composition of seeds varied with the spatial distribution of cherry seed-trees. This effect was not observed in oak. According to the results, the minimum distance among seed-trees should be 20 m in small stands (<10 ha) and 50 m in large stands (>10 ha). In case of overlapping of the tree crown these distances should be increased.

In both cherry and oak stands, the proportion of pollen dispersed among neighbor trees was high. The amount of successful pollen from outside the stand was between 8 and 25% in cherry and between 17 and 42% for oak. There were strong differences in contribution to mating among pollen donors. In cherry, the five best fathers contributed to 12-26% of the seed. In Oak, the number of pollen donors per seed-tree was estimated to be between 10 and 33.

There was mostly a very weak correlation among the results of seed quality testing and germination success in the nursery. No significant value could be observed in cherry, while two out of three values were significant in oak. Seed quality was tested in cherry with a tetrazolium test, but the results strongly suggest that better methods to estimate seed vitality need to be established for the practice. Vitality and vigor of seeds collected on seed-trees belonging to a clonal group was not lower than seeds collected from non-clonal trees. In the nursery, there were strong differences among stands and progenies within stands in germination success, and seedling height and diameter.

The remaining cherry material was planted at four stands in Brandenburg and in Schleswig-Holstein. Oak material was planted in two stands in Brandenburg.

The study was financially supported as the MuD project 07/BM009 by the Federal Ministry of Food, Agriculture and Consumer Protection (BMELV), Germany.

9 Literatur

- Clarke, J.B., Tobutt, K.R. (2003): Development and characterization of polymorphic microsatellites from *Prunus avium* 'Napoleon'. *Molecular Ecology Notes* 3: 578-580.
- Degen, B., Gregorius, H.R., Scholz, F. (1996): ECO-GENE, a model for simulation studies on the spatial and temporal dynamics of genetic structures of tree populations. *Silvae Genetica* 45: 323-329.
- Degen, B., Roubilk, D.W. (2004): Effects of animal pollination on pollen dispersal, selfing, and effective population size of tropical trees: A simulation study. *Biotropica* 36: 165-179.
- Dumolin, S., Demesure, B., Petit, R.J. (1995): Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculate oak investigated with an efficient PCR method. *Theoretical and Applied Genetics* 91: 1253-1256.
- El Mousadik, A., Petit, R.J. (1996): High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree *Argania spinosa* (L) Skeels endemic to Morocco. *Theoretical and Applied Genetics* 92: 832-839.
- Goudet, J. (1995): FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity* 86: 485-486.
- Gregorius, H.R., Roberds, J.H. (1986): Measurement of genetic differentiation among subpopulations. *Theoretical and Applied Genetics* 71: 826-834.
- Hardy, O.J., Vekemans, X. (2002): SPAGEDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular Ecology Notes* 2: 618-620.
- Jolivet, C., Degen, B. (2011): Spatial genetic structure in wild cherry (*Prunus avium* L.): II. effect of density and clonal propagation on spatial genetic structure based on simulation studies. *Tree Genetics & Genomes* 7: 541-552.
- Jolivet, C., Holtken, A.M., Liesebach, H., Steiner, W., Degen, B. (2011): Spatial genetic structure in wild cherry (*Prunus avium* L.): I. variation among natural populations of different density. *Tree Genetics & Genomes* 7: 271-283.
- Jolivet, C., Holtken, A.M., Liesebach, H., Steiner, W., Degen, B. (2012a): Mating patterns and pollen dispersal in four contrasting wild cherry populations (*Prunus avium* L.). *European Journal of Forest Research* 131: 1055-1069.
- Jolivet, C., Rogge, M., Degen, B. (2012b): Molecular and quantitative signatures of biparental inbreeding depression in the self-incompatible tree species *Prunus avium*. *Heredity* (in press)
- Jump, A.S., Penuelas, J. (2007): Extensive spatial genetic structure revealed by AFLP but not SSR molecular markers in the wind-pollinated tree, *Fagus sylvatica*. *Molecular Ecology* 16: 925-936.
- Kalinowski, S.T., Taper, M.L., Marshall, T.C. (2007): Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* 16: 1099-1106.
- Kampfer, S., Lexer, C., Glössl, J., Steinkellner, H. (1998): Characterization of (GA)_n microsatellite loci from *Quercus robur*. *Hereditas* 129: 183-186.
- Lexer, C., Heinze, B., Steinkellner, H., Kampfer, S., Ziegenhagen, B., Glössl, J. (1999): Microsatellite analysis of maternal half-sib families of *Quercus robur*, pedunculate oak: detection of seed contaminations and inference of the seed parents from the offspring. *Theoretical and Applied Genetics* 99: 185-191.
- Loiselle, B.A., Sork, V.L., Nason, J., Graham, C. (1995): Spatial genetic-structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). *American Journal of Botany* 82: 1420-1425.

- Magri, D., Vendramin, G.G., Comps, B., Dupanloup, I., Geburek, T., Gomory, D., Latalowa, M., Litt, T., Paule, L., Roure, J.M., Tantau, I., van der Knaap, W.O., Petit, R.J., de Beaulieu, J.L. (2006): A new scenario for the Quaternary history of European beech populations: palaeobotanical evidence and genetic consequences. *New Phytologist* 171: 199-221.
- Marshall, T.C., Slate, J., et al. (1998): Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology* 7 (5): 639-655.
- Nielsen, R., Tarpay, D.R., et al. (2003): Estimating effective paternity number in social insects and the effective number of alleles in a population. *Molecular Ecology* 12 (11): 3157-3164.
- Ritland, K. (2002): Extensions of models for the estimation of mating systems using an independent loci. *Heredity* 88: 221-228.
- Scalfi, M., Troglio, M., Piovani, P., Leonardi, S., Magnaschi, G., Vendramin, G.G., Menozzi, P. (2004): A RAPD, AFLP and SSR linkage map, and QTL analysis in european beech (*Fagus sylvatica* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 108: 433-441.
- Schueler, S., Tusch, A., Scholz, F. (2006): Comparative analysis of the within-population genetic structure in wild cherry (*Prunus avium* L.) at the self-incompatibility locus and nuclear microsatellites. *Molecular Ecology* 15: 3231-3243.
- Schueler, S., Tusch, A., Schuster, M., Ziegenhagen, B. (2003): Characterization of microsatellites in wild and sweet cherry (*Prunus avium* L.) - markers for individual identification and reproductive processes. *Genome* 46: 95-102.
- Sonneveld, T., Tobutt, K.R., et al. (2003): Allele-specific PCR detection of sweet cherry self-incompatibility (S) alleles S1 to S16 using consensus and allele-specific primers. *Theoretical and Applied Genetics* 107 (6): 1059-1070.
- Steinkellner, H., Fluch, S., et al. (1997): Identification and characterization of (GA/CT)(n)-microsatellite loci from *Quercus petraea*. *Plant Molecular Biology* 33 (6): 1093-1096.
- Vaughan, S.P., Boskovic, R.I., et al. (2008): Characterisation of novel S-alleles from cherry (*Prunus avium* L.). *Tree Genetics & Genomes* 4 (3): 531-541.
- Vaughan, S.P., Russell, K. (2004): Characterization of novel microsatellites and development of multiplex PCR for large-scale population studies in wild cherry, *Prunus avium*. *Molecular Ecology Notes* 4: 429-431.
- Vettori, C., Vendramin, G.G., Anzidei, M., Pastorelli, R., Paffetti, D., Giannini, R. (2004): Geographic distribution of chloroplast variation in Italian populations of beech (*Fagus sylvatica* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 109: 1-9.