



Landesbetrieb Wald und Holz  
Nordrhein-Westfalen



**Abschlussbericht zum Modell- und Demonstrationsvorhaben „Etablierung einer Standardmethode zur Untersuchung genetischer und spezifischer adaptiver Differenzierung von Herkünften am Beispiel der Straucharten *Prunus spinosa* und *Corylus avellana*“**

Gefördert durch:



Bundesministerium  
für Ernährung  
und Landwirtschaft



Bundesanstalt für  
Landwirtschaft und Ernährung

aufgrund eines Beschlusses  
des Deutschen Bundestages

Verantwortlich für den Inhalt des Abschlussberichts **(514-06.01-07BM029)**

ISOGEN

An der Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung  
der Georg-August-Universität Göttingen

Dr. Bernhard Hosius und Dr. Ludger Leinemann  
Büsgenweg 2  
37077 Göttingen

Landesbetrieb Forst Brandenburg  
Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde

FB Waldentwicklung Monitoring

Prof. Dr. habil. Ralf Kätzel  
Alfred-Möller-Str. 1  
16225 Eberswalde

Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz  
Abt. Genressourcen und Forstpflanzenzüchtung

Patrick Lemmen  
Schloss  
67705 Trippstadt

ThüringenForst  
Forstliches Forschungs- und Kompetenzzentrum

Wolfgang Arenhövel  
Jägerstr. 1  
99687 Gotha

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt  
Abt. C – Waldgenressourcen

Dr. Alwin Janssen  
Prof.-Oelker-Str. 6  
34346 Hann. Münden

Landesbetrieb Wald und Holz NRW  
Lehr- und Versuchsforstamt Arnsberger Wald  
Schwerpunktaufgabe Waldbau und Forstvermehrungsgut

Martin Rogge  
Obereimer 2a  
59821 Arnsberg

Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht

Dr. Monika Konnert  
Forstamtsplatz 1  
83317 Teisendorf

Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung  
der Georg-August-Universität Göttingen

Prof. Dr. Reiner Finkeldey  
Büsgenweg 2  
37077 Göttingen

## INHALT

1. Einleitung.....	6
1.1. Aktuelle Situation .....	6
1.2. Stand der Forschung.....	6
1.3. Projektziele und -struktur .....	8
2. Material .....	11
2.1. Lage der Strauchvorkommen .....	11
2.2. Material für Genmarkeranalysen .....	12
2.3. Material für Klonarchive - Beprobung von Steckreisern .....	15
2.3.1. Blattprobenahmen für Biomarker .....	16
2.3.2. Anlage der Klonarchive .....	16
3. Methoden.....	23
3.1. Anzucht der Pflanzen.....	23
3.2. Genetik.....	24
3.2.1. Hasel.....	24
3.2.2. Schlehe .....	25
3.3. Aufnahmen von Wachstum und Phänologie.....	27
3.4. Biomarkeranalysen .....	29
4. Ergebnisse.....	34
4.1. Ergebnisse Hasel .....	34
4.1.1. Genetische Analysen.....	34
Zusammenfassung der genetischen Analysen für die Hasel .....	40
4.1.2. Anwuchserfolg im Klonarchiv .....	41
4.1.3. Wachstum und Phänologie .....	44
Phänologie des Blattaustriebs .....	48
4.1.4. Biomarkeranalysen .....	57
Zusammenfassende Betrachtung der physiologischen Merkmale der Herkünfte.....	80
4.2. Ergebnisse Schlehe .....	83
4.2.1. Genetische Analysen.....	83

4.2.2. Anwuchserfolg im Klonarchiv .....	90
4.1.3. Wachstum und Phänologie .....	93
4.2.4. Biomarkeranalysen .....	109
Zusammenfassende Betrachtung der physiologischen Merkmale der Herkünfte.....	124
5. Diskussion und Zusammenfassung .....	128
Hasel .....	132
Schlehe.....	133
6. Übertragbarkeit der Ergebnisse auf andere Arten.....	135
7. Methodenleitfaden .....	136
8. Schlussfolgerungen für die Praxis .....	140
Hasel: .....	140
Schlehe:.....	140
9. Kurzfassung der Ergebnisse.....	141
Kurzfassung .....	141
Summary .....	141
10. Literatur .....	143
Anhang.....	147

# 1. EINLEITUNG

## 1.1. AKTUELLE SITUATION

Mit der Novellierung des Bundesnaturschutzgesetzes (BNatSchG) hat der Gesetzgeber Rechtsgrundlagen geschaffen, die eine Verwendung einheimischer Gehölze aus regionaler Herkunft fördern und ab 2020 verbindlich regeln (Barsch et al. 2012). Im Hinblick auf den Schutz der biologischen und damit der genetischen Vielfalt als wesentlicher Komponente der innerartlichen Variation wird damit eine geografisch unbegrenzte Erzeugung und Vermarktung von Strauchgehölzen unterbunden. Auf solche Weise steigen spätestens ab dem Jahr 2020 die Anforderungen für die Produzenten von Strauchgehölzen bei der Gewinnung, Erzeugung und Vermarktung gebietsheimischer Ware (Leinemann et al. 2010 b). Operationale Handlungsgrundlage der Gesetzesnovelle bilden sechs Vorkommensgebiete, die im Wesentlichen auf einem Vorschlag von Schmidt und Krause (1997) basieren und letztlich in einem politischen Entscheidungsprozess festgelegt wurden. Vor dem Hintergrund der zusätzlichen Anforderungen an die Produzenten von Landschaftsgehölzen ist die Forderung nachvollziehbar, dass die Festlegungen von Vorkommensgebieten durch wissenschaftliche Ergebnisse gestützt werden müssen (Seitz et al. 2007). Entsprechende Untersuchungen, die sich explizit mit der Messung genetischer Variation innerhalb und zwischen Vorkommen befassen, sind aber angesichts der Vielzahl betroffener Arten immer noch selten. Noch seltener wurden sie in einer Größenordnung durchgeführt, die für einen belastbaren Beitrag zur Diskussion erforderlich ist.

Aus diesem Grund wurde vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL vormals BMELV) das vorliegende Projekt gefördert, das sich modellhaft mit der Entwicklung von Verfahren und Methoden befasst, mit denen sich entsprechende Erkenntnisse gewinnen lassen (Leinemann et al. 2010 b).

## 1.2. STAND DER FORSCHUNG

Für Baum- und Strauchpflanzungen in Siedlungsbereichen und in der freien Landschaft werden jährlich über 150 Millionen Gehölze in deutschen Baumschulen produziert. Tatsächlich dürften noch erheblich mehr Gehölze ausgebracht werden, da Sträucher und Bäume in wesentlichem Umfang auch aus anderen Ländern importiert werden. Über Art und Umfang von Gehölzpflanzungen wurde in Deutschland in den letzten Jahren eine heftige Debatte im Hinblick auf die Produktion, die Vermarktung und die Verwendung von Gehölzen geführt (vgl. hierzu Anonymus 2004). Im Kern geht es dabei um die Frage, wie zwei Ziele miteinander verbunden werden können: Die Vermeidung von Risiken für Natur und Landschaft, die mit der Verwendung gebietsfremder Gehölze verbunden sein können, und

die Sicherung einer ökonomisch tragfähigen Produktion von Gehölzen (Kowarik und Seitz 2003, Maurer 2003, Leinemann et al. 2014).

Trotz bekannter Risiken stammt das für die künstliche Anlage von Hecken, Straßen- und Bahnbegleitgrün in der offenen Landschaft sowie für Waldränder verwendete Pflanzmaterial zu 50–80 % aus sogenannten „Billiglohnländern“ (Spethmann 1995, 2003). Diese auch heute noch gängige Praxis führt dazu, dass der Mensch als Migrationsfaktor mögliche Anpassungsvorgänge heimischer Vorkommen überprägt. Der Effekt wird verstärkt, indem aus eingeführtem Material etablierte Vorkommen ihrerseits an der Reproduktion teilnehmen und damit Einfluss auf den Genpool bisher weitgehend unbeeinflusster Vorkommen nehmen. Die Identifizierung autochthoner oder gebietseigener Vorkommen wird damit deutlich komplizierter, wie auch die Saatgutversorgung mit entsprechend der Naturschutzgesetzgebung zulässigem Material erschwert wird. Andererseits wird eine „genetische Gefährdung“ durch Fremdherkünfte zwar vermutet, ist aber in nur wenigen Fällen durch genetische Studien oder erste Vergleichsanbauten belegt. Nach Kätzel und Hinrichs (2005) offenbaren aktuelle Studien über die Anpassungsfähigkeit unterschiedlicher Herkünfte einheimischer Straucharten eine Reihe von Risiken bei der Verwendung von Saatgut aus anderen Klimaregionen (Höppener-Fidus und Priebe 1994, Marzini 1997, Rumpf 2003). Dabei zeigten vor allem Herkünfte aus weit entfernten Gebieten geringere Anwuchserfolge.

Von zentraler Bedeutung in der Debatte sind die Begriffe „autochthon“ und „gebietseigen“ (z. B. Hiller & Hacker 2001). Im Gegensatz zum Begriff „Autochthonie“ verzichtet der Terminus „gebietseigen“ auf das Kriterium der Entstehung eines Vorkommens am Ort, sondern „erlaubt“ eine Einwanderung ohne Zutun des Menschen (Kowarik und Seitz 2003). Erhebliche Bedeutung für die Produktion von Straucharten haben diese Begriffe bereits aufgrund des §41 BNatSchG, nach dem das Ausbringen gebietsfremden Materials genehmigungspflichtig ist. Von besonderem Gewicht ist dabei die Annahme einer größeren Anpassungsfähigkeit lokaler Vorkommen. Wie der Terminus „autochthon“ impliziert der Begriff „gebietseigen“ genetische Prozesse in und Eigenschaften von Populationen, die immer wieder als Argumente für oder gegen die Ausweisung von Herkunftsgebieten bei Straucharten gebraucht wurden.

Mit der Novelle des BNatSchG im Jahr 2009 ist nach § 40, Abs. 4, ab 2020 eine flächendeckende Verwendung gebietsheimischen Saatgutes und gebietsheimischer Gehölze in Deutschland obligatorisch. Die Grundlage für die Durchführung des Gesetzes sind sechs Vorkommensgebiete (Barsch et al. 2012). Damit sind wesentliche Rahmenbedingungen für die Erzeugung von gebietsheimischen Gehölzen gegeben, die im Detail durch Vorschriften der Länder spezifiziert werden können.

Vor diesem Hintergrund können die vorliegenden Ergebnisse aus dem Modell- und Demonstrationsvorhaben „Etablierung einer Standardmethode zur Untersuchung genetischer und spezifischer adaptiver Differenzierung von Herkünften am Beispiel der Straucharten *Prunus spinosa* und *Corylus avellana*“ eine beispielhafte Grundlage für mögliche artenspezifische Regelungen innerhalb des gesetzlichen Rahmens sein. Als Modellarten wurden *Prunus spinosa* L. und *Corylus avellana* L. gewählt. Beide Arten zählen nach Spethmann (1995) zu den Massenstraucharten mit einer entsprechenden ökonomischen Bedeutung.

Auch ökologisch können beide Arten als Schlüsselarten unter den Strauchgehölzen bezeichnet werden: So bietet die Schlehe 18 Säugetierarten und 20 Vogelarten Nahrung. Außerdem sind 137 Insektenarten, darunter 73 Kleinschmetterlinge und 13 Wanzenarten, auf die Schlehe spezialisiert. Durch den dichten Wuchs, die Bedornung und ihre Häufigkeit ist die Schlehe eines unserer wichtigsten Vogelschutzgehölze. Die Haselnuss ernährt 33 Säugetierarten, 10 Vogelarten, sowie 112 Insektenarten, darunter 48 Käfer, 28 Wanzen und 26 Kleinschmetterlinge. Sie ist eine der wichtigsten Nahrungspflanzen für Tiere (Wünsche 2004). Während die Schlehe entomogam ist, handelt es sich bei der Haselnuss um eine anemogame Art. Grundsätzlich kann der Bestäubungsmodus Auswirkungen auf Art und Ausmaß der Verbreitung genetischer Information und die Entwicklung entsprechender geografischer / genetischer Differenzierungsmuster haben. Wie bei anderen Pflanzenarten auch ist die Verbreitung von Schlehe und Hasel in Europa wesentlich durch die nacheiszeitliche Rückwanderungsgeschichte und durch menschliche Einflussnahme geprägt. Die Hasel ist diploid und die Schlehe tetraploid. Beide Arten wurden schon in der Steinzeit vom Menschen genutzt. Von einem spürbaren Einfluss auf die Verbreitung von Saat- und Pflanzgut durch Kultivierung dürfte bei der Hasel seit den Römern und bei der Schlehe seit dem Mittelalter ausgegangen werden (s.a. Leinemann et al. 2013, 2014). Die Verbreitung der Samen erfolgt durch Tiere. Bei der Schlehe sind dies insbesondere Vögel, während bei der Hasel auch Kleinsäuger eine wesentliche Rolle spielen. Sowohl Hasel als auch Schlehe sind in der Lage, sich vegetativ zu vermehren. Allerdings ist diese Fähigkeit bei der Schlehe besonders stark ausgeprägt. Dies zeigten Untersuchungen von Leinemann et al. 2010 a, die durch die Analysen in der vorliegenden Arbeit weitgehend untermauert werden. Das Vorherrschen vegetativer oder geschlechtlicher Reproduktion kann deutliche Auswirkungen auf die genotypische Variation innerhalb von und zwischen Vorkommen haben. Auch diesbezüglich repräsentieren die gewählten Modellarten unterschiedliche Strategien der Ausbreitung. Beide Arten stellen somit Modellarten für vergleichbare Pflanzengruppen dar.

### 1.3. PROJEKTZIELE UND -STRUKTUR

Wesentliches Ziel des Projektes war es, dass die innerartliche Vielfalt der Arten *Prunus spinosa* und *Corylus avellana* im Hinblick auf ihre lokale Angepasstheit und ihr allgemeines

Anpassungspotential bewertet werden. Während für die Mehrheit der Waldbaumarten bereits flächendeckende Untersuchungen etwa zur genetischen Variation innerhalb von Arten, zur genetischen Differenzierung zwischen Vorkommen oder zur Bedeutung einzelner Evolutionsfaktoren wie etwa des Genfluss- und Paarungssystems von Waldbaumarten durchgeführt wurden, sind Untersuchungen auf der Grundlage genetischer Marker im Bereich der Strauchgehölze eher spärlich (Leinemann et al. 2002, Rumpf 2002, Schmidt 2003, Kleinschmit et al. 2008) und konnten bislang nur Teilaspekte der oben dargestellten Fragestellungen bzgl. der Höhe und Verteilung der genetischen Variation beleuchten. Überregionale Untersuchungen zu einzelnen Straucharten, die sowohl bezüglich der Stichprobenahme als auch der gewählten Methoden auf dem aktuellen wissenschaftlichen Stand sind, wurden bisher nicht durchgeführt.

Die Bedeutung des Vorhabens liegt in der innovativen Kombination von genetischen und physiologischen Markern. Zentral sind dabei Untersuchungen in Klonarchiven, die in unterschiedlichen Umwelten angelegt werden. Die Klonarchive stellen die Basis für phänologische Untersuchungen zum Austriebs- und Blühverhalten, für physiologische Untersuchungen zur differenzierten Anpassungsfähigkeit und für quantitativ-genetische Untersuchungen sowie zur Gewinnung von Ausgangsmaterial zur Anlage von Samenplantagen und anderen Ex-situ-Versuchsanlagen dar.

Ziel des Vorhabens ist die Erfassung der potenziellen Anpassungsfähigkeit ausgewählter Straucharten sowie der aktuellen Angepasstheit der betreffenden Individuen und Populationen. Die Kombination biochemischer und molekularer Genmarker mit anpassungsrelevanten Biomarkern zielt auf Erkenntnisse sowohl zur geografisch - genetischen Abgrenzung der untersuchten Straucharten als auch zu deren Toleranz gegenüber Frost- oder Trockenstress. Darüber hinaus werden Marker und Methoden bereitgestellt, die modellhaft für weitere Gehölzarten bei ähnlichen Fragestellungen genutzt werden können.

*Das Projekt hatte folgende Ziele:*

1. Die Quantifizierung genetischer und physiologischer Unterschiede zwischen Vorkommen der beiden Straucharten innerhalb Deutschlands und im Vergleich zu süd- und südosteuropäischen Herkünften mit physiologischen und molekulargenetischen Markern.
2. Die Anlage von Klonarchiven für beide Straucharten in den klimatisch unterschiedlichen Bundesländern Brandenburg, Thüringen und Rheinland-Pfalz.
3. Die Bereitstellung von Markern und Methoden, die für weitere Gehölzarten bei ähnlichen Fragestellungen genutzt werden können.

Folgende Arbeitshypothese nebst Teilhypothesen wurde formuliert:

- Evolutionäre Prozesse einschließlich anthropogen bedingter Einflussfaktoren führen in ihrer Summe nicht zu einer genetischen Differenzierung von Hasel- und Schlehenvorkommen in der Bundesrepublik Deutschland.
- Gebietseigene Vorkommen in Deutschland zeigen keine signifikanten Unterschiede zu genetischen Strukturen südosteuropäischer Vorkommen.
- Gebietseigene Vorkommen in Deutschland sind genetisch nicht signifikant verschieden.
- Es besteht kein Zusammenhang zwischen geografischer Distanz und genetischer Struktur: Deutsche Vorkommen – Südeuropa, innerhalb Deutschlands.
- Nicht zufällige (adaptive) Prozesse spiegeln sich nicht in Klünen genetischer Variation wider.

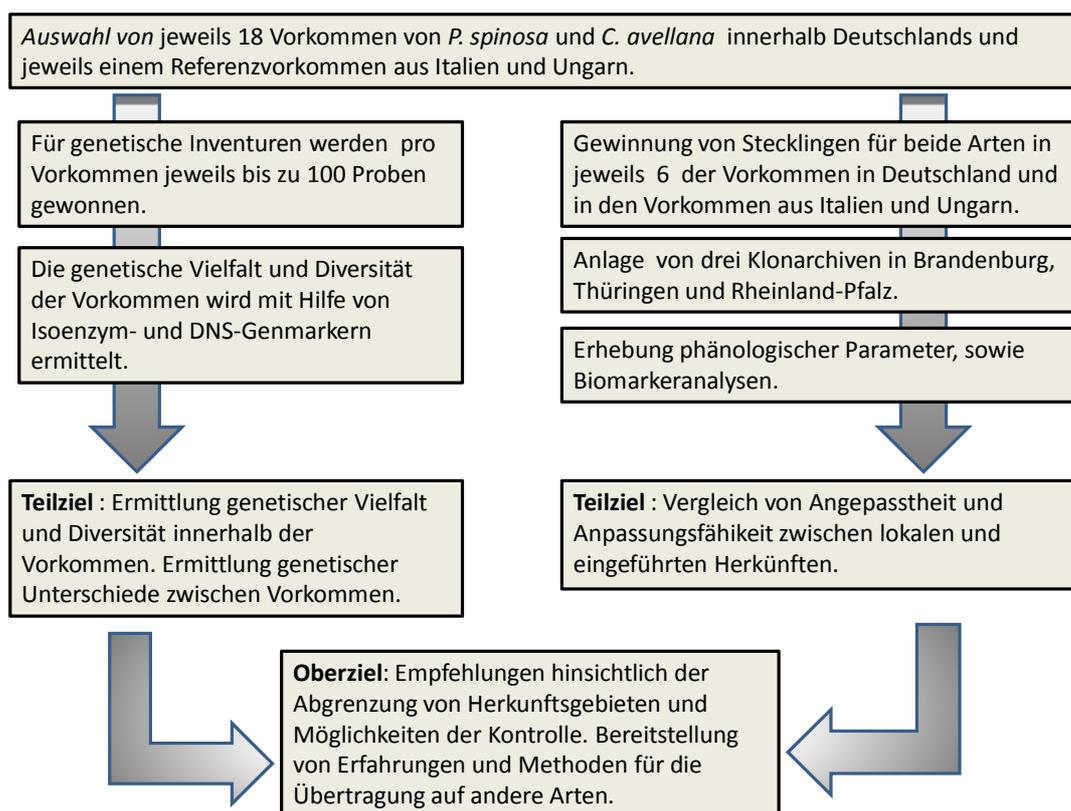


Abbildung 1: Das Projektdesign im Überblick (Leinemann L., Arenhövel W., Finkeldey R., Haase B., Kätzel R., Konnert M., Rogge M. und W. Steiner. 2010b. Hrsg.: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung. Tagungsband zu den Informationstagen Biologische Vielfalt in Bonn am 21. und 22. April 2010. S. 100- 108).

## 2. MATERIAL

### 2.1. LAGE DER STRAUCHVORKOMMEN

In Abbildung 2.1 ist die Lage der Hasel- und Schlehenvorkommen dargestellt. Kriterien für die Auswahl von Vorkommen waren deren Naturnähe (Etablierung ohne Zutun des Menschen), das Alter (das in der Regel über dem aktuellen biologischen Alter der Individuen eines Vorkommens liegt) und die Vitalität der Vorkommen. Ausschlusskriterium war eine offensichtliche Nähe zu gepflanzten Vorkommen der jeweiligen Art. Einzelne Vorkommen wurden zurückgeschnitten, um den Austrieb einer ausreichenden Anzahl von vitalen Steckreisern sicherzustellen (s. Abbildung 2.2 a).

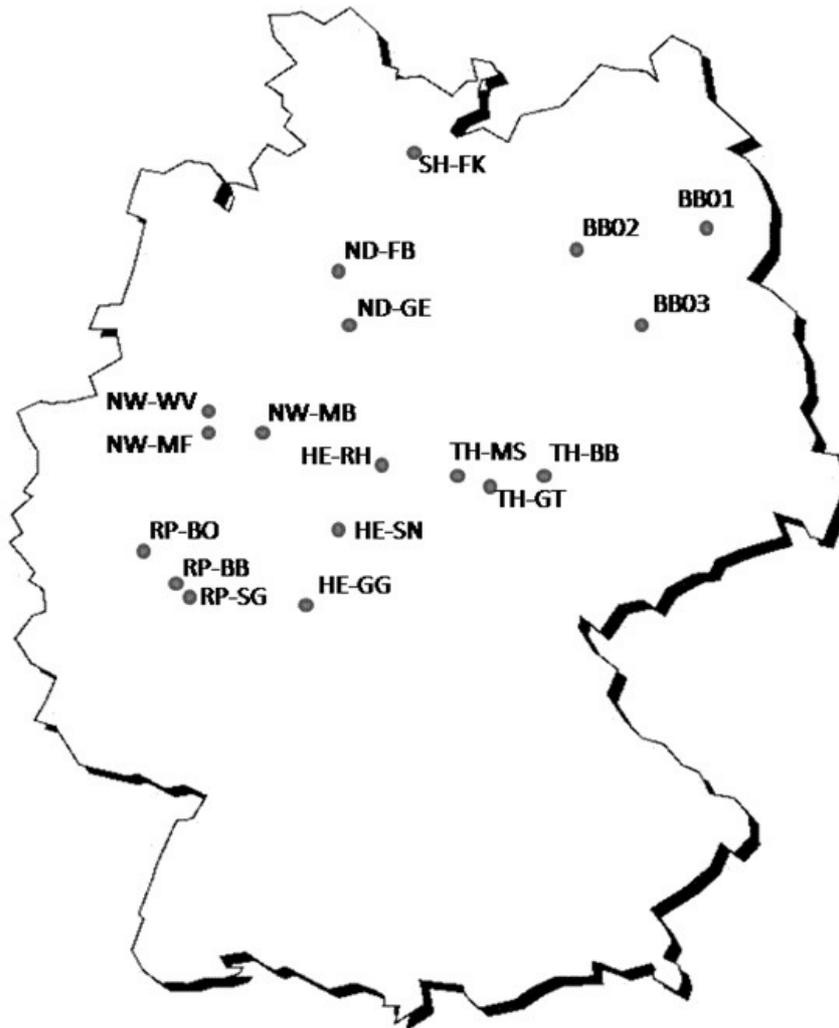


Abbildung 2.1: Lage der Haselvorkommen in Deutschland (verändert nach Leinemann et al. 2013).



*Abbildung 2.2 a und b: Schlehenvorkommen in Ungarn, Region Bakony.*

## 2.2. MATERIAL FÜR GENMARKERANALYSEN

Insgesamt wurden 19 Vorkommen der Schlehe und 20 Vorkommen der Hasel beprobt. Die Vorkommen repräsentieren wesentliche Klimaregionen des Gesamtvorkommens auf dem Gebiet der Bundesrepublik Deutschland.

Da es sich bei Strauchvorkommen oft um lineare Strukturen handelt, in denen Einzelindividuen nur schwer identifiziert werden können, wurde die Beprobung schematisch in für jedes Vorkommen festgelegten Abständen durchgeführt. Die Größe der Abstände zwischen den einzelnen Probepunkten richtet sich dabei nach der Größe der Vorkommen. Diese Vorgehensweise hatte sich bereits in anderen Untersuchungen bewährt (s. Leinemann et al. 2002). Die Anzahl der beprobten Individuen pro Vorkommen lag im Normalfall bei 50 bis 100. In Einzelfällen wurden auch kleinere Vorkommen berücksichtigt. Die Bezeichnung der Vorkommen, deren geografische Lage und die realisierten Stichproben sind in den Tabellen 2.1 und 2.2 aufgeführt.

*Tabelle 2.1: Beprobte Haselvorkommen, verwendete Abkürzungen, der jeweilige Stichprobenumfang und Koordinaten (nach Leinemann et al. 2013).*

Bundesland	Abkürzung	Stichprobenumfang:			Geogr. Breite	Geogr. Länge
		Isoenz.	AFLPs	cpDNS		
Nordrhein-Westfalen	NW-MB	98	46	20	51° 43' 76''	8° 86' 87''
	NW-MF	100	47	20	51° 46' 22''	7° 99' 27''
	NW-WV	90	48	20	51° 61' 60''	7° 99' 40''
Thüringen	TH-GT	100	47	20	50° 84' 83''	10° 66' 85''
	TH-BB	100	48	20	50° 92' 49''	11° 29' 25''
	TH-MS	100	46	20	50° 88' 52''	10° 35' 48''
Hessen	HE-RH	99	48	20	50° 96' 69''	9° 86' 34''
	HE-SN	100	48	20	50° 48' 12''	9° 14' 07''
	HE-GG	-	48	20	49° 82' 65''	8° 39' 13''
Niedersachsen	ND-GE	100	48	20	52° 05' 25''	9° 72' 77''
	ND-FB	100	48	20	52° 39' 08''	9° 52' 92''
Schleswig-Holstein	SH-FK	100	47	20	53° 94' 85''	10° 53' 72''
	BB-01	100	47	20	53° 23' 60''	13° 75' 88''
	BB-02	80	47	20	53° 13' 93''	11° 99' 20''
	BB-03	80	45	20	52° 63' 53''	12° 96' 89''
Rheinland-Pfalz	RP-SG	57	48	20	50° 16' 55''	7° 69' 18''
	RP-BB	100	48	20	50° 22' 05''	7° 46' 02''
	RP-BO	57	48	20	50° 28' 97''	7° 00' 00''
Italien	ITA	100	48	20	45° 72' 38''	10° 87' 62''
Ungarn	UNG	100	48	20	47° 33' 44''	17° 65' 31''

*Tabelle 2.2: Beprobte Schlehenvorkommen geordnet nach Bundesländern, verwendete Abkürzungen, Stichprobenumfang, geogr. Länge und Breite.*

Bundesland	Abkürzungen	Stichprobengröße		Geogr. Breite	Geogr. Länge
		AFLPs	cpDNA-RFLPs		
Nordrhein-Westfalen	NW-BK	20	18	51°31'59"	8°07'20"
	NW-HX	32	18	51°37'00"	8°23'54"
	NW-EW	41	20	51°48'50"	9°22'07"
Thüringen	TH-AT	48	20	50°49'57'	10°54'94"
	TH-BA	48	20	51°24'43"	10°59'68"
	TH-HB	48	20	50°18'73"	10°43'02"
Hessen	HE-RH	48	20	50°57'93"	9°51'88"
	HE-ST	48	20	50°28'87"	9°08'44"
	HE-GG	48	20	49°49'38"	8°23'62"
Niedersachsen	ND-WB	48	20	52°07'97"	10°40'69"
	ND-NV	48	20	53°19'37"	7°59'46"
	ND-GB	48	20	53°19'37"	10°41'09"
Brandenburg	BB-04	48	20	53°16'65"	13°47'11"
	BB-05	48	20	52°01'01"	14°40'21"
Rheinland-Pfalz	RP-KL	48	20	50°13'23"	7°27'61"
	RP-SG	48	20	50°09'93"	7°41'51"
	RP-BO	38	20	50°17'38"	6°59'91"
Italien	ITA	47	20	45°43'43"	10°52'57"
Ungarn	UNG	48	19	47°20'06"	17°39'18"

Das Probenmaterial wurde gekühlt an die beteiligten Labore geliefert und dort für die Analysen aufbereitet. Die DNS-Extraktion erfolgte zentral an der Abteilung Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der Universität Göttingen.

### 2.3. MATERIAL FÜR KLONARCHIVE - BEPROBUNG VON STECKREISERN

Direkt nach Abschluss der Beprobung für die Genmarkeranalysen starteten die vorbereitenden Arbeiten zur Gewinnung der Steckreiser. Von ausschlaggebender Bedeutung war hierbei die zeitliche Koordination der Probenahme. Für die Hasel wurden Langstecklinge und für die Schlehe Kurzstecklinge gewonnen. Die Stecklinge mussten absolut frisch über große Strecken transportiert werden. Daher war ein gekühlter Transport zwingend notwendig. Zu diesem Zweck wurde eine transportable und über die Autobatterie gespeiste Kühleinheit ausreichender Größe angeschafft. Um eine ausreichend hohe Luftfeuchtigkeit für die einzelnen Proben zu gewährleisten, wurden diese mit Wasser benetzt und mit Zeitungspapier umhüllt (s. Abbildung 2.3).

Nach erfolgter Auslieferung bei den für die Anzucht zuständigen Projektpartnern sollte darüber hinaus eine umgehende Absteckung erfolgen, womit grundsätzlich eine Auslieferung am frühen Morgen vorgesehen war. Ziel war das Abstecken innerhalb von 24 h nach dem Schneiden der Stecklinge. Damit mussten für insgesamt 16 Vorkommen aus Deutschland, Ungarn und Italien die Beprobungen vor Ort und in Anlehnung an den jeweiligen Entwicklungszustand der Stecklinge organisiert werden. Dazu war eine ständige Kommunikation über den jeweiligen Entwicklungszustand der Stecklinge in den einzelnen Vorkommen notwendig.



Abbildung 2.3: Transportable Kühleinheit (links) und Stecklingsmaterial (rechts).

### 2.3.1. BLATTPROBENAHMEN FÜR BIOMARKER

#### *Schlehe*

Im August 2013 wurden an 8 Herkunftten des Pflanzjahrs 2011 Mischproben von je 3 Einzelpflanzen pro Klon genommen, insgesamt 120 Proben. Eine Beprobung der 2012 gepflanzten Schlehen wurde abgebrochen, da die Pflanzen zu klein und teilweise von schlechter Vitalität waren.

Im August 2014 wurden wie schon 2013 an 4 Herkunftten der Pflanzung Frühjahr 2012 Mischproben von je 3 Einzelpflanzen pro Klon genommen, insgesamt 85 Proben.

#### *Hasel*

Von der Pflanzung Herbst 2012 wurden 8 Herkunftte mit einer Mischprobe bestehend aus 2 Blättern von je 4 Einzelpflanzen je Klon beprobt, insgesamt 120 Proben.

Die Blätter wurden zusammengerollt, in zuvor beschriftete Röhrchen aus Plastik gefüllt und sofort in flüssigem Stickstoff tiefgefroren.

### 2.3.2. ANLAGE DER KLONARCHIVE

Die Klonarchive wurden in den Ländern Brandenburg, Thüringen und Rheinland-Pfalz angelegt. Die Vorbereitung der Flächen erfolgte im Frühjahr 2010. Die Flächen wurden so angelegt, dass sie gut erreichbar und zugänglich sind. Die Flächen wurden von störender Konkurrenzvegetation befreit und mit einem Zaun geschützt. Geplant waren die in Tabelle 2.3 dargelegten Zahlen. Diese konnten nicht für alle Klonarchive in gleichem Maße erreicht werden, da die Pflanzenproduktion erheblich von der Variation zwischen Vorkommen, Individuen und verschiedenen Jahren mit unterschiedlichen Klimabedingungen abhängig ist. Vorrangig, im Hinblick auf das geplante Versuchsdesign, wurde das Klonarchiv in Brandenburg angelegt. In der Folge werden die Versuchsanlagen der drei Projektpartner detailliert dargestellt.

*Tabelle 2.3: Geplante Versuchsgröße (Anzahl Pflanzen in den Klonarchiven und Gesamtpflanzenzahl).*

	Anzahl Vorkommen	Beprobte Sträucher / Vorkommen	Anzahl der Klone eines Strauches pro Klonarchiv	Anzahl Pflanzen pro Klonarchiv	Anzahl der Klonarchive	Gesamt
Prunus spinosa	8	25	3	600	3	1800
Corylus avellana	8	25	3	600	3	1800
Gesamt	16	-	-	1200	-	3600

Die Beprobung erfolgte repräsentativ. In den für die Schlehe typischen langgestreckten und dichten Hecken wurden Proben in regelmäßigen Abständen von etwa 2m (in Abhängigkeit von der Ausdehnung des Vorkommens) genommen.

#### *Versuchsanlage Eberswalde*

Durch Probleme bei der klonalen Vermehrung der Arten Hasel und Schlehe sind in der FBS Eberswalde mehrere Pflanzungen zu unterschiedlichen Zeitpunkten erfolgt. Dieser Umstand muss bei allen Felddaufnahmen, Auswertungen und Interpretationen berücksichtigt werden. Der Pflanzverband für beide Arten beträgt im Dreiecksverband 1x1 m. Die Wiederholung der Klone für die acht Herkünfte ist entsprechend des zur Verfügung stehenden Pflanzenmaterials unterschiedlich.

Die Anpflanzung wurde während der Vegetationsperiode durch die Forstbaumschule Eberswalde gepflegt (Bekämpfung der Konkurrenzvegetation).

#### *Schlehe*

Die Auspflanzung der ersten 552 Schlehen in der Landesbaumschule Eberswalde erfolgte am 13. Mai 2011:

*Tabelle 2.4: Verwendetes Material der 1. Schlehen-Pflanzung am 13. Mai 2011.*

Herkunft	Anzahl	Klone
Brandenburg	70	21
Hessen	77	25
Italien	77	27
Niedersachsen	72	25
Nordrhein-	55	18
Rheinland-Pfalz	78	26
Thüringen	71	24
Ungarn	52	13
Summe	552	179

Das gelieferte Pflanzmaterial war gut entwickelt. Die je Klon und Herkunft vorliegenden drei Pflanzen wurden im Abstand von einem Meter hintereinander gepflanzt, jeweils getrennt nach Herkunft (s. Abbildung 1a im Anhang).

Am 14. März 2012 konnte eine zweite Partie Schlehe gepflanzt werden (s. Tabelle 2.5).

*Tabelle 2.5: Verwendetes Material der 2. Schlehenpflanzung am 14. März 2012.*

Herkunft	Anzahl	Klone
Brandenburg	341	25
Hessen	87	24
Italien	148	25
Niedersachsen	120	25
Nordrhein-	99	27
Rheinland-Pfalz	127	25
Thüringen	79	24
Ungarn	93	24
Summe	1094	199

Das Pflanzmaterial der 2. Pflanzung wies eine geringe Qualität auf, die Pflanzen waren sehr klein, teilweise nur mit einer einzigen Wurzel ausgestattet. Die Klonzahlen schwanken zwischen einer und 32 Pflanzen je Klon und Herkunft.

Erwartungsgemäß wuchsen die sehr kleinen Pflanzen nur schlecht an, teilweise kümmerten die kleinen Schlehen noch im Sommer 2014, so dass eine Beprobung aufgrund der sehr unterschiedlichen Größe und Vitalität der Pflanzen auch 2014 nicht vorgenommen werden konnte.

Zu beachten ist, dass die Klone der beiden Anzuchten nicht identisch sind. Bei der Anlage des Quartiers wurden alle Klone einer Herkunft mit ein bis zwei Pflanzen gepflanzt und danach die Herkunft gewechselt. Auf diese Weise entstanden je nach vorhandenem Material zwischen drei und vier Wiederholungen auf der Fläche. Die Verteilung der Herkünfte ist dem Quartierplan zu entnehmen (s. Abbildung 1b im Anhang).

### *Hasel*

Die erste Partie Hasel konnte am 31. Mai 2012 gepflanzt werden. Es handelte sich dabei um vier Herkünfte mit insgesamt 258 Pflanzen. Eine Übersicht über das gepflanzte Material zeigt die Tabelle 2.6. Das verwendete Pflanzenmaterial war in einem sehr guten Zustand, die Pflanzen waren kräftig und hatten bereits eine Höhe von durchschnittlich 50 cm. Die zur Verfügung stehenden Pflanzenzahlen je Klon schwankten stark zwischen einem und 13 Stück je Klon. Eine planmäßige Wiederholung der Klone konnte dadurch nicht erfolgen, vielmehr wurden die Pflanzen nach Herkunftsgebiet getrennt gepflanzt. Die Verteilung der Herkünfte ist dem Quartierplan zu entnehmen (s. Abbildung 2 im Anhang).

*Tabelle 2.6 : Verwendetes Material der 1. Haselpflanzung am 31. Mai 2012.*

Herkunft	Anzahl	Klone
Ungarn	127	24
Thüringen	28	14
Italien	12	3
Nordrhein-Westfalen	91	16
Summe:	258	57

Eine zweite Partie angezogener Haseln mit insgesamt 572 Stück wurde am 7. Oktober 2012 gepflanzt. Zu beachten ist, dass die Klone der beiden Anzuchten nicht identisch sind. Die Pflanzenzahlen der 8 verwendeten Herkünfte sind aus der Tabelle 2.7 ersichtlich.

Auch dieses Material war von guter Qualität, die durchschnittliche Höhe betrug knapp 40 cm.

Bis auf drei Ausnahmen lagen je 21 Klone pro Herkunft als Ausgangsmaterial vor. Von der Herkunft Ungarn wurde der überwiegende Teil der Klone bereits bei der ersten Pflanzung im Frühjahr 2012 verwendet. Die Anzahl der Pflanzen je Klon betrug in der Regel 4 Stück, diese wurden hintereinander gepflanzt. Nach je 7 Klonen wechselte die Herkunft, um etwaige Risiken bei der Anzucht auf der Fläche besser zu verteilen. Die Verteilung der Herkünfte ist dem Quartierplan (Abbildung 3 im Anhang) zu entnehmen.

Durch die zwei verschiedenen Pflanztermine ist es bei der Strauchart Hasel zu Dopplungen von Klonen in 4 Herkunftsn gekommen. Dieser Umstand wurde bei den Beprobungen 2013 und 2014 berücksichtigt.

*Tabelle 2.7: Verwendetes Material der 2. Haselpflanzung am 7. Oktober 2012.*

Herkunft	Anzahl	Klone
Brandenburg	84	21
Hessen	80	21
Italien	84	21
Niedersachsen	60	15
Nordrhein-Westfalen	84	21
Rheinland-Pfalz	88	21
Thüringen	72	18
Ungarn	20	4
Summe:	572	142

#### *Versuchsanlage Forstliches Genressourcenzentrum Trippstadt*

Durch Probleme bei der klonalen Vermehrung der Arten Hasel und Schlehe in den Partnereinrichtungen sind am FoGz mehrere Pflanzungen zu unterschiedlichen Zeitpunkten erfolgt. Dieser Umstand muss bei allen Feldaufnahmen, Auswertungen und Interpretationen berücksichtigt werden. Der Pflanzverband für beide Arten beträgt im Reihenverband 1x1 m. Die Wiederholung der Klone ist entsprechend des zur Verfügung stehenden Pflanzenmaterials unterschiedlich (Pflanzplan Anhang Abbildung 4 und 5).

Genutzt wurde zur Flächenanlage ein stillgelegter Kampbereich am Antonihof. Aufgrund der stark reduzierten Anzahl zur Verfügung stehender Pflanzen (Aufzuchtprobleme bei der Absteckung) wurde ein weitaus geringerer Flächenanteil des Kampes als ursprünglich geplant benötigt (dadurch reduzierten sich auch die Kosten für die Flächenanlage insgesamt deutlich).

Die Fläche wurde bodenbearbeitet und mit Kalkstickstoff vorgedüngt, da es sich um einen eher nährstoffarmen Buntsandsteinboden mit hohem Steinanteil handelt.

Zur Absicherung gegen Wildeintritt (v. a. Hasen) wurde die Teilfläche gezäunt. Um auch Mäuse (Schermaus) abzuhalten, wurde der untere Zaunbereich zusätzlich mit engmaschigem Draht verstärkt und 40 cm tief im Boden verankert.

## Schlehe

Die am 20.03.2012 in Empfang genommenen Schlehen erwiesen sich als schwach bewurzelt, sehr klein und z. g. T. kümmernd oder gar absterbend.

Da die Bodenverhältnisse an ihrem zukünftigen Standort als nicht optimal zu bezeichnen waren, wurde von einer direkten Auspflanzung abgesehen und bei allen Pflanzen im April eine Topfung in Sellner Weichwandcontainer (Substrat: 5 Teile TKS I und 1 Teil Sand, sowie Kalkgabe) in Eigenregie durchgeführt. Im Gewächshaus wurden die Pflanzen dann bis zum November 2012 unter optimalen Anwuchsbedingungen in ihrer Vitalität gefördert und gestärkt. Dennoch waren letztendlich etliche Ausfälle zu beklagen.

*Tabelle 2.8: Anzahl der Schlehen-Pflanzen und Klone je Herkunft am 20. März 2012 am FoGz.*

<b>Herkunft</b>	<b>Anzahl</b>	<b>Klone</b>
Brandenburg	125	25
Hessen	81	17
Italien	127	25
Niedersachsen	107	24
Nordrhein-Westfalen	102	32
Rheinland-Pfalz	115	25
Thüringen	76	19
Ungarn	90	19
<b>Summe</b>	<b>823</b>	<b>186</b>

## Hasel

Das verwendete Pflanzenmaterial (im Oktober in Eigenregie am Vermehrungsort Arnsberg in Empfang genommen und zur Fläche in RP transportiert) war in einem sehr guten Zustand, die Pflanzen waren kräftig und hatten bereits eine Höhe von durchschnittlich 40 cm. Die zur Verfügung stehenden Pflanzenzahlen je Klon waren z.T. sehr gering und schwankten stark; für die Herkunft Ungarn wurden keine Pflanzen geliefert. Eine planmäßige Wiederholung der Klone konnte dadurch nicht erfolgen, vielmehr wurden die Pflanzen nach Herkunftsgebieten getrennt gepflanzt.

Die Anpflanzungen wurden im November 2012 durch das Forstliche Genressourcenzentrum in Eigenregie begonnen und mussten aufgrund eines Wintereinbruchs und darauffolgender langer Frostperiode mit hoher Schneelage unterbrochen werden. Zur geschützten Überwinterung der getopften Restpflanzen wurde ein Kleingewächshaus eingerichtet. Erst im März 2013 konnten die Pflanzungen abgeschlossen werden. Es wurde ein Rand aus Reservepflanzen und Ankaufspflanzen der gleichen Art sowohl um die Hasel- als auch

Schlehenteilfläche gesetzt. Die Beschilderung, Pflege (Bewässerung, Beseitigung der Konkurrenzvegetation, Mäusebekämpfung) und Aufnahme der Fläche wurden ebenfalls in Eigenregie durch das FoGz durchgeführt.

*Tabelle 2.9: Anzahl der Haselpflanzen und Klone je Herkunft am 30. Oktober 2012 am FoGz.*

<b>Herkunft</b>	<b>Anzahl</b>	<b>Klone</b>
Brandenburg	42	13
Hessen	16	5
Italien	65	17
Niedersachsen	17	4
Nordrhein-Westfalen	66	18
Rheinland-Pfalz	45	12
Thüringen	17	6
<b>Summe</b>	<b>268</b>	<b>75</b>

*Forstliches Forschungs- und Kompetenzzentrum Gotha*

Die Pflanzen wurden im Verband von 1x1 m ausgepflanzt. Eine Übersicht über die im Klonarchiv ausgepflanzten Pflanzen wird in Tabelle 2.10 gegeben. Die Pflanzpläne sind in Abbildung 6 und 7 im Anhang dargestellt.

*Tabelle 2.10: Anzahl der ausgepflanzten Schlehen und Haseln im Klonarchiv Thüringen.*

<b>Herkunft</b>	<b>Hasel</b>	<b>Schlehe</b>
Brandenburg	96	75
Hessen	50	75
Italien	102	75
Niedersachsen	76	75
Nordrhein-Westfalen	91	75
Rheinland-Pfalz	91	75
Thüringen	60	75
Ungarn	29	-
<b>Summe</b>	<b>595</b>	<b>525</b>

### 3. METHODEN

#### 3.1. ANZUCHT DER PFLANZEN

Die Anzucht des Pflanzenmaterials erfolgte für jede Art zentral. Der Landesbetrieb Wald und Holz NRW, Lehr- und Versuchsforstamt Arnsberger Wald, Schwerpunktaufgabe Ökologischer Waldbau und Forstgenetik, übernahm dabei die Vermehrung der Haselnuss und die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt die Vermehrung der Schlehe. Die Vermehrung der beiden Arten geschah autovegetativ. Für die Schlehe wurden dazu Stecklinge im Frühjahr nach dem Austrieb vor der Verholzung des Triebes gewonnen. Für die Hasel wurden Langstecklinge im Juni / Juli geschnitten. Dass Langstecklinge bei der Hasel wesentlich bessere Ausbeuten bei der Erzeugung vitaler Pflanzen erzielen, hatten Versuche im Rahmen des Projektes gezeigt (s. Abbildung 3.1).



Abbildung 3.1: Exemplarischer Vergleich der Pflanzenentwicklung bei Langstecklingen (Pflanze links) mit Kurzstecklingen aus verschiedenen Absteckphasen.

Die Stecklinge werden mit Wuchsstoff (IBS 0,5% flüssig) behandelt und im Hochdruck-Nebelhaus gesteckt. Entscheidend für den Erfolg der Bewurzelung ist es zu vermeiden, dass

die geschnittenen Stecklinge dehydrieren. Dazu ist je nach Wetterlage erforderlich, dass die Stecklinge morgens früh geschnitten werden und in Kühlboxen sofort zu den Anzuchtstellen geliefert werden. Nach erfolgreicher Bewurzelung werden die Pflanzen abgehärtet, indem die Benebelung schrittweise zurückgefahren und die Pflanzen an Freilandbedingungen akklimatisiert werden.

Pflanzen wurden 2009 / 2010, 2010 / 2011 und 2011 / 2012 erzeugt. Eine erste Partie Schlehe aus dem Jahr 2011 wurde beim Projektpartner in Brandenburg ausgepflanzt, die Pflanzen aus dem Jahr 2011 / 2012 wurden wie vorgesehen bei den drei Projektpartnern aus Brandenburg, Thüringen und Rheinland-Pfalz in den Klonarchiven ausgepflanzt. Darüber hinaus wurden Pflanzen an das assoziierte Projekt von Frau Prof. Bohne von der Abteilung Gehölz- und Vermehrungsphysiologie der Uni Hannover abgegeben. Die Haselpflanzen wurden mit Ballen und die Schlehen wurzelnackt ausgepflanzt.

## 3.2. GENETIK

### 3.2.1. HASEL

#### *Laboranalysen*

Isoenzyme wurden aus frischen Knospen extrahiert. Die Trennung und Anfärbung erfolgte nach Standardprotokollen für Isoenzym-Elektrophorese (Wendel and Weeden 1989) mit geringen Modifikationen. Insgesamt wurden 7 Isoenzym-Systeme und 11 kodierende Gene ausgewertet (Pgm-A, Pgi-B, Pgi-C, Got-B, Adh-A, Mdh-A, Mdh-B, Mdh-C, Skdh-A, 6Pgdh-A, 6Pgdh-B). Bis zu 100 Proben pro Vorkommen wurden analysiert.

Die DNS wurde aus gefrorenem Material extrahiert, hierzu wurde das DNeasy 96 Plant Kit (Qiagen, Hilden, Germany) verwendet. Pro Vorkommen wurden etwa 50 Proben aufbereitet. Die Proben wurden mit Hilfe von „Amplified Fragment Length Polymorphisms“ (AFLPs; Vos et al. 1995, mit geringfügigen Modifikationen wie in Gailing und Wühlisch 2004 beschrieben) analysiert. An jeweils 20 Proben wurden cpDNS-SSR-Analysen durchgeführt (Weising and Gardener 1999, Palmé and Vendramin 2002). Zunächst wurden verschiedene AFLP-Primer-Kombinationen getestet. Die Tests wurden mit dem Ziel durchgeführt, besonders variable Primer-Kombinationen mit hoher Reproduzierbarkeit auszuwählen. Zwei Paare von Standard-AFLP-Primern mit drei selektiven Basen wurden ausgewählt (EcoRI-ACT / MseI-GAA - primer1, EcoRI-ACA / MseI-GAA - primer2, die Nomenklatur ist entsprechend Keygene, <http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/keygeneAFLPs.html>). Mit Ausnahme des Primers 9 wurden die Primer ccmp1 - ccmp10 für die cpDNS-Analysen verwendet. Die DNS-Fragmente wurden auf einem ABI® 3100 Genetic Analyzer getrennt, dabei wurde der interne Größenstandard GS 500 ROX (Applied Biosystems) verwendet. Die Fragmente wurden mit der Software Genescan® and Genotyper® (Applied Biosystems) ausgewertet.

### *Datenanalysen*

Die Berechnungen erfolgten mit der Software GENALEX 6.41 (Peakall and Smouse 2006), GSED (Gillet 2010), NTSYS 2.01d (Applied Biostatistics Inc. Copyright © 1986-1997) und POPGENE (Yeh and Boyle 1999). Die AFLP-Daten wurden in eine 0 / 1 - Matrix transformiert, aus der die genetischen Strukturen unter der Annahme der Zufallspaarung berechnet wurden. Die genetische Variation innerhalb der Vorkommen wurde charakterisiert mit  $N_a$  (Anzahl verschiedener Allele),  $N_e$  (Effektive Anzahl der Allele, hierbei wird deren Häufigkeit berücksichtigt),  $(1 / \sum p_i^2)$ ,  $H_e$  (erwartete Heterozygotie), und PPL (Prozentsatz polymorpher Genorte). Die Fähigkeit einzelner Genorte zwischen Beständen und Regionen zu differenzieren wurde unter Zuhilfenahme von FST-Werten geschätzt, diese wurden mit der Software POPGENE berechnet. AMOVA-Analysen wurden zur Schätzung des Anteils der Differenzierung zwischen Populationen an der Gesamtvariation genutzt (Excoffier et al. 1992, Huff et al. 1993, Peakall et al. 1995 und Peakall and Smouse 2006 nach Michalakis and Excoffier 1996). Der genetische Abstand  $d_0$  (Gregorius 1974) wurde mit GSED berechnet. Dieses Abstandsmaß variiert zwischen 0 und 1. Dabei ist der genetische Abstand zwischen Populationen null, wenn ihre genetischen Strukturen identisch sind. Das Maximum von eins nimmt  $d_0$  an, wenn zwei Populationen kein einziges Allel gemeinsam haben. UPGMA-Clusteranalysen (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) wurden auf der Basis von  $d_0$  durchgeführt. Korrelations-Graphen geografischer (x-Achse in km) und genetischer Distanz (y-Achse genetische Distanz  $d_0$ ) wurden mit Hilfe der Software GENALEX 6.41 gedruckt. Der Zusammenhang zwischen genetischer Distanz und räumlicher Entfernung wurde mit dem Manteltest untersucht (Mantel 1967) sowie unter Verwendung von Autokorrelationsanalysen mit 999 Permutationen, die in dieser Software enthalten sind. Aus diesen Analysen wird der Autokorrelations-Koeffizient  $r$  berechnet, der sich zwischen -1 und +1 bewegt und in einem Korrelogramm grafisch dargestellt wird. Der Koeffizient  $r$  ist verwandt mit Moran's I (Peakall and Smouse 2006, Peakall et al. 2003, Moran 1950). Für unsere Datenanalyse wurde die maximale Distanz in 10 Distanzklassen gleicher Größe aufgeteilt. Signifikante Abweichungen von einer Zufallsverteilung genetischer Strukturen im Raum sind dann gegeben, wenn  $r$  die obere / untere Grenze des Vertrauensintervalls im Korrelogramm überschreitet.

#### 3.2.2. SCHLEHE

### *Laboranalysen*

Die Extraktion der DNS sowie die AFLP-Analysen erfolgten wie für die Hasel beschrieben. Für die Schlehe wurden folgende Primer-Kombinationen untersucht: EcoRI-AGG / MseI-GCT - primer1, EcoRI-AGG / MseI-GGT - primer2. Die Benennung erfolgte entsprechend Keygene

(<http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/keygeneAFLPs.html>) ® Software (Applied Biosystems).

Die Analysen der cp-DNS erfolgten mit der PCR-RFLP-Technik. Für die Amplifikation und Restriktion wurden sieben Primer-Enzyme-Kombinationen (Mohanty et al. 2000, 2002) genutzt. Kleine Unterschiede bestanden lediglich darin, dass die Restriktionsenzyme von einer anderen Firma (Fermentas, Kanada) geliefert wurden. Die 2,5 % Agarose-Gele wurden mit GelRed (Biotrend, Köln, Germany) gefärbt und die Banden wurden mit Hilfe von UV-Licht visualisiert. Die Muster und Varianten der PCR-RFLP-Fragmente wurden analog zu Mohanty et al. (2002) ausgewertet.

### *Datenanalyse*

Die Berechnung der genetischen Variation der AFLP- und cpDNS-Fragmente erfolgte mit den Programmen GENALEX 6.41 (Peakall and Smouse 2006) und GSED 3.0 (Gillet 2010). Die genetische Variation der cpDNS wurde anhand der Häufigkeit von insgesamt 17 verschiedenen Fragmenten berechnet. Die Definition der verschiedenen Haplotypen erfolgte manuell. Die geografische Verteilung der Haplotypen wurde mit Hilfe einer Karte dargestellt. Amova-Analysen und Manteltests wurden mit GENALEX Version 6.41 berechnet. Die genetische Variation innerhalb der Vorkommen wurde berechnet als  $N_a$  (Anzahl verschiedener Allele),  $N_e$  (Effektive Anzahl der Allele, hierbei wird deren Häufigkeit berücksichtigt),  $(1 / \sum p_i^2)$ ,  $H_e$  (erwartete Heterozygotie), und PPL (Prozentsatz polymorpher Genorte). Die Amova-Analysen wurden entsprechend den Analysen bei der Hasel durchgeführt. Die genetische Differenzierung (Gregorius and Roberds, 1986) basiert auf der Kalkulation genetischer Abstände zwischen einem Vorkommen und dem Komplement, bestehend aus allen anderen Vorkommen. Je geringer dieser Wert  $d_j$  ist, desto besser repräsentiert ein Vorkommen den gesamten Genpool. Der Durchschnitt dieser Werte ergibt  $\delta$ . Manteltest und räumlich - genetische Analysen wurden wiederum mit dem Programmpaket GENALEX 6.41 durchgeführt. Eine lineare Regression im Hinblick auf die Abhängigkeit zwischen DJ-Werten und dem Parameter "Genotypic Richness" (s.u.) wurde mit dem Programm WinStat 3.1 durchgeführt. Die Zuordnung einzelner Individuen zu den verschiedenen Vorkommen auf der Grundlage genetischer Marker („Assignment-Verfahren“) wurde mit dem Programm AFLPOP von Duchesne und Bernatchez (2002) durchgeführt. Das Programm kalkuliert für jedes Individuum die wahrscheinlichste Ausgangspopulation. In dem Fall, dass solche Verfahren eine hohe Trefferquote mit den tatsächlichen Ausgangspopulationen haben, sind die genetischen Unterschiede zwischen Vorkommen so ausgeprägt, dass auch nur die Erzeugung stark genetisch differenzierter Nachkommen möglich ist. Die Genauigkeit der Zuordnung wird mit Hilfe sogenannter MLD-Werte gemessen. Ein MLD-Wert von 2 bedeutet, dass ein Individuum einer Population nur dann zugeordnet wird, wenn die Wahrscheinlichkeit für die Zuordnung 10 mal größer ist als für jede andere Population. Wenn dies nicht der Fall ist, wird das Individuum keinem der Vorkommen zugeordnet. Für die Analyse räumlich - genetischer Strukturen innerhalb von

Vorkommen wurde der Parameter Genotypic Richness  $R = \frac{\text{Genotypes}-1}{\text{Number of samples}-1}$  (Dorken and Eckert 2001) berechnet. Dieser schätzt den Anteil klonaler Regeneration im Verhältnis zur gesamten Regeneration in einem Vorkommen. R variiert zwischen 0 und 1, wenn alle Genotypen identisch sind, dies ist möglicherweise dann gegeben, wenn nur ein sehr ausgedehnter Genotyp vorkommt. Den Wert 1 nimmt R an, wenn alle Individuen eines Vorkommens unterschiedliche Genotypen besitzen. Der Größe nach geordnete R-Werte der einzelnen Vorkommen wurden genutzt, um den Einfluss der vegetativen Vermehrung auf deren genetische Differenzierung zu beschreiben.

### 3.3. AUFNAHMEN VON WACHSTUM UND PHÄNOLOGIE

#### *Anwuchserfolg / Mortalität*

Der Anwuchserfolg wurde mehrfach überprüft, die letzten Daten liegen vom Mai 2014 vor. Eine Unterteilung in Vitalitätsklassen erfolgte dabei nicht, es wurde lediglich der Zustand „lebend“ bzw. „abgestorben“ erfasst.

#### *Wuchshöhen*

Vor Beginn der phänologischen Beobachtungen wurde die Höhe der im Jahr 2011 gepflanzten Schlehen und Haseln mit Hilfe einer teleskopierbaren Höhenmesslatte gemessen. Die 2012 gepflanzten Schlehen waren zu diesem Zeitpunkt sehr klein und erschienen wenig ausdifferenziert, auf eine Messung wurde deshalb verzichtet. Im Frühjahr 2014 wurde eine zweite Höhenmessung durchgeführt.

#### *Phänologie des Blattaustriebs*

Beginnend am 24. Februar 2014 wurden an 20 Terminen bis zum 15.5.2014 die phänologischen Phasen entsprechend der vereinbarten 5-stufigen Skala an den im Jahr 2012 gepflanzten Haseln und Schlehen kartiert.

Tabelle 3.1: Darstellung der phänologischen Phasen der Schlehe.

Phänologische Phase	Beschreibung	Abbildung
1	Knospenruhe	
2	Anschwellen der Knospen	
3	Erste grüne Blattspitze sichtbar	
4	Beginn der Blattentfaltung	
5	Blatt voll entfaltet	

Es wurde eine Ansprache der dominierenden phänologischen Phase pro Strauch vorgenommen, eine prozentuale Einschätzung verschiedener Phasen an einer Pflanze erfolgte nicht.

Um einen möglichst gleichmäßigen Rhythmus der einzelnen Aufnahmen beizubehalten, wurden die Termine mit den beiden Projektpartnern in Thüringen und Rheinland-Pfalz abgestimmt (Tabelle 3.2). Lediglich durch die Osterfeiertage wurde der Rhythmus unterbrochen. Zur Auswertung wurde pro Herkunft und Stichtag ein Mittelwert der jeweiligen Phase errechnet.

*Tabelle 3.2: Aufnahmetage der phänologischen Phasen im Jahr 2014.*

Tag im Jahr	Datum	Wochentag	Kürzel
55	24.02.2014	Mo	P01
58	27.02.2014	Do	P02
62	03.03.2014	Mo	P03
69	10.03.2014	Mo	P04
72	13.03.2014	Do	P05
76	17.03.2014	Mo	P06
79	20.03.2014	Do	P07
83	24.03.2014	Mo	P08
86	27.03.2014	Do	P09
90	31.03.2014	Mo	P10
93	03.04.2014	Do	P11
97	07.04.2014	Mo	P12
100	10.04.2014	Do	P13
104	14.04.2014	Mo	-
107	17.04.2014	Do	-
111	21.04.2014	Mo	P14
114	24.04.2014	Do	P15
118	28.04.2014	Mo	P16
120	30.04.2014	Mi	P17
121	01.05.2014	Do	-
125	05.05.2014	Mo	-
128	08.05.2014	Do	P18
132	12.05.2014	Mo	P19
135	15.05.2014	Do	P20

### 3.4. BIOMARKERANALYSEN

#### *Probenaufbereitung*

Die Blattproben wurden für drei Minuten in flüssigem Stickstoff bei -196 °C schockgefroren. Anschließend wurde das Pflanzenmaterial mit Hilfe einer Laborschwingmühle (MM 2000, Retsch) für drei Minuten bei 20.000 rpm zu feinem Pulver zermahlen. In kleine Petrischalen (3,5 cm) abgefüllt und mit Parafilm fest verschlossen wurden die Proben bis zur

Gefriertrocknung bei -80 °C gelagert. Um einem möglichen Abbau wasserlöslicher Inhaltsstoffe vorzubeugen, wurde das Pulver lyophilisiert. Dazu wurden die gefrorenen Proben für 4 - 5 Tage in die Gefriertrocknungsanlage (LYOVAC GT 2E) gegeben und über den gesamten Zeitraum vor Licht geschützt. Für die Einwaagen wurde eine verschließbare Feinwaage verwendet.

#### *Methanolische Extraktion*

Für die Bestimmung der löslichen Kohlenhydrate, Stärke sowie phenolischen Inhaltsstoffe wurde zunächst eine wässrig - methanolische Extraktion der lyophilisierten Proben hergestellt (Löffler 2004).

Dazu wurden ca. 30 µg Lyophilisat mit 1,0 ml Methanol (50 %) aufgefüllt und bei 60 °C für 20 Minuten im Eppendorf - Thermomixer unter Schütteln bei 14.000 rpm extrahiert. Anschließend sind die Proben bei 15.000 rpm für 5 min zentrifugiert und der Überstand abgehebert worden. Die abgenommene Lösung wurde in eine mit einem halben Glasfaserfilter (Durchmesser 24 mm) gestopfte Pasteurpipette (150 mm) gegeben und in ein Reagenzglas filtriert.

Der Rückstand wurde wiederholt mit 1,0 ml Methanol (50 %) versetzt und im Thermomixer extrahiert. Insgesamt sind von jeder Probe vier Extraktionen durchgeführt worden. Der Gesamtextrakt wurde gut gemischt und nach der Volumenbestimmung bis zur weiteren Nutzung (-80 °C) tiefgefroren. Der Rückstand wurde für die Stärkebestimmung an der Luft getrocknet.

#### *Blattflächen*

Zur Ermittlung der Blattflächen wurden die geernteten Blätter mit einem handelsüblichen Scanner (HP Scanjet G2710) eingescannt und mit Hilfe der Software WINfolia digitalisiert. Das Programm errechnet anhand des Bildes die Blattlänge und -breite sowie die Gesamtfläche. Anschließend wurde aus den zehn gescannten Blättern der Mittelwert gebildet.

#### *Blattfrisch- und Trockenmasse*

Nachdem die Blattflächen gescannt worden sind, wurden die Blätter gewogen und anschließend bei 105 °C (Moisture Analyzer MA 30, Fa. Sanatorius) getrocknet. Der Blattwassergehalt errechnet sich aus der Gewichts Differenz zwischen Blattfrisch- und Trockenmasse. Um den durchschnittlichen Wassergehalt der Blätter zu ermitteln, wurde der Mittelwert aus zehn Blättern berechnet.

### *Chlorophylle und Carotinoide*

Zur Pigmentbestimmung wurden 10 mg Lyophilisat in ein Eppendorf - Reaktionsgefäß eingewogen und mit einer Spatelspitze Glasperlen sowie 2,0 ml Ethanol (95 %) aufgefüllt und fest verschlossen. Mit der Schlagmühle sind die Proben für 4 min bei 20.000 rpm geschüttelt und anschließend bei 15.000 rpm für 5 min zentrifugiert worden. Der Überstand wurde mit einer Pasteurpipette abgenommen, in eine Küvette pipettiert und unverdünnt mittels einer Mehrfachwellenlängenmessung (Carotinoide: 470 nm, Chlorophyll b: 649 nm, Chlorophyll a: 664 nm, individuelle Trübung der Probe: 750 nm) gemessen.

Zur Sicherstellung der Messgenauigkeit wurde je Messreihe eine Doppelbestimmung durchgeführt und der Mittelwert gebildet. Bei einer Konzentrationsabweichung um mehr als 5 % wurde von der jeweiligen Probe eine dritte Analyse durchgeführt. Die Auswertung der Pigmentgehalte erfolgte nach Lichtenhaler (1987) mit dem Formelsatz für Ethanol (95 %) als Extraktionsmittel.

### *Lösliche Kohlenhydrate*

Zur Bestimmung der Glukose-Äquivalente wird die hydrolisierende und dehydratisierende Wirkung von konzentrierter Schwefelsäure auf die löslichen Kohlenhydrate im methanolischen Extrakt genutzt. Durch die Säure werden die Polysaccharide zunächst hydrolysiert, wobei 2-Furaldehyd bzw. 5-Hydroxymethyl-2-Furaldehyd entsteht, der mit Anthronal (Enolform des Anthrons) reagiert. Es bildet sich ein blau-grüner Farbstoff (bei Raumtemperatur etwa eine Stunde stabil), dessen Farbintensität zur quantitativen kolorimetrischen Bestimmung von Zuckern genutzt werden kann (Löffler 2002).

Der Extrakt wurde mit Ethanol (80 %) und Anthron-Reagenz versetzt. Das Gemisch wurde für exakt 10 Minuten im Wasserbad bei 98 °C inkubiert und anschließend im Eiswasserbad herunter gekühlt. Mittels eines Spektralphotometers ist die Farbintensität bei 620 nm gegen den Leerwert gemessen worden. Die Eichkurve wurde mit einer 0,04 %igen Glukose-Stammlösung erstellt.

### *Lösliche Stärke*

Zur Bestimmung der Stärke aus den Rückständen der methanolischen Extraktion wurde der UV-Stärkebestimmungstest von Boehringer Mannheim / R-Biopharm verwendet. Um die Stärke zu lösen, wurden die Extraktionsrückstände mit 50 µl HCL konz. (MERCK) und 200 µl DMSO (SERVA) aufgefüllt. Die Gemische wurden im Eppendorf - Thermomixer bei 60 °C für 60 Minuten geschüttelt und anschließend 5 min bei 14.000 rpm zentrifugiert. 50 µl des Überstandes wurden mit 500 µl 0,1 M Citratpuffer (pH = 11) sowie 100 µl Lösung 1 (BOEHRINGER) versetzt. Das Gemisch wurde bei 57 °C im Eppendorf - Thermomixer für 30 Minuten geschüttelt und im Anschluss für 5 Minuten bei 14.000 rpm zentrifugiert. Als

Standard wurden 36 mg Stärke in 2,0 ml konz. HCL gelöst und in DMSO aufgenommen. Von einem Aliquot des Überstandes wurde die Extinktion bei 340 nm gegen Luft gemessen.

#### *Ascorbat*

Zur Bestimmung des Gesamtascorbates (Ascorbinsäure + Dehydroascorbinsäure) wurde die  $\alpha,\alpha'$ -Dipyridylmethode angewendet. Die Dehydroascorbinsäure wird im alkalischen Milieu durch Dithiothreitol (DTT) zu Ascorbinsäure reduziert. Durch Derivatisierung mit N-Ethylmaleimid wird überschüssiges DTT beseitigt. Im sauren Milieu reduziert die vorliegende Ascorbinsäure  $\text{Fe}^{3+}$ -Ionen zu  $\text{Fe}^{2+}$ -Ionen, welche mit  $\alpha,\alpha'$ -Dipyridyl eine Komplexverbindung bilden. Der rötliche Chelat-Komplex besitzt ein Absorptionsmaximum bei 525 nm (Löffler 2002).

#### *Aminosäuren*

Die Bestimmung des Aminosäuregehaltes erfolgte mit dem Aminosäureanalysator Aracus der Firma mebraPure. Für die Analyse wurden 25 g Lyophilisat in 2 ml Eppendorf - Reaktionsgefäße eingewogen und mit 1 ml Sample Dilution Buffer versetzt. Das Gemisch ist für 10 Minuten bei Zimmertemperatur im Eppendorf - Thermomixer geschüttelt und im Anschluss bei 14.000 rpm zehn Minuten zentrifugiert (4 °C) worden.

Mit Hilfe eines Zentrifugalfilters (Durchmesser 2,0  $\mu\text{m}$ ) wurde der Überstand erneut für zehn Minuten bei 4 °C zentrifugiert und während des Vorganges gereinigt. Der gereinigte Überstand wurde anschließend in Proben-Bechergläser abgefüllt und vermessen (HPLC).

#### *Phenolische Verbindungen*

Zur Quantifizierung der phenolischen Blattinhaltsstoffe wurden der Gesamtphenolgehalt sowie der Gehalt an Vanillin-positiven Verbindungen, Procyanidinen und ortho-Dihydroxyphenolen bestimmt.

#### *Folin-positive Verbindungen*

Zur Bestimmung der Catechinäquivalente wurden 100  $\mu\text{l}$  methanolischer Extrakt (Leerwert: 100  $\mu\text{l}$  Methanol (50 %)) mit 2,9 ml Adest, 2,0 ml  $\text{Na}_2\text{CO}_3$  - Lösung und 100  $\mu\text{l}$  Folin-Ciocalteus-Reagenz (MERCK) aufgefüllt und gut vermischt. Das Gemisch reagiert bei 10 Minuten im Wasserbad (60 °C). Nach der Abkühlung auf Zimmertemperatur wurde die Extinktion mittels Spektralphotometer bei 750 nm gegen den Leerwert gemessen. Zur Herstellung der für die Kalibrierung benötigten Catechin-Stammlösung wurden 50 mg Catechin in einem 10 ml - Messkolben eingewogen, in 2 ml Ethanol (absolut) gelöst und mit Adest aufgefüllt. Die Stammlösung wurde für die Erstellung der Eichkurve nochmals verdünnt (100  $\mu\text{l}$  Catechin-Lösung + 900  $\mu\text{l}$  Methanol (50 %)).

### Vanillin-positive Verbindungen

Im sauren Milieu bilden höher kondensierte Phenole, wie zum Beispiel Tannine, mit Vanillin einen Farbkomplex, der bei 500 nm mittels Spektralphotometrie messbar ist (Löffler 2002). Zur Quantifizierung wurden 100 µl methanolischer Extrakt (Leerwert: 100 µl Methanol (50 %)) mit 2,0 ml Vanillin-Lösung und 1,0 ml konz. HCL (MERCK) aufgefüllt und gut vermischt. Die Reagenzgläser verblieben für 10 Minuten im Wasserbad bei 30 °C. Die Extinktion wurde anschließend spektroskopisch bei 500 nm gemessen. Für die Kalibrierung diente eine Eichkurve mit einer Catechin-Stammlösung (s. Folin-positive Verbindungen).

### ortho-Dihydroxyphenole (ODHP)

Für die Quantifizierung der ODHP (Chlorogensäureäquivalente) wurden je Probe 100 µl methanolischer Extrakt mit 250 µl 0,5 N HCL, 250 µl ARNOWS-Reagenz sowie 500 µl 1 N NaOH aufgefüllt und gut vermischt. Die Extinktion wurde anschließend im Spektralphotometer bei 520 nm gegen den Leerwert (100 µl Methanol (50 %)) gemessen.

Zur Kalibrierung der Messung wurde eine Eichkurve erstellt, wobei sechs unterschiedlich konzentrierte Chlorogensäure-Lösungen eingesetzt wurden.

### Einheitliche Darstellung von Abbildungen

Zur Darstellung der Ergebnisse der phänologischen Aufnahmen und der Biomarkeranalysen sind die verwendeten Abkürzungen und Farben in der folgenden Abbildung 3.2 dargestellt.

Nr.	Kurz	Herkunft
1	BB	Brandenburg
2	HE	Hessen
3	IT	Italien
4	NI	Niedersachsen
5	NW	Nordrhein-Westfalen
6	RP	Rheinlandpfalz
7	TH	Thüringen
8	UN	Ungarn



Abbildung 3.2: Abkürzungen und Farben der Phänologischen Aufnahmen und Biomarkeranalysen.

## 4. ERGEBNISSE

### 4.1. ERGEBNISSE HASEL

#### 4.1.1. GENETISCHE ANALYSEN

Mit Hilfe der untersuchten Genmarker wurde die genetische Variation der Untersuchungsvorkommen charakterisiert. Dazu wurden Kern- und Chloroplasten-Genmarker genutzt. Zur Beschreibung der Gesamtvariation wurde das Maß  $\Phi_{PT}$  genutzt. Dies teilt die Gesamtvariation aller untersuchten Populationen (Vorkommen) auf in genetische Variation innerhalb von und zwischen Populationen. Die genetische Variation zwischen Vorkommen quantifiziert ihre genetischen Unterschiede. Die Variation innerhalb quantifiziert den Teil genetischer Variation, den alle Vorkommen im Mittel gemeinsam haben. Der relative Anteil der Variation zwischen Populationen wird als Maß für deren Differenziertheit genutzt.

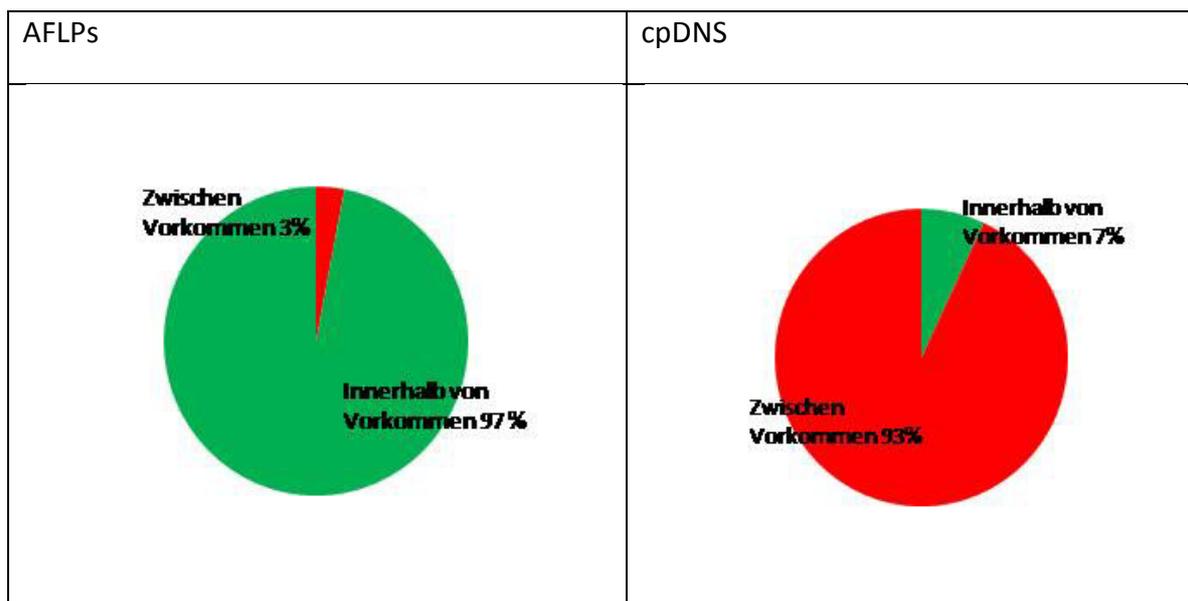


Abbildung 4.1: Genetische Variation innerhalb von und zwischen Vorkommen, gemessen als  $\Phi_{PT}$  für AFLPs 0,035 ( $P=0,001$ ) und für cpDNS-Haplotypen 0,933 ( $P=0,001$ ).

Die Analyse deutet enorme Unterschiede zwischen den verschiedenen Genmarkern an. Für die AFLP-Genmarker wird die größte Variation innerhalb von Vorkommen gemessen. Die Gesamtvariation wird nur zu etwa 3 % durch die unterschiedliche Genetik von Vorkommen bestimmt. Für die cpDNS zeigt sich, dass hier der größte Teil der Gesamtvariation durch Unterschiede zwischen Vorkommen zustande kommt.

An einzelnen Genorten werden erheblich größere Unterschiede zwischen den genetischen Strukturen in den einzelnen Vorkommen realisiert. Einzelne AFLP-Genmarker zeigten so Differenzierungswerte zwischen Vorkommen bis zu einem Viertel der Gesamtvariation (s. Abbildung 4.2).

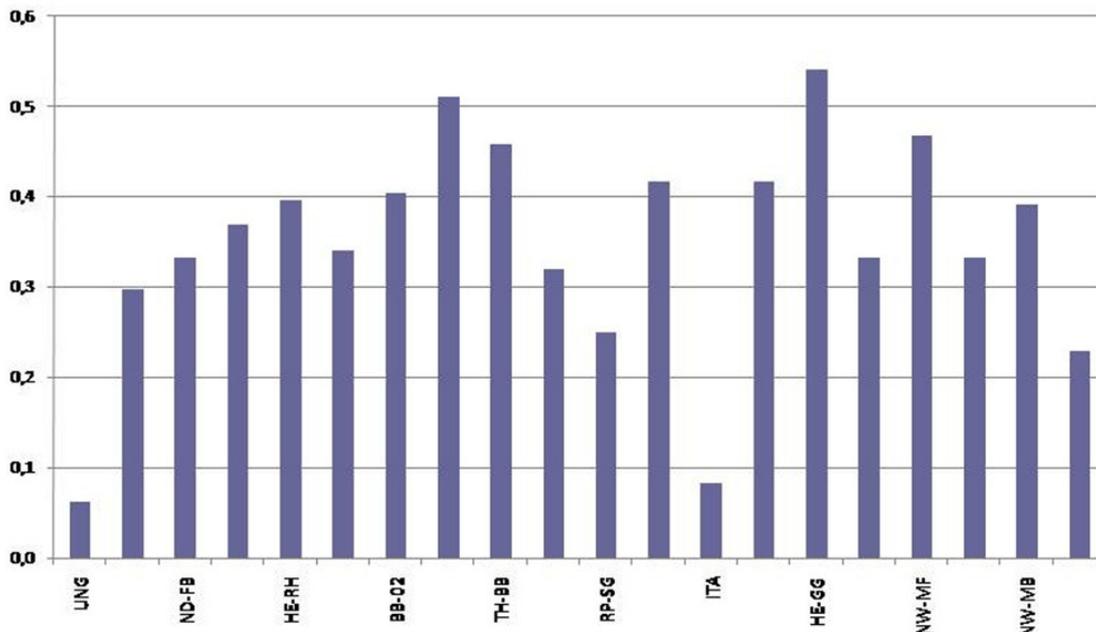


Abbildung 4.2: Häufigkeitsunterschiede zwischen den Vorkommen bezüglich der Anwesenheit eines DNS-Fragments mit der Länge von 175 bp (Basenpaare).

Eine zusammenfassende Analyse beschäftigte sich mit der Eignung der verschiedenen Marker zur Differenzierung von Vorkommen. Es zeigte sich, dass einzelne Vorkommen (s. Abbildung 4.3, Italien) mit cpDNS-Genmarkern vollständig von allen anderen Vorkommen differenziert sind. Alle übrigen Vorkommen sind jedoch absolut identisch. AFLP-Genmarker weisen eine Reihe von Merkmalen auf, die mit Differenzierungswerten bei etwa 24 % hohe genetische Unterschiede zwischen Vorkommen widerspiegeln und somit grundsätzlich für die Herkunftsüberprüfung genutzt werden können. Den geringsten Beitrag zur Unterscheidung von Vorkommen leisten Isoenzyme mit nur 4 % Differenziertheit.

Ein Zusammenhang zwischen der genetischen Differenzierung von Vorkommen und ihrem geografischen Ursprung kann mit Hilfe des Manteltest (Mantel 1967) auf Signifikanz geprüft werden. Über alle 20 Vorkommen zeigte der Manteltest eine hohe Korrelation bezüglich eines Zusammenhangs zwischen geografischer und genetischer Distanz an ( $R^2=0,64$ ,  $P=0,001$ ).

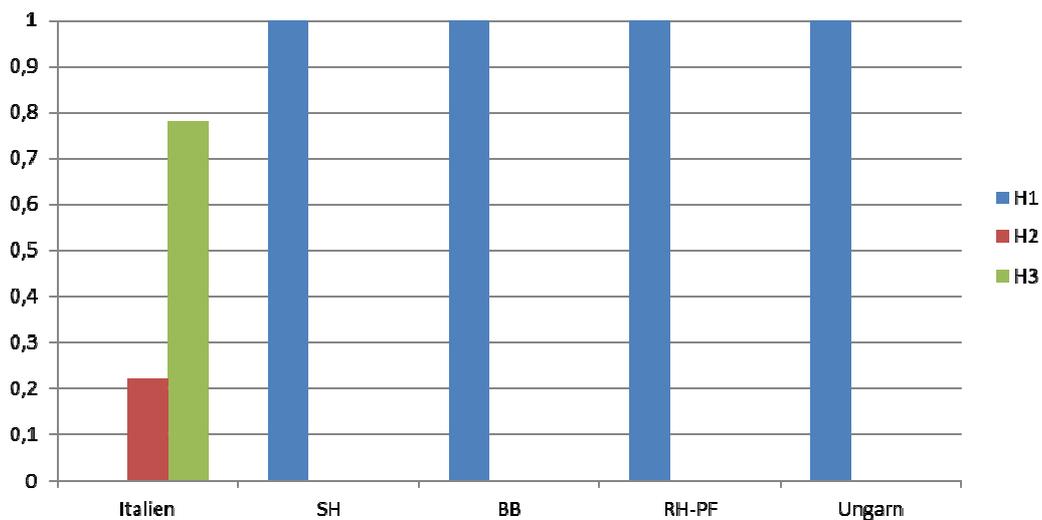


Abbildung 4.3: Vollständige Differenzierung von Häufigkeiten der cpDNS-Haplotypen zwischen Italien (links) und vier Vorkommen aus Deutschland und Ungarn (rechts).

Schwächer wurde dieser Zusammenhang, wenn nur die deutschen Vorkommen in die Analysen einbezogen wurden ( $R^2=0,20$ ,  $P=0,004$ ). Die entsprechenden Analysen wurden auch mit den Isoenzymdaten durchgeführt, hier betrug die Werte  $R^2=0,452$  mit einem P von 0,001 für alle Vorkommen und  $R^2 = 0,099$  mit einem P von 0,01 für die deutschen Vorkommen.

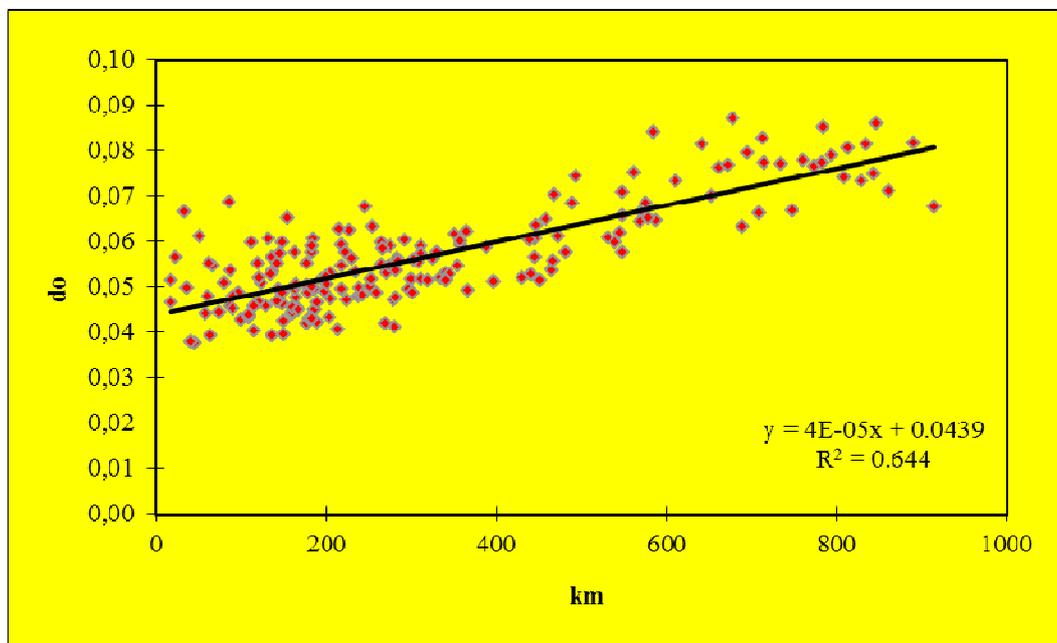
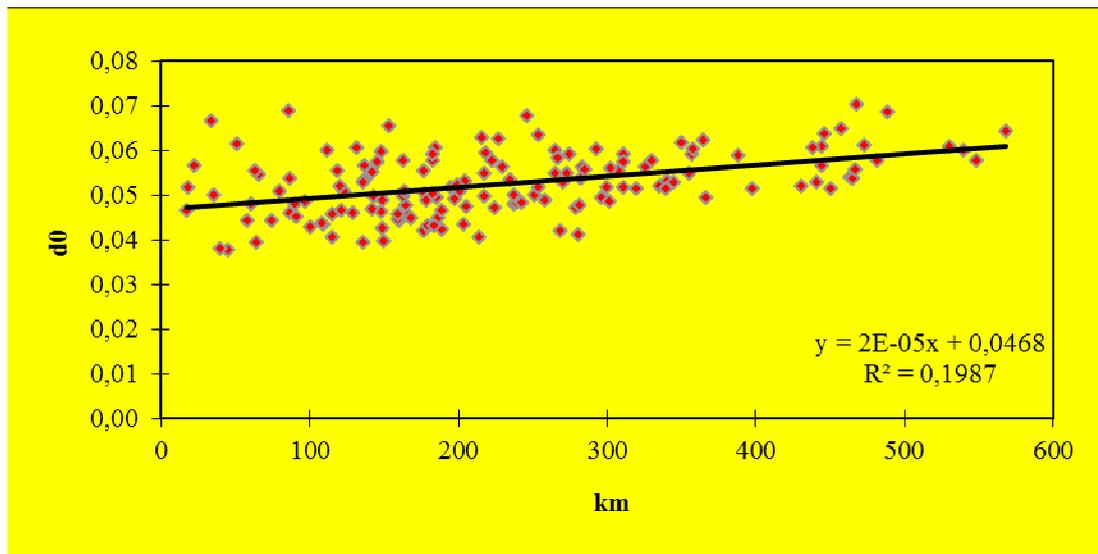


Abbildung 4.4: Darstellung von Korrelationen räumlicher und genetischer Distanzen und Ergebnis eines Manteltests auf signifikante Zusammenhänge zwischen genetischen und räumlichen Distanzen unter Einbeziehung von 18 deutschen und jeweils einem Vorkommen aus Ungarn und Italien.



*Abbildung 4.5: Darstellung von Korrelationen räumlicher und genetischer Distanzen und Ergebnis eines Manteltests auf signifikante Zusammenhänge zwischen genetischen und räumlichen Distanzen unter Einbeziehung von 18 Vorkommen aus Deutschland.*

Die Darstellung von Korrelationen räumlicher und genetischer Distanzen und das Ergebnis des Tests werden in den Abbildungen 4.4 und 4.5 dargestellt. In Abbildung 4.4 zeigt sich ein starker Zusammenhang zwischen der genetischen Differenzierung und der räumlichen Entfernung von Populationen, indem geografisch weit voneinander entfernte Populationen auch genetisch unterschiedlicher sind. Dieser Zusammenhang ist mit einem R<sup>2</sup>-Wert von 0,64 höchst signifikant. Für diesen klaren Zusammenhang dürfte in erster Linie die Beteiligung der Vorkommen Ungarn und Italien verantwortlich sein, die sowohl räumlich als auch genetisch deutlich getrennt vom Rest der deutschen Vorkommen sind. Erstaunlich ist, dass dieser Zusammenhang auch bei Betrachtung allein der deutschen Vorkommen bestehen bleibt (Abbildung 4.5). Obwohl insgesamt weniger ausgeprägt (R<sup>2</sup> = 0,20), zeigt sich, dass Vorkommen der Hasel in Deutschland genetisch unterschiedlicher sind je weiter sie voneinander entfernt sind. Die Abgrenzung von Herkunftsgebieten scheint vor diesem Hintergrund gerechtfertigt, auch wenn nur etwa ein Viertel der genetischen Unterschiede zwischen Vorkommen mit dem räumlichen Abstand erklärt werden kann.

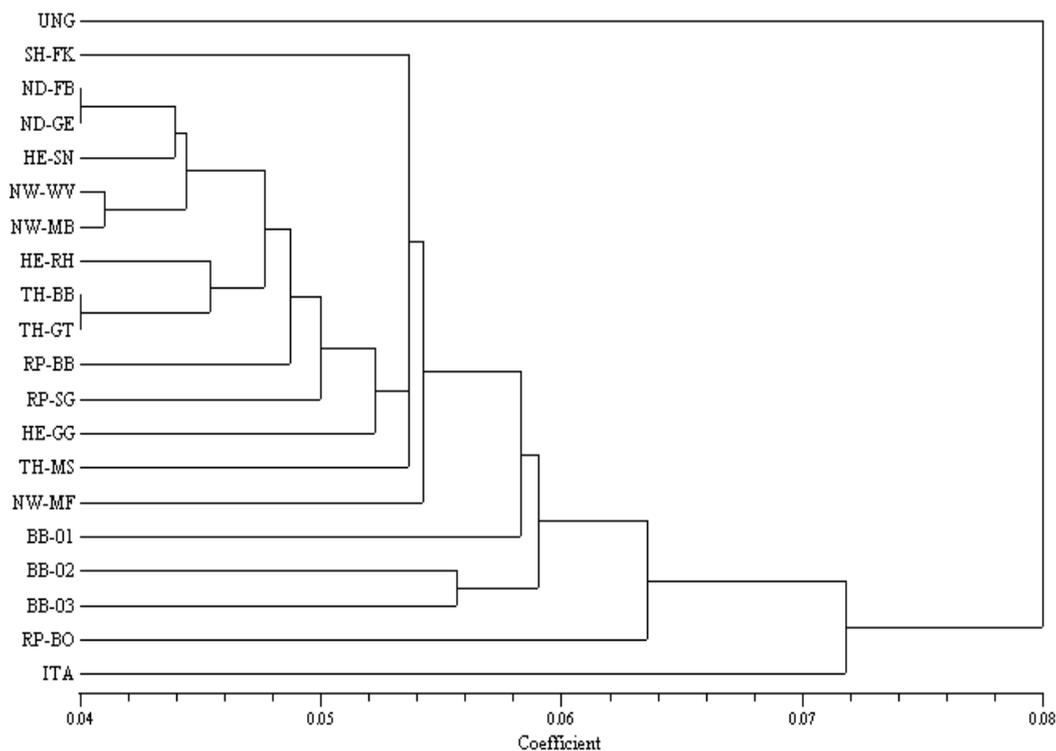


Abbildung 4.6: UPGMA-Dendrogramm auf der Basis des genetischen Abstands ( $d_0$ ) des Genpool(AFLPs) zwischen 20 Haselvorkommen. Der Maximalabstand beträgt 8 % zwischen Ungarn und allen anderen Vorkommen. Der geringste Abstand beträgt ca. 3 %. (verändert nach Leinemann et al. 2013).

Ein Vergleich zwischen den genetischen Strukturen der Vorkommen auf der Basis der Genpoolwerte ermöglicht die Berechnung eines Dendrogramms unter Verwendung des genetischen Abstands  $d_0$  (Gregorius 1974). In der Abbildung 4.6 zeigt sich, dass Ungarn über einen Hauptast sehr deutlich vom Rest aller anderen Vorkommen getrennt ist.

In der großen Hauptgruppe sind Italien aber auch das Vorkommen in RP-BO (Boos) deutlich unterschiedlich zum Rest. Im Dendrogramm liegen häufig Vorkommen aus einem Bundesland nebeneinander. Besonders augenfällig ist dies für die drei Vorkommen aus Brandenburg, deren genetische Strukturen tatsächlich einen Zusammenhang zwischen räumlicher Lage der Vorkommen und ihrer Genetik nahelegen. Dies gilt auch für andere Paare aus den verschiedenen Bundesländern. Eindeutig ist dieser Trend nicht, da die gemeinsame Abstammung aus ein und demselben Bundesland nicht direkt mit einer geografisch nächsten Nachbarschaft verbunden werden kann.

Dennoch zeigt die Analyse räumlich - genetischer Strukturen einen signifikanten Zusammenhang zwischen räumlicher Entfernung und genetischer Distanz an. In einem Distanzbereich um 112 km sind genetische Strukturen von Vorkommen in der Regel ähnlicher als im Durchschnitt zu erwarten (Abbildung 4.7). Damit existieren in Deutschland

offensichtlich größere geografische Einheiten, die genetisch - signifikante Unterschiede zeigen.

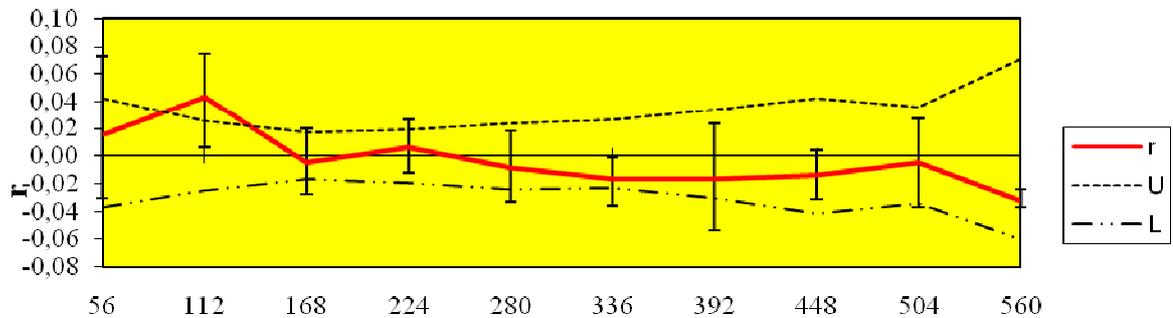


Abbildung 4.7: Autokorrelationsanalyse räumlich - genetischer Distanzklassen. Auf der x-Achse sind die Distanzklassen abgetragen und auf der y-Achse die Werte für den Autokorrelationskoeffizienten  $r$ . In der Distanzklasse 112 km zeigen Vorkommen signifikant ähnlichere genetische Strukturen zueinander (nach Leinemann et al. 2013).

Zum Überblick wurden die Ergebnisse der Analysen in eine Deutschlandkarte übertragen (Abbildung 4.8). Dabei markieren die Kreise solche Gruppen von Populationen, die im Dendrogramm eine Gruppe bilden. Rot geschriebene Populationen gehören nicht in die jeweilige Gruppe. Offensichtlich stimmt die Gruppierung entsprechend der genetischen Strukturen vielfach überein mit der geografischen Nachbarschaft der Populationen.

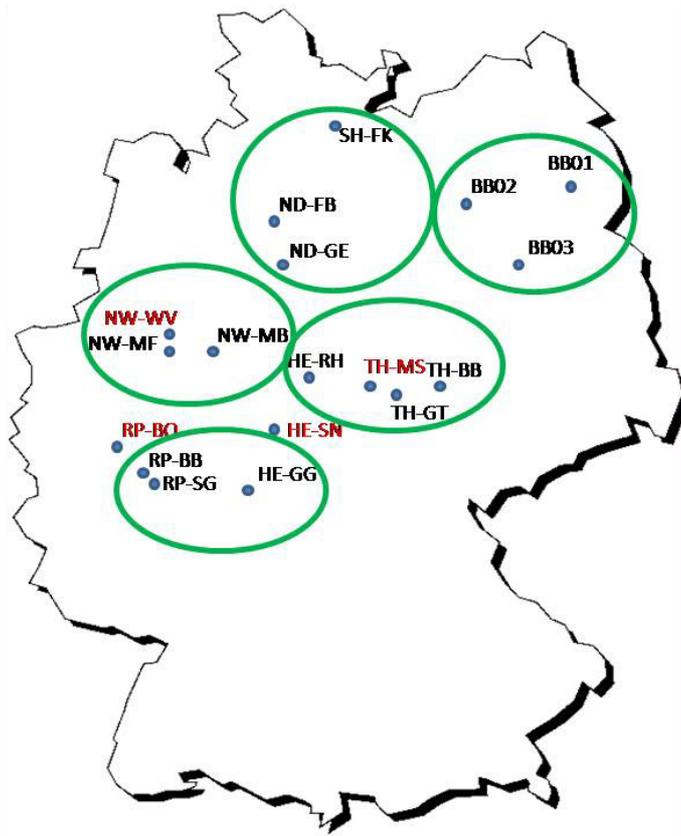


Abbildung 4.8: Karte der Haselvorkommen. Grün umrandete Vorkommen zeigen relativ ähnliche genetische Strukturen. Verändert nach Leinemann et al. (2013).

#### ZUSAMMENFASSUNG DER GENETISCHEN ANALYSEN FÜR DIE HASEL

Zusammenfassend können bezüglich der anfangs formulierten Hypothesen folgende Schlussfolgerungen gezogen werden:

- Die Hypothese, dass gebietseigene Vorkommen in Deutschland keine signifikanten Unterschiede zu genetischen Strukturen südosteuropäischer Vorkommen zeigen, wurde widerlegt.
- Die Hypothese, dass gebietseigene Vorkommen in Deutschland genetisch nicht signifikant verschieden sind, wurde widerlegt.
- Die Hypothese, dass kein Zusammenhang zwischen geografischer Distanz und genetischer Struktur zwischen deutschen und süd- und südosteuropäischen Vorkommen besteht, wurde widerlegt.
- Die Hypothese, dass kein Zusammenhang zwischen geografischer Distanz und genetischer Struktur zwischen deutschen Vorkommen besteht, wurde widerlegt.

#### 4.1.2. ANWUCHSERFOLG IM KLONARCHIV

Standort: Brandenburg (Forstbaumschule Eberswalde)

Die auf der Versuchsanlage FSB Eberswalde - Stadtsee ausgebrachten Haselsträucher entstammen den Auspflanzungen vom Frühjahr und Herbst 2012 mit jeweils unterschiedlichem Ausgangsmaterial. Auf Grund der unterschiedlichen Etablierungszeiträume und Sammelorte werden beide Strauchkollektive getrennt betrachtet.

##### *Anzucht aus dem Frühjahr 2012*

Bereits nach dem langen und strengen Winter 2012 / 2013 differenzierten sich die Ausfallraten der vier im Frühjahr 2012 gepflanzten Herkünfte. Danach traten bis zum Frühjahr 2014 keine weiteren Verluste mehr auf. Von den wenigen (n=28) ausgebrachten Haseln der Herkunft Thüringen überlebten alle Pflanzen. Die Ausfallraten der Herkünfte Ungarn und Nordrhein-Westfalen waren mit 1 % bzw. 8 % gering. Von den wenigen (n=12) Sträuchern der Herkunft Italien überlebten 11 Pflanzen das erste Jahr (Tabelle 4.1).

*Tabelle 4.1: Ausfallrate der Haselsträucher aus der Pflanzung Frühjahr 2012 bis zum Frühjahr 2014.*

<b>Herkunft</b>	<b>n</b>	<b>lebend</b>	<b>tot</b>	<b>Ausfall %</b>
Ungarn	127	126	1	1 %
Thüringen	28	28	0	0 %
Italien	12	11	1	8 %
Nordrhein-Westfalen	91	83	8	9 %
<b>Summen /</b>	<b>258</b>	<b>248</b>	<b>10</b>	<b>4 %</b>

##### *Anzucht aus dem Herbst 2012*

Mit Herbstpflanzung 2012 wurde ein vollständiges Set aller acht Herkünfte mit insgesamt 526 Sträuchern in der Forstbaumschule Eberswalde ausgepflanzt. Allerdings war die ungarische Herkunft mit nur 15 Pflanzen unterrepräsentiert. Die deutschen Herkünfte Nordrhein-Westfalen, Thüringen, Niedersachsen und Rheinland-Pfalz überstanden den Winter 2012 / 2013 zunächst mit sehr geringen Ausfällen (0 bis 9 %). Die Ausfallraten erhöhten sich jedoch erheblich im 2. Standjahr. Im Gegensatz dazu verzeichneten die deutschen Herkünfte Hessen und Brandenburg mit 11 % bzw. 14 % bereits im ersten Jahr höhere Ausfälle, die sich dann im 2. Standjahr kaum noch änderten. Die höchsten Ausfallraten wurden in beiden Aufnahmejahren bei den Herkünften aus Italien und Ungarn beobachtet (Tabelle 4.2). Insgesamt hatten sich die Ausfälle von 2013 zu 2014 um 7 % erhöht. Die Herkunft Nordrhein-Westfalen ist von allen Herkünften am besten angewachsen.

Die übrigen deutschen Herkünfte zeigten nach zwei Jahren ähnliche Ausfallraten (Ausnahme Thüringen).

Damit unterschieden sich die Anwuchsraten zwischen den beiden Anzuchten Frühjahr und Herbst 2012 gravierend. Die Ausfälle aus der Anzucht des Frühjahres 2012 waren insgesamt wesentlich geringer mit besten Anwüchsen der Herkünfte Ungarn und Thüringen.

*Tabelle 4.2: Ausfallrate der Haselsträucher aus der Pflanzung Herbst 2012 bis zum Frühjahr 2014  
(\* im Vergleich zum ersten Wuchsjahr (Ende des Winterhalbjahres 2012 / 2013).*

Herkunft	n	lebend*	abgestorben*	Ausfall (%) 2012 / 13	Ausfall (%) 2013 / 14%
Brandenburg	84	72	12	14 %	14 %
Hessen	80	68	12	11 %	15 %
Italien	84	63	21	22 %	25 %
Niedersachsen	60	51	9	9 %	15 %
Nordrhein-	84	82	2	0 %	2 %
Rheinland-Pfalz	88	75	13	2 %	15 %
Thüringen	73	58	15	1 %	21 %
Ungarn	20	11	9	33 %	45 %
<b>Summen / Mittelwert</b>	<b>573</b>	<b>480</b>	<b>93</b>	<b>9 %</b>	<b>16%</b>

*Standort Thüringen (Forstamt Leinefelde, Rev. Zehnsberg)*

Das Pflanzmaterial der Haselsträucher war qualitativ besser als das der Schlehen. Hinzu kam die Lieferung als Topfpflanzen im Größenrahmen von 20 bis 50 cm, die gegenüber der vorkommenden Bodenvegetation vielfach konkurrenzstärker waren. Die Pflanzung erfolgte im Herbst 2012 unmittelbar neben den Schlehen. Die höchsten Ausfälle bis zum Jahr 2014 wies die Herkunft Ungarn mit 56 % auf, gefolgt von Niedersachsen mit 50 % und Italien mit 32 %. Als Ausfallursachen sind hierbei vor allem Mäuseschäden (Schermaus) zu nennen. Eine Bekämpfung der Mäuse über Köderstationen wurde ebenso von Beginn an durchgeführt. Vor allem bei großen Topfpflanzen fiel das Auftreten von „Zopftrocknis“ bei den Pflanzen auf. Die Pflanzen haben sich aber durch tief angesetzten Neuaustrieb teilweise regeneriert.

Tabelle 4.3: Ausfallrate der Haselsträucher aus der Pflanzung 2012 am Anzuchtsort Thüringen.

Herkunft	n	lebend*	abgestorben	Ausfall 2013 / 14
Brandenburg	75	54	21	28 %
Hessen	46	40	6	13 %
Italien	50	34	16	32 %
Niedersachsen	50	25	25	50 %
Nordrhein-	75	66	9	12 %
Rheinland-Pfalz	75	58	17	23 %
Thüringen	50	37	13	26 %
Ungarn	25	11	14	56 %
<b>Summen / Mittelwert</b>	<b>446</b>	<b>325</b>	<b>121</b>	<b>27%</b>

*Standort Rheinland-Pfalz:*

Das verwendete Pflanzenmaterial war im Oktober 2012 in einem sehr guten und vitalen Zustand übernommen worden. Im Frühjahr 2013 (sowie 2014) wurden einige Haseln von blattfressenden Insektenraupen befallen und trockneten u. a. vermutlich deswegen im Sommer 2013 (sowie 2014) zurück. Die blattlosen Pflanzen wurden deswegen zunächst fälschlicherweise als abgestorben angesprochen, trieben aber z. g. T. von der Wurzel her neu aus.

Tabelle 4.4: Ausfallrate der Haselsträucher aus der Pflanzung 2012 / 2013 am Anzuchtsort Rheinland-Pfalz.

Herkunft	Anzahl (n)	Anzahl 10. 2014	Ausfall	Ausfall (%)
Brandenburg	42	38	4	9,5
Hessen	16	14	2	12,5
Italien	65	63	2	3,1
Niedersachsen	17	13	4	23,5
Nordrhein-Westfalen	66	66	0	0,0
Rheinland-Pfalz	45	38	7	15,6
Thüringen	17	17	0	0,0
Ungarn	nicht vertreten			
<b>Summe</b>	<b>268</b>	<b>249</b>	<b>19</b>	<b>7</b>

## Gesamtbewertung des Anwuchserfolges an allen drei Anzuchtsorten

Tabelle 4.5: Finale Ausfallrate der Hasel an den drei Anzuchtsorten.

HERKUNFT	BB	RP	TH	Mittelwert
BB	14%	10%	28%	17%
HE	15%	13%	13%	14%
IT	25%	3%	32%	20%
NI	15%	24%	50%	30%
NW	2%	0%	12%	5%
RP	15%	16%	23%	18%
TH	21%	0%	26%	16%
UN	45%	-	56%	51%
Mittelwert	19%	9%	30%	19%

Den geringsten Ausfall zeigt die Herkunft Nordrhein-Westfalen, am Anzuchtort Rheinland-Pfalz haben sogar alle Pflanzen überlebt. Auffallend hoch ist der Ausfall der nicht heimischen Herkunft Ungarn, die allerdings nur an zwei Orten angezogen wurde. Der Anzuchtort Rheinland-Pfalz hebt sich durch seine geringe mittlere Ausfallquote von nur 9 % heraus, bei zwei Herkünften war hier kein Ausfall zu beobachten (Nordrhein-Westfalen und Thüringen).

### 4.1.3. WACHSTUM UND PHÄNOLOGIE

*Standort: Brandenburg (Forstbaumschule Eberswalde)*

Vor Beginn der phänologischen Aufnahmen wurde im April 2013 die Höhe der im Herbst 2012 gepflanzten Haseln erstmals gemessen. Dabei erreichten die Herkünfte aus NRW und Brandenburg mit durchschnittlich 60 cm bei vergleichbar hohen Streuungen die größten Wuchshöhen. Das geringste Höhenwachstum zeigten die Herkünfte aus Italien, Hessen und Rheinland-Pfalz mit einer durchschnittlichen Wuchshöhe < 40 cm. Eine Mittelgruppe nehmen die Herkünfte aus Niedersachsen, Thüringen und Ungarn ein (< 50 cm).

Bei einer erneuten Aufnahme im Februar 2014 erreichten die höchsten Haseln nun Wuchshöhen von > 100 cm. Allerdings hatten sich die Streuungen innerhalb der Herkünfte deutlich erhöht. Wie bereits im Jahr 2013 zeigten die Herkünfte aus NRW und Brandenburg das größte Höhenwachstum, während Italien, Hessen und Rheinland-Pfalz auf geringem Niveau verblieben (Abbildung 4.9).

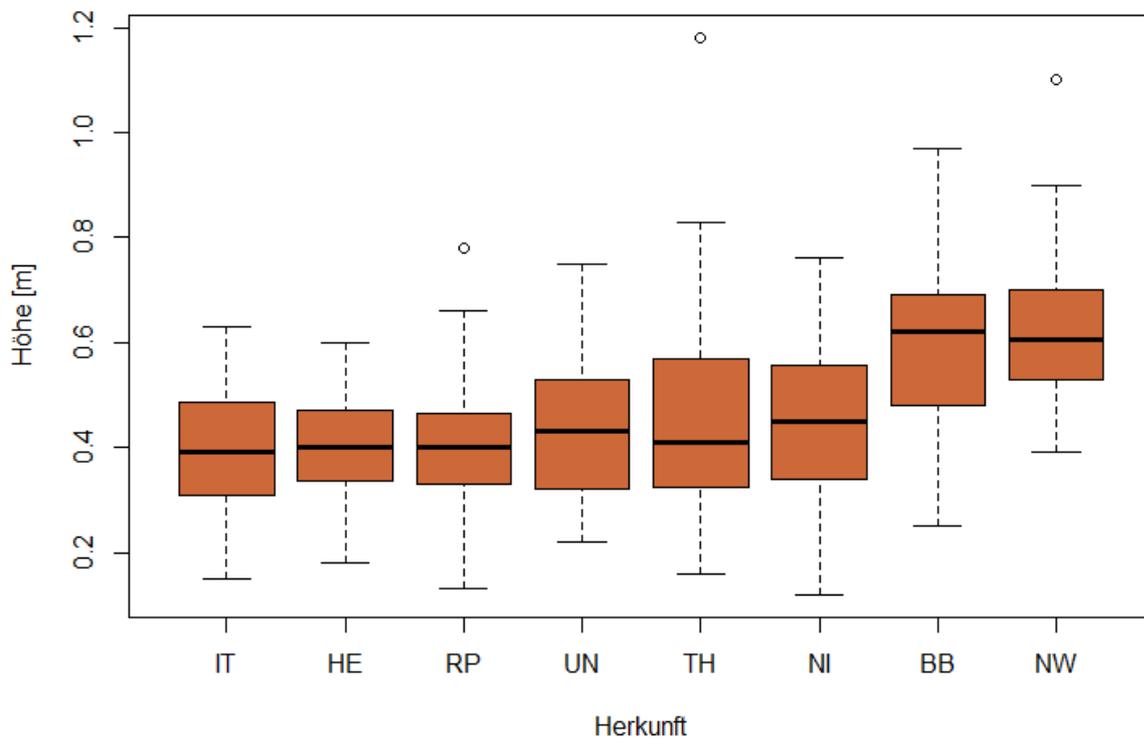


Abbildung 4.9: Mediane und Streuung der Wuchshöhen der Herkünfte der Hasel am Anzuchtsort Brandenburg aus dem Pflanzjahr Herbst 2012 im Jahr 2014.

*Standort Thüringen (Forstamt Leinefelde, Rev. Zehnsberg)*

Bei der Erstaufnahme im Frühjahr 2013 erreichten die Herkünfte aus Brandenburg und Nordrhein-Westfalen die größten Höhen mit 50,7 und 47,5 cm bei etwa vergleichbarer Streuung. Dieser Trend bestätigte sich auch bei der Aufnahme 2014, wobei diese beiden Herkünfte dann 85,7 cm (NRW) und 82,0 cm (BB) groß waren. Die geringsten Höhen wiesen die Herkünfte Ungarn und Hessen in beiden Aufnahmejahren auf. Die Streuung innerhalb der Herkünfte nahm nach zwei Aufnahmejahren (2013: 16,2 cm; 2014: 21,7 cm) um rund 34 % zu.

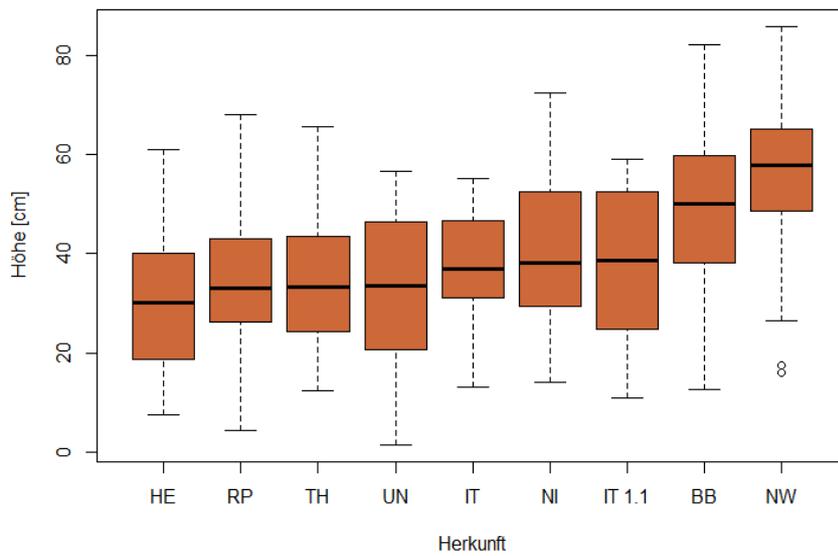


Abbildung 4.10: Mediane und Streuung der Wuchshöhen der Herkünfte der Hasel am Anzuchtsort Thüringen im Jahr 2014.

#### Standort Rheinland-Pfalz

Auch im Klonarchiv Rheinland-Pfalz erreichten die beiden Vorkommen aus Brandenburg und Nordrhein-Westfalen überdurchschnittliche Wuchshöhen.

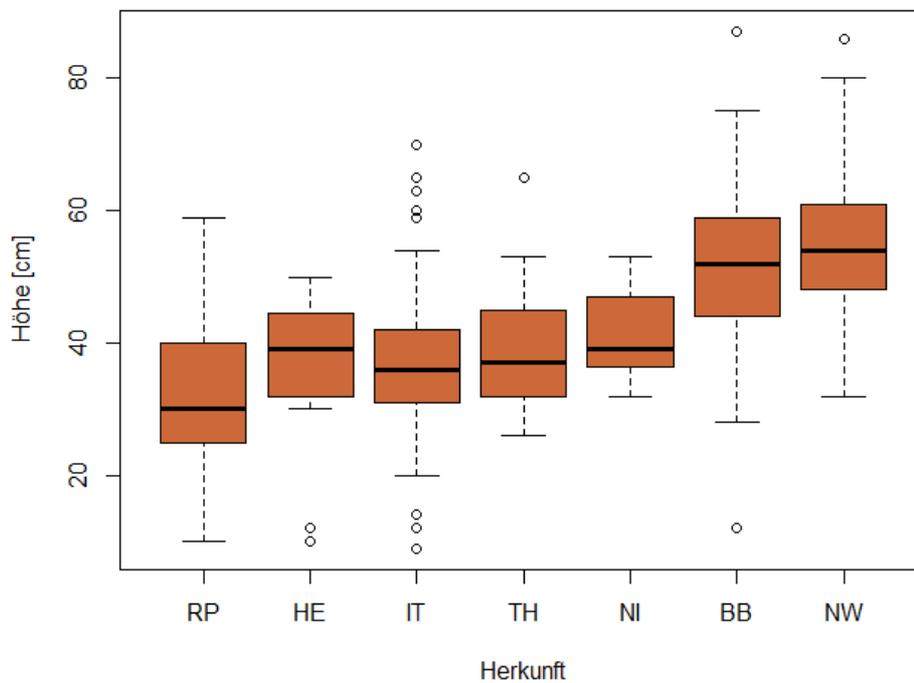
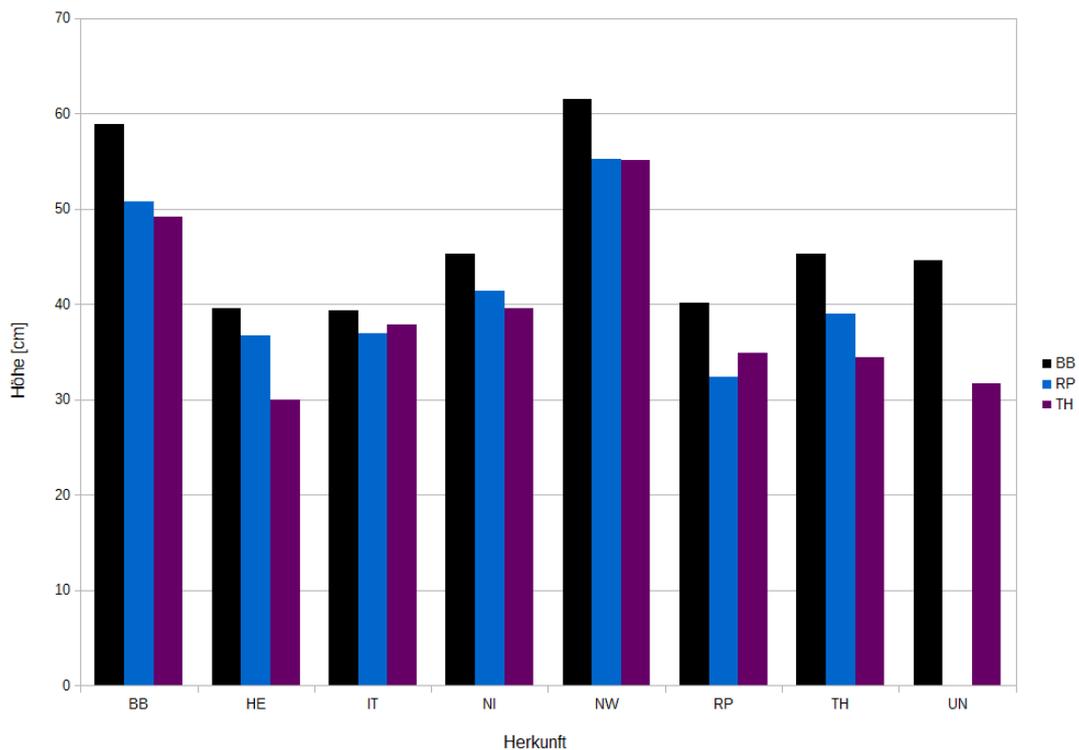


Abbildung 4.11: Mediane und Streuung der Wuchshöhen der Herkünfte der Hasel am Standort Rheinland-Pfalz 2014.

*Gesamtbetrachtung zum Wachstumserfolg der Haseln an den drei Standorten*

*Tabelle 4.6: Wuchshöhen (cm) der Hasel aus dem Pflanzjahr 2012 im Jahr 2014.*

HERKUNFT	BB	RP	TH	Mittelwert
BB	58,9	50,8	49,2	53,0
HE	39,6	36,7	30	35,4
IT	39,3	36,9	37,8	38,0
NI	45,3	41,4	39,6	42,1
NW	61,5	55,2	55,1	57,3
RP	40,1	32,4	34,9	35,8
TH	45,3	39	34,4	39,6
UN	44,5	-	31,7	38,1
Mittelwert	46,8	41,8	39,1	



*Abbildung 4.12: Vergleich der Wuchshöhen 2014 an den drei Anzuchtorten.*

Die Herkunft Nordrhein-Westfalen zeigte sich am wüchsigsten, gefolgt von der Herkunft Brandenburg. Schlechtwüchsig sind die Herkünfte Hessen und Rheinland-Pfalz. Die nichtheimischen Herkünfte Italien und Ungarn sind im Höhenwachstum nahezu identisch.

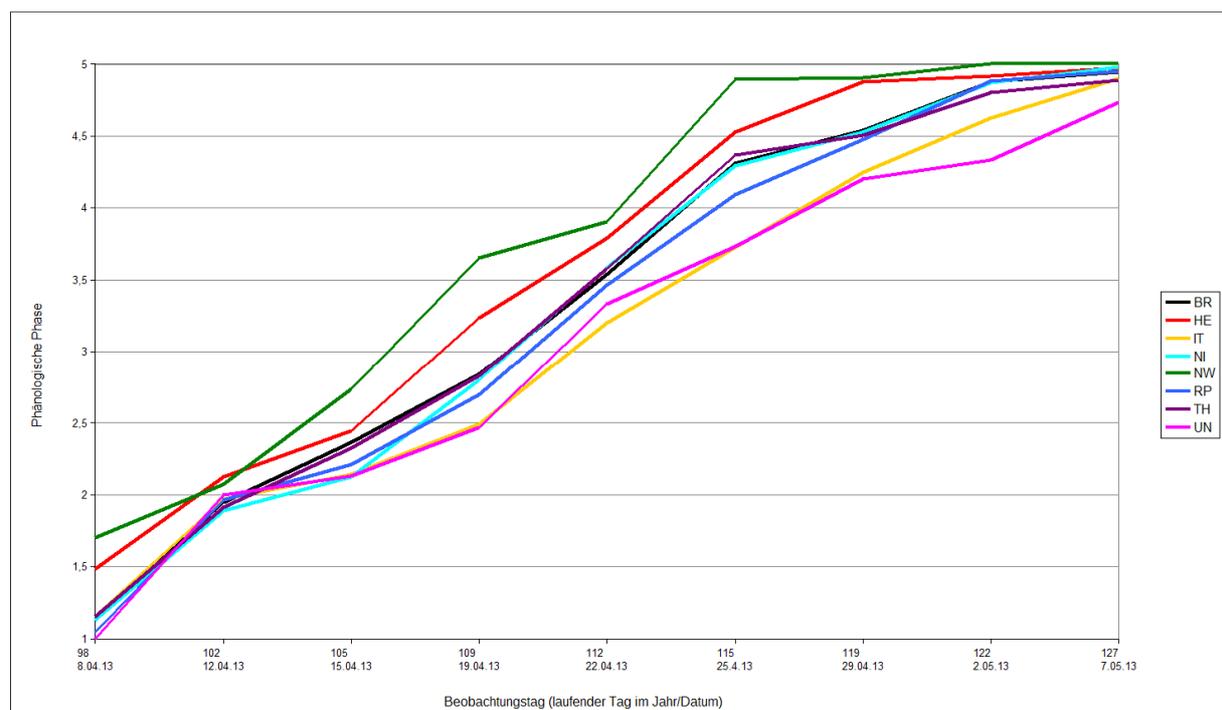
Auffällig ist der Wuchsvorsprung aller Herkünfte am Anzuchtsort Brandenburg.

#### PHÄNOLOGIE DES BLATTAUSTRIEBS

*Standort: Brandenburg (Forstbaumschule Eberswalde)*

*Aufnahmehjahr 2013*

Die Abbildung 4.13 zeigt den zeitlichen Verlauf der phänologischen Phasen der Blattformung der acht Herkünfte ab dem 08.04.2013. Sträucher der Herkünfte Nordrhein-Westfalen und Hessen trieben früher aus und schlossen am 25.04.2013 die Blattformung vollständig ab. Dagegen war bei den beiden ausländischen Herkünften Ungarn und Italien der Blattaustrieb verzögert.



*Abbildung 4.13: Zeitlicher Verlauf der fünf phänologischen Phasen der Blattformung bei den Haseln differenziert nach den Herkünften im Jahr 2013.*

Zur Verdeutlichung des unterschiedlichen Austriebsfortschritts wurde der Beobachtungstag mit der größten phänologischen Spannweite ausgesucht. Dieser Tag fiel bei der Anzucht in der Forstbaumschule Stadtsee auf den 4. Beobachtungstag („Phäno-Tag“ in Abbildung 4.14), den 19. April 2013. Die Herkunft Ungarn wies an diesem Tag den phänologischen Index 2,46 auf. Das entspricht der Grenze zwischen Stufe 2 „Knospe geschwollen“ und Stufe 3 „erste

grüne Blattspitzen sichtbar“. Die früh treibende Herkunft Nordrhein-Westfalen erreichte an diesem Tag den Index von 3,65. Die überwiegende Zahl der Pflanzen dieser Herkunft befand sich bereits an der Schwelle zur Stufe 4 „Beginn der Blattentfaltung“. Der Unterschied betrug mehr als eine phänologische Phase, eine größere Spannweite zwischen den Indices wurde an den folgenden Tagen nicht mehr erreicht.

Anzucht in:	<b>BR</b>
Spanne	1.19
Datum	19.4.2013
Phäno-Tag	4
Tag im Jahr	109
<b>Austrieb</b>	
Spät	UN
	IT
	RP
	NI
	TH
	BR
	HE
Früh	NW

Abbildung 4.14: Austriebsreihenfolge der Hasel am 19. April 2013.

#### Aufnahmejahr 2014

Wie schon im Untersuchungsjahr 2013 beobachtet, trieben die Herkünfte Nordrhein-Westfalen und Hessen früh, die Herkünfte Ungarn und Italien spät aus. Bei der Herkunft Ungarn muss hier beachtet werden, dass es sich nur um 11 Pflanzen handelt. Ein anderes Austriebsverhalten zeigten die ungarischen Haseln mit 126 Pflanzen der ersten Anzucht, hier war der Austrieb bereits am 13. Beobachtungstag beendet.

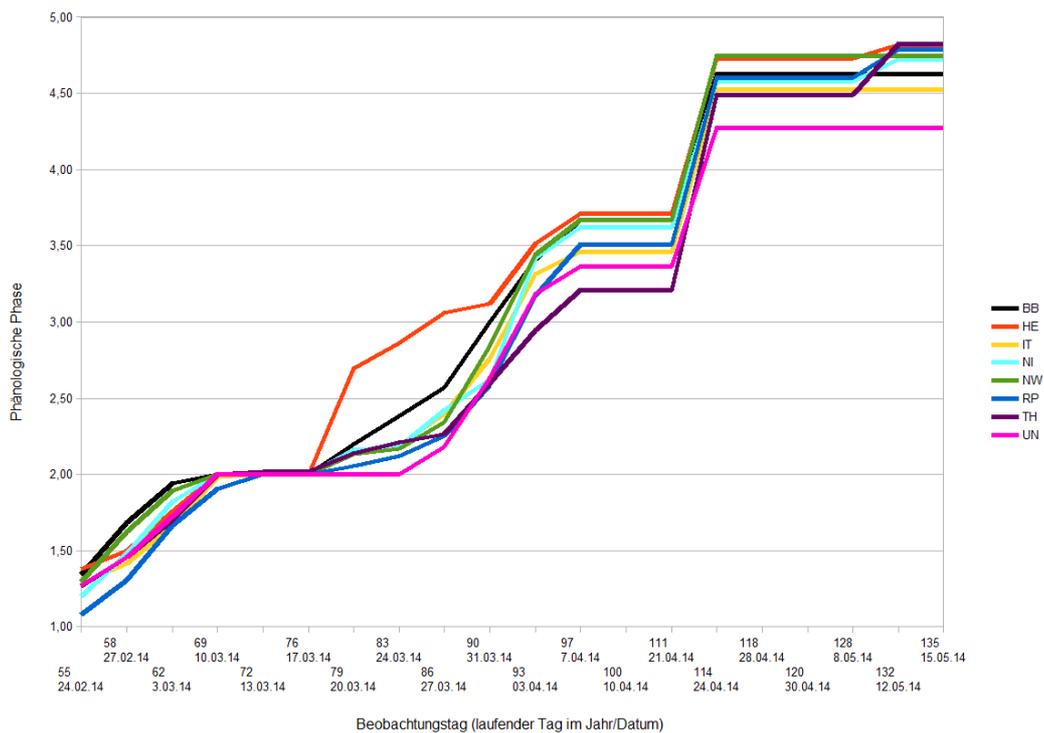


Abbildung 4.15: Zeitlicher Verlauf der fünf phänologischen Phasen der Blattentfaltung bei den Haseln differenziert nach den Herkünften im Jahr 2014 am Standort Eberswalde (Brandenburg).

#### Blühphänologie 2014

An den Haselsträuchern wurde zeitgleich zur Ansprache der Blattentfaltung eine dreistufige Blühbonitur vorgenommen. Ergebnisse der Ansprache zeigen die Tabelle 4.7 und die Abbildung 4.16.

Tabelle 4.7: Prozentualer Anteil blühender Haselsträucher im Frühjahr 2014 am Anzuchtsort Brandenburg.

Herkunft	Anzahl	mit Blüte	In %
UN	11	10	91%
BB	70	46	66%
RP	75	36	48%
HE	66	27	41%
TH	57	20	35%
NI	50	13	26%
IT	63	15	24%
NW	82	6	7%

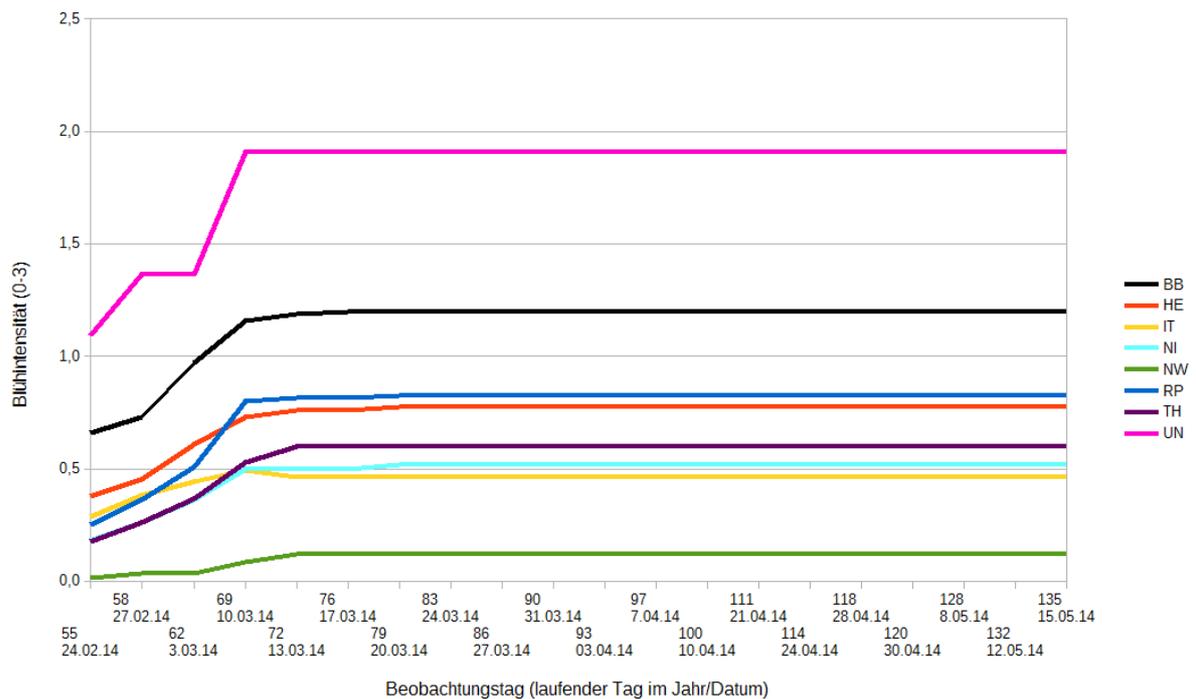


Abbildung 4.16: Blühintensität der Haseln im Frühjahr 2014 am Anzuchtsort Brandenburg.

Die Herkunft Ungarn zeigt die stärkste Blüte, dabei ist sie in diesem Anzuchtjahr nur mit 11 Exemplaren vertreten. Die zweitstärkste Blüte sowohl im prozentualen Anteil blühender Sträucher als auch in der Blühintensität weist die regionale Herkunft Brandenburg auf. Auffallend ist die schwache Blüte der Herkunft Nordrhein-Westfalen. Vergleicht man die Ergebnisse mit der ersten Anzucht der Hasel (Reste der ersten Anzucht aus NRW), zeigt die Herkunft Nordrhein-Westfalen prozentual die zweitstärkste Blüte (Tabelle 4.8):

Tabelle 4.8: Prozentualer Anteil blühender Haselsträucher der ersten Anzucht im Frühjahr 2014 am Anzuchtsort Brandenburg.

Herkunft	Anzahl	mit Blüte	(%)
UN	126	105	83%
NW	82	52	63%
TH	28	16	57%
IT	11	6	55%

Die Herkunft Ungarn zeigt genau wie bei der zweiten Anzucht den höchsten Prozentanteil blühender Sträucher.

Standort Thüringen:

Aufnahmejahr 2013

Die Abbildung 4.17 zeigt den zeitlichen Verlauf der phänologischen Phasen der Blattformung der acht Herkünfte ab dem 16.04.2013 am Anzuchtsort Thüringen. Sträucher der Herkünfte Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz trieben früher aus und schlossen am 28.05.2013 die Blattformung vollständig ab. Dagegen war bei der Herkunft aus Ungarn, wie auch auf der brandenburgischen Fläche, der Blattaustrieb verzögert.

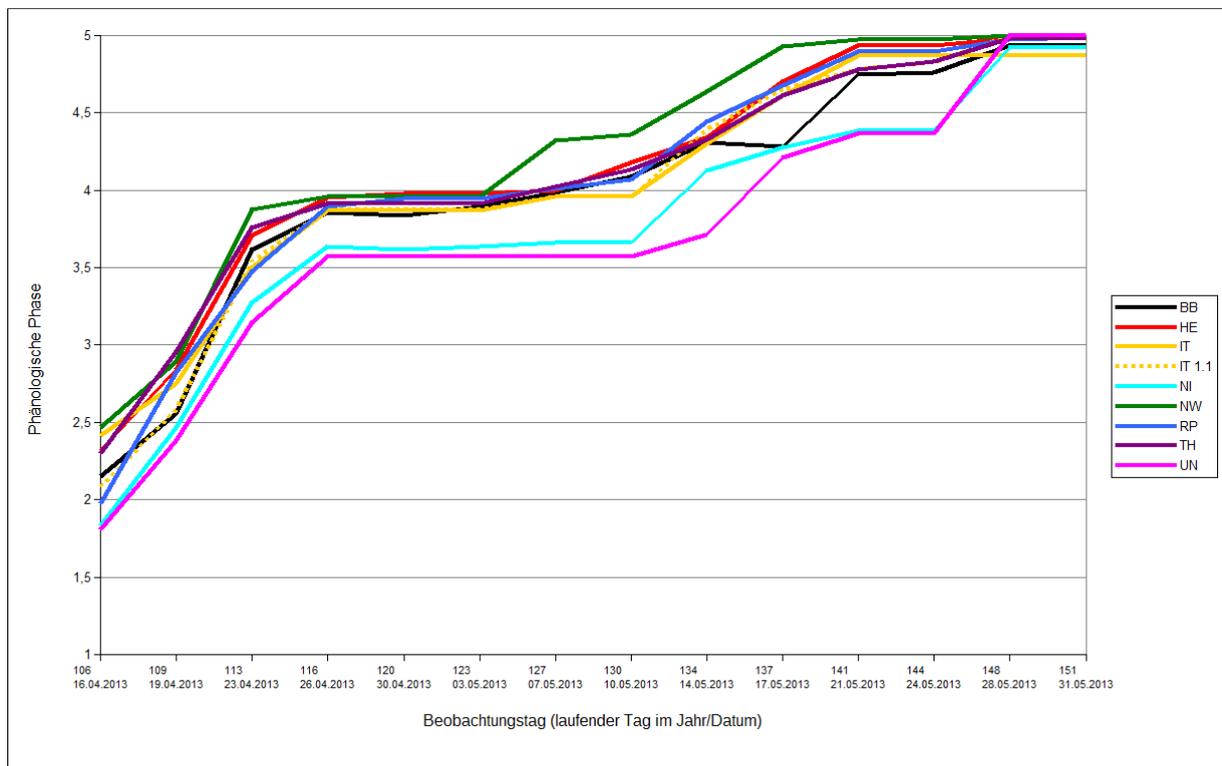


Abbildung 4.17: Zeitlicher Verlauf der fünf phänologischen Phasen der Blattformung bei den Haseln differenziert nach den Herkünften im Jahr 2013 am Anzuchtsort Thüringen.

Aufnahmejahr 2014

Die Abbildung 4.18 zeigt den zeitlichen Verlauf der phänologischen Phasen der Blattformung der acht Herkünfte ab dem 13.03.2014 (P1) am Anzuchtsort Thüringen. Sträucher der Herkünfte Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz trieben, wie schon 2013 beobachtet, früher aus und schlossen um den 1.05.2014 die Blattformung vollständig ab. Dagegen war bei der Herkunft Ungarn wieder der Blattaustrieb verzögert. Auch die Herkünfte Hessen und Niedersachsen trieben später aus.

Die Differenzierung zwischen den Herkünften war im Jahr 2014 geringer, die spät- bzw. frühtreibenden Herkünfte sind aber in der zeitlichen Abfolge „stabil“ geblieben sind. Lediglich im Mittelfeld wurden die Plätze getauscht.

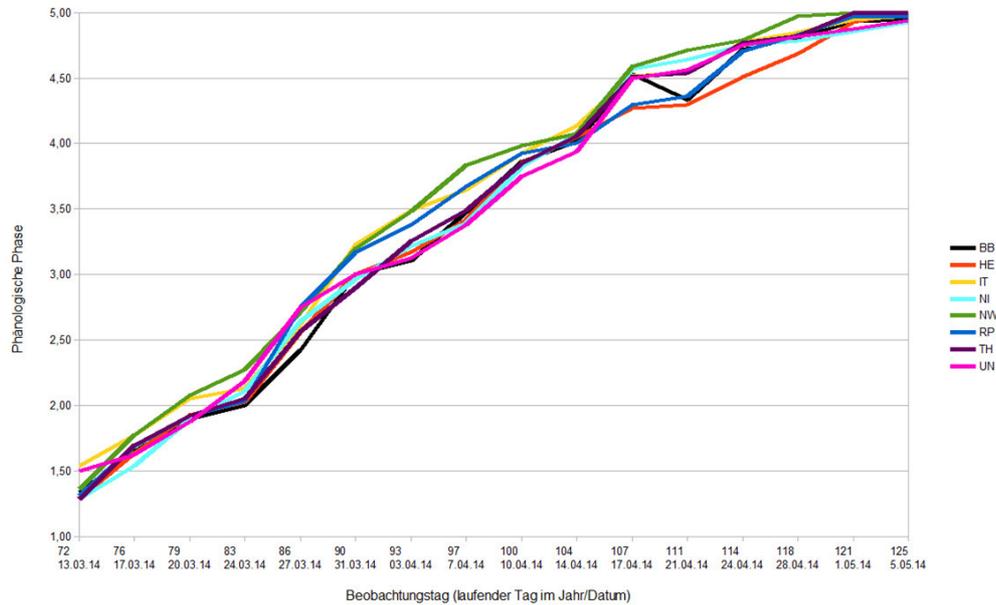


Abbildung 4.18: Zeitlicher Verlauf der fünf phänologischen Phasen der Blattentfaltung bei den Haseln differenziert nach den Herkünften im Jahr 2014 am Anzuchtsort Thüringen.

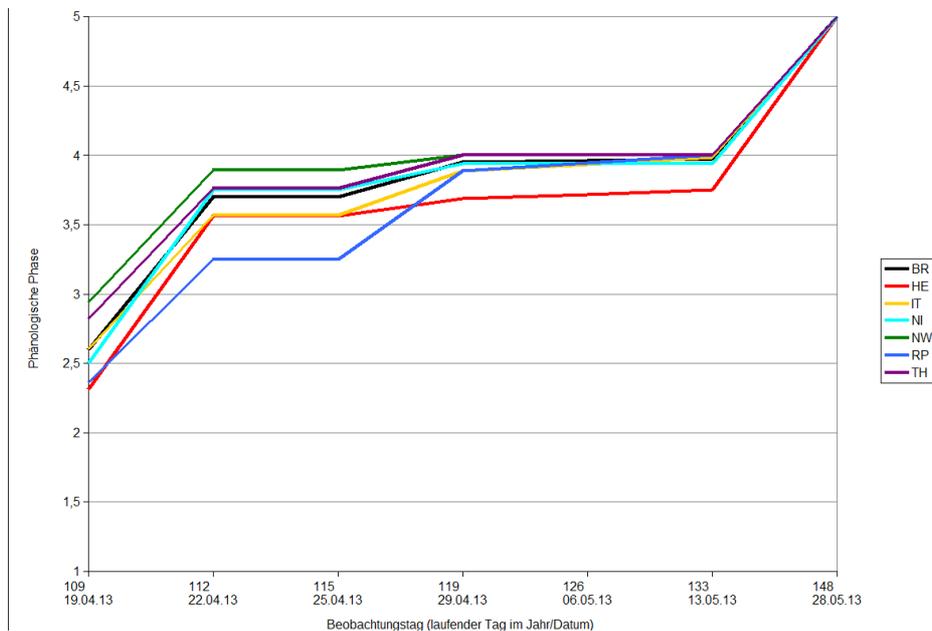
Anzucht in:	TH	TH
Spanne	0,92	0,46
Datum	14.05.2013	07.04.2014
Phäno-Tag	P09	P08
Tag im Jahr	134	97
<b>Austrieb</b>		
Spät	UN	UN
	NI	NI
	BB	HE
	TH	BB
	HE	TH
	IT	IT
	RP	RP
Früh	NW	NW

Abbildung 4.19: Vergleich der Austriebsreihenfolge am Tag der größten phänologischen Spannweite zwischen den Jahren 2013 und 2014 am Anzuchtsort Thüringen.

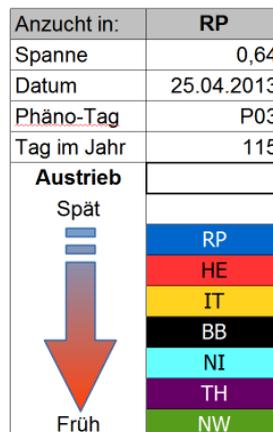
*Standort Rheinland-Pfalz:*

*Aufnahmejahr 2013*

Aus dem Aufnahmejahr 2013 liegen die phänologischen Beobachtungen von 7 Tagen vor. Zu beachten ist, dass am Standort Rheinland-Pfalz keine Herkunft aus Ungarn ausgepflanzt werden konnte. Die Abbildung 4.20 zeigt den zeitlichen Verlauf der phänologischen Phasen der Blühtentfaltung der sieben Herkünfte ab dem 19.04.2013 am Anzuchtsort Rheinland-Pfalz. Die Herkünfte Thüringen und Nordrhein-Westfalen trieben früh aus, vor allem die Herkünfte Rheinland-Pfalz und Hessen blieben im Austrieb zurück.



*Abbildung 4.20: Zeitlicher Verlauf der fünf phänologischen Phasen der Blühtentfaltung bei den Haseln differenziert nach den Herkünften im Jahr 2013 am Anzuchtsort Rheinland-Pfalz.*



*Abbildung 4.21: Austriebsreihenfolge der Hasel am 25. April 2013 am Anzuchtsort Rheinland-Pfalz.*

## Aufnahmejahr 2014

Durch den außergewöhnlich warmen Winter 2013 / 2014 begannen die Knospen einzelner Haseln bereits Ende Februar zu schwellen.

In einer darauffolgenden Wetteränderung mit stabilen, kühleren Temperaturen stockte der beginnende Entwicklungstrieb der Hasel aber, so dass ab 13.3.2014 mit der Austriebsbonitur begonnen wurde.

Damit zeigt die Phänologie 2014 bis auf die in beiden Untersuchungsjahren spättriebende Herkunft aus Rheinland-Pfalz ein etwas anderes Bild als die Untersuchung im Jahr 2013. In diesem Jahr war die Herkunft Italien eher spättriebend. Gründe dafür könnten im noch zu überwindenden Pflanzschock liegen sowie dem Anteil zurückgetrockneter und dann neu ausgetriebener Pflanzen.

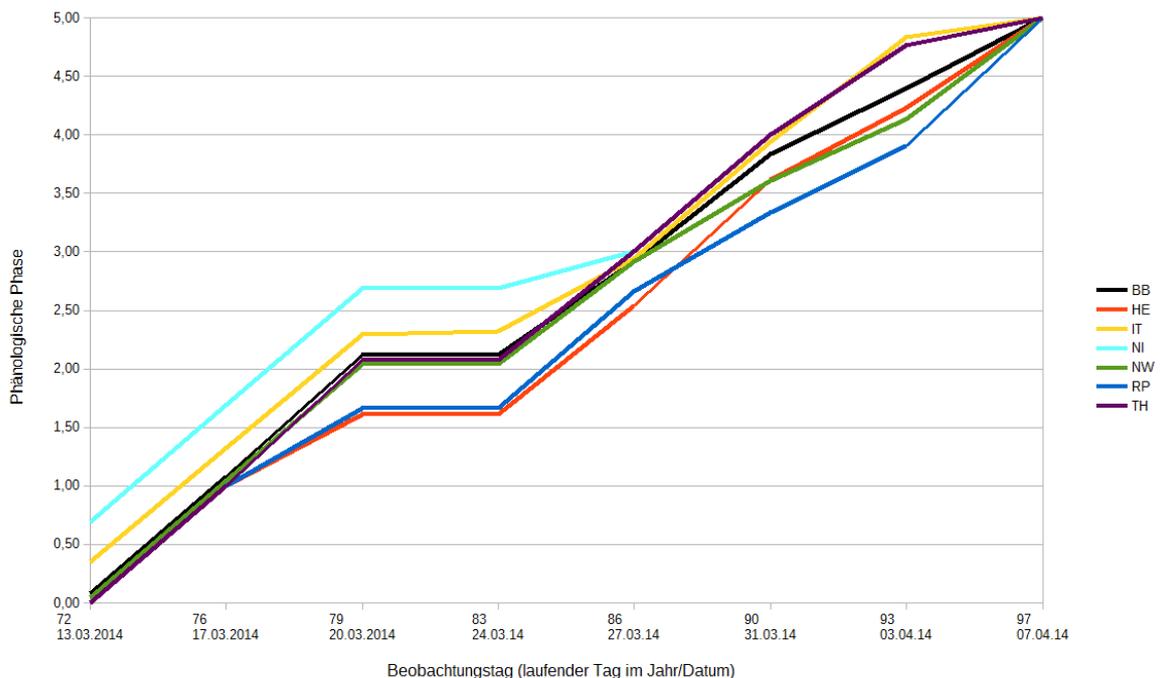


Abbildung 4.22: Zeitlicher Verlauf der fünf phänologischen Phasen der Blatentfaltung bei den Haseln differenziert nach den Herkünften im Jahr 2014 am Anzuchtsort Rheinland-Pfalz.

Anzucht in:	BB	RLP
Spanne	0,88	1,08
Datum	27.03.2014	24.03.2014
Phäno-Tag	9	4
Tag im Jahr	86	83
<b>Austrieb</b>		
Spät	UN	
	RP	HE
	TH	RP
	NW	NW
	IT	TH
	NI	BB
	BB	IT
Früh	HE	NI

Abbildung 4.23: Vergleich der Austriebsreihenfolge der Hasel im Frühjahr 2014 an den Anzuchtsorten Brandenburg und Rheinland-Pfalz.

### Blühphänologie

Im Rahmen der Phänologie des Blattaustriebs wurde 2013 und 2014 die Blühintensität der Hasel am Anzuchtsort Antonihof (Rheinland-Pfalz) untersucht. Die Herkunftse aus Niedersachsen und Brandenburg stehen in ihrer Blühintensität in beiden Jahren deutlich hervor (Abbildung 4.24).

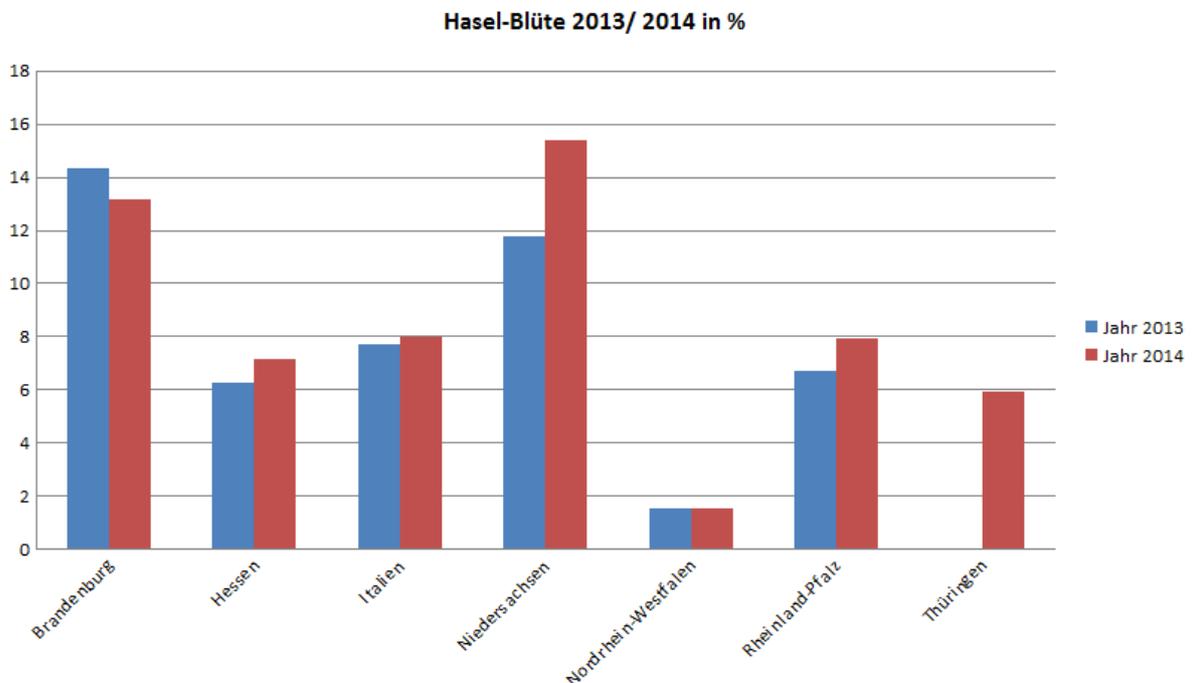


Abbildung 4.24: Blühintensität (in %) der Hasel in den Frühjahren 2013 und 2014 am Anzuchtsort Antonihof.

#### 4.1.4. BIOMARKERANALYSEN

Biomarker sind physiologische und/oder biochemische Größen, die auf Umwelteinflüsse reagieren und auf den verschiedenen Organisationsebenen (Molekül, Zelle, Gewebe, Organ) als Maß für die Anpassung an Stressbelastungen quantifiziert werden können. Nach dem aktuellen Kenntnisstand der Gehölzphysiologie werden für das Forschungsvorhaben Parameter ausgewählt, die unter bekannten Ökosystembedingungen in einer direkten oder indirekten Beziehung zum physiologischen Leistungspotenzial in den Hauptstoffwechselbereichen (Energie-, Primär- und Sekundärstoffwechsel) stehen. Es werden folgende Parameter bestimmt: Blatttrockenmassen, Blattwassergehalt, osmotisches Blattwasserpotenzial, Prolin, Gesamtaminosäuren, Ascorbat, Gesamtkohlenhydrate und phenolische Blattinhaltsstoffe.

In den folgenden Tabellen werden signifikante Unterschiede der Mittelwerte (MW) durch unterschiedliche Buchstaben gekennzeichnet.

##### *Blatt-Trockenmasse, Blattflächen und Blattflächendichte*

Zwischen den acht Herkünften der Anzucht vom Herbst 2012 (2. Pflanztermin) bestanden in beiden Untersuchungsjahren keine signifikanten Unterschiede bezüglich der Blatt-Trockenmassen (s. Tabelle 1 im Anhang). Tendenziell entwickelten die Herkünfte aus Niedersachsen und Ungarn die höchsten und Hessen und Italien die geringsten Blattmassen.

Von diesen Ergebnissen unterschieden sich die Blätter aus der Herkunft Italien von der Anzucht Frühjahr 2012 (1. Pflanztermin) signifikant. Sie erreichten im Jahr 2013 mit Abstand die höchsten Blattmassen. Diese Unterschiede waren im Jahr 2014 wieder ausgeglichen.

*Tabelle 4.9: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) der Trockenmasse der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 1. Pflanztermin.*

2013						
Herkunft	n	MW [mg]	Varianz [%]	Median [mg]	Min [mg]	Max [mg]
Ungarn	23	359 (a)	37,8	362	98	635
Italien	2	588 (b)	15,5	588	524	653
Nordrhein-Westfalen	14	341 (a)	37,0	298	69	521

<b>Thüringen</b>	12	306 (a)	29,9	327	138	481
<b>2014</b>						
<b>Ungarn</b>	23	347 (a)	30,5	350	186	577
<b>Italien</b>	2	292 (a)	1,21	292	290	295
<b>Hessen</b>	1	260		260		
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	14	296 (a)	28,0	292	162	476
<b>Thüringen</b>	12	352 (a)	19,7	366	220	468

## Blattflächen

Im Untersuchungsjahr 2013 bestanden zwischen den acht Herkunftten der Anzucht vom Herbst 2012 noch keine signifikanten Unterschiede bezüglich der Blattflächen. Tendenziell entwickelten die Herkunftte aus Ungarn und Brandenburg die höchsten und Rheinland-Pfalz und Hessen die geringsten Blattflächen. Im Jahr 2014 waren die Unterschiede hoch signifikant. Im Gegensatz zu den großen Blattflächen der Herkunftte aus Brandenburg und Ungarn bildeten die Herkunftte aus Italien, Hessen und Rheinland-Pfalz die kleinsten Blätter aus. Wie auch bei den Blatt-Trockenmassen unterschieden sich die Blätterflächen aus der Herkunft Italien von der Anzucht des Frühjahres 2012 hoch signifikant, im Folgejahr jedoch nicht mehr.

*Tabelle 4.10 a: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) der Blattfläche der einzelnen Herkunftte beider Untersuchungsjahre; 2. Pflanztermin.*

2013						
Herkunft	n	MW [mm <sup>2</sup> ]	Varianz [%]	Median [mm <sup>2</sup> ]	Min [mm <sup>2</sup> ]	Max [mm <sup>2</sup> ]
Ungarn	4	2970 (a)	25,7	2800	2249	4031
Italien	15	2378 (a)	24,4	2384	1455	3479
Brandenburg	15	2884 (a)	32,5	2649	1529	4740
Hessen	14	2335 (a)	37,1	2178	947	4120
Niedersachsen	14	2783 (a)	30,7	2502	1591	4353
Nordrhein-Westfalen	15	2584 (a)	20,8	2596	1413	3548
Rheinland-Pfalz	15	2317 (a)	29,0	2354	1189	3331
Thüringen	15	2921 (a)	35,7	2466	1736	5029
2014						
Ungarn	4	5461 (bc)	31,7	4779	4260	8026
Italien	15	3056 (a)	37,8	3129	1399	4876
Brandenburg	15	6045 (c)	29,5	5767	2936	10234
Hessen	14	3177 (a)	30,5	3029	1918	5237
Niedersachsen	15	3547 (ab)	36,3	2860	2285	6557
Nordrhein-Westfalen	15	4043 (abc)	46,1	35,05	2337	8276
Rheinland-Pfalz	15	3260 (a)	44,4	3113	1056	5716
Thüringen	15	4084 (abc)	56,8	3689	1228	10672

Tabelle 4.10 b: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) der Blattfläche der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 1. Pflanztermin.

2013						
Herkunft	n	MW [mm <sup>2</sup> ]	Varianz [%]	Median [mm <sup>2</sup> ]	Min [mm <sup>2</sup> ]	Max [mm <sup>2</sup> ]
Ungarn	23	6875 (a)	34,2	6867	1877	12578
Italien	2	10528 (b)	15,5	10528	9375	11681
Nordrhein-Westfalen	14	5744 (a)	35,8	5928	1137	8995
Thüringen	12	6524 (a)	29,7	6783	2936	10234
2014						
Ungarn	23	5081 (a)	35,7	4894	2514	10088
Italien	2	4964 (a)	16,9	4964	4372	5556
Nordrhein-Westfalen	14	4823 (a)	34,3	4606	2706	8311
Hessen	1	3887		3887		
Thüringen	12	6062 (a)	24,0	6770	3773	7962

#### *Spezifische Blattflächen*

Resultierend aus den Blattflächen und Blattgewichten unterschieden sich die spezifischen Blattflächen [cm<sup>2</sup>/g Trockenmasse] im Jahre 2013 zwischen den Herkünften aus der Anzucht im Herbst 2012 nicht signifikant. Im Jahr 2014 fielen die signifikant hohen spezifischen Blattflächen der Brandenburger Haseln auf, während die Werte der Herkünfte aus Italien, Hessen und Rheinland-Pfalz signifikant vermindert waren.

Die Werte aus der Anzucht vom Frühjahr 2012 unterschieden sich in beiden Untersuchungsjahren nicht signifikant zwischen den Herkünften (s. Tabelle 2 im Anhang).

Tabelle 4.11: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) der spezifischen Blattfläche der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 2. Pflanztermin.

2013						
Herkunft	n	MW [cm <sup>2</sup> / g]	Varianz [%]	Median [cm <sup>2</sup> / g]	Min [cm <sup>2</sup> / g]	Max [cm <sup>2</sup> / g]
Ungarn	4	143 (a)	8,9	143	127	158
Italien	15	126 (a)	10,4	125	108	150
Brandenburg	15	138 (a)	11,0	134	121	174
Hessen	14	126 (a)	9,7	125	107	141
Niedersachsen	14	131 (a)	9,0	130	104	150
Nordrhein-Westfalen	15	131 (a)	8,3	130	114	152
Rheinland-Pfalz	15	133 (a)	10,9	130	104	157
Thüringen	15	142 (a)	12,1	144	114	166
2014						
Ungarn	4	166 (ab)	30,0	150	125	238
Italien	15	134 (a)	15,1	132	113	194
Brandenburg	15	188 (b)	23,2	206	120	245
Hessen	14	138 (a)	10,2	138	111	163
Niedersachsen	15	149 (ab)	29,2	133	111	279
Nordrhein-Westfalen	15	148 (ab)	28,7	135	115	253
Rheinland-Pfalz	15	135 (a)	15,8	128	110	203
Thüringen	15	158 (ab)	30,3	144	72	264

### Energiestoffwechsel

### Chlorophyllgehalt

Bezüglich der Gesamtchlorophyllgehalte differenzierten sich die Haseln in drei Gruppen. Den signifikant höchsten Chlorophyllgehalt hatten die Blätter der Herkunft Thüringen aus beiden Anzuchten. Ebenfalls übereinstimmend aus beiden Anzuchten wiesen die Blätter der

Herkunft NRW den niedrigsten Chlorophyllgehalt auf. Alle anderen Herkünfte bildeten eine intermediäre Gruppe. Die hohen Chlorophyllgehalte der Thüringer Herkunft bestätigten sich auch im Jahr 2014.

*Tabelle 4.12 a: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gesamtchlorophyllgehaltes der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 2. Pflanztermin.*

<b>2013</b>						
<b>Herkunft</b>	<b>n</b>	<b>MW [mg / g TM]</b>	<b>Varianz [%]</b>	<b>Median [mg / g TM]</b>	<b>Min [mg / g TM]</b>	<b>Max [mg / g TM]</b>
<b>Ungarn</b>	4	3,67 (ab)	18,8	3,57	3,09	4,48
<b>Italien</b>	15	3,12 (ab)	21,9	3,06	2,05	4,54
<b>Brandenburg</b>	15	3,69 (ab)	26,6	3,55	1,58	5,72
<b>Hessen</b>	14	3,24 (ab)	28,7	3,24	1,54	4,75
<b>Niedersachsen</b>	14	3,18 (ab)	24,4	3,31	2,02	4,78
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	15	2,88 (a)	27,6	3,00	1,54	3,97
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	3,74 (ab)	18,6	3,72	2,86	5,46
<b>Thüringen</b>	15	4,03 (b)	26,5	3,89	2,01	5,78
<b>2014</b>						
<b>Ungarn</b>	4	1,81 (a)	79,9	1,20	0,88	3,95
<b>Italien</b>	15	2,38 (ab)	44,0	2,78	0,88	3,77
<b>Brandenburg</b>	15	2,62 (ab)	43,9	3,03	1,00	4,72
<b>Hessen</b>	14	2,22 (ab)	31,5	2,31	1,16	3,20
<b>Niedersachsen</b>	15	2,62 (ab)	40,6	2,94	0,97	3,96
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	15	2,24 (ab)	43,5	1,91	1,03	4,03
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	1,78 (a)	72,3	1,13	0,87	4,65
<b>Thüringen</b>	15	3,24 (b)	27,8	3,40	1,48	4,92

Tabelle 4.12 b: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gesamtchlorophyllgehaltes der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 1. Pflanztermin.

2013						
Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	23	3,73 (ab)	30,9	3,87	1,86	6,44
Italien	2	3,86 (ab)	20,7	3,86	3,30	4,43
Nordrhein-Westfalen	14	3,41 (a)	27,5	3,47	1,28	4,88
Thüringen	12	5,42 (b)	26,9	5,42	3,03	8,23
2014						
Ungarn	23	2,23 (a)	47,2	2,29	0,76	4,63
Italien	2	4,92 (b)	33,9	4,92	3,74	6,10
Nordrhein-Westfalen	14	2,89 (a)	18,4	3,06	2,20	3,88
Hessen	1	2,34		2,34		
Thüringen	12	2,86 (a)	46,1	2,33	1,41	5,52

Die Chlorophyllgehalte der Thüringer Proben waren insgesamt vermindert und nicht signifikant unterschiedlich (s. Tabelle 3 im Anhang), was eher auf die Blattalterung als auf standörtliche Unterschiede zurückzuführen sein dürfte. Unterstellt man ähnliche Abbauraten, so hätten die Haseln aus Nordrhein-Westfalen vergleichsweise höhere Gehalte.

#### *Pigmentverhältnisse*

Die Haseln aus der Anzucht vom Herbst 2012 bildeten im Jahr 2013 drei signifikant verschiedene Gruppen bezüglich des Chlorophyll-Carotinoid-Verhältnisses. Die Carotinoidgehalte der Herkünfte Italien, Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz waren deutlich erhöht, so dass die Pigmentverhältnisse signifikant vermindert sind. Bei der Herkunft aus Ungarn waren die Verhältnisse entgegengesetzt.

Bei den Pflanzen aus der Anzucht des Frühjahres 2012 war dagegen der Quotient bei der Herkunft aus Thüringen signifikant erhöht, wobei die Werte insgesamt höher waren als bei der Herbstanzucht. Übereinstimmend mit der Anzucht vom Frühjahr sind die relativ geringen Quotienten der beiden Pflanzungen der Herkunft Italien, die sich jedoch nicht statistisch signifikant unterschieden.

*Tabelle 4.13 a: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Pigmentverhältnisses Gesamtchlorophyll - Carotinoide der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 2. Pflanztermin.*

<b>2013</b>						
<b>Herkunft</b>	<b>n</b>	<b>MW</b>	<b>Varianz [%]</b>	<b>Median</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>
<b>Ungarn</b>	4	5,77 (b)	4,8	5,79	5,45	6,04
<b>Italien</b>	15	5,23 (a)	5,2	5,19	4,82	5,68
<b>Brandenburg</b>	15	5,52 (ab)	7,0	5,55	4,66	6,20
<b>Hessen</b>	14	5,46 (ab)	6,6	5,49	4,76	6,04
<b>Niedersachsen</b>	14	5,40 (ab)	4,5	5,35	5,04	5,94
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	15	5,27 (a)	4,5	5,27	4,94	5,71
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	5,31 (a)	5,6	5,22	4,86	5,84
<b>Thüringen</b>	15	5,50 (ab)	8,4	5,42	4,85	6,19
<b>2014</b>						
<b>Ungarn</b>	4	5,66 (ab)	5,7	5,63	5,29	6,07
<b>Italien</b>	15	5,63 (ab)	7,8	5,55	4,98	6,25
<b>Brandenburg</b>	15	5,89 (b)	5,4	5,92	5,40	6,59
<b>Hessen</b>	14	5,86 (b)	4,2	5,88	5,31	6,26
<b>Niedersachsen</b>	15	5,70 (ab)	7,9	5,88	4,93	6,32
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	15	5,78 (ab)	5,0	5,86	5,11	6,07
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	5,36 (a)	7,7	5,23	4,86	6,20
<b>Thüringen</b>	15	5,85 (b)	5,2	5,83	5,41	6,32

Tabelle 4.13 b: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Pigmentverhältnisses Gesamtchlorophyll - Carotinoide der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 1. Pflanztermin.

2013						
Herkunft	n	MW	Varianz [%]	Median	Min	Max
Ungarn	23	5,81 (a)	6,3	5,73	5,25	6,46
Italien	2	5,62 (a)	1,6	5,62	5,56	5,69
Nordrhein-Westfalen	14	5,71 (a)	3,9	5,68	5,36	6,05
Thüringen	12	6,41 (b)	6,9	6,38	5,55	7,33
2014						
Ungarn	23	5,73 (a)	7,7	5,75	4,99	7,19
Italien	2	6,98 (b)	11,0	6,98	6,44	7,53
Nordrhein-Westfalen	14	6,20 (a)	2,7	6,16	5,99	6,50
Hessen	1	5,69		5,69		
Thüringen	12	6,23 (a)	5,1	6,15	5,88	6,78

Die Chlorophyll-Carotinoid-Verhältnisse der Haseln am Thüringer Standort waren generell geringer. Die Ursache hierfür liegt an der späten Beprobung Ende August 2014 mit dem bereits einsetzenden Chlorophyllabbau. Bei den Pflanzen der ungarischen Herkunft scheint der Abbau am fortgeschrittensten zu sein.

*Tabelle 4.14: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Pigmentverhältnisses Gesamtchlorophyll - Carotinoide der einzelnen Herkünfte in der Thüringer Baumschule 2014.*

<b>Herkunft</b>	<b>n</b>	<b>MW</b>	<b>Varianz [%]</b>	<b>Median</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>
<b>Ungarn</b>	3	3,62 (a)	10,3	3,43	3,38	4,05
<b>Italien</b>	15	4,18 (ab)	9,2	4,25	3,68	4,87
<b>Brandenburg</b>	6	4,18 (ab)	12,1	4,01	3,70	5,13
<b>Hessen</b>	9	4,01 (ab)	6,7	4,03	3,53	4,31
<b>Niedersachsen</b>	8	3,88 (ab)	7,5	3,82	3,43	4,36
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	9	4,08 (ab)	4,2	4,10	3,82	4,44
<b>Rheinland-Pfalz</b>	4	4,25 (b)	12,1	4,19	3,72	4,89
<b>Thüringen</b>	9	4,11 (ab)	6,4	4,06	3,68	4,53

### *Primärstoffwechsel*

#### *Lösliche Kohlenhydrate*

Die Akkumulation von Kohlenhydraten tritt u.a. stets unter Wassermangelbedingungen auf, da die Phloembeladung gehemmt ist. Keine der aus beiden Anzuchtsjahren untersuchten Herkünfte unterschied sich im Jahr 2013 signifikant bzgl. des Gehaltes an löslichen Kohlenhydraten. Die Witterungsbedingungen waren am Brandenburger Standort optimal.

Eine Differenzierung war erst 2014 zu beobachten mit den höchsten Gehalten der Herkünfte Brandenburg und Ungarn. Die geringsten Kohlenhydratgehalte hatten die Blätter der Herkünfte Niedersachsen und Hessen.

Aus der Anzucht des Frühjahres 2012 fielen die geringen Kohlenhydratgehalte der Herkunft aus Italien auf. Auch bei Haseln am Thüringer Standort hatten die Blätter der italienischen Herkunft die geringsten aber nicht signifikant unterschiedlichen Kohlenhydratgehalte (s. Tabelle 4 im Anhang).

Tabelle 4.15 a: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes löslicher Kohlenhydrate der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 2. Pflanztermin.

2013						
Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	4	96,4 (a)	4,9	96,4	90,7	102,2
Italien	15	96,6 (a)	6,7	98,0	82,2	109,0
Brandenburg	15	99,4 (a)	8,2	101,9	84,5	112,8
Hessen	14	96,3 (a)	4,8	97,1	88,9	103,6
Niedersachsen	14	101,8 (a)	6,7	100,5	91,6	111,3
Nordrhein-Westfalen	15	97,6 (a)	6,8	98,1	84,4	114,3
Rheinland-Pfalz	15	96,4 (a)	9,2	94,5	85,7	114,4
Thüringen	15	98,2 (a)	12,9	94,8	81,1	128,6
2014						
Ungarn	4	123,9 (bc)	1,0	123,9	122,4	125,5
Italien	15	116,2 (abc)	4,9	114,5	105,2	126,6
Brandenburg	15	125,3 (c)	10,7	125,6	92,5	151,3
Hessen	14	112,7 (a)	7,5	113,5	91,0	124,5
Niedersachsen	15	113,2 (ab)	5,4	112,9	102,4	122,2
Nordrhein-Westfalen	15	118,2 (abc)	6,3	118,6	101,2	133,1
Rheinland-Pfalz	15	116,4 (abc)	5,8	116,0	103,5	129,5
Thüringen	15	116,2 (abc)	7,6	115,1	100,7	132,6

Tabelle 4.15 b: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes löslicher Kohlenhydrate der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 1. Pflanztermin.

2013						
Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	23	97,6 (a)	6,7	98,0	87,4	112,6
Italien	2	101,7 (a)	4,6	101,7	98,4	105,0
Nordrhein-Westfalen	14	102,5 (a)	7,3	103,4	90,4	114,3
Thüringen	12	100,3 (a)	5,8	99,6	91,3	112,1
2014						
Ungarn	23	107,9 (b)	5,6	106,5	94,6	118,7
Italien	2	96,2 (a)	10,6	96,2	88,9	103,4
Nordrhein-Westfalen	14	106,3 (b)	5,2	106,8	97,5	116,9
Hessen	1	118,9		118,9		
Thüringen	12	108,0 (b)	7,0	109,2	96,5	124,8

### Lösliche Stärke

Unter Stressbedingungen wird häufig ein verstärkter Abbau der Stärkegehalte in Blättern von Gehölzen beobachtet. Bei den Blättern der Anzucht vom Herbst 2012 unterschieden sich die Stärkegehalte der zwei Herkünften Ungarn und Niedersachsen signifikant von den anderen. Während in den Blättern der Herkunft aus Ungarn die Stärkegehalte am geringsten waren, hob sich die Herkunft aus Niedersachsen durch besonders hohe Gehalte ab. Betrachtet man die Minimalwerte der Einzelpflanzen, so wurden besonders geringe Gehalte von Pflanzen aus Italien und Ungarn erreicht.

Dies gilt jedoch nicht für die Haseln der Anzucht vom Frühjahr 2012. Hier unterschieden sich die Stärkegehalte nicht signifikant voneinander. Allerdings wurden die höchsten Gehalte bei der italienischen Herkunft ermittelt (s. Tabelle 5 im Anhang).

Im Untersuchungsjahr 2014 unterschieden sich die Pflanzen der Anzucht vom Herbst 2012 weder am Brandenburger noch am Thüringer Standort (s. Tabelle 6 im Anhang). Allerdings

waren in den Blättern der ungarischen Herkunft wieder die geringsten Stärkegehalte, ohne auf Grund der geringen Pflanzanzahlen das geforderte Signifikanzniveau zu erreichen.

*Tabelle 4.16: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Stärkegehaltes der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 2. Pflanztermin.*

2013						
Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	4	32,4 (a)	50,5	33,9	13,3	48,4
Italien	15	36,4 (ab)	50,9	34,3	12,7	67,6
Brandenburg	15	40,6 (ab)	44,6	35,8	15,7	78,7
Hessen	14	47,1 (ab)	46,5	45,1	20,2	98,1
Niedersachsen	14	55,5 (b)	31,7	59,8	14,5	80,2
Nordrhein-Westfalen	15	40,0 (ab)	42,6	37,0	20,8	72,8
Rheinland-Pfalz	15	44,2 (ab)	29,3	42,6	23,1	65,0
Thüringen	15	43,1 (ab)	37,7	37,9	20,4	78,1
2014						
Ungarn	4	32,4 (a)	26,3	32,4	17,8	34,4
Italien	15	32,0 (a)	41,4	28,9	15,5	63,3
Brandenburg	15	34,6 (a)	39,4	35,4	17,2	72,7
Hessen	14	32,9 (a)	35,6	33,2	18,4	62,5
Niedersachsen	15	31,4 (a)	37,3	31,5	9,5	53,0
Nordrhein-Westfalen	15	33,9 (a)	31,7	31,8	18,1	57,7
Rheinland-Pfalz	15	34,8 (a)	39,2	31,2	15,1	65,2
Thüringen	15	28,5 (a)	29,5	26,6	15,6	40,6

## Ascorbat

Wie auch bei den Gesamtkohlenhydratgehalten unterschieden sich im Jahre 2013 die Ascorbatgehalte der Blätter zwischen den einzelnen Herkünften aus der Anzucht vom Herbst 2012 nicht signifikant voneinander, wobei die höchsten mittleren Gehalte von Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz erreicht wurden. Eine deutliche Differenzierung der Werte war 2014 zu beobachten, mit geringen Gehalten in den Blättern der ungarischen Herkunft und signifikant höheren Gehalten in den Herkünften aus Brandenburg, Hessen und NRW. In den Blättern der Anzucht vom Frühjahr 2012 waren die Ascorbatgehalte der italienischen Herkunft im Sommer 2013 signifikant am höchsten und der Herkunft aus Thüringen am geringsten. Im darauf folgenden Jahr wurden die höchsten Gehalte in der Herkunft NRW nachgewiesen und die geringsten in der Herkunft aus Italien.

*Tabelle 4.17 a: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gesamtascorbatgehaltes der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre, 2. Pflanztermin.*

2013						
Herkunft	n	MW [mg/g TM]	Varianz [%]	Median [mg/g TM]	Min [mg/g TM]	Max [mg/g TM]
Ungarn	4	7,80 (a)	19,4	7,36	6,53	9,93
Italien	15	7,95 (a)	5,7	7,90	7,30	8,80
Brandenburg	15	7,83 (a)	9,1	7,53	6,91	8,93
Hessen	14	7,60 (a)	11,6	7,44	6,13	9,08
Niedersachsen	14	7,48 (a)	7,1	7,37	6,54	8,50
Nordrhein-Westfalen	15	8,47 (a)	10,1	8,51	7,01	10,5
Rheinland-Pfalz	15	8,32 (a)	16,9	7,80	6,69	11,02
Thüringen	15	7,58 (a)	12,7	7,63	6,38	9,81
2014						
Ungarn	4	7,31 (a)	14,2	7,24	6,15	8,62
Italien	15	8,62 (ab)	15,9	8,47	6,93	12,25
Brandenburg	15	9,75 (b)	12,0	9,40	8,27	11,88
Hessen	14	9,49 (b)	11,7	8,96	7,96	11,37
Niedersachsen	15	9,13 (ab)	22,5	8,79	6,05	12,54
Nordrhein-Westfalen	15	9,96 (b)	18,5	9,06	6,94	13,53
Rheinland-Pfalz	15	8,12 (ab)	21,8	8,15	5,40	11,17
Thüringen	15	8,51 (ab)	14,4	8,62	6,33	10,24

Tabelle 4.17 b: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gesamtascorbatgehaltes der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre, 1. Pflanztermin.

2013						
Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	23	7,49 (ab)	7,6	7,44	6,62	8,97
Italien	2	7,97 (b)	2,3	7,97	7,84	8,10
Nordrhein-Westfalen	14	7,68 (ab)	8,8	7,70	6,70	9,03
Thüringen	12	6,89 (a)	9,8	6,78	6,09	8,34
2014						
Ungarn	23	8,66 (b)	20,4	8,11	6,22	12,48
Italien	2	6,24 (a)	10,0	6,24	5,80	6,68
Nordrhein-Westfalen	14	9,04 (b)	14,2	9,0	6,56	11,16
Hessen	1	11,86		11,86		
Thüringen	12	7,22 (ab)	11,4	7,50	5,96	8,53

### Sekundärstoffwechsel

#### Gesamtphenolgehalt

Im Untersuchungsjahr 2013 unterschieden sich die acht Haselherkünfte der Anzucht vom Herbst 2012 bezüglich der Gehalte an gesamtphenolischen (Folin-positiven) Inhaltsstoffen nicht. Tendenziell waren die Gehalte der ungarischen Herkunft leicht erhöht. Die geringeren Gehalte an gesamtphenolischen Inhaltsstoffen der italienischen Herkunft unterschieden sich bei der ersten Anzucht (Frühjahr 2012) signifikant und bei der zweiten Anzucht tendenziell von den übrigen Herkünften. Die geringen Blattgehalte der beiden Pflanzen der italienischen Herkunft an gesamtphenolischen Inhaltsstoffen bestätigte sich auch 2014.

Im Jahr 2014 differenzierten sich die hohen Gehalte der Herkünfte aus Hessen und Brandenburg von den niedrigen Gehalten der Herkünfte Niedersachsen und Rheinland-Pfalz signifikant. Die beiden ausländischen Herkünfte nahmen eine mittlere Position ein.

Am Thüringer Standort unterschieden sich die sehr hohen Gehalte der ungarischen Herkunft von den geringen Gehalten der Herkunft Italien und Brandenburg. Übereinstimmend mit dem Brandenburger Standort waren die ebenfalls hohen Werte der Herkunft aus Hessen.

*Tabelle 4.18 a: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes Folin-positiver Verbindungen der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 2. Pflanztermin.*

2013						
Herkunft	n	MW [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Varianz [%]	Median [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Min [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Max [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]
Ungarn	4	319 (a)	15,0	319	278	361
Italien	15	295 (a)	11,2	288	253	351
Brandenburg	15	286 (a)	8,7	277	248	343
Hessen	14	296 (a)	12,4	293	240	368
Niedersachsen	14	297 (a)	7,8	295	263	352
Nordrhein-Westfalen	15	290 (a)	10,8	297	240	337
Rheinland-Pfalz	15	307 (a)	7,3	315	266	339
Thüringen	15	289 (a)	13,6	298	240	362
2014						
Ungarn	4	320 (ab)	9,8	312	291	364
Italien	15	332 (ab)	8,9	320	298	399
Brandenburg	15	346 (b)	11,4	345	280	462
Hessen	14	345 (b)	5,9	345	312	386
Niedersachsen	15	301 (a)	11,1	310	251	365
Nordrhein-Westfalen	15	333 (ab)	9,0	338	277	393
Rheinland-Pfalz	15	304 (a)	9,0	298	271	350
Thüringen	15	314 (ab)	7,5	313	277	364

Tabelle 4.18 b: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes Folin-positiver Verbindungen der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 1. Pflanztermin.

2013						
Herkunft	n	MW [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Varianz [%]	Median [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Min [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Max [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]
Ungarn	23	269 (b)	13,3	269	200	329
Italien	2	192 (a)	29,9	192	151	232
Nordrhein-Westfalen	14	281 (b)	11,2	284	224	351
Thüringen	12	256 (b)	14,4	258	196	309
2014						
Ungarn	23	306 (ab)	12,7	312	223	370
Italien	2	276 (a)	13,6	276	250	303
Nordrhein-Westfalen	14	329 (b)	6,8	328	288	371
Hessen	1	361		361		
Thüringen	12	296 (ab)	10,4	305	233	336

Tabelle 4.19: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes Folin-positiver Verbindungen der einzelnen Herkünfte am Standort Thüringen 2014.

Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	3	480 (b)	7,1	464	457	519
Italien	15	408 (a)	9,0	415	354	496
Brandenburg	6	407 (a)	5,2	409	376	434
Hessen	9	471 (ab)	6,6	471	407	512
Niedersachsen	8	459 (ab)	4,8	457	424	489
Nordrhein-Westfalen	9	411 (a)	9,1	402	369	476
Rheinland-Pfalz	4	454 (ab)	16,6	484	344	503
Thüringen	9	458 (ab)	7,8	463	382	496

#### Vanillin-positive Verbindungen

Bei den höher kondensierten phenolischen Inhaltsstoffen (Vanillin-positiven Verbindungen) differenzieren sich die Herkünfte aus der zweiten Anzucht in drei signifikant unterschiedliche Gruppen. Die höchsten Gehalte wiesen die Herkünfte aus Ungarn, Rheinland-Pfalz und

Hessen auf, während der Gehalt an Vanillin-positiven Verbindungen bei der Herkunft aus Brandenburg am geringsten war. Alle anderen Herkünfte bildeten eine intermediäre Gruppe.

Die Haseln der ersten Anzucht lieferten hierzu ein völlig unterschiedliches Bild. Die Herkünfte aus Nordrhein-Westfalen unterschieden sich mit hohen Gehalten signifikant von den geringen Gehalten an Vanillin-positiven Verbindungen der Herkunft aus Thüringen.

Im Untersuchungsjahr 2014 erreichten die Unterschiede zwischen den Herkünften nicht das Signifikanzniveau. Auch in den Trends waren keine Übereinstimmungen mit dem Vorjahr erkennbar.

*Tabelle 4.20 a: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes Vanillin-positiver Verbindungen der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 2. Pflanztermin.*

2013						
Herkunft	n	MW [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Varianz [%]	Median [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Min [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Max [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]
Ungarn	4	269 (b)	22,2	271	202	330
Italien	15	245 (ab)	13,0	242	202	314
Brandenburg	15	195 (a)	16,5	190	148	250
Hessen	14	254 (b)	11,4	253	224	335
Niedersachsen	14	238 (ab)	15,8	246	154	292
Nordrhein-Westfalen	15	230 (ab)	15,7	240	150	273
Rheinland-Pfalz	15	259 (b)	16,4	253	180	341
Thüringen	15	234 (ab)	23,6	216	176	338
2014						
Ungarn	4	208 (a)	15,7	200,0	181,5	250
Italien	15	223 (a)	13,8	218	172	268
Brandenburg	15	249 (a)	12,8	246	202	308
Hessen	14	243 (a)	13,5	237	194	313
Niedersachsen	15	198 (a)	25,2	196	110	266
Nordrhein-Westfalen	15	250 (a)	20,0	251	169	347
Rheinland-Pfalz	15	203 (a)	22,1	210	138	293
Thüringen	15	216 (a)	18,4	214	144	315

*Tabelle 4.20 b: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes Vanillin-positiver Verbindungen der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 1. Pflanztermin.*

<b>2013</b>						
<b>Herkunft</b>	<b>n</b>	<b>MW [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>	<b>Varianz [%]</b>	<b>Median [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>	<b>Min [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>	<b>Max [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>
<b>Ungarn</b>	23	176 (ab)	16,8	183	120	219
<b>Italien</b>	2	169 (ab)	2,1	169	166	172
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	14	206 (b)	15,9	204	145	281
<b>Thüringen</b>	12	156 (a)	21,8	152	117	231
<b>2014</b>						
<b>Ungarn</b>	23	201 (a)	18,6	211	133	263
<b>Italien</b>	2	176 (a)	2,8	176	172	179
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	14	214 (a)	10,9	214	174	267
<b>Hessen</b>	1	307		307		
<b>Thüringen</b>	12	177 (a)	16,6	177	130	224

### *Procyanidine*

Wie auch bei den gesamtphenolischen Inhaltsstoffen bestanden zwischen den acht Herkünften im ersten Untersuchungsjahr keine signifikanten Unterschiede im Gehalt an Procyanidinen. Dies galt für alle Pflanzen beider Anzuchttermine. Allerdings lagen die Gehalte des zweiten Anzuchttermins generell über den Gehalten der älteren Haseln.

Im Untersuchungsjahr 2014 hoben sich die Herkünfte aus Hessen und Nordrhein-Westfalen mit sehr hohen Gehalten an Procyanidinen von allen anderen ab, während die ungarische Herkunft durch sehr geringe Gehalte auffiel. Die Haseln aus Nordrhein-Westfalen zeichneten sich bereits bei der Anzucht vom Frühjahr 2012 in beiden Untersuchungsjahren durch hohe Gehalte aus.

Tabelle 4.21: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Procyanidingehaltes der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 2. Pflanztermin.

2013						
Herkunft	n	MW [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Varianz [%]	Median [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Min [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Max [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]
Ungarn	4	197 (a)	20,4	200	155	232
Italien	15	179 (a)	13,8	174	131	227
Brandenburg	15	184 (a)	13,3	183	143	240
Hessen	14	172 (a)	11,2	173	139	217
Niedersachsen	14	172 (a)	17,5	176	113	216
Nordrhein-Westfalen	15	186 (a)	18,8	187	137	258
Rheinland-Pfalz	15	215 (a)	21,8	216	140	338
Thüringen	15	181 (a)	25,0	180	128	256
2014						
Ungarn	4	166 (a)	17,5	169	127	198
Italien	15	204 (abc)	13,0	209	162	247
Brandenburg	15	207 (abc)	14,1	211	153	258
Hessen	14	226 (c)	13,7	217	183	296
Niedersachsen	15	183 (abc)	25,4	191	107	244
Nordrhein-Westfalen	15	211 (bc)	19,1	216	139	276
Rheinland-Pfalz	15	167 (ab)	21,4	175	120	253
Thüringen	15	173 (ab)	17,6	173	104	223

### *Ortho-Dihydroxyphenole*

Wie auch bei den gesamtphenolischen Inhaltsstoffen und den Procyanidinen bestanden im ersten Untersuchungsjahr keine signifikanten Unterschiede im Gehalt an ortho-Dihydroxyphenolen zwischen den acht Herkünften. Dies galt für alle Pflanzen beider Anzuchttermine. Allerdings lagen die Gehalte des zweiten Anzuchttermins wiederum über den Gehalten der älteren Haseln.

Im Jahr 2014 enthielten die Blätter aus Hessen, Brandenburg und Nordrhein-Westfalen die höchsten Gehalte an ortho-Dihydroxyphenolen, während die Sträucher aus Rheinland-Pfalz durch geringe Gehalte sowohl am Brandenburger als auch am Thüringen Standort auffielen.

Auf Grund des späten Beprobungstermins waren die Gehalte am Thüringer Standort insgesamt höher, wobei die wenigen Pflanzen der Herkünfte aus Ungarn und Niedersachsen die höchsten Gehalte aufwiesen.

*Tabelle 4.22 a: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes der ortho-Dihydroxyphenole der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 2. Pflanztermin.*

<b>2013</b>						
Herkunft	n	MW [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Varianz [%]	Median [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Min [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Max [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]
Ungarn	4	171 (a)	10,4	175	146	186
Italien	15	165 (a)	12,3	163	128	204
Brandenburg	15	160 (a)	10,9	157	136	189
Hessen	14	169 (a)	14,3	167	137	215
Niedersachsen	14	169 (a)	11,5	169	139	214
Nordrhein-Westfalen	15	167 (a)	13,6	162	126	202
Rheinland-Pfalz	15	174 (a)	8,7	176	143	190
Thüringen	15	157 (a)	12,6	158	130	185
<b>2014</b>						
Ungarn	4	175 (ab)	10,8	171	157	200
Italien	15	174 (ab)	9,9	170	152	214
Brandenburg	15	184 (b)	8,6	181	166	231
Hessen	14	187 (b)	12,6	186	159	244
Niedersachsen	15	160 (ab)	17,4	163	123	209
Nordrhein-Westfalen	15	185 (b)	12,6	183	146	224
Rheinland-Pfalz	15	146 (a)	14,2	145	114	186
Thüringen	15	161 (ab)	14,1	162	123	188

Tabelle 4.22 b: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes der ortho-Dihydroxyphenole der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 1. Pflanztermin.

2013						
Herkunft	n	MW [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Varianz [%]	Median [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Min [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Max [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]
Ungarn	23	149 (a)	14,9	145	104	188
Italien	2	127 (a)	6,0	127	122	132
Nordrhein-Westfalen	14	158 (a)	14,7	161	114	187
Thüringen	12	143 (a)	18,7	141	101	180
2014						
Ungarn	23	168 (b)	14,8	166	120	221
Italien	2	128 (a)	17,1	128	112	144
Nordrhein-Westfalen	14	172 (b)	9,4	171	144	196
Hessen	1	204		204		
Thüringen	12	155 (ab)	13,8	157	110	181

Tabelle 4.23: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes der ortho-Dihydroxyphenole der einzelnen Herkünfte auf der Thüringer Versuchsfläche 2014.

Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	3	281 (b)	14,9	286	236	320
Italien	15	235 (ab)	13,1	226	184	306
Brandenburg	6	231 (ab)	11,1	238	185	257
Hessen	9	256 (ab)	12,9	265	188	304
Niedersachsen	8	279 (b)	16,4	281	206	349
Nordrhein-Westfalen	9	228 (ab)	9,5	222	199	262
Rheinland-Pfalz	4	216 (a)	18,6	221	164	257
Thüringen	9	255 (ab)	8,2	262	216	279

### *Ernährungszustand*

Trotz weitgehend identischer Standortbedingungen unterschieden sich die Herkünfte (zumeist geringfügig) der Frühjahrsanzucht in den Gehalten an blattbürtigen Makronährstoffen. Die höchsten Stickstoff-, Kalium- und Schwefelgehalte akkumulierte die Herkunft aus Thüringen. Die höchsten Magnesium und Phosphorgehalte sowie die geringsten Stickstoffgehalte wurden in den Blättern der ungarischen Herkunft gemessen. Da es sich um Mischprobe ohne Wiederholungen handelte, wurden keine Signifikanztests durchgeführt.

Bei den Pflanzen der Herbstanzucht fiel ebenfalls die Thüringer Herkunft mit den höchsten Gehalten an Magnesium, Phosphor und Kalzium auf.

*Tabelle 4.24 a: Blattspiegelwerte der einzelnen Herkünfte (Mischproben); 2. Pflanztermin.*

<b>Herkunft</b>	<b>Stickstoff [mg / g TM]</b>	<b>Kalium [mg / g TM]</b>	<b>Magnesium [mg / g TM]</b>	<b>Phosphor [mg / g TM]</b>	<b>Kalzium [mg / g TM]</b>	<b>Schwefel [mg / g TM]</b>
<b>Ungarn</b>	22,3	7,69	1,94	3,12	13,84	1,62
<b>Italien</b>	23,9	7,46	1,64	2,85	13,50	1,60
<b>Brandenburg</b>	25,6	7,96	1,57	2,88	13,65	1,68
<b>Hessen</b>	23,3	6,82	1,55	2,48	14,13	1,62
<b>Niedersachsen</b>	24,7	7,68	1,53	2,74	13,42	1,62
<b>Nordrhein- Westfalen</b>	24,9	7,99	1,56	2,72	12,32	1,65
<b>Rheinland-Pfalz</b>	25,2	7,85	1,68	3,04	13,47	1,67
<b>Thüringen</b>	26,0	8,48	1,61	3,08	13,73	1,74

Tabelle 4.24 b: Blattspiegelwerte der einzelnen Herkünfte (Mischproben); 1. Pflanztermin.

Herkunft	Stickstoff [mg / g TM]	Kalium [mg / g TM]	Magnesium [mg / g TM]	Phosphor [mg / g TM]	Kalzium [mg / g TM]	Schwefel [mg / g TM]
Ungarn	27,7	11,5	1,91	4,14	13,9	1,97
Italien	28,2	10,8	1,90	3,75	12,4	1,92
Nordrhein-Westfalen	26,3	10,0	1,97	3,70	13,6	1,89
Thüringen	25,6	11,2	2,19	4,48	14,5	1,85

#### ZUSAMMENFASSENDE BETRACHTUNG DER PHYSIOLOGISCHEN MERKMALE DER HERKÜNFTE

In der folgenden Tabelle 4.25 wurden alle auffälligen physiologischen und biochemischen Merkmale zusammenfassend dargestellt. Diese Ergebnisse werden im Kapitel 5. *Diskussion und Zusammenfassung* nochmals aufgegriffen und diskutiert.

Tabelle 4.25: Auffällige physiologische, biochemische Merkmale der einzelnen Haselherkünfte der beiden Anzuchten vom Frühjahr und Herbst (F12 und H12) an den Standorten Brandenburg (BB), Thüringen (TH) und Rheinland-Pfalz (RP) in den Untersuchungsjahren 2013 und 2014.

Herkunft	Auffällige ökophysiologische Merkmale
Ungarn	hohe Mortalität (H12_14 BB und TH) geringes Wachstum (TH) später Austrieb (BB, TH) hohe Blühintensität (BB) große Blattflächen (H12_14 BB) geringe Chlorophyllgehalte (F u H12_14 BB) hohe Kohlenhydratgehalte (F u H12_14 BB) geringe Stärkegehalte (H12_13, H12_14 TH) hohe Gesamtphenolgehalte (F12_13_14 TH) geringe Procyanidingehalte (H12_14 BB) hohe ortho-Dihydroxyphenole (H12_14 nur TH)
Italien	hohe Mortalität (H12_14 BB) geringes Wachstum (BB) später Austrieb (BB) kleine Blattflächen (H12_14 BB), geringe spez. Blattflächen (H12_14 BB)

	<p>erhöhter Chlorophyllgehalt (F12_13, 14 BB)  geringe Chlorophyll-Carotinoid-Verhältnisse (H12_13 BB)  geringe Kohlenhydratgehalte (F12_14, H12_14 TH BB)  hohe Stärkegehalte (F12_13 BB )  geringe Gesamtphenolgehalte (F12_13BB_14 TH)</p>
Brandenburg	<p>große Wuchshöhen (BB, TH, RP)  erhöhte Blühintensität (BB, RP)  geringe Mortalität in RP  große Blattflächen (H12_14), große spez. Blattflächen (H12_14 BB )  hohe Kohlenhydratgehalte (H12_14 BB )  hohe Ascorbatgehalte (H12_14 ) BB  hohe Gesamtphenolgehalte (H12_14BB_gering in 14 TH)  hohe ortho-Dihydroxyphenole (H12_14BB)</p>
Hessen	<p>geringe Mortalität in TH  geringes Wachstum (BB, TH, RP)  früher Austrieb (BB, TH), spät in RP  kleine Blattflächen (H12_14), geringe spez. Blattflächen (H12_14 BB )  geringe Chlorophyll-Carotinoid-Verhältnisse (H12_13 BB )  geringe Kohlenhydratgehalte (H12_14 BB)  hohe Ascorbatgehalte (H12_14 BB )  hohe Gesamtphenolgehalte (H12_14BB_14 TH)  hohe Procyanidingehalte (H12_14 BB )  hohe ortho-Dihydroxyphenole (H12_14BB)</p>
Rheinland-Pfalz	<p>geringes Wachstum (BB, RP)  früher Austrieb (BB, TH), spät in RP  kleine Blattflächen (H12_14), geringe spez. Blattflächen (H12_14 BB )  geringe Chlorophyllgehalte (H12_14 BB )  geringe Chlorophyll-Carotinoid-Verhältnisse (H12_13, 14 BB )  geringe Gesamtphenolgehalte (H12_14BB BB),  geringe ortho-Dihydroxyphenole (H12_14BB und TH)</p>
Thüringen	<p>hoher Chlorophyllgehalt (F u H 12_13, 14 BB)  früher Austrieb (RP)</p>

NRW	<p>große Wuchshöhen (BB, TH, RP)  geringe Mortalität in TH  früher Austrieb (TH, NW)  geringster Chlorophyllgehalt (F u H 12_13 BB )  geringe Chlorophyll-Carotinoid-Verhältnisse (H12_13 BB)  hohe Ascorbatgehalte (F und H12_14 BB )  hohe Gesamtphenolgehalte (F12_13 und 14 BB)  hohe Procyanidingehalte (F12_13,14; H12_14 BB )  hohe ortho-Dihydroxyphenole (H12_14BB)</p>
Niedersachsen	<p>später Austrieb (TH)  geringe Mortalität (H12_14) in BB // hohe Mortalität in TH und RP  erhöhte Blühintensität (RP)  geringe Kohlenhydratgehalte (H12_14 BB )  hohe Stärkegehalte (H12_13 BB)  geringe Gesamtphenolgehalte (H12_14 BB)  hohe ortho-Dihydroxyphenole (H12_14 nur TH)</p>

## 4.2. ERGEBNISSE SCHLEHE

### 4.2.1. GENETISCHE ANALYSEN

Schlehenvorkommen in Deutschland zeigen ausgeprägte genetische Unterschiede. Gemessen als  $\phi_{ST}$  zeigten unsere Analysen, dass 15 % der genetischen Variation von Schlehenvorkommen in Deutschland bedingt sind durch Unterschiede zwischen den Populationen. Dieser Wert ist, etwa im Vergleich zur Hasel oder Forstbaumarten, erstaunlich hoch. Noch größer ist die genetische Differenzierung der Information aus der DNS der Chloroplasten. Hier liegt das durchschnittliche Niveau der Differenzierung zwischen Vorkommen bei 30 % (Abbildung 4.25).

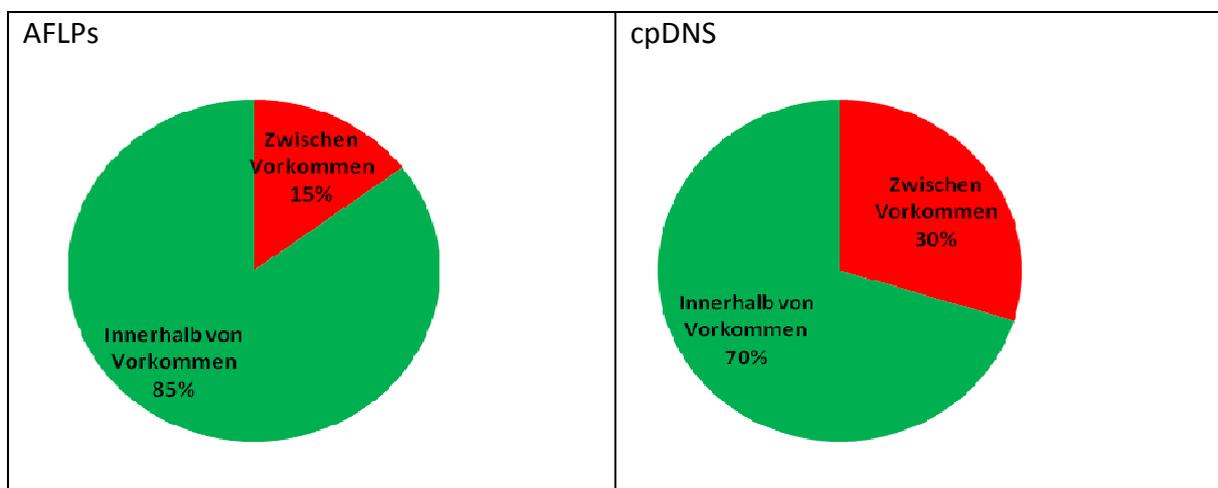


Abbildung 4.25 : Die genetische Differenzierung (gemessen als  $\phi_{ST}$ ) zwischen 19 Vorkommen der Schlehe. Davon stammen 17 Vorkommen aus Deutschland, jeweils ein Vorkommen stammt aus Italien und Ungarn.

Ein ausgeprägter Zusammenhang zwischen der geografischen Lage der Vorkommen bzw. ihrer Entfernung zu einander und dem Ausmaß genetischer Ähnlichkeit bzw. Differenzierung war aber nicht nachzuweisen. Dies gilt insbesondere, wenn alle untersuchten Vorkommen in die Analysen einbezogen werden. Hier zeigen die beiden Vorkommen aus Italien und Ungarn keine charakteristischen genetischen Unterschiede zu deutschen Vorkommen, vielmehr liegen sie bezüglich ihrer Genetik mehr oder weniger im Zentrum der deutschen Populationen (Abbildung 4.26). Wird die Analyse (Manteltest) durchgeführt, ohne die beiden Vorkommen zu berücksichtigen, ergibt sich eine schwach signifikante Korrelation zwischen den räumlichen und genetischen Strukturen ( $R^2 = 0.111$ ,  $p = 0,02$ ) (Abbildung 4.27). Diese Strukturen sind vergleichsweise kleinräumig ausgeprägt, wie das Ergebnis der Autokorrelationsanalysen zeigt. Signifikante Abweichungen von einer zufälligen Verteilung sind ausschließlich in der kleinsten Distanzklasse zu beobachten 0-60 km ( $p = 0.003$ ) (Abbildung 4.28).

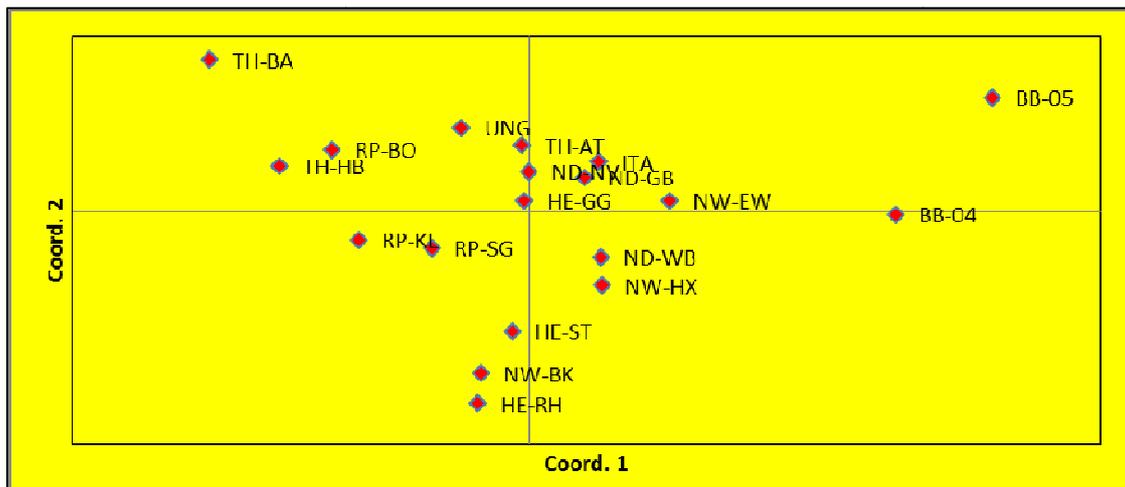


Abbildung 4.26: Hauptkomponentenanalyse für alle Schlehenvorkommen aus Deutschland sowie den Referenzpopulationen aus Ungarn (UNG) und Italien (ITA).

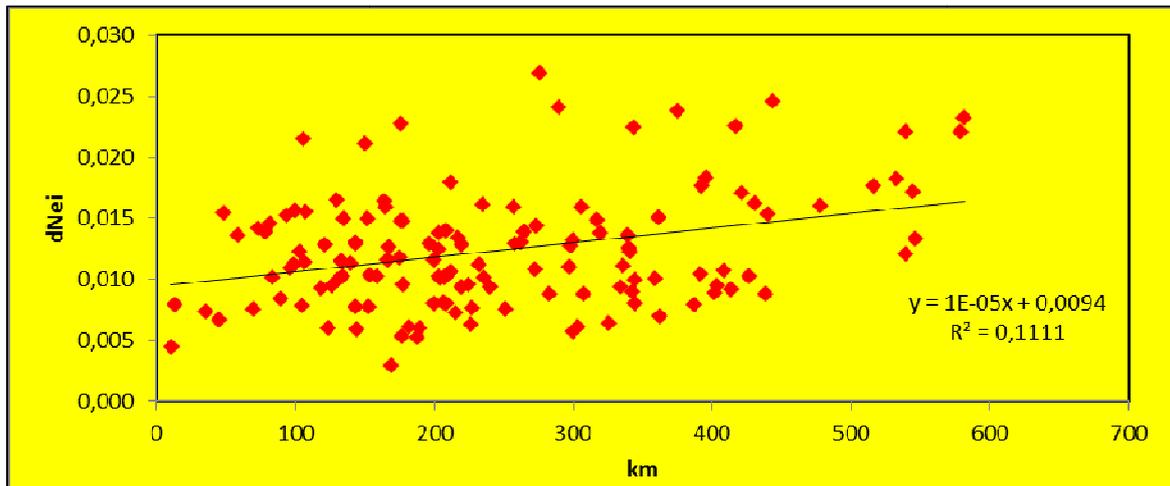


Abbildung 4.27: Lineare Regression zum Manteltest für die 17 deutschen Vorkommen.

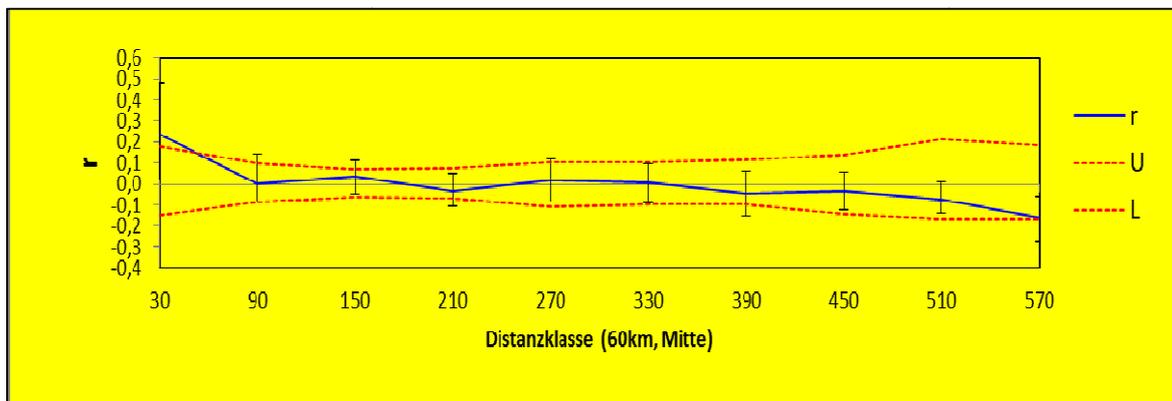


Abbildung 4.28: Autokorrelationsanalyse bezüglich des Zusammenhangs zwischen Entfernung und genetischer Distanz mit einem signifikanten Zusammenhang bei etwa 30 km.

Im Weiteren wurde untersucht, ob spezifische Eigenschaften der Schlehe, wie die ausgeprägte vegetative Vermehrung, einen Einfluss auf die geografisch - genetischen Muster nehmen.

Lineare Regressionsanalysen wurden mit dem Ziel durchgeführt, den Einfluss von R auf verschiedene populationsgenetische Parameter wie  $H_e$  als die erwartete Heterozygotie,  $N_e$  als Diversitätsparameter bezüglich der Allelhäufigkeiten und  $D_j$  als Maß der genetischen Unterschiedlichkeit einzelner Vorkommen vom Durchschnitt festzustellen. In der Tabelle 4.26 sind die Werte für R, als Maß für den Anteil vegetativer Vermehrung, der Größe nach sortiert.

*Tabelle 4.26: Rangfolge der Populationen mit steigendem R-Wert, der die Anteile vegetativer Vermehrung in den einzelnen Vorkommen charakterisiert (G = Anzahl der Genotypen, N = Anzahl der Stichproben). Rechts davon steht der Wert  $D_j$ , der die genetische Differenziertheit der einzelnen Vorkommen vom Durchschnitt aller übrigen Vorkommen misst.*

	G	N	R	$D_j$
BB-05	24	48	0,49	0,048
RP-BO	21	38	0,54	0,042
BB-04	27	48	0,55	0,038
NW-HX	19	32	0,58	0,042
NW-EW	26	41	0,63	0,041
UNG	33	48	0,68	0,051
ND-NV	34	48	0,70	0,039
RP-KL	38	48	0,79	0,046
RP-SG	38	48	0,79	0,034
HE-RH	40	48	0,83	0,042
NW-BK	17	20	0,84	0,050
TH-BA	41	48	0,85	0,047
TH-HB	41	48	0,85	0,039
ND-GB	42	48	0,87	0,032
HE-ST	44	48	0,91	0,036
ITA	45	47	0,96	0,037
TH-AT	47	48	0,98	0,027
HE-GG	48	48	1,00	0,036
ND-WB	48	48	1,00	0,027

Die genetische Differenzierung ist als abhängige Variable rechts davon aufgeführt. Mit einem vergleichsweise geringen Wert für  $R^2$  von 0,25 und einem P-Wert von 0,014 konnte allein ein Zusammenhang zwischen R und  $D_j$  statistisch abgesichert werden. Dabei zeigt sich eine

negative Korrelation zwischen R und  $D_j$ , indem steigende R-Werte in der Regel fallende Werte für die genetische Differenzierung der Einzelvorkommen zur Folge haben (Abbildung 4.29). Da hohe Werte von R eine zunehmende Abwesenheit klonaler Vermehrung andeuten, spiegelt diese Tendenz die Erwartung wider, seltenere klonale Vermehrung in den Vorkommen führe dazu, dass mehr Genotypen an der Bildung einer Population beteiligt sind und damit die Chance für eine höhere Repräsentation bzw. geringere Differenzierung einzelner Vorkommen gegeben ist.

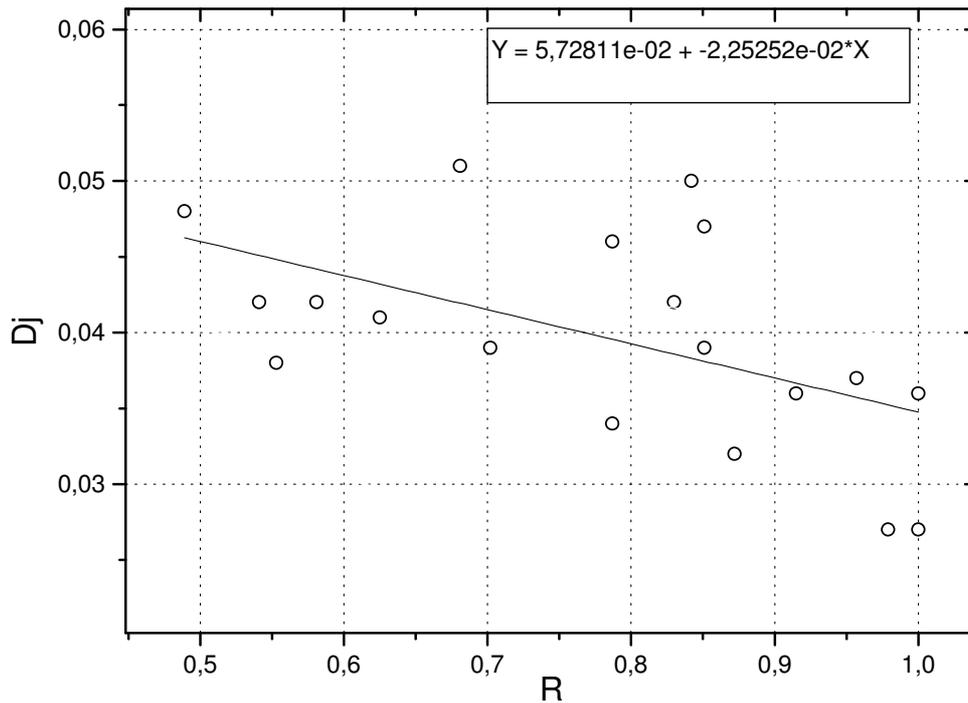


Abbildung 4.29: Lineare Regression für den Zusammenhang zwischen zunehmender generativer Vermehrung ( $R \rightarrow 1$ ) und der genetischen Differenzierung einzelner Vorkommen von der Gesamtheit der restlichen Populationen.

#### cpDNS-Analysen

Die Analysen der cpDNS zeigen, dass Schlehenvorkommen sehr variabel sind. Die genetische Differenzierung zwischen Vorkommen ist hoch, dies spiegelt sich in einem hohen Wert des Differenzierungsmaßes  $\phi_{ST}$  von 30 % wieder. Allerdings folgt die Verbreitung der cpDNS über den Samen keinem erkennbaren geografischen Muster.

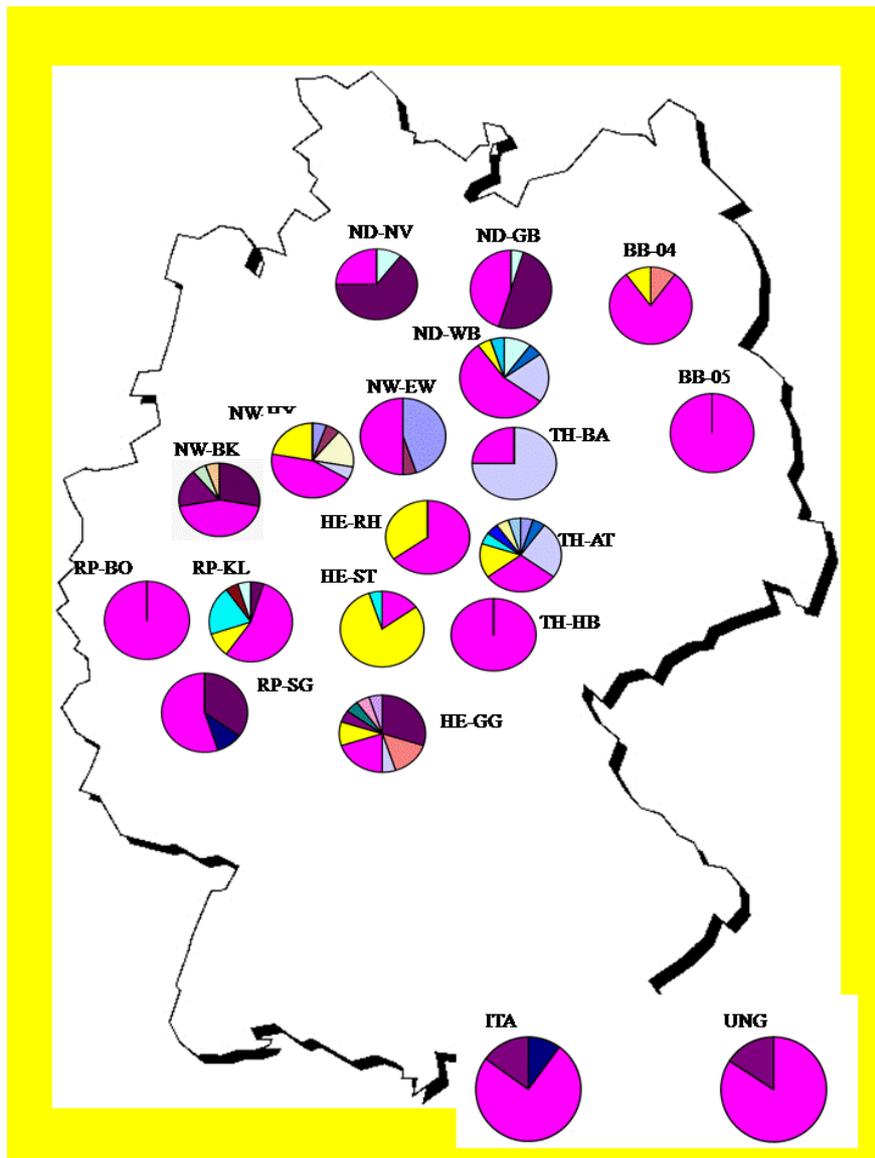


Abbildung 4.30: Die Verteilung der cpDNA-Variation gemessen als die Häufigkeit verschiedener Haplotypen in den Untersuchungspopulationen.

Das Ergebnis des Manteltests, der dazu dient, einen Zusammenhang zwischen genetischer Differenzierung und geografischem Abstand zu überprüfen, ist daher auch nicht signifikant. Dies gilt sowohl für die Analysen über alle Vorkommen, inklusive Italien und Ungarn, als auch für die Analysen, in denen ausschließlich die deutschen Vorkommen berücksichtigt wurden. Einige Haplotypen deuten auf regional geprägte genetische Strukturen hin. Dies ist zum Beispiel der Fall für den Haplotypen H8 (grau), der in höheren Frequenzen in „benachbarten“ Vorkommen aus Niedersachsen und Thüringen (ND-WB, TH-BA und TH-AT) beobachtet wurde. Einzelne Varianten dieses Haplotyps konnten aber auch in Hessen und Nordrhein-Westfalen (HE-GG und NW-HX) beobachtet werden. Die höchste Variation bezüglich der Anzahl der Haplotypen wurde in den Vorkommen TH-AT und HE-GG entdeckt. Diese beiden

Vorkommen haben jeweils 9 Haplotypen. Nicht variabel sind die Vorkommen RP-BO, BB-05 und TH-HB, diese Vorkommen zeigen ausschließlich den über alle Vorkommen häufigsten Haplotyp 10, dieser tritt auch in den Referenzvorkommen aus Italien und Ungarn auf und realisiert dort jeweils Häufigkeiten von über 75 %.

### Genetische Differenzierung von Vorkommen und die Kontrolle der Herkunft

Die Analyse und Darstellung der genetischen Differenzierung von Vorkommen dient zunächst der Erfassung der Verteilung genetischer Information im Raum. Im Fall der Schlehe zeichnet sich dabei eine relativ hohe genetische Differenzierung zwischen einzelnen Vorkommen ab. Vor diesem Hintergrund wurde untersucht, ob damit Möglichkeiten der Kontrolle im Handel mit Vermehrungsgut der Schlehe gegeben sind. Dazu können Algorithmen Verwendung finden, die für eine fragliche Probe d. h. eine einzelne Pflanze die Wahrscheinlichkeit berechnen, mit der diese aus einem bestimmten Vorkommen stammt. In der vorliegenden Untersuchung wurde die Frage gestellt, ob Stecklingspflanzen aus einem Vorkommen eine höhere Wahrscheinlichkeit der Zuordnung zu ihrem tatsächlichen Ursprungsvorkommen besitzen als zu allen anderen Vorkommen. Das Ergebnis dieser Analysen ist in Abbildung 4.31 dargestellt. Es zeigt sich, dass die Mehrzahl der Stecklinge ausnahmslos dem tatsächlichen Ausgangsvorkommen zugeordnet wird. In der Abbildung spiegelt sich dies in einem deutlichen „peak“ wieder.

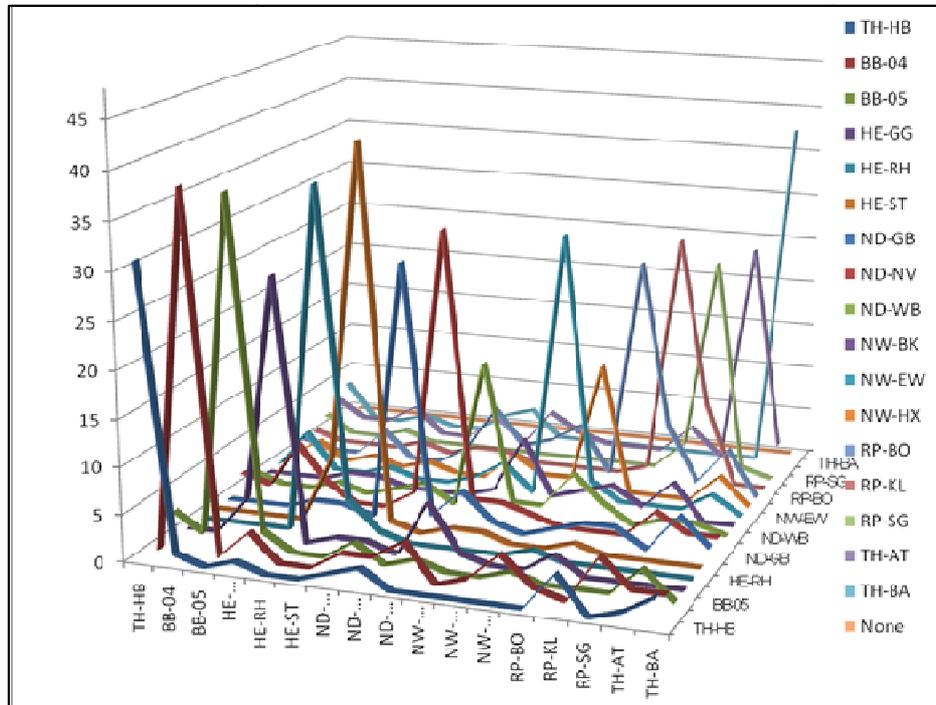


Abbildung 4.31: Zuordnung von Stecklingen dem wahrscheinlichsten Ursprung. In der Abbildung ist die Anzahl der Stecklinge eines von 19 Vorkommen angegeben, die einem der 19 möglichen Ursprungsvorkommen zugeordnet werden.

Für jedes der untersuchten Pflanzenkollektive liegt dieser höchste „peak“ bei dem tatsächlichen Ursprungsvorkommen. Damit kann dieses Verfahren zur Überprüfung der Herkunft bei gehandelten Stecklingspflanzen genutzt werden. Inwieweit diese Methodik auch für generativ erzeugtes Vermehrungsgut geeignet ist, sollte in weiteren Untersuchungen analysiert werden.

#### *Zusammenfassung der genetischen Analysen für die Schlehe*

Insgesamt zeigt die Schlehe eine hohe genetische Differenzierung zwischen Vorkommen. Diese spiegelt sich überwiegend auf dem Niveau der einzelnen Population wider. Die hohe genetische Differenzierung der genetischen Strukturen der einzelnen Vorkommen ist bei der Schlehe besonders herauszustellen. Somit könnte der Gedanke aufkommen, für die Schlehe eine besonders kleinräumige Regelung bezüglich der Ausweisung von Vorkommensgebieten zu treffen. In der Arbeit von Leinemann et al. (2014) konnten Hinweise gefunden werden, dass die Differenziertheit einzelner Vorkommen nicht auf spezifische lang andauernde und evolutionär wirksame Anpassungsprozesse zurückzuführen ist. Vielmehr wurde gezeigt, dass möglicherweise die Verfrachtung von Saatgut und die Begründung von Vorkommen dem Zufall (Gründereffekt) unterliegen, der dazu führt, dass einzelne Genotypen in der Anfangsphase der Begründung einer Hecke besonders stark vegetativ vermehrt werden (s. Leinemann et al. 2014). Damit würde der Ausweisung besonders kleinräumiger Vorkommensgebiete bei der Schlehe die biologische Grundlage fehlen.

Die genetischen Unterschiede zwischen Vorkommen scheinen die Kontrolle der Herkunft von Vermehrungsgut (Stecklingen) zu ermöglichen. Insbesondere die Kombination genetischer Informationen aus dem Zellkern und den Chloroplasten scheint hier vielversprechend.

#### 4.2.2. ANWUCHSERFOLG IM KLONARCHIV

*Standort: Brandenburg (Forstbaumschule Eberswalde)*

*Anzucht aus dem Pflanzjahr 2011*

Bereits die Aufnahmen im Winterhalbjahr 2012 / 2013 zeigten, dass die Ausfälle der Schlehen aus dem Pflanzjahr 2011, unabhängig von der Herkunft, deutlich größer als bei der Hasel waren (s. Kap. 4.1.2.). Die größten Verluste waren bereits 2011 zu verzeichnen. Ein Teil der Jungpflanzen wurde z. B. wenige Tage nach der Pflanzung durch Raben aus dem Boden gezogen und ist unmittelbar vertrocknet. In den Folgejahren haben sich die Ausfälle geringfügig erhöht. Auch bei der letzten Aufnahme im Frühjahr 2014 hatten die Schlehen aus Italien den größten Anwuchserfolg. Dagegen hatte die Herkunft aus Ungarn die höchste Ausfallrate, gefolgt von Brandenburg und NRW.

*Tabelle 4.27: Ausfallrate der Schlehen der Pflanzung von 2012 bis zum Frühjahr 2014. In der Spalte Entwicklung wird die Dynamik zwischen den beiden Untersuchungsjahren erfasst. Negative Werte weisen auf wiederaustreibende Pflanzen hin, die im Vorjahr als abgestorben bonitiert wurden.*

HERKUNFT	Anzahl	Lebend	Tot	Ausfall 2012 (%)	Ausfall 2013 (%)	Entwicklung
BB	70	46	24	34%	34%	0%
HE	77	68	9	12%	12%	0%
IT	77	62	15	19%	19%	0%
NI	72	59	13	18%	18%	0%
NW	55	41	14	25%	25%	0%
RP	78	63	15	19%	18%	1%
TH	71	62	9	13%	11%	-2%
UN	52	27	25	<b>48%</b>	<b>46%</b>	-2%

*Anzucht aus dem Pflanzjahr 2012*

Die sehr kleinen Pflanzen aus dem Pflanzjahr 2012 zeigen mit einer durchschnittlichen Ausfallquote von 27 % eine nur geringfügig höhere Mortalität als die Pflanzen von 2011 mit einer Quote von 24 %. Die Ausfallraten zwischen den acht Herkünften sind insgesamt ausgeglichener als bei der Pflanzung von 2011. Wiederum ist der Anwuchserfolg der italienischen Herkunft am größten, während die Herkünfte aus Thüringen, Rheinland-Pfalz und Ungarn die höchste Sterblichkeit aufwiesen (Tabelle 4.28).

Tabelle 4.28: Ausfallrate der Schlehen der Pflanzung von 2012 bis zum Frühjahr 2014.

HERKUNFT	Anzahl	Lebend	Tot	Ausfall 2012 (%)	Ausfall 2013 (%)	Entwicklung
BB	341	259	82	24%	18%	-6%
HE	87	64	23	26%	24%	-2%
IT	148	132	16	11%	<b>10%</b>	-1%
NI	120	90	30	25%	23%	-2%
NW	99	79	20	20%	16%	-4%
RP	127	80	47	37%	33%	-4%
TH	79	48	31	<b>39%</b>	37%	-2%
UN	93	60	33	35%	29%	-6%

*Standort Thüringen (Forstamt Leinefelde, Revier Zehnsberg)*

Auf der Versuchsfläche „Zehnsberg“ wurden sieben Länderherkünfte ausgebracht, mit Ausnahme der ungarischen Herkunft. Das zur Verfügung gestellte Pflanzmaterial der Schlehen war durch sehr kleine Pflanzen (Mittelwerte von 7,4 bis 9,5 cm) und eine sehr spärliche Bewurzelung geprägt. Zudem waren die Pflanzen hinsichtlich Bruch sehr empfindlich. Die Fläche, auf der die Pflanzen ausgebracht wurden, war im Vorfeld gegrubbert und wies keinen nennenswerten Bodenbewuchs auf.

Tabelle 4.29: Ausfallrate der Schlehen bis zum Frühjahr 2013.

HERKUNFT	Anzahl	lebend	tot 2012	Ausfall 2012 (%)	Ausfall 2013 (%)	Entwicklung
BB	75	70	5	7%	<b>16%</b>	9%
HE	75	52	23	31%	37%	6%
IT	75	58	17	23%	31%	8%
NI	75	65	10	13%	19%	6%
NW	75	48	27	36%	39%	3%
RP	75	52	23	31%	44%	13%
TH	75	34	41	55%	<b>56%</b>	1%

Da nach der Pflanzung im Frühjahr 2012 über einige Wochen Trockenheit herrschte, wurden die Pflanzen zusätzlich bewässert. Im unteren Bereich der Versuchsfläche war der Mäusebesatz (Schermäuse) deutlich erkennbar. Darauf wurde mit der Auslegung von

Köderstationen von Beginn an reagiert. Die Ausfallrate war im Jahr 2012 bis zum Frühjahr 2013 am höchsten, wobei die Thüringer Herkunft die höchste Ausfallquote mit 55 % aufwies.

Als Ausfallursachen im ersten Jahr sind Schermausschäden (trotz Giftködereinsatz) aber auch Trocknis zu nennen. Aufgefallen ist u. a., dass vorkommende Ameisenkolonien um die Pflänzchen ihre Bauten errichteten und die kleinen Pflanzen darin teils komplett verschwanden.

#### *Standort Rheinland-Pfalz*

Die am 20.03.2012 in Empfang genommenen Schlehen erwiesen sich als schwach bewurzelt, sehr klein und z. g. T. kümmernd oder gar absterbend.

Da die Bodenverhältnisse an ihrem zukünftigen Versuchsflächenstandort als problematisch zu bezeichnen waren (flachgründiger Sandboden mit hohem Steinanteil), wurde von einer direkten Auspflanzung abgesehen und bei allen Pflanzen im April eine Topfung in Sellner Weichwandcontainer (Substrat: 5 Teile TKS I und 1 Teil Sand, sowie Kalkgabe) in Eigenregie durchgeführt. Im Gewächshaus wurden die Pflanzen dann bis zum November 2012 unter optimalen Anwuchsbedingungen in ihrer Vitalität gefördert und gestärkt. Dennoch waren letztendlich etliche Ausfälle zu beklagen. Der lange und schneereiche Winter 2012 / 2013 rief nach Auspflanzung der Schlehen zudem z. T. mechanische Schädigungen (Zweigbrüche) und weitere Ausfälle hervor.

*Tabelle 4.30: Ausfallrate der Schlehen bis zum Ende des Winterhalbjahres 2012 / 2013.*

<b>Herkunft</b>	<b>Anzahl (n)</b>	<b>Ausfall (%)</b>	<b>Ausfall von Klonen (Stück)</b>
Brandenburg	125	<b>11</b>	
Hessen	81	20	
Italien	127	17	
Niedersachsen	107	27	1
Nordrhein-Westfalen	102	21	2
Rheinland-Pfalz	115	<b>54</b>	5
Thüringen	76	49	4
Ungarn	90	52	10
<b>Summe</b>	<b>823</b>	31	

Trotz Bewässerung und Freistellung starben im Sommer 2013 und 2014 weitere vorgeschädigte und geschwächte Schlehen zunächst anscheinend ab. Ein Teil dieser Schlehen trieb allerdings im Verlauf der Vegetationsperiode erneut im unteren Triebbereich

oder der Wurzel aus. Pflanzen der Herkünfte Niedersachsen und Hessen wuchsen am besten an; die meisten Ausfälle waren bei den Herkünften Ungarn und Brandenburg zu verzeichnen.

Tabelle 4.31: Ausfallrate der Schlehen bis Oktober 2014.

Herkunft	Anzahl (n)	Anzahl 10. 2014	Ausfall	Ausfall (%)
Brandenburg	125	44	81	64,8
Hessen	81	45	36	44,4
Italien	127	55	72	56,7
Niedersachsen	107	61	46	43,0
Nordrhein-Westfalen	102	49	53	52,0
Rheinland-Pfalz	115	42	73	63,5
Thüringen	76	30	46	60,5
Ungarn	90	31	59	<b>65,6</b>
<b>Summe</b>	<b>823</b>	<b>357</b>	<b>466</b>	<b>56,6</b>

Tabelle 4.32: Finale Ausfallrate der Schlehen an den drei Anzuchtsorten.

HERKUNFT	BB	RP	TH	Mittelwert
BB	18%	65%	16%	33%
HE	24%	44%	37%	35%
IT	10%	57%	31%	33%
NI	23%	43%	19%	28%
NW	16%	52%	39%	36%
RP	33%	63%	44%	<b>47%</b>
TH	<b>37%</b>	60%	<b>56%</b>	<b>51%</b>
UN	29%	<b>66%</b>	-	<b>48%</b>
Mittelwert	24%	<b>56%</b>	35%	38%

Auffallend ist der hohe Ausfall am Anzuchtsort Rheinland-Pfalz, gefolgt von Thüringen und Brandenburg. Beim durchschnittlichen Ausfall zeigten die Herkünfte Thüringen, Ungarn und Rheinland-Pfalz die höchste Mortalität. Die neben Ungarn ebenfalls fremdländische Herkunft Italien zeigte dagegen eine unterdurchschnittliche Ausfallquote. Am besten schnitten die Herkünfte Niedersachsen, Brandenburg und Italien ab.

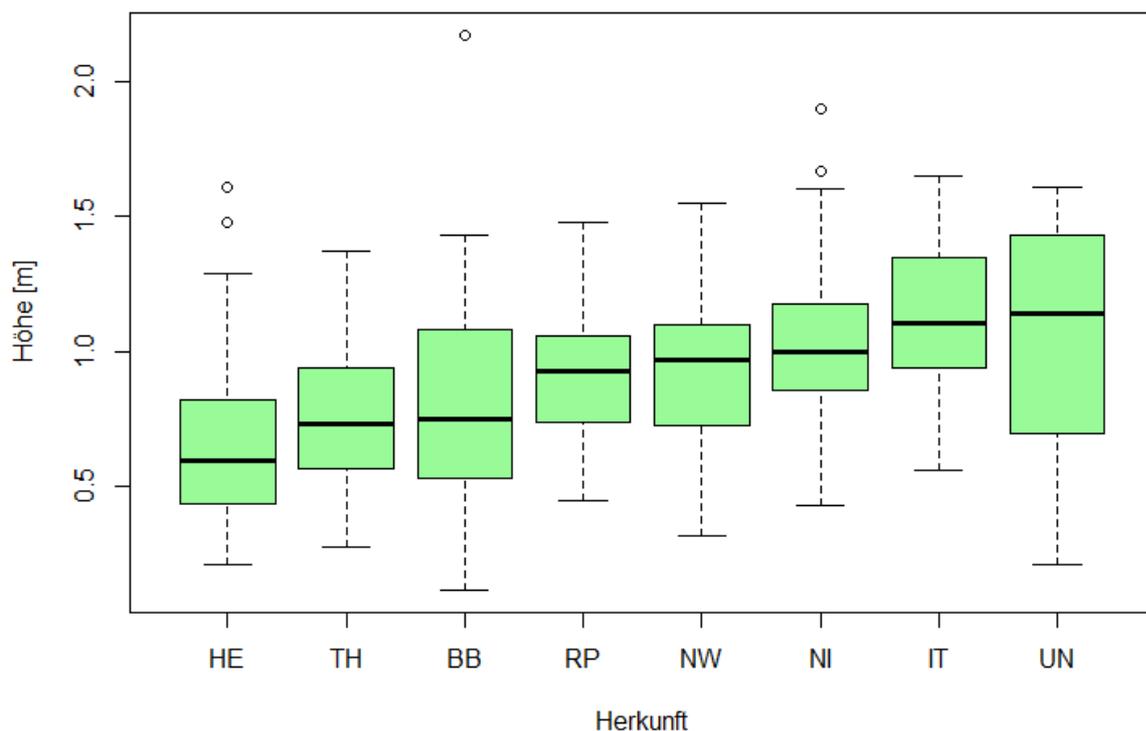
#### 4.1.3. WACHSTUM UND PHÄNOLOGIE

*Standort: Brandenburg (Forstbaumschule Eberswalde)*

Bezüglich der Wuchshöhen bestanden deutliche Unterschiede zwischen den beiden Pflanzzeitpunkten. Die 2012 gepflanzten Schlehen waren noch sehr schwach und klein. Der kümmerliche Wuchs hielt noch im Sommer 2014 über alle Herkünfte an, so dass erst 2014 eine Höhenmessung vorgenommen wurde.

Bei den Schlehen der ersten Pflanzung aus dem Jahr 2011 hatten die Sträucher der italienischen Herkunft nicht nur die geringsten Ausfallraten, sie erreichten auch die höchsten Mittelwerte der Wuchshöhen. Die geringsten Wuchshöhen wurden von Sträuchern der Herkünfte aus Hessen, Brandenburg und Thüringen erreicht.

Der Abstand der wüchsigsten Herkunft Italien zur schlechtwüchsigsten Herkunft Hessen betrug 47,7 cm (Anmerkung: 2013 waren es noch 35,6 cm). Die Rangfolge zwischen den Herkünften veränderte sich innerhalb der beiden Aufnahmejahre. Im Jahre 2014 zeigte die Herkunft Niedersachsen mit 42,4 cm den höchsten Zuwachs. Der geringste Zuwachs lag bei der Herkunft Hessen mit 27,7 cm (Abbildung 4.32).



*Abbildung 4.32: Mediane und Streuung der Wuchshöhen der Herkünfte (Schlehe) aus dem Pflanzjahr 2011 im Jahr 2014.*

Die Wuchshöhen der Schlehen aus dem Pflanzjahr 2012 waren im Jahr 2014 noch wenig ausdifferenziert. Der Abstand der niedrigsten zur höchsten Herkunft betrug nur 18 cm. Ebenso war die Rangfolge nur bedingt mit derjenigen der Pflanzung von 2011 zu vergleichen,

wobei die Herkunft Niedersachsen die höchsten Werte erreichte. Die Herkünfte Ungarn, Italien und Hessen bildeten zusammen die Gruppe mit der zweithöchsten Wuchskraft. Die einheimische Brandenburger Herkunft zeigte die geringste Wuchshöhe (wie auch im ersten Wuchsjahr der Pflanzung von 2011).

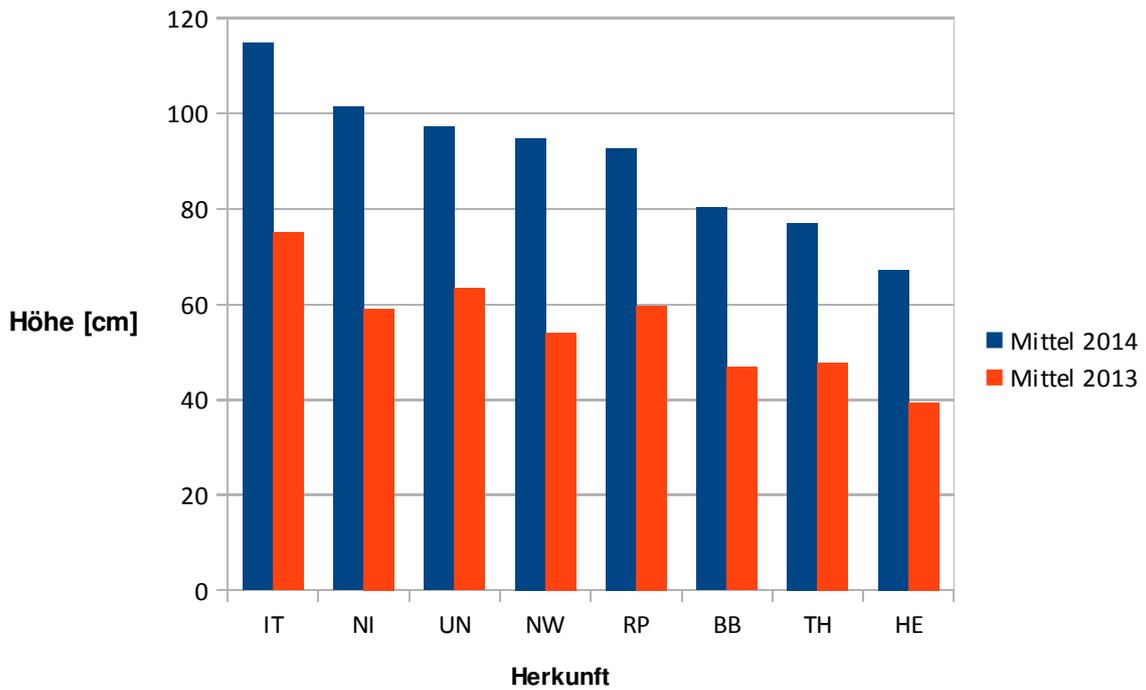


Abbildung 4.33: Rangfolge der Herkünfte (Schlehe) aus dem Pflanzjahr 2011 nach den mittleren Wuchshöhen in den Aufnahmejahren 2013 und 2014.

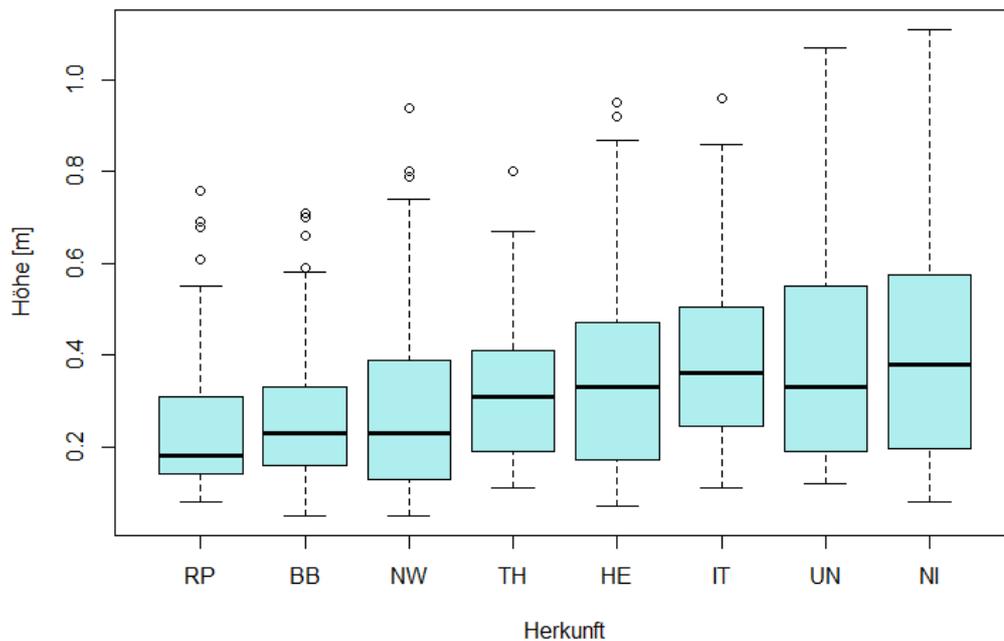


Abbildung 4.34: Mediane und Streuung der Wuchshöhen der Herkünfte (Schlehe) aus dem Pflanzjahr 2012 am Anzuchtsort Brandenburg im Jahr 2014.

Standort Thüringen (Forstamt Leinefelde, Rev. Zehnsberg)

Am Standort Thüringen wurden entsprechende Analysen durchgeführt. Im Mittel lagen die Mediane der meisten Vorkommen auf ähnlichem Niveau von 10 - 15 cm. Somit zeigten die Schlehen in Thüringen das geringste Wachstum.

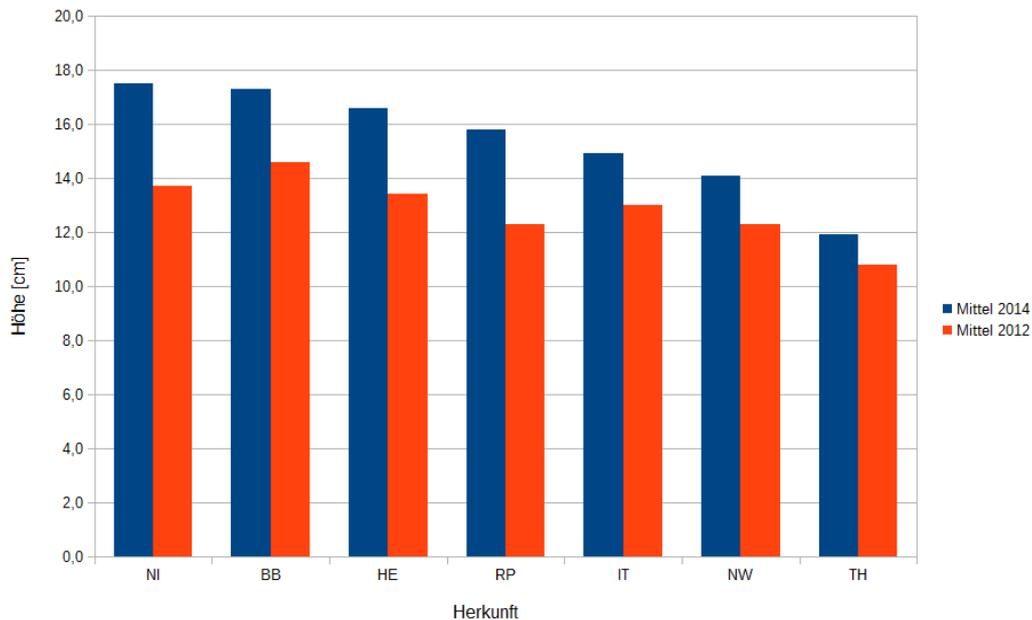


Abbildung 4.35: Wuchshöhen der Herkünfte (Schlehe) aus dem Pflanzjahr 2012 am Anzuchtsort Thüringen in den Aufnahmejahren 2012 und 2014.

Problematisch war, dass einige Schlehen z. T. stark zurückgetrocknet waren und anschließend im Wurzelhalsbereich wieder austrieben. Durch die geringen Minimalwerte ergab sich eine hohe Varianz der Höhen.

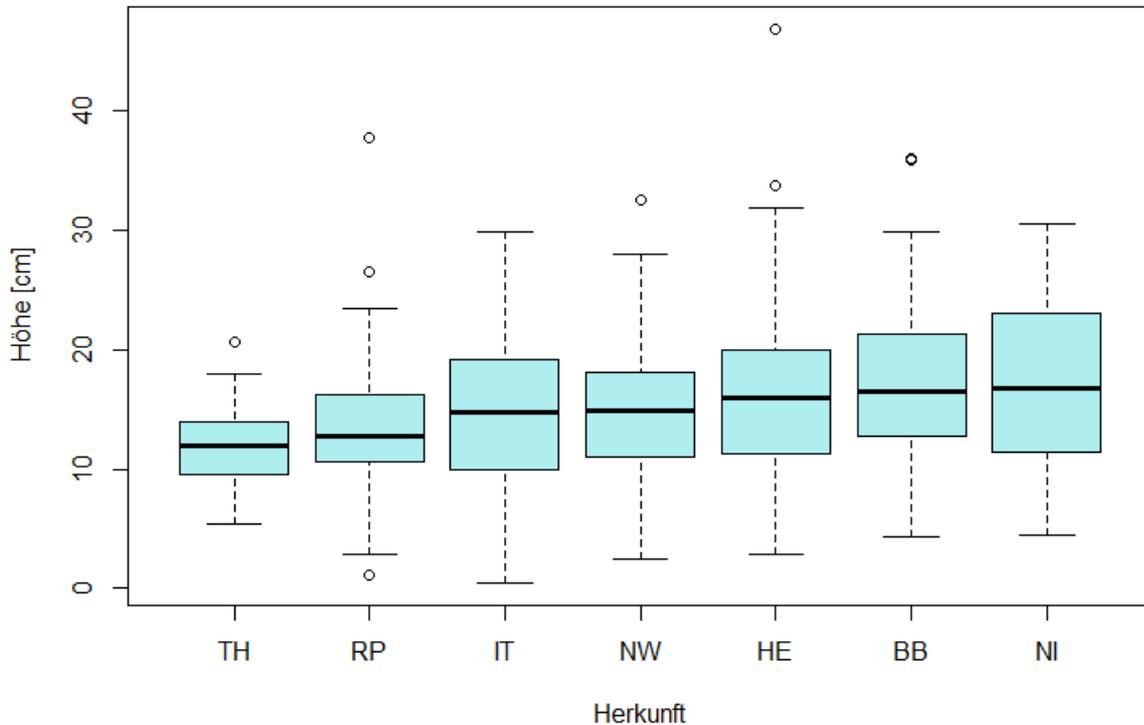


Abbildung 4.36: Mediane und Streuung der Wuchshöhen der Herkünfte (Schlehe) aus dem Pflanzjahr 2012 am Anzuchtsort Thüringen im Aufnahmejahr 2014.

#### Standort Rheinland-Pfalz

Aufgrund der erheblichen zeitlichen witterungsbedingten Unterbrechung der Pflanzung vom November 2012 bis März 2013, der geringen Höhen und Ausdifferenzierungen der Schlehen und des Wiederaustriebes anscheinend abgestorbener Schlehen in der Vegetationsperiode wurde im Jahr 2013 auf eine Messung verzichtet. Bei Folgeaufnahmen muss berücksichtigt werden, dass etliche Schlehen komplett zurückgetrocknet waren und dann erneut im Bereich der Wurzel austrieben.

Die Wertestreuung ist daher sehr groß: Bei der Höhenaufnahme 2014 wurden Maximalwerte von 124 cm und Minimalwerte von 2 cm (Neuaustrieb) erhoben.

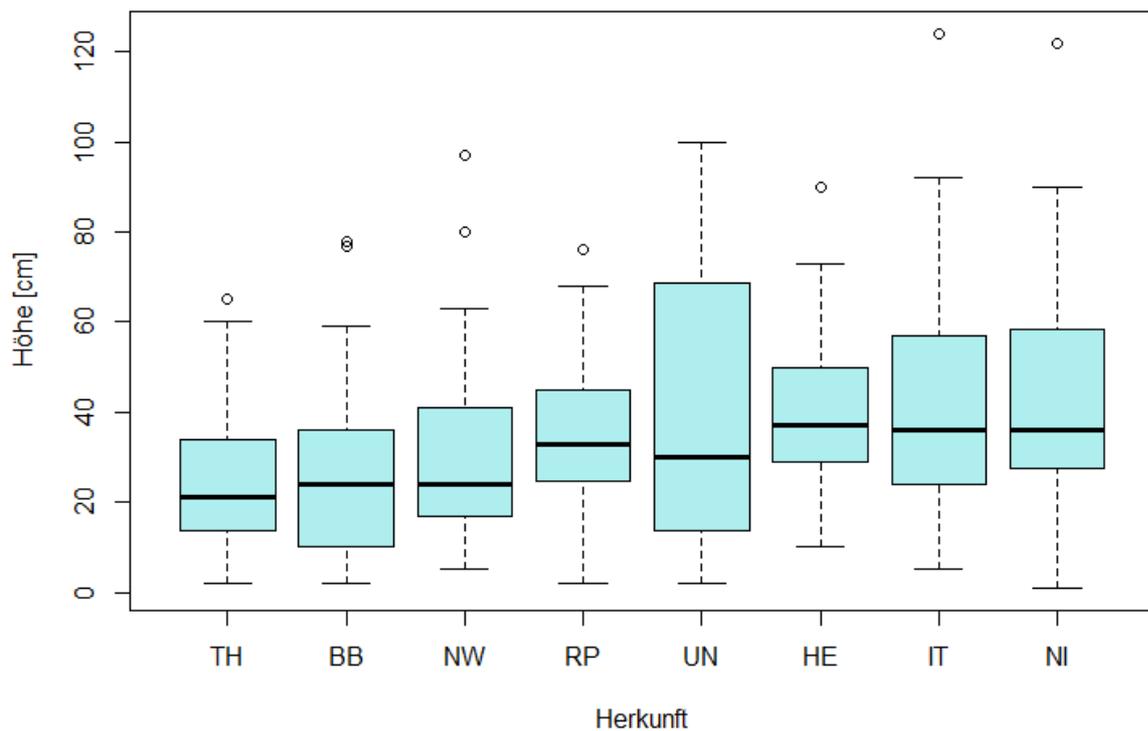


Abbildung 4.37: Wuchshöhen der Herkünfte (Schlehe) aus dem Pflanzjahr 2012 / 2013 am Anzuchtsort Rheinland-Pfalz im Aufnahmejahr 2014.

Tabelle 4.33: Höhen der Schlehen (cm) an den drei Anzuchtsorten im letzten Aufnahmejahr.

HERKUNFT	BB	RP	TH	Mittelwert
BB	27,4	27,0	17,3	23,9
HE	40,4	40,9	16,6	32,6
IT	40,0	41,6	14,9	32,2
NI	<b>45,6</b>	<b>42,9</b>	<b>17,5</b>	<b>35,3</b>
NW	35,4	30,4	14,1	26,6
RP	29,6	35,1	15,8	26,8
TH	33,8	25,8	11,9	23,8
UN	40,6	40,2	-	<b>(40,4) ohne Thü!! Sonst nur</b>
Mittelwert	<b>36,6</b>	35,5	15,4	29,2

Auffällig ist das schlechte Höhenwachstum am Anzuchtsort Thüringen, hier sind die Schlehen nur halb so hoch wie an den beiden anderen Standorten. Diese wiederum unterscheiden sich im Mittel nicht signifikant voneinander. Die Herkünfte aus Ungarn (fehlt in TH) und Niedersachsen zeigten das größte Höhenwachstum. Allerdings wurden für Ungarn nur die

beiden Werte aus Brandenburg und Rheinland-Pfalz berücksichtigt. Die Herkünfte Thüringen und die Herkunft Brandenburg weisen das schwächste Wachstum aufwiesen.

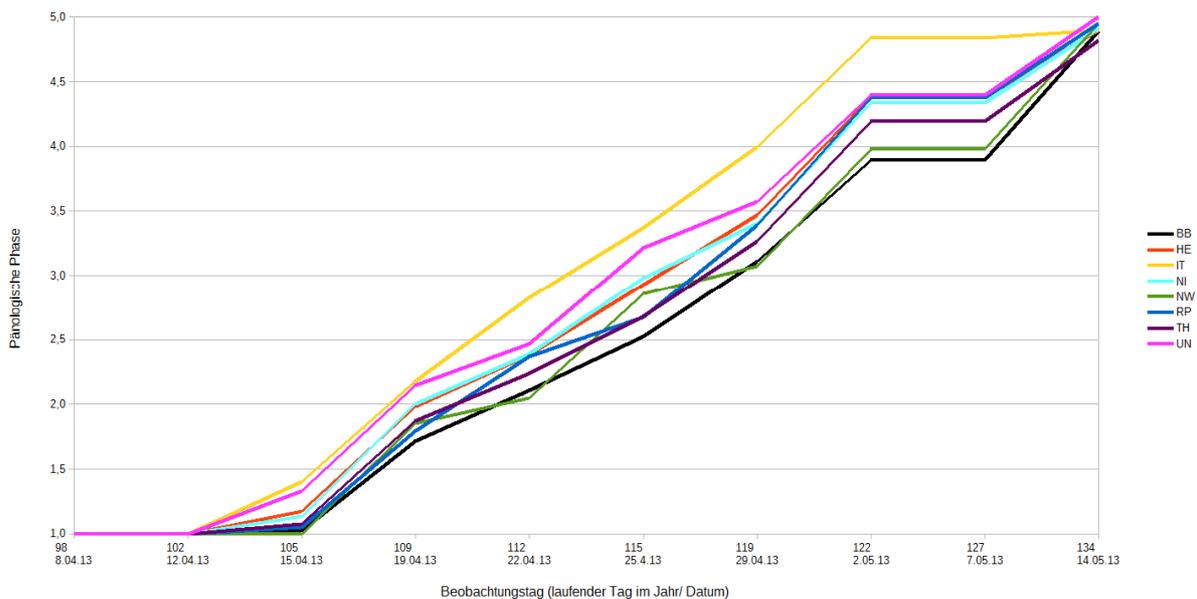
Die Herkunft Niedersachsen wies das zweitbeste Höhenwachstum auf und ist bei den Ausfällen am geringsten betroffen.

### *Phänologie des Blattaustriebs*

*Standort: Brandenburg (Forstbaumschule Eberswalde)*

*Aufnahmejahr 2013*

Die Abbildung 4.38 zeigt den zeitlichen Verlauf der phänologischen Phasen der Blattformung der acht Herkünfte ab dem 08.04.2013 an zehn Terminen bis zum 14.05.2013. Sträucher der Herkünfte Italien und Ungarn trieben früher aus und schlossen am 02.05.2013 die Blattformung vollständig ab. Den spätesten Blattaustrieb zeigten die Herkünfte Brandenburg und Nordrhein-Westfalen.



*Abbildung 4.38: Zeitlicher Verlauf der fünf phänologischen Phasen der Blattformung bei den Schlehen differenziert nach den Herkünften im Jahre 2013.*

Der Beobachtungstag mit der größten phänologischen Spannweite fiel bei der Anzucht in der Forstbaumschule Stadtsee im Jahr 2013 auf den 8. Beobachtungstag („Phäno-Tag“ in Abbildung 4.39), den 2. Mai 2013. Die spät treibende Herkunft Brandenburg wies an diesem Tag den phänologischen Index 3,89 auf (phänologische Phase 4). Der „Beginn der Blattformung“ war fast vollständig erreicht. Die früh treibende Herkunft Italien erreichte an diesem Tag den Index von 4,84. Die überwiegende Zahl der Pflanzen dieser Herkunft war

zum Stichtag bereits vollständig ausgetrieben (phänologische Phase 5). Der Unterschied betrug mit 0,95 nahezu eine phänologische Phase, eine größere Spannweite zwischen den Indices wurde an folgenden Tagen nicht mehr erreicht.

Die Austriebsreihenfolge am 2. Mai 2013 veranschaulicht Abbildung 4.39.

Anzucht in:	BR
Spanne	0.95
Datum	2.5.2013
Phäno-Tag	8
Tag im Jahr	122
<b>Austrieb</b>	
Spät	BR
↓	NW
↓	TH
↓	NI
↓	RP
↓	HE
↓	UN
↓	IT
Früh	

Abbildung 4.39: Austriebsreihenfolge der Schlehe am 2. Mai 2013 in der Forstbaumschule Eberswalde (Brandenburg).

Im Jahr 2014 begann der Blattaustrieb der Schlehe in Brandenburg am 24. Februar 2014. An den nachfolgenden 20 Terminen wurden die phänologischen Phasen entsprechend der 5-stufigen Skala bis zum 15. Mai 2014 an der in den Jahren 2011 und 2012 gepflanzten Schlehen kartiert. Eine Differenzierung zwischen den Herkünften aus dem ersten Pflanzjahr war erst ab dem 7. Beobachtungstag (20. März 2014) sichtbar. Die Herkünfte aus Ungarn, Italien und etwas später Hessen und Rheinland-Pfalz schlossen die Blattentwicklung zuerst ab. Die Schlehen der Herkünfte aus Brandenburg und Nordrhein-Westfalen erreichten die Phänophase 5 als letzte. Auffällig ist der sehr große Vorsprung der Herkunft Italien an den Beobachtungstagen P12 bis P14.

Bei den Schlehen aus dem Pflanzjahr 2012 war der Vorsprung der Herkunft Italien noch deutlicher als bei den älteren Pflanzen. Auffällig ist, dass am 20. Beobachtungstag noch kein Abschluss des Austriebs stattgefunden hat. Dies ist möglicherweise auf die schlechte Pflanzenqualität zurückzuführen, die insgesamt zu einer verzögerten Entwicklung führte.

Die Entwicklung der Schlehen aus den beiden Pflanzjahren im Frühjahr 2014 zeigen die Abbildungen 4.40 und 4.41.

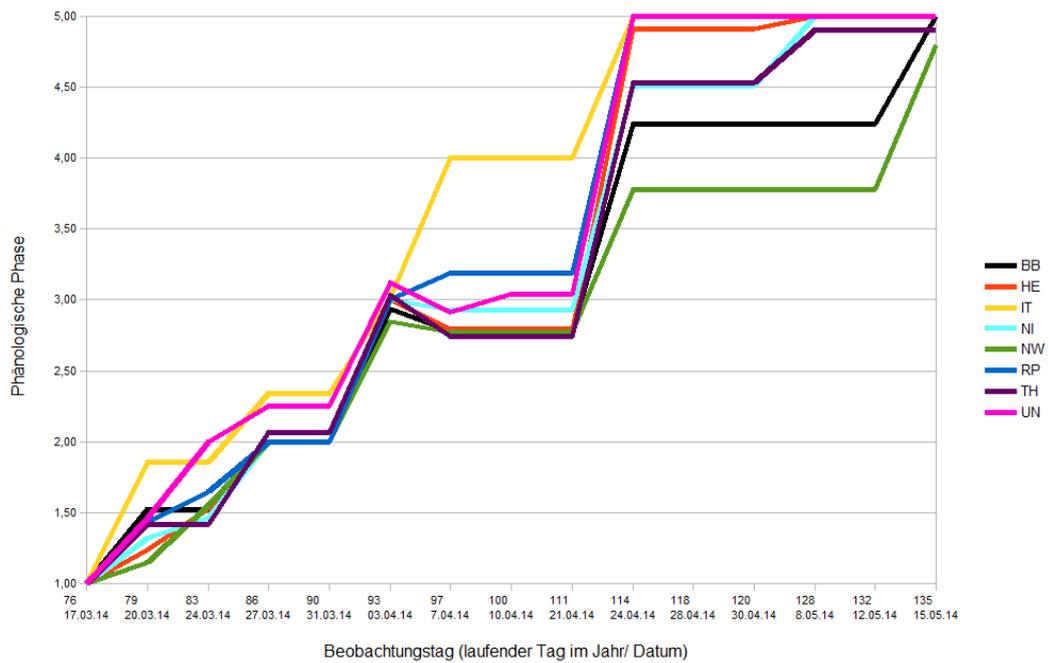


Abbildung 4.40: Zeitlicher Verlauf der fünf phänologischen Phasen der Blattentfaltung bei den Schlehen (Pflanzjahr 2011) differenziert nach den Herkünften im Jahre 2014.

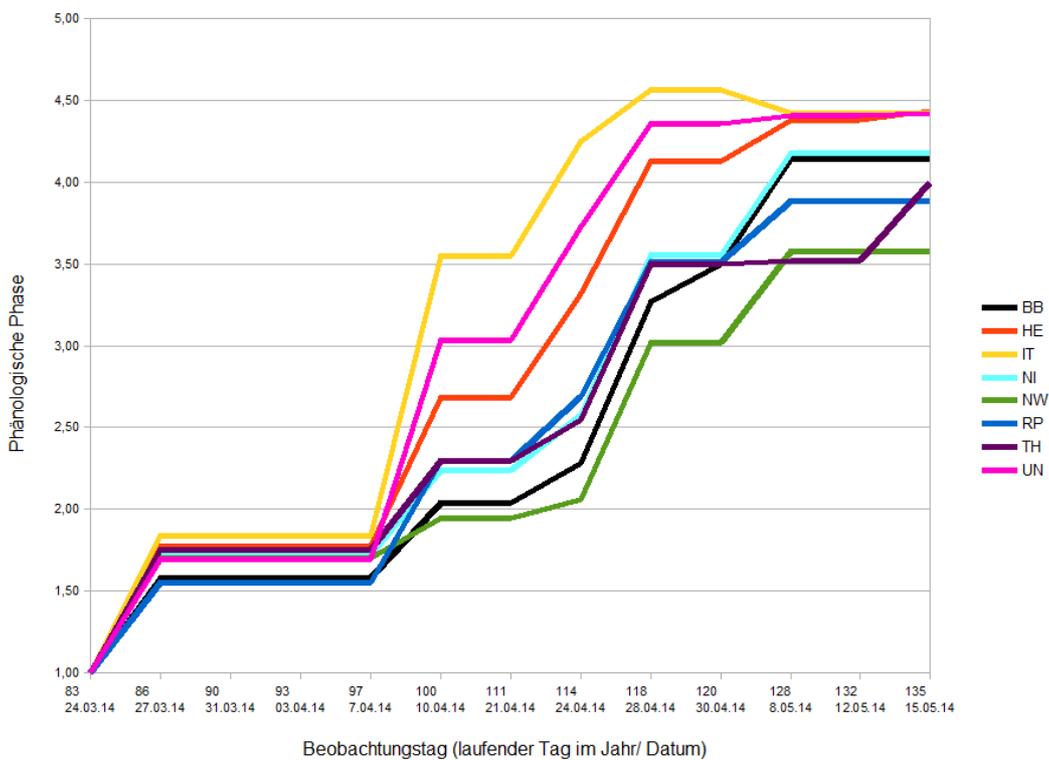


Abbildung 4.41: Zeitlicher Verlauf der fünf phänologischen Phasen der Blattentfaltung bei den Schlehen (Pflanzjahr 2012) differenziert nach den Herkünften im Jahre 2014.

Die Abbildungen 4.42 a und b stellen die Austriebsreihenfolge am Beobachtungstag mit der größten phänologischen Differenz dar. Zwar sind die beiden Ranglisten nicht identisch, in der Tendenz aber ähnlich.

Anzucht in:	BB
Spanne	1,26
Datum	21.04.2014
Phäno-Tag	P14
Tag im Jahr	111
<b>Austrieb</b>	
Spät	TH
	NW
	BB
	HE
	NI
	UN
	RP
Früh	IT

*Schlehe Pflanzjahr 2011*

Anzucht in:	BB
Spanne	2,19
Datum	24.04.2014
Phäno-Tag	P15
Tag im Jahr	114
<b>Austrieb</b>	
Spät	NW
	BB
	TH
	NI
	RP
	HE
	UN
Früh	IT

*Schlehe Pflanzjahr 2012*

*Abbildung 4.42 a und b: Austriebsreihenfolge der Schlehe aus der Anzucht 2011 (a) und 2012 (b) in der Forstbaumschule Eberswalde (Brandenburg).*

Exemplarisch wurde überprüft, ob sich der Unterschied zwischen früh- und spätreibender Herkunft statistisch absichern lässt. Dazu wurde die frühtreibende Herkunft Italien mit der spätreibenden Herkunft Brandenburg aus dem Anzuchtjahr 2011 im Beobachtungsjahr 2013 verglichen. Die Daten folgen aufgrund der Einteilung in die phänologischen Phasen 1 bis 5 einer ordinalen Skala. Die Stichproben sind unabhängig voneinander, da die untersuchten Populationen stark räumlich getrennten Herkunftsgebieten entstammen. Zusammen mit einer fehlenden Normalverteilung führten diese Eingangsgrößen zu der Auswahl des nicht-parametrischen „Mann-Whitney-Wilcoxon“-Tests. Die Berechnungen wurden mit dem Statistik-Programm „R“ durchgeführt.

Die Null-Hypothese besagt, dass die beobachteten Werte der gleichen Population entstammen, das Signifikanzniveau beträgt 0,05. Für die genannten Populationen betrug der berechnete P-Wert im Jahr 2013  $P = 0,4008$ . Eine statistische Absicherung gelang somit nicht.

Die Schlehen des Pflanzjahres 2012 zeigten 2014 eine starke Differenzierung im Austrieb. Die wiederum frühtreibende Herkunft Italien wurde mit der spätreibenden Herkunft Nordrhein-Westfalen verglichen. Der berechnete P-Wert von 0,2615 ließ zwar noch keine statistische Absicherung zu, war aber bislang der stärkste statistische Zeiger für unterschiedliches Austriebsverhalten.

### Variation des Austriebsverhaltens innerhalb der Herkunft Brandenburg (Klonvariation)

Am Beispiel der Herkunft Brandenburg wurde auch die Variation des Blattaustriebs zwischen den Klonen einer Herkunft untersucht. Beispielhaft wird in der Abbildung 4.43 die Variation zwischen den 22 Klonen der Herkunft Brandenburg aus der ersten Anzuchtperiode dargestellt. An einigen Tagen erreichen die Unterschiede bis zu zwei phänologischen Phasen. Der an 20 Beobachtungstagen gemittelte Abstand beträgt 0,77 phänologischer Phase. Bei der Herkunft Italien wurde ein mittlerer Wert von 0,48, bei der stärker streuenden Herkunft Nordrhein-Westfalen ein Wert von 1,05 Phasen berechnet.

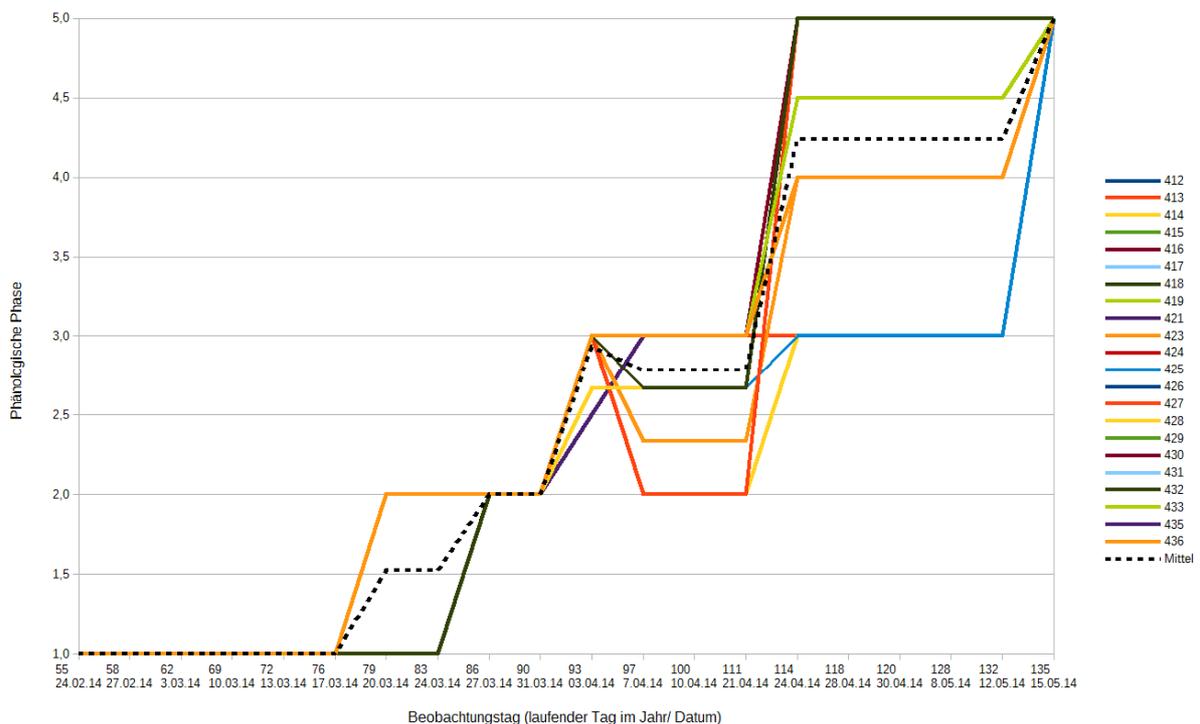


Abbildung 4.43: Zeitlicher Verlauf der fünf phänologischen Phasen der Blattentfaltung bei den Schlehen der Brandenburger Herkunft (Pflanzjahr 2011) differenziert nach den Klonen im Jahre 2014.

### Standort Thüringen (Forstamt Leinefelde, Rev. Zehnsberg)

Der Blattaustrieb bei der Schlehe setzte auf Grund kühler Witterung verhältnismäßig spät ein. Es folgte innerhalb von 14 Tagen ein starker Austrieb, dem eine fast dreiwöchige Stagnation mit nur geringen Fortschritten folgte, bevor der Blattaustrieb Anfang Juni abgeschlossen war.

Die Herkünfte Rheinland-Pfalz und Italien trieben verhältnismäßig schnell aus und die Herkunft Italien schloss zusammen mit Niedersachsen am 4. Juni ab.

Das Austriebsverhalten der Herkünfte Rheinland-Pfalz und Italien bestätigte sich auch im Jahr 2014. Sie begannen zuerst und schlossen entsprechend als erste ab.

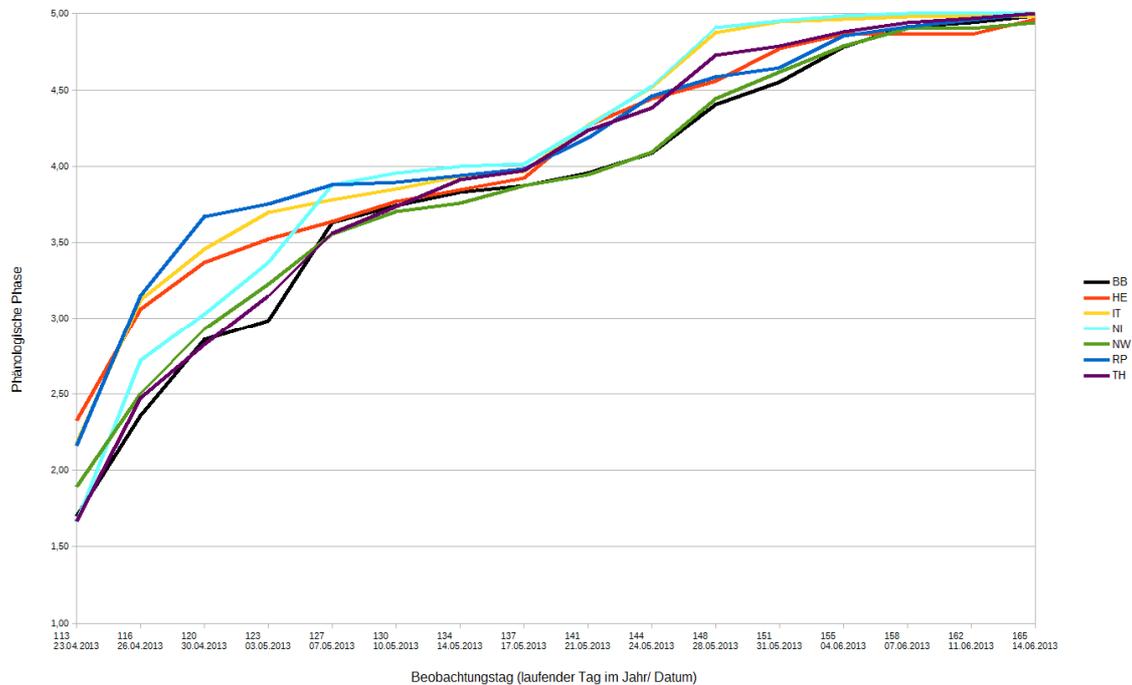


Abbildung 4.44: Zeitlicher Verlauf der fünf phänologischen Phasen der Blattentfaltung bei den Schlehen (Pflanzjahr 2012) am Anzuchtsort Thüringen differenziert nach den Herkünften im Jahre 2013.

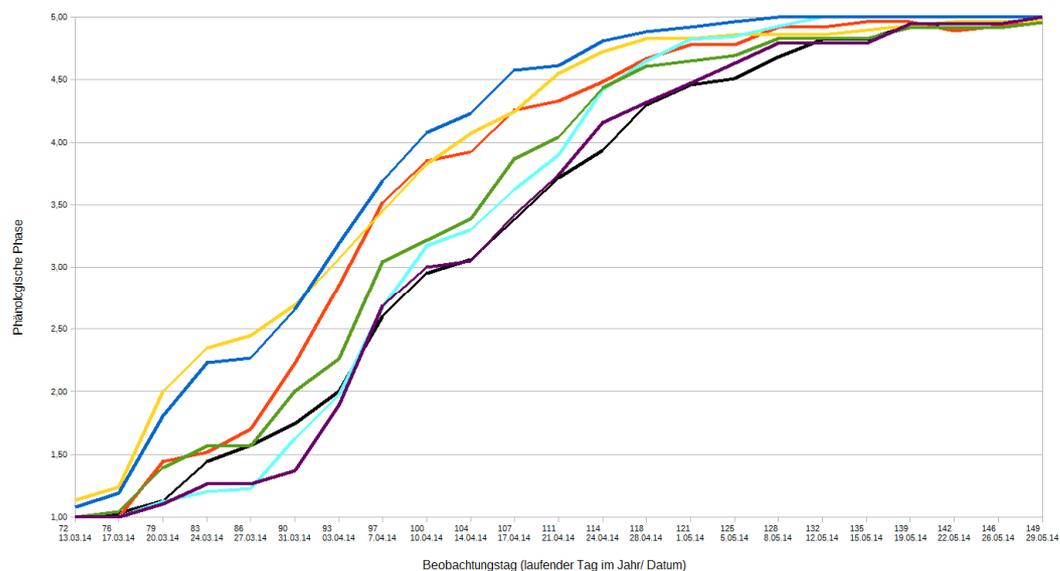


Abbildung 4.45: Zeitlicher Verlauf der fünf phänologischen Phasen der Blattentfaltung bei den Schlehen (Pflanzjahr 2012) am Anzuchtsort Thüringen differenziert nach den Herkünften im Jahre 2014.

**Standort Rheinland-Pfalz:**

Die Strucher der Herkunft Italien und Ungarn trieben fruher aus und schlossen als erste ab. Bei den Herkunft Brandenburg und Thuringen war der Blattaustrieb etwas verzogert.

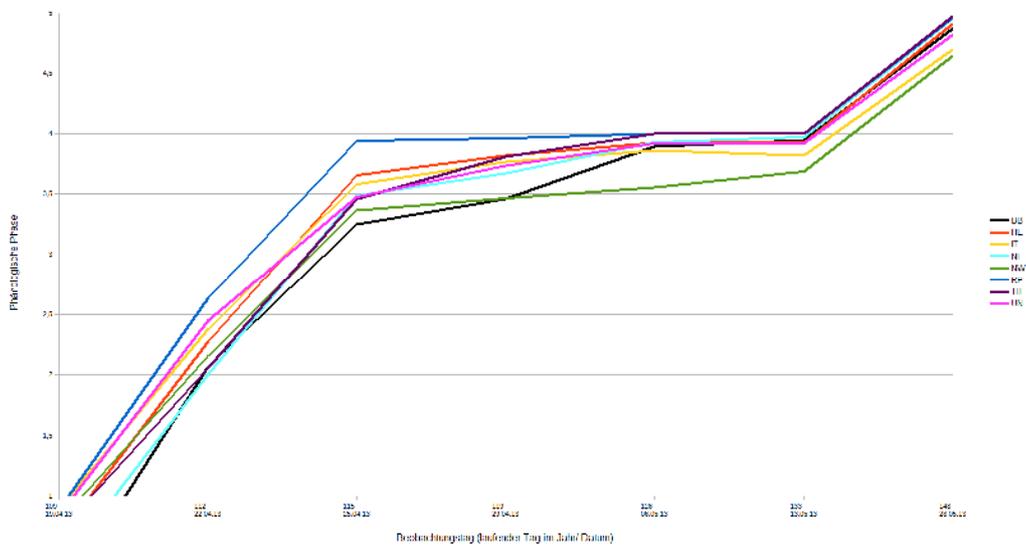


Abbildung 4.46: Zeitlicher Verlauf der funf phanologischen Phasen der Blattauffaltung bei den Schlehen (Pflanzjahr 2012 / 2013) am Anzuchtsort Rheinland-Pfalz differenziert nach den Herkunft im Jahre 2013.

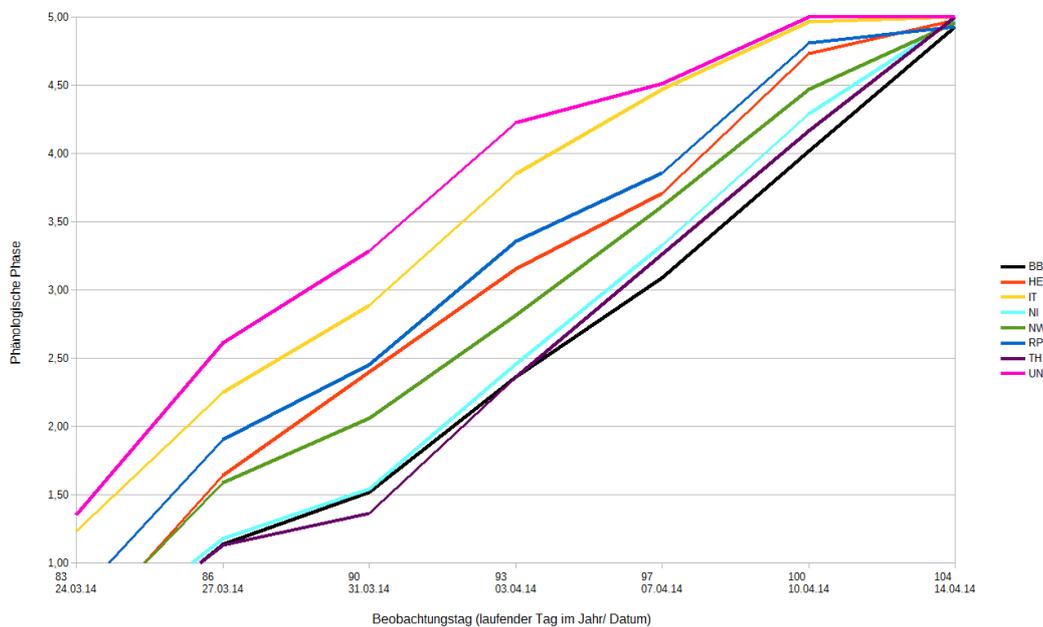


Abbildung 4.47: Zeitlicher Verlauf der funf phanologischen Phasen der Blattauffaltung bei den Schlehen (Pflanzjahr 2012 / 2013) am Anzuchtsort Rheinland-Pfalz differenziert nach den Herkunft im Jahre 2014.

### Fazit der Austriebsphänologie an den drei Anzuchtsorten

In Thüringen stand keine Herkunft Ungarn zur Verfügung. Bei den Schlehen in Brandenburg handelt es sich um die Anzucht aus dem Jahre 2011, diese Klone sind nicht identisch mit den Klonen aus den Anzuchten des Jahres 2012 in den Bundesländern Thüringen und Rheinland-Pfalz.

Anzucht in:	BR	TH	RP
Spanne	0,95	0,84	0,76
Datum	02.05.2013	30.04.2013	19.04.2013
Phäno-Tag	8	5	1
Tag im Jahr	122	120	109
<b>Austrieb</b>			
Spät	BR	TH	BR
	NW	BR	NW
	TH	NW	HE
	NI	NI	TH
	RP	HE	NI
	HE	IT	UN
	UN	RP	RP
Früh	IT		IT

Abbildung 4.48: Reihenfolge des Austriebs der Schlehenanzuchten im Jahr 2013 an den drei Anzuchtsorten.

In der Abbildung 4.48 ist die Austriebsreihenfolge am Beobachtungstag mit der größten phänologischen Differenz dargestellt. Zwar ist die Reihenfolge der einzelnen Herkünfte nicht identisch, aber in der Tendenz ähnlich. So gehört die Herkunft Brandenburg an allen drei Anzuchtsorten eher zu den spätreibenden, die Herkunft Italien zu den frühtreibenden Schlehen. Die geografische Lage der Herkünfte manifestiert sich deutlich im unterschiedlichen Austrieb.

Obwohl es sich bei der Auswertung 2014 um dieselben Klone handelt, ist vor allem im Bereich der spätreibenden Herkünfte die Rangfolge nicht mehr so deutlich wie noch in der Grafik für das Jahr 2013. Auffallend sind die Herkünfte Nordrhein-Westfalen, Thüringen und Niedersachsen, die um zwei Plätze verschoben sind. Bis auf die an zwei Anzuchtsorten stets früh treibende Herkunft Italien sind die restlichen Herkünfte nur um jeweils einen Platz gegeneinander verschoben.

Anzucht in:	BB	TH	RLP
Spanne	2,19	1,32	1,92
Datum	24.04.2014	31.03.2014	31.03.2014
Phäno-Tag	P15	P06	P3
Tag im Jahr	114	90	90
<b>Austrieb</b>			
Spät	NW	TH	TH
	BB	NI	BB
	TH	BB	NI
	NI	NW	NW
	RP	HE	HE
	HE	RP	RP
	UN	IT	IT
Früh	IT		UN

Abbildung 4.49: Ranking des Austriebs der Schlehenanzuchten aus dem Pflanzjahr 2012 im Jahr 2014 an den drei Anzuchtsorten.

Gründe für die beobachteten Unterschiede können in den besonderen meteorologischen Bedingungen in der Austriebsphase, siehe Temperatursummen Abbildung 5 a+b im Anhang, sowie in der Variation innerhalb der Klone liegen.

### Blühphänologie

Im Rahmen der Phänologie des Blattaustriebs wurde 2014 erstmalig die Blühintensität der 2011 gepflanzten Schlehen am Anzuchtsort Brandenburg untersucht. Insgesamt waren nur an vier von acht Herkünften Blüten zu beobachten. Während der Beginn der Blüte der vier Herkünfte noch ähnlich ist, sticht die Brandenburger Herkunft in ihrer Blühintensität deutlich hervor (Abbildung 4.50).

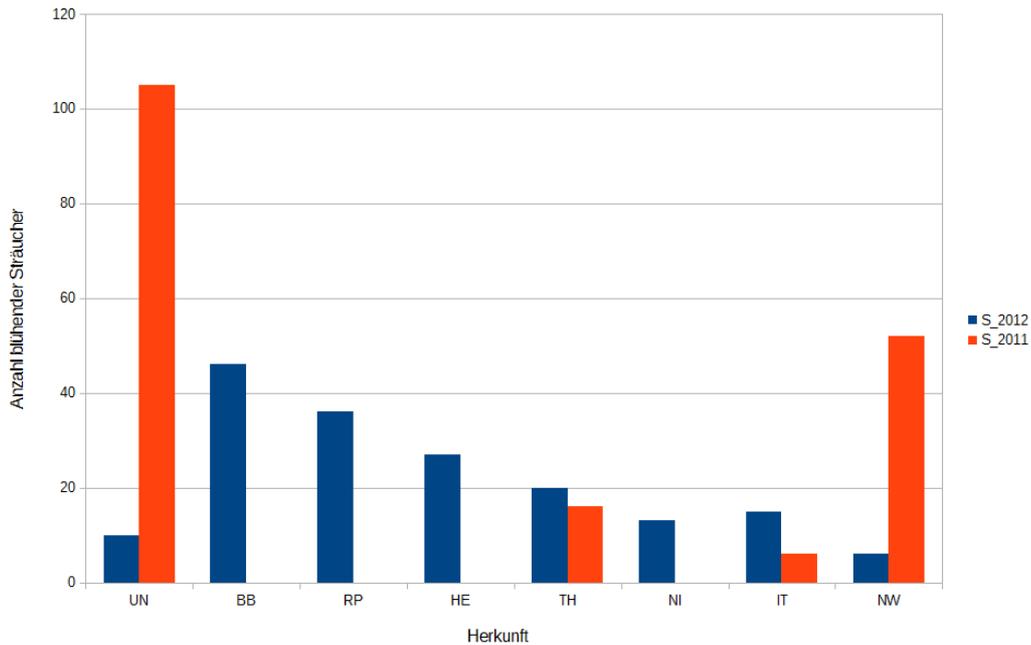


Abbildung 4.50: Anzahl blühender Schlehensträucher im Frühjahr 2014 (Anzuchtsjahre 2011 und 2012) am Anzuchtsort Eberswalde.

Die Sträucher des Anzuchtsjahres 2012 blühten noch sehr verhalten, dies ist aber auf ihr geringeres Alter bzw. die teilweise schlechte Vitalität im ersten Standjahr zurückzuführen. Auch ist der unterschiedliche Stichprobenumfang der beiden Anzuchtsjahre zu berücksichtigen.

Am Anzuchtsort Rheinland-Pfalz zeigte sich für die Herkünfte Brandenburg und Niedersachsen eine ähnliche Tendenz (Abbildung 4.51).

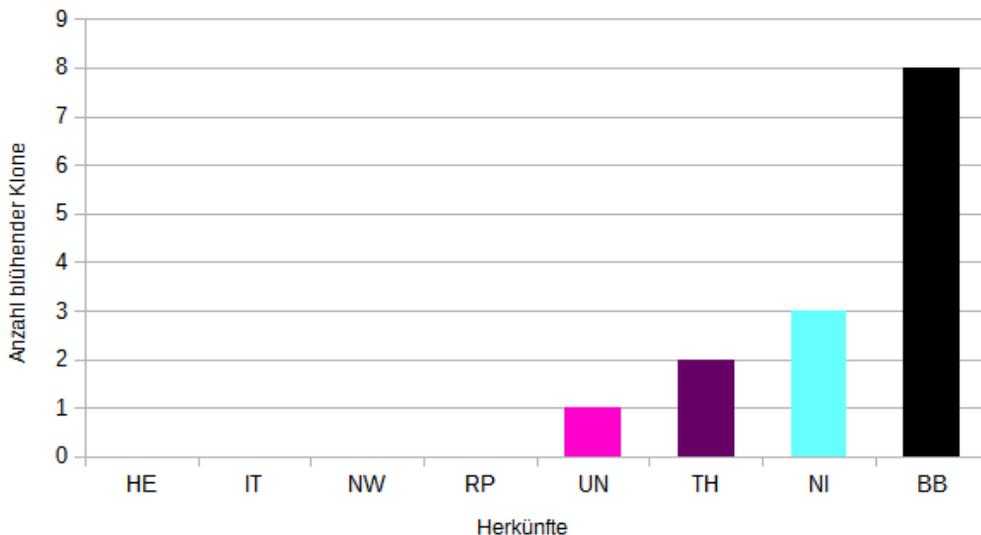


Abbildung 4.51: Anzahl blühender Schlehen-Klone am Anzuchtsort Rheinland-Pfalz.

Einige Schlehen blühten bereits 2014, eine Aussage lässt sich hierbei allerdings nicht ableiten, da das Blühverhalten stark von der Auswahl sowohl des Ausgangsstrauches (Alter, Lichteinwirkung, usw.) als auch der erworbenen Steckreiser (Blühknospen, Schattäste, usw.) abhängt.

#### 4.2.4. BIOMARKERANALYSEN

##### *Blatt-Trockenmasse*

Bezüglich der Blatt-Trockenmassen differenzierten sich die acht Herkünfte vom Pflanzjahr 2011 im Untersuchungsjahr 2013 in drei und im Untersuchungsjahr 2014 in vier Gruppen.

*Tabelle 4.34: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) der Trockenmasse der einzelnen Herkünfte im Untersuchungsjahr 2013 bzw. 2014.*

<b>2013 Herkunft</b>	<b>n</b>	<b>MW [mg]</b>	<b>Varianz [%]</b>	<b>Median [mg]</b>	<b>Min [mg]</b>	<b>Max [mg]</b>
<b>Ungarn</b>	12	<b>37,8</b> (ab)	56,6	34,48	10,8	76,0
<b>Italien</b>	15	<b>34,1</b> (a)	22,4	33,0	18,8	46,3
<b>Brandenburg</b>	15	<b>50,0</b> (b)	36,9	51,0	13,3	88,6
<b>Hessen</b>	25	<b>26,8</b> (a)	44,4	25,0	10,4	50,7
<b>Niedersachsen</b>	15	<b>35,2</b> (a)	29,4	36,0	14,0	51,2
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	14	<b>36,5</b> (ab)	29,2	33,1	27,0	65,7
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>26,6</b> (a)	29,8	24,0	16,4	44,5
<b>Thüringen</b>	15	<b>32,3</b> (a)	49,0	26,5	13,8	75,7
<b>2014 Herkunft</b>						
<b>Ungarn</b>	13	<b>36,8</b> (a)	9,6	37,9	28,6	42,0
<b>Italien</b>	15	<b>40,0</b> (ab)	9,0	39,0	35,7	48,1
<b>Brandenburg</b>	15	<b>48,3</b> (c)	13,4	48,9	37,0	59,6
<b>Hessen</b>	25	<b>37,5</b> (ab)	12,0	37,9	27,9	50,8
<b>Niedersachsen</b>	14	<b>40,4</b> (ab)	7,6	40,2	34,0	46,3
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	15	<b>38,7</b> (ab)	13,1	38,6	29,8	51,4
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>42,0</b> (b)	13,2	41,5	32,3	57,1
<b>Thüringen</b>	15	<b>40,3</b> (ab)	9,4	39,4	36,1	51,1

Die höchsten Trockenmassen wurden in beiden Untersuchungsjahren von Blättern der Brandenburger Herkunft erreicht. Die Herkünfte aus Italien, Hessen, Thüringen, Rheinland-Pfalz und Niedersachsen bildeten 2013 signifikant geringere Blattmassen aus. Die Blatt-Trockenmassen der Herkünfte Nordrhein-Westfalen und Ungarn bildeten 2013 eine

intermediäre Gruppe, während die Herkunft aus Ungarn im Jahr 2014 die geringsten Blattmassen entwickelt.

### Blattfläche

Zwischen den acht Herkünften der Schlehe bestanden in beiden Untersuchungsjahren signifikante Unterschiede bezüglich der Blattflächen, von denen sich jeweils drei Gruppen (a, b, c) signifikant unterschieden. Im Untersuchungsjahr 2013 entwickelten die Schlehen aus Brandenburg und im Jahre 2014 aus Ungarn die größten Blattflächen. In beiden Untersuchungsjahren hatten die Blätter aus Rheinland-Pfalz die kleinsten Oberflächen.

*Tabelle 4.35: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) der Blattfläche der einzelnen Herkünfte im Untersuchungsjahr 2013 bzw. 2014.*

2013 Herkunft	n	MW [mm <sup>2</sup> ]	Varianz [%]	Median [mm <sup>2</sup> ]	Min [mm <sup>2</sup> ]	Max [mm <sup>2</sup> ]
<b>Ungarn</b>	12	<b>626</b> (bc)	46,7	556	236	1159
<b>Italien</b>	15	<b>507</b> (abc)	20,6	466	323	646
<b>Brandenburg</b>	15	<b>646</b> (c)	33,7	619	213	1144
<b>Hessen</b>	25	<b>446</b> (ab)	35,2	434	184	697
<b>Niedersachsen</b>	15	<b>496</b> (abc)	27,2	504	236	775
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	14	<b>522</b> (abc)	32,9	470	386	1014
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>348</b> (a)	24,3	345	233	517
<b>Thüringen</b>	15	<b>533</b> (abc)	50,5	466	239	1171
<b>2014 Herkunft</b>						
<b>Ungarn</b>	12	<b>749</b> (c)	50,7	655	255	1363
<b>Italien</b>	15	<b>663</b> (b)	22,0	616	492	970
<b>Brandenburg</b>	15	<b>594</b> (ab)	47,2	517	227	1178
<b>Hessen</b>	25	<b>585</b> (ab)	43,3	482	211	1020
<b>Niedersachsen</b>	14	<b>675</b> (b)	29,9	708	366	939
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	15	<b>552</b> (ab)	30,8	492	339	1033
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>380</b> (a)	41,4	360	131	666
<b>Thüringen</b>	15	<b>661</b> (b)	45,5	636	308	1262

### Spezifische Blattfläche

Die höchsten Blattflächen pro Trockenmassen wurden in beiden Untersuchungsjahren von der ungarischen Herkunft erreicht. Im Jahre 2014 war ebenfalls die Blattgewebedichte der Herkünfte Hessen und Nordrhein-Westfalen signifikant erhöht. Schlehen aus Brandenburg und Rheinland-Pfalz hatten jeweils die geringste spezifische Blattfläche.

Tabelle 4.36: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) der spezifischen Blattfläche der einzelnen Herkünfte im Untersuchungsjahr 2013 bzw. 2014.

2013 Herkunft	n	MW [cm <sup>2</sup> / g]	Varianz [%]	Median [cm <sup>2</sup> / g]	Min [cm <sup>2</sup> / g]	Max [cm <sup>2</sup> / g]
<b>Ungarn</b>	12	<b>179</b> (d)	19,4	166	134	238
<b>Italien</b>	15	<b>150</b> (abc)	12,5	145	124	198
<b>Brandenburg</b>	15	<b>133</b> (a)	14,9	129	102	170
<b>Hessen</b>	25	<b>175</b> (cd)	15,2	169	137	251
<b>Niedersachsen</b>	15	<b>143</b> (ab)	8,6	144	120	169
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	14	<b>144</b> (ab)	15,8	144	95	176
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>133</b> (a)	9,2	133	115	156
<b>Thüringen</b>	15	<b>165</b> (bcd)	17,0	155	126	239
<b>2014 Herkunft</b>						
<b>Ungarn</b>	12	<b>207</b> (b)	41,3	184	54	336
<b>Italien</b>	15	<b>164</b> (ab)	11,7	159	140	204
<b>Brandenburg</b>	15	<b>139</b> (a)	21,7	136	85	185
<b>Hessen</b>	25	<b>203</b> (b)	26,7	193	136	343
<b>Niedersachsen</b>	14	<b>157</b> (ab)	13,6	159	126	211
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	15	<b>207</b> (b)	39,3	183	150	484
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>151</b> (ab)	31,2	147	42	253
<b>Thüringen</b>	15	<b>183</b> (ab)	17,9	194	135	232

### Energiestoffwechsel

#### Chlorophyllgehalt

Bezüglich der Gesamtchlorophyllgehalte differenzieren sich die Schlehen im ersten Untersuchungsjahr in drei Gruppen. Die signifikant höchsten Chlorophyllgehalte wurden in Blättern aus Thüringen und Hessen nachgewiesen. Die signifikant geringsten Chlorophyllgehalte wurden in Blättern der Herkünfte Italien und Nordrhein-Westfalen nachgewiesen. Tendenziell bestanden diese Unterschiede auch im zweiten

Untersuchungsjahr, erreichten auf Grund der großen Varianz aber nicht mehr das Signifikanzniveau. Insgesamt waren die mittleren Chlorophyllgehalte im Sommer 2014 wesentlich geringer als noch 2013.

*Tabelle 4.37: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gesamtchlorophyllgehaltes der einzelnen Herkünfte im Untersuchungsjahr 2013 bzw. 2014.*

2013 Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
<b>Ungarn</b>	12	<b>4,86</b> (bc)	12,9	4,76	3,65	5,85
<b>Italien</b>	15	<b>3,15</b> (a)	36,8	3,18	1,43	5,14
<b>Brandenburg</b>	15	<b>5,00</b> (bc)	21,0	5,14	1,89	6,12
<b>Hessen</b>	25	<b>5,34</b> (c)	19,2	5,24	2,95	7,74
<b>Niedersachsen</b>	15	<b>4,80</b> (bc)	28,6	4,76	2,57	7,54
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	14	<b>3,60</b> (a)	28,5	3,90	1,89	5,35
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>4,06</b> (ab)	29,3	3,94	1,73	6,21
<b>Thüringen</b>	15	<b>5,43</b> (c)	27,9	5,54	1,76	8,25
<b>2014 Herkunft</b>						
<b>Ungarn</b>	12	<b>1,55</b> (a)	81,8	1,03	0,66	5,16
<b>Italien</b>	15	<b>1,25</b> (a)	64,0	0,98	0,35	2,79
<b>Brandenburg</b>	15	<b>1,36</b> (a)	68,0	0,82	0,45	3,29
<b>Hessen</b>	25	<b>1,87</b> (a)	68,2	1,13	0,50	4,77
<b>Niedersachsen</b>	14	<b>1,19</b> (a)	49,2	0,94	0,54	2,31
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	15	<b>1,57</b> (a)	52,7	1,08	0,68	3,04
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>2,04</b> (a)	43,2	2,02	0,62	3,48
<b>Thüringen</b>	15	<b>2,02</b> (a)	48,6	1,86	0,73	3,46

#### *Pigmentverhältnisse*

Die Chlorophyll-Carotinoid-Verhältnisse waren in den Blättern der italienischen Herkunft in beiden Untersuchungsjahren signifikant am geringsten, während die Herkünfte aus Thüringen und Hessen die höchsten Quotienten erreichten. Ebenfalls hoch sind die Werte der Herkunft aus Ungarn.

Tabelle 4.38: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Pigmentverhältnisses Gesamtchlorophyll - Carotinoide der einzelnen Herkünfte im Untersuchungsjahr 2013 bzw. 2014.

2013 Herkunft	n	MW	Varianz [%]	Median	Min	Max
<b>Ungarn</b>	12	<b>5,76</b> (cde)	6,0	5,80	5,36	6,50
<b>Italien</b>	15	<b>5,09</b> (a)	7,6	5,06	4,44	5,68
<b>Brandenburg</b>	15	<b>5,51</b> (abc)	5,3	5,40	4,95	6,09
<b>Hessen</b>	25	<b>5,93</b> (de)	5,2	5,93	5,37	6,53
<b>Niedersachsen</b>	15	<b>5,55</b> (bcd)	7,9	5,58	4,65	6,50
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	14	<b>5,33</b> (ab)	7,8	5,33	4,50	6,10
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>5,13</b> (ab)	7,1	5,08	4,71	6,13
<b>Thüringen</b>	15	<b>6,10</b> (e)	10,7	5,99	5,06	7,67
<b>2014 Herkunft</b>						
<b>Ungarn</b>	12	<b>4,63</b> (abc)	17,3	4,40	3,75	6,66
<b>Italien</b>	15	<b>4,08</b> (a)	15,6	3,90	3,17	5,12
<b>Brandenburg</b>	15	<b>4,43</b> (abc)	15,1	4,36	3,52	5,48
<b>Hessen</b>	25	<b>4,98</b> (c)	16,6	4,75	3,81	6,57
<b>Niedersachsen</b>	14	<b>4,15</b> (ab)	13,6	4,08	3,47	5,14
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	15	<b>4,37</b> (abc)	12,3	4,15	3,76	5,22
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>4,87</b> (bc)	9,0	4,88	3,90	5,40
<b>Thüringen</b>	15	<b>4,96</b> (c)	13,0	5,03	3,85	6,03

### *Primärstoffwechsel*

#### *Lösliche Kohlenhydrate*

In beiden Untersuchungsjahren enthielten die Blätter aus Brandenburg die signifikant höchsten Gehalte an löslichen Kohlenhydraten, während die Herkünfte aus Ungarn und Italien (nur 2013) durch geringere Kohlenhydratgehalte in den Blättern auffielen. Im Jahr 2013 waren auch die Blutzuckergerhalte der Schlehen aus Thüringen vermindert.

Tabelle 4.39: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes löslicher Kohlenhydrate der einzelnen Herkünfte im Untersuchungsjahr 2013 bzw. 2014.

2013 Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
<b>Ungarn</b>	12	<b>82,8</b> (ab)	10,7	81,8	69,9	96,9
<b>Italien</b>	15	<b>78,1</b> (a)	8,6	77,4	69,0	93,4
<b>Brandenburg</b>	15	<b>94,7</b> (c)	12,6	90,3	76,0	117,6
<b>Hessen</b>	25	<b>93,9</b> (c)	9,5	94,8	75,8	113,3
<b>Niedersachsen</b>	15	<b>84,6</b> (ab)	7,1	84,9	73,8	94,5
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	14	<b>88,9</b> (bc)	8,2	88,1	76,7	100,4
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>87,3</b> (bc)	9,1	86,3	76,0	102,7
<b>Thüringen</b>	15	<b>84,7</b> (ab)	8,9	84,0	70,0	98,3
<b>2014 Herkunft</b>						
<b>Ungarn</b>	12	<b>86,9</b> (a)	11,4	85,6	74,1	105,0
<b>Italien</b>	15	<b>100,3</b> (bc)	7,0	99,6	89,6	114,0
<b>Brandenburg</b>	15	<b>107,7</b> (c)	5,7	107,5	97,8	119,4
<b>Hessen</b>	25	<b>104,3</b> (bc)	10,1	104,2	85,6	124,0
<b>Niedersachsen</b>	14	<b>100,5</b> (bc)	6,8	101,7	89,6	113,5
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	15	<b>102,5</b> (bc)	6,6	103,7	88,0	110,4
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>102,4</b> (bc)	7,0	104,4	91,2	114,2
<b>Thüringen</b>	15	<b>97,0</b> (b)	10,7	95,9	80,8	122,6

### Stärke

Große Unterschiede bestanden im Jahr 2013 bezüglich der Stärkegehalte in den Blättern. Die geringsten Gehalte waren in den Blättern der Herkünfte aus Ungarn, Nordrhein-Westfalen und Hessen, während die höchsten Gehalte in den Herkünften aus Brandenburg und Rheinland-Pfalz nachgewiesen wurden.

Tabelle 4.40: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Stärkegehaltes der einzelnen Herkünfte im Untersuchungsjahr 2013.

Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	13	38,5 (a)	53,5	37,0	13,14	75,74
Italien	16	54,1 (ab)	27,0	52,7	32,6	99,2
Brandenburg	16	69,1 (b)	28,5	68,2	42,8	116,1
Hessen	26	41,6 (a)	29,8	37,9	19,2	72,0
Niedersachsen	16	53,6 (ab)	23,7	54,3	32,0	82,1
Nordrhein-Westfalen	15	43,8 (a)	26,5	41,1	28,7	66,6
Rheinland-Pfalz	16	70,0 (b)	39,7	62,5	37,9	132,0
Thüringen	16	50,8 (ab)	43,5	45,6	15,0	92,5

#### Ascorbat

Bezüglich der Ascorbatgehalte bestanden in beiden Untersuchungsjahren übereinstimmende Unterschiede bezüglich der Herkunft aus Ungarn, die stets durch geringe Gehalte auffiel, und der Herkunft aus Hessen, in deren Blättern hohe Gehalte nachgewiesen wurden. Im Jahre 2014 waren ebenfalls die Ascorbatgehalte der Blätter der Herkünfte aus Italien und Niedersachsen erhöht.

Tabelle 4.41: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gesamtascorbatgehaltes der einzelnen erkünfte im Untersuchungsjahr 2013 bzw. 2014.

2013 Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	11	8,73 (a)	16,7	9,11	6,09	10,65
Italien	15	10,01 (bc)	7,3	9,72	9,04	11,49
Brandenburg	15	9,99 (bc)	10,9	10,02	7,47	11,57
Hessen	25	10,10 (c)	8,8	10,09	8,61	12,68
Niedersachsen	15	9,93 (bc)	10,0	10,00	7,96	12,27
Nordrhein-Westfalen	14	9,13 (ab)	8,2	9,20	7,87	10,75
Rheinland-Pfalz	15	10,13 (c)	7,3	10,26	8,87	11,31
Thüringen	15	9,62 (abc)	6,1	9,58	8,31	10,61
2014 Herkunft						

<b>Ungarn</b>	12	<b>9,34 (a)</b>	13,7	9,37	7,69	11,69
<b>Italien</b>	15	<b>10,90 (b)</b>	10,1	11,14	8,75	12,58
<b>Brandenburg</b>	15	<b>10,24 (ab)</b>	10,8	10,41	8,29	11,91
<b>Hessen</b>	25	<b>11,23 (b)</b>	9,3	11,29	9,05	13,12
<b>Niedersachsen</b>	14	<b>10,73 (b)</b>	10,2	10,98	8,71	12,39
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	15	<b>10,22 (ab)</b>	12,1	9,73	8,95	13,14
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>9,20 (a)</b>	13,8	8,98	7,31	11,89
<b>Thüringen</b>	15	<b>10,17 (ab)</b>	10,1	10,32	8,11	12,17

### *Gesamtgehalt an freien Aminosäuren*

Bezüglich der Gehalte an freien Aminosäuren differenzierten sich die Herkünfte im Jahre 2013 in mehrere signifikant verschiedene Gruppen. Die signifikant höchsten Gehalte an freien Aminosäuren wiesen im Jahr 2013 die Blätter der Herkunft aus Niedersachsen vor Rheinland-Pfalz auf. Die geringsten Gehalte wurden in den Blättern ungarischer und hessischer Herkünfte nachgewiesen.

Tabelle 4.42: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) der Gesamtsumme löslicher Aminosäuren der einzelnen Herkünfte im Untersuchungsjahr 2013.

<b>2013 Herkunft</b>	<b>n</b>	<b>MW [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>	<b>Varianz [%]</b>	<b>Median [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>	<b>Min [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>	<b>Max [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>
<b>Ungarn</b>	12	<b>11,9 (a)</b>	20,0	11,8	8,4	16,6
<b>Italien</b>	15	<b>17,6 (bcd)</b>	16,7	17,0	13,5	22,2
<b>Brandenburg</b>	15	<b>15,8 (abc)</b>	14,3	16,8	11,2	18,1
<b>Hessen</b>	25	<b>14,0 (ab)</b>	30,7	13,2	9,7	26,1
<b>Niedersachsen</b>	15	<b>21,3 (d)</b>	22,8	20,9	13,1	32,5
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	14	<b>18,3 (cd)</b>	18,2	19,0	13,1	23,5
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>20,3 (d)</b>	14,3	20,5	13,9	25,1
<b>Thüringen</b>	15	<b>16,0 (bc)</b>	26,6	14,6	10,4	23,8

### *Prolin*

Die Prolingehalte waren als Indikatoren für Trockenstress im Jahre 2013 bei allen Herkünften unauffällig. Die signifikant höchsten Gehalte wurden von der Herkunft aus Niedersachsen und die geringsten Gehalte in den Blättern brandenburgischer Schlehen nachgewiesen.

Tabelle 4.43: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes von freiem Prolin der einzelnen Herkünfte im Untersuchungsjahr 2013.

Herkunft	n	MW [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Varianz [%]	Median [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Min [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Max [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]
Ungarn	12	<b>0,238</b> (ab)	33,2	0,215	0,120	0,410
Italien	15	<b>0,373</b> (ab)	33,2	0,320	0,180	0,620
Brandenburg	15	<b>0,223</b> (a)	51,4	0,200	0,100	0,510
Hessen	25	<b>0,240</b> (ab)	66,5	0,190	0,000	0,720
Niedersachsen	15	<b>0,423</b> (b)	45,9	0,390	0,180	0,850
Nordrhein-Westfalen	14	<b>0,325</b> (ab)	28,2	0,330	0,120	0,480
Rheinland-Pfalz	15	<b>0,275</b> (ab)	46,6	0,250	0,120	0,590
Thüringen	15	<b>0,367</b> (ab)	88,0	0,260	0,110	1,430

#### Sekundärstoffwechsel

#### Gesamtphenolgehalt

Niedrige Gesamtphenolgehalte wiesen die Herkünfte aus Italien und Ungarn (nur 2014), Niedersachsen und Rheinland-Pfalz (nur 2013) auf. Die Schlehen der Herkünfte aus Brandenburg (nur 2014), Hessen (insbesondere 2013) und aus Nordrhein-Westfalen enthielten hohe Blattgehalte an Folin-positiven Verbindungen.

Tabelle 4.44: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes Folin-positiver Verbindungen der einzelnen Herkünfte im Untersuchungsjahr 2013 bzw. 2014.

2013 Herkunft	n	MW [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Varianz [%]	Median [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Min [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Max [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]
Ungarn	12	<b>238</b> (ab)	14,9	242	188	292
Italien	15	<b>211</b> (a)	14,3	212	162	263
Brandenburg	15	<b>236</b> (ab)	11,2	238	189	293
Hessen	25	<b>297</b> (c)	19,9	312	178	386
Niedersachsen	15	<b>220</b> (a)	15,9	212	164	277
Nordrhein-Westfalen	14	<b>268</b> (bc)	13,1	269	224	320
Rheinland-Pfalz	15	<b>209</b> (a)	17,3	210	145	265
Thüringen	15	<b>236</b> (ab)	20,0	238	156	315

2014 Herkunft						
Ungarn	12	<b>242</b> (a)	16,0	240	180	313
Italien	15	<b>243</b> (a)	10,4	244	203	307
Brandenburg	15	<b>329</b> (bc)	9,3	321	292	388
Hessen	25	<b>291</b> (bc)	15,1	294	151	384
Niedersachsen	14	<b>251</b> (a)	18,9	250	134	339
Nordrhein-Westfalen	15	<b>298</b> (bc)	11,0	305	258	357
Rheinland-Pfalz	15	<b>296</b> (bc)	8,3	298	255	349
Thüringen	15	<b>275</b> (ab)	10,8	277	200	327

### Vanillin-positive Verbindungen

Tabelle 4.45: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes Vanillin-positiver Verbindungen der einzelnen Herkünfte im Untersuchungsjahr 2013 bzw. 2014.

2013 Herkunft	n	MW [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Varianz [%]	Median [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Min [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Max [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]
Ungarn	12	<b>93,9</b> (a)	26,8	94,0	59,7	140,5
Italien	15	<b>99,7</b> (a)	25,4	102,8	44,7	162,6
Brandenburg	15	<b>128,2</b> (a)	30,2	117,3	89,5	223,8
Hessen	25	<b>167,9</b> (b)	28,7	182,6	80,1	239,4
Niedersachsen	15	<b>105,0</b> (a)	35,4	101,9	26,3	159,6
Nordrhein-Westfalen	14	<b>132,9</b> (b)	26,0	133,9	77,9	177,1
Rheinland-Pfalz	15	<b>114,4</b> (a)	30,0	114,1	57,2	199,4
Thüringen	15	<b>131,7</b> (ab)	33,6	140,3	54,9	203,2
2014 Herkunft						
Ungarn	12	<b>130,4</b> (a)	24,7	120,2	85,6	189,0
Italien	15	<b>152,6</b> (ab)	22,4	141,8	107,0	208,5
Brandenburg	15	<b>193,9</b> (b)	45,7	150,4	122,4	374,9
Hessen	25	<b>198,4</b> (b)	16,9	213,7	130,8	240,1
Niedersachsen	14	<b>156,5</b> (ab)	23,2	145,8	106,5	232,2
Nordrhein-Westfalen	15	<b>165,6</b> (ab)	21,4	151,4	111,1	206,7
Rheinland-Pfalz	15	<b>168,4</b> (ab)	32,4	142,6	105,2	279,7
Thüringen	15	<b>151,1</b> (ab)	21,0	159,2	80,9	202,6

In beiden Untersuchungsjahren enthielten die Blätter aus Hessen die höchsten Gehalte an kondensierten Phenolen (Vanillin-positive Verbindungen), während die Herkünfte aus Italien (nur 2013) und Ungarn die signifikant geringsten Werte aufwiesen. Die anderen Herkünfte unterschieden sich in ihrer Rangfolge in den beiden Untersuchungsjahren.

#### *Procyanidine*

Auch bei den Procyanidinen überragen die Blattgehalte der Herkünfte aus Hessen gefolgt von Thüringen) in beiden Untersuchungsjahren die Gehalte der anderen Herkünfte. Dagegen unterscheiden sich die Schlehen aus Italien durch hoch signifikant geringere Werte in beiden Untersuchungsjahren. Auch die Herkünfte Brandenburg und Rheinland-Pfalz gehören zu den Schlehen mit vergleichsweise geringen Gehalten.

*Tabelle 4.46: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Procyanidingehaltes der einzelnen Herkünfte im Untersuchungsjahr 2013 bzw. 2014.*

<b>2013 Herkunft</b>	<b>n</b>	<b>MW [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>	<b>Varianz [%]</b>	<b>Median [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>	<b>Min [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>	<b>Max [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>
<b>Ungarn</b>	12	<b>162 (b)</b>	24,5	169	93	223
<b>Italien</b>	15	<b>73 (a)</b>	23,1	80	45	99
<b>Brandenburg</b>	15	<b>92 (a)</b>	25,7	87	62	146
<b>Hessen</b>	25	<b>304 (c)</b>	28,7	338	127	426
<b>Niedersachsen</b>	15	<b>183 (b)</b>	32,9	182	103	303
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	14	<b>104 (a)</b>	29,5	108	39	152
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>77 (a)</b>	20,4	74	44	103
<b>Thüringen</b>	15	<b>192 (b)</b>	36,2	181	84	311
<b>2014 Herkunft</b>						
<b>Ungarn</b>	12	<b>115 (cd)</b>	21,3	115	81	147
<b>Italien</b>	15	<b>78 (a)</b>	17,1	80	57	103
<b>Brandenburg</b>	15	<b>86 (ab)</b>	14,1	84	69	107
<b>Hessen</b>	25	<b>157 (e)</b>	15,0	156	118	194
<b>Niedersachsen</b>	14	<b>108 (bcd)</b>	25,3	103	77	166
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	15	<b>116 (cd)</b>	21,8	114	86	163
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>104 (bc)</b>	21,3	104	66	149
<b>Thüringen</b>	15	<b>131 (d)</b>	19,8	136	73	184

### *Ortho-Dihydroxyphenole*

Wie auch bei den anderen phenolischen Verbindungen fielen die Schlehen aus Hessen in beiden Untersuchungsjahren durch hohe Gehalte an ortho-Dihydroxyphenolen auf. Im Jahr 2014 wurden aber in den Herkünften aus Brandenburg, Hessen und Nordrhein-Westfalen die signifikant höchsten Blattgehalte nachgewiesen. Geringe Gehalte dieser phenolischen Komponente waren in Blättern der Herkünfte aus Niedersachsen und Italien.

*Tabelle 4.47: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes der ortho-Dihydroxyphenole der einzelnen Herkünfte im Untersuchungsjahr 2013 bzw. 2014.*

<b>2013 Herkunft</b>	<b>n</b>	<b>MW [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>	<b>Varianz [%]</b>	<b>Median [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>	<b>Min [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>	<b>Max [<math>\mu\text{mol} / \text{g}</math> TM]</b>
<b>Ungarn</b>	12	<b>160</b> (cd)	19,1	158	115	215
<b>Italien</b>	15	<b>114</b> (ab)	19,6	109	85	176
<b>Brandenburg</b>	15	<b>192</b> (de)	22,6	180	148	295
<b>Hessen</b>	25	<b>204</b> (e)	23,2	205	121	292
<b>Niedersachsen</b>	15	<b>108</b> (a)	22,4	106	62	155
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	14	<b>146</b> (bc)	19,9	151	87	189
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>177</b> (cde)	21,5	162	127	241
<b>Thüringen</b>	15	<b>116</b> (ab)	20,6	121	62	146
<b>2014 Herkunft</b>						
<b>Ungarn</b>	12	<b>208</b> (a)	20,0	196	150	270
<b>Italien</b>	15	<b>189</b> (a)	18,9	186	134	269
<b>Brandenburg</b>	15	<b>270</b> (c)	22,6	271	210	324
<b>Hessen</b>	25	<b>263</b> (c)	12,3	273	195	330
<b>Niedersachsen</b>	14	<b>208</b> (a)	14,2	197	169	273
<b>Nordrhein-Westfalen</b>	15	<b>264</b> (c)	13,2	280	218	307
<b>Rheinland-Pfalz</b>	15	<b>259</b> (bc)	9,7	263	222	316
<b>Thüringen</b>	15	<b>224</b> (ab)	16,1	231	143	268

### *Ernährungszustand*

Die höchsten Stickstoffgehalte wurden in Blättern der Herkünfte aus Niedersachsen, Rheinland-Pfalz und Nordrhein-Westfalen gebunden. Die Brandenburger Schlehen fielen vor allem durch unterdurchschnittlich geringe Magnesium- und Kalziumgehalte auf. Dagegen akkumulierten Blätter der Herkünfte aus Thüringen, Ungarn und Hessen die höchsten

Magnesium- und Kalziumgehalte. Die Schlehen aus Nordrhein-Westfalen fielen durch besonders hohe Phosphatgehalte auf.

*Tabelle 4.48: Blattspiegelwerte der einzelnen Herkünfte (Mischproben).*

<b>Herkunft</b>	<b>Stickstoff [mg / g TM]</b>	<b>Kalium [mg / g TM]</b>	<b>Magnesium [mg / g TM]</b>	<b>Phosphor [mg / g TM]</b>	<b>Kalzium [mg / g TM]</b>
<b>Ungarn</b>	26,1	28,9	3,48	5,71	13,64
<b>Italien</b>	27,8	32,9	2,33	6,58	10,19
<b>Brandenburg</b>	29,6	26,4	1,75	7,15	7,63
<b>Hessen</b>	26,5	24,9	3,85	5,93	13,52
<b>Niedersachsen</b>	32,7	24,0	2,86	7,80	12,39
<b>Nordrhein-</b>	30,2	29,3	3,26	10,23	11,65
<b>Rheinland-Pfalz</b>	31,8	26,5	2,39	8,16	10,20
<b>Thüringen</b>	27,0	24,5	3,97	5,91	14,01

### *Biochemische Muster*

Die hier dargestellten Ergebnisse zeigen, dass die Schlehen z. T. erhebliche Unterschiede in den Gehalten der einzelnen Biomarker zwischen den Herkünften aufweisen. Um dies für die einzelnen Stoffwechselbereiche zu verdeutlichen, wurden folgende Biomarker ausgewählt: Gesamtchlorophyllgehalt und das Pigmentverhältnis Gesamtchlorophyll-Carotinoide, Kohlenhydrat-, Stärke- und Gesamtascorbatgehalt, der Gehalt an freien Aminosäuren und freiem Prolin, sowie die Komponenten des Phenolstoffwechsels, Folin- und Vanillin-positive Verbindungen, Procyanidine und ortho-Dihydroxyphenole.

Für die Abbildungen 4.52 bis 4.54 wurde für die einzelnen biochemischen Parameter der Mittelwert aller 8 Herkünfte ermittelt und auf 1 normiert. Anschließend wurde für jede Herkunft die Abweichung von diesem Wert berechnet. Die größten Abweichungen vom Mittelwert in allen Parametern (mit Ausnahme von freiem Prolin) zeigte die Herkunft Hessen (Abbildung 4.52). Auffallend sind dabei die sehr hohen Gehalte der phenolischen Verbindungen in den Blättern. So war beispielsweise der Gehalt an kondensierten Phenolen (Procyanidine) fast doppelt so hoch als das Mittel aller Herkünfte.

Ein anderes biochemisches Muster repräsentieren die Ergebnisse für die italienische Herkunft. Die phenolischen Inhaltsstoffe sind unter dem Mittel aller Herkünfte. Während die Pigmentgehalte und ihre Verhältnisse in den Blättern der hessischen Herkunft oberhalb des Mittels lagen, waren diese bei der italienischen Herkunft unterhalb des Mittelwertes.

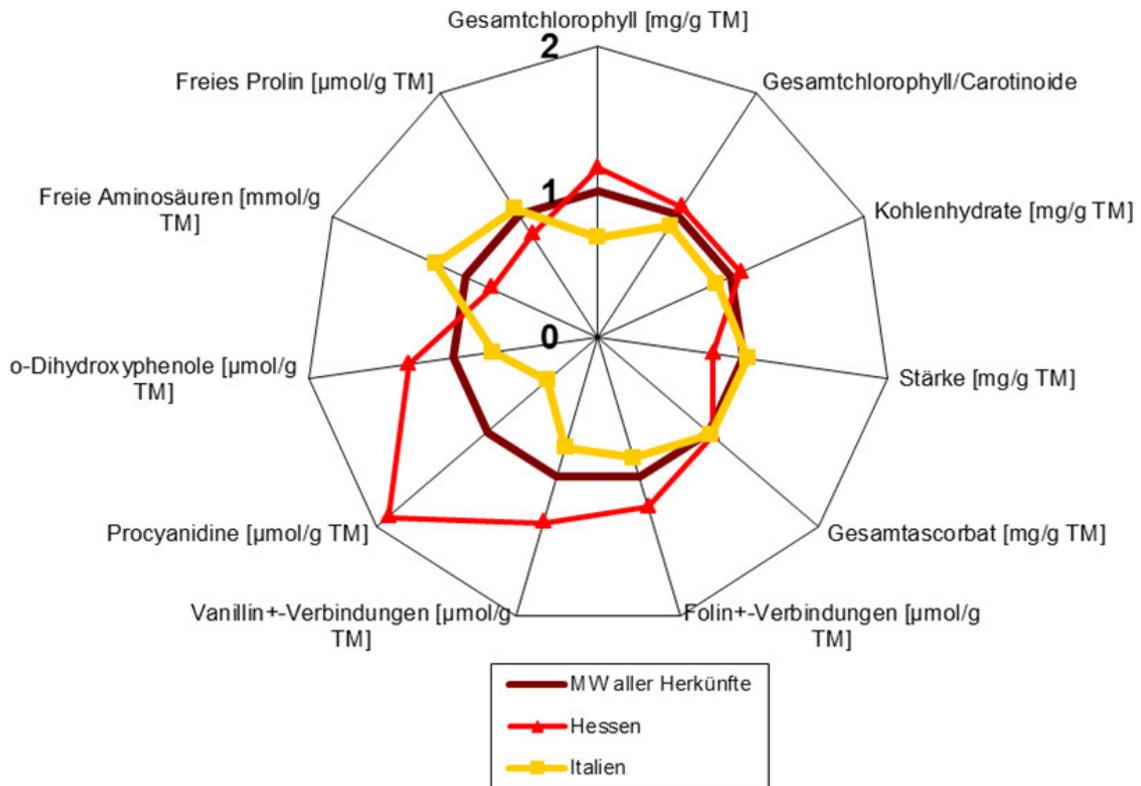


Abbildung 4.52: Netzdiagramm ausgewählter Blattinhaltsstoffe der Herkunftse Hessen und Italien im Vergleich zu den anderen Herkunftse.

Ähnliche biochemische Muster zeigen die Blattinhaltsstoffe der beiden Herkunftse Niedersachsen und Thüringen (Abbildung 4.53). Sie unterscheiden sich nur in ihren Gehalten an freien Aminosäuren, die mit den N-Gehalten in den Blättern im engen Zusammenhang stehen.

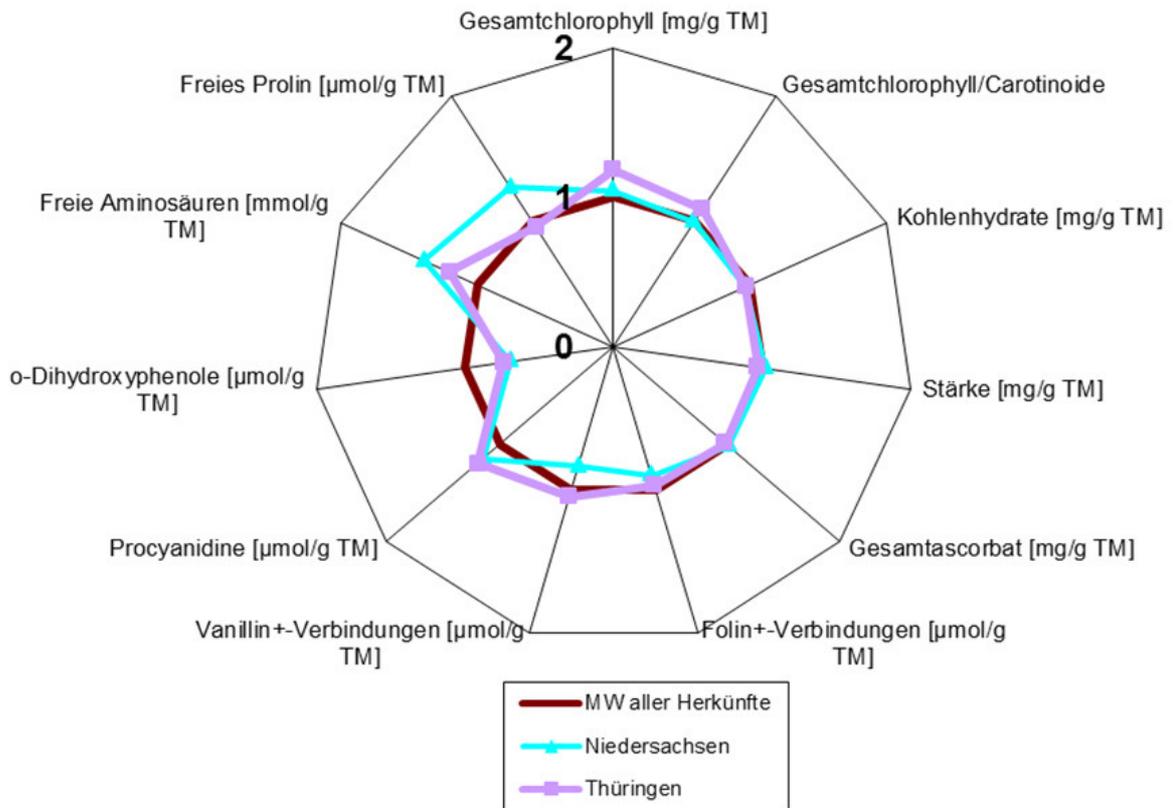


Abbildung 4.53: Netzdiagramm ausgewählter Blattinhaltsstoffe der beiden Herkunftsebenen Niedersachsen und Thüringen.

Dagegen sind die Blätter der ungarischen Schlehe durch vergleichbar geringe Gehalte an den hier ausgewählten Inhaltsstoffen gekennzeichnet (Abbildung 4.54).

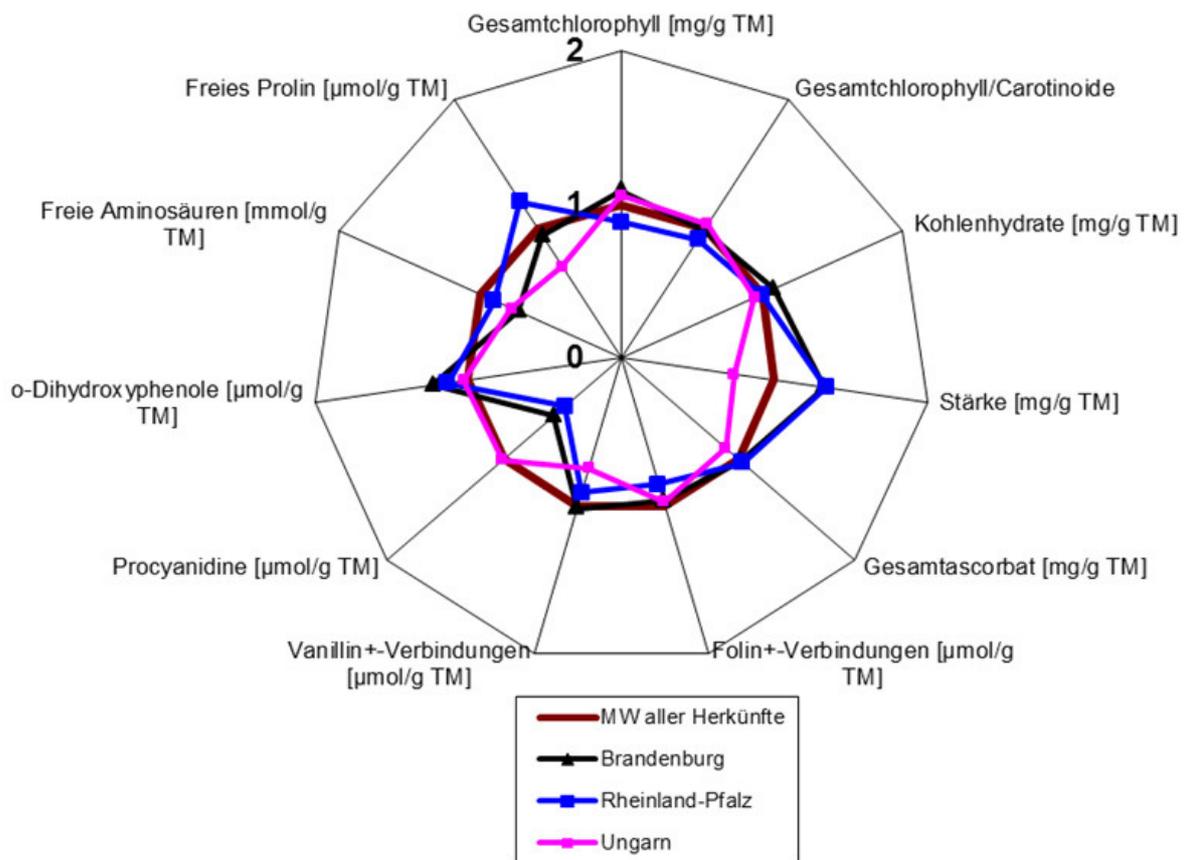


Abbildung 4.54: Netzdiagramm ausgewählter Blattinhaltsstoffe der Herkunft Brandenburg, Rheinland-Pfalz und Ungarn.

#### ZUSAMMENFASSENDE BETRACHTUNG DER PHYSIOLOGISCHEN MERKMALE DER HERKÜNFT

In der folgenden Tabelle 4.49 wurden alle auffälligen physiologischen und biochemischen Merkmale zusammenfassend dargestellt. Diese Zusammenfassung wird im Kapitel 5. *Diskussion und Zusammenfassung* nochmals aufgegriffen und diskutiert.

*Tabelle 4.49: Auffällige physiologische, biochemische Merkmale der einzelnen Schlehenherkünfte an den Standorten Brandenburg (BB), Thüringen (TH) und Rheinland-Pfalz (RP) in den Untersuchungsjahren 2013 und 2014.*

Herkunft	Auffällige ökophysiologische Merkmale
Ungarn	<p>hohe Mortalität (H11 BB und TH, H12 RP)                      starkes Wachstum der Überlebenden (H12 BB, RP)                      früher Austrieb (BB, RP)                      hohe Blühintensität (H12_BB)                      große Blattflächen (14)                      große spez. Blattflächen (13, 14)                      geringer Kohlenhydratgehalt (13, 14)                      geringer Stärkegehalt (13)                      geringer Ascorbatgehalt (13, 14)                      geringer Aminosäuregehalt                      geringer Gesamtphenolgehalt (14)                      geringer Vanillingehalt (13, 14)                      hoher Procyandingehalt (13)</p>
Italien	<p>geringe Mortalität (H12 BB, RP)                      geringer Chlorophyllgehalt (13)                      geringes Chlorophyll-Carotinoid-Verhältnis (13, 14)                      geringer Kohlenhydratgehalt (13)                      hoher Ascorbatgehalt (14)                      geringer Gesamtphenolgehalt (13, 14)                      geringer Vanillingehalt (13, 14)                      geringer Procyandingehalt (13, 14)                      geringer ortho-Dihydroxyphenol-Gehalt (14)</p>
Brandenburg	<p>geringe Mortalität (H12_TH, RP)                      geringe Wuchshöhen (BB, TH, RP)                      später Austrieb (BB, TH)                      erhöhte Blühintensität (RP)                      große Blatt-Trockenmassen (14)                      große Blattflächen (13, 14),                      geringe spez. Blattflächen (13, 14)                      hoher Kohlenhydratgehalt (13, 14)                      hoher Stärkegehalt (13)</p>

	<p>hoher Gesamtphenolgehalt (14)  hoher Vanillingehalt (14)  geringer Procyandingehalt (13, 14)  hoher ortho-Dihydroxyphenol-Gehalt (14)</p>
Hessen	<p>geringe Mortalität (H11 BB)  hoher Chlorophyllgehalt (13)  hohes Chlorophyll-Carotinoid-Verhältnis (13, 14)  hoher Kohlenhydratgehalt (13, 14)  geringer Stärkegehalt (13)  hoher Ascorbatgehalt (13, 14)  hoher Gesamtphenolgehalt (13)  hoher Vanillingehalt (13, 14)  hoher Procyandingehalt (14)  hoher ortho-Dihydroxyphenol-Gehalt (13, 14)</p>
Rheinland-Pfalz	<p>hohe Mortalität (H12 RP)  früher Austrieb (BB, TH, RP)  geringe Blatt-Trockenmasse (H12_13)  kleine Blattflächen (H12_13, 14)  geringe spez. Blattflächen (H12_14)  hoher Stärkegehalt (13)  hoher Ascorbatgehalt (13)  geringer Gesamtphenolgehalt (13, 14)  geringer Procyandingehalt (13)</p>
Thüringen	<p>hohe Mortalität (H12 BB, TH)  später Austrieb (TH)  hoher Chlorophyllgehalt (13)  hohe Chlorophyll-Carotinoid-Verhältnisse (13, 14)  geringer Kohlenhydratgehalt (14)  hohe Procyandingehalte (13)</p>
NRW	<p>später Austrieb (BB, RP)  geringe Stärkegehalte (13)</p>

	hoher Vanillingehalt (13) hoher ortho-Dihydroxyphenolgehalt (14)
Niedersachsen	hohes Wachstum (BB, RP,TH) hoher Ascorbatgehalt (14) hoher Aminosäuregehalt (13) hoher Procyandingehalt (13) geringer ortho-Dihydroxyphenole-Gehalt (13)

## 5. DISKUSSION UND ZUSAMMENFASSUNG

In der folgenden Diskussion sollen in erster Linie projektspezifische Sachverhalte dargelegt werden. Eine Diskussion der Forschungsergebnisse, soweit es die genetischen Analysen betrifft, wurde bereits in entsprechenden Fachmagazinen durchgeführt (Leinemann et al. 2013, 2014 ).

Das hier vorgestellte Projekt war bezüglich seiner Zielsetzung äußerst ambitioniert und kann in der rückblickenden Betrachtung nur bestätigt werden. Insbesondere sollten belastungsfähige Daten zur genetischen Differenzierung von Strauchvorkommen der Hasel und der Schlehe in Deutschland gewonnen werden. Verschiedenste Projekte bei verschiedensten Straucharten hatten sich bereits diesem Thema gewidmet. In der Regel wurden aber kleinräumige wenig belastbare Daten präsentiert. Es zeigte sich, dass die im Projekt geplanten und später auch weitestgehend realisierten Stichprobengrößen und -verfahren geeignet waren, diese Fragestellung hinreichend belastbar zu beantworten. Auch bezüglich der verwendeten Genmarker konnte die Erwartung an die Etablierung einer Standardmethode erfüllt werden. Es zeigte sich, dass die gewählten Marker mit vergleichsweise wenig Voruntersuchungen auf beide Arten mit Erfolg angewendet werden konnten. Dies wurde auf der Grundlage bereits vorliegender Erfahrungen angenommen und im vollen Umfang bestätigt. Daher sollte einer Übertragung dieser Methoden auf weitere Arten nichts im Weg stehen.

Die Daten des Projektes sollten insbesondere vor dem Hintergrund der Novellierung des BNatSchG und in Folge der in dem Leitfaden vorgestellten 6-Gebietskulisse interpretiert werden. Hier galt es vor allem zu untersuchen, ob die Abgrenzung von Vorkommensgebieten auch auf der Basis genetischer Strukturen an den untersuchten Arten nachvollzogen werden kann.

Für die **Hasel**, die mindestens seit der Römerzeit auch vom Menschen intensiv genutzt und vermutlich auch verbreitet wurde, waren diesbezügliche Befunde in dieser Deutlichkeit nicht zu erwarten. Die Untersuchungen in naturnahen Vorkommen zeigen, dass der Einfluss des Menschen eine genetische Differenzierung der Hasel in Deutschland nicht verwischt hat. Generell konnte in den Analysen ein statistisch abgesicherter Zusammenhang zwischen der Entfernung von Vorkommen und der Ähnlichkeit ihrer genetischen Strukturen nachgewiesen werden. Dieses Ergebnis ist grundsätzlich geeignet, die Abgrenzung von Vorkommensgebieten wissenschaftlich zu begründen und zu untermauern. Trotz des erheblichen Untersuchungsumfangs lässt sich aber weder die exakte Zahl von sechs Vorkommensgebieten und noch die jeweils vorgenommenen Abgrenzungen als die sinnvollste Lösung belegen. Es liegt in der Natur der Sache, dass bei der Festlegung der

Grenzen für die Vorkommensgebiete immer eine gewisse Abstraktion erfolgen muss und sie im Detail nicht ausschließlich und für jede Strauchart an entsprechenden Ergebnissen festgemacht werden können. Zumindest am Beispiel der Hasel kann im vorliegenden Fall jedoch klar gezeigt werden, dass die aktuellen sechs Vorkommensgebiete nach Schmidt und Krause (1997) einen gangbaren Weg darstellen, der die Interessen des Naturschutzes berücksichtigt, ohne ein allzu kompliziertes Regelungssystem für die Eigenschaft „gebietseigen“ aufzustellen (Leinemann et al. 2013). Da unsere Studie allerdings Naturräume wie beispielsweise die Schwäbische Alb oder die Alpen nicht einschließt, können diesbezüglich keine Aussagen zur weiteren Differenzierung zusätzlicher Vorkommensgebiete getroffen werden.

Im Gegensatz dazu zeigen die Analysen bei der **Schlehe** nur eine schwach ausgebildete regionale Differenzierung der genetischen Information in den einzelnen Vorkommen.

Eine deutliche genetische Differenzierung zwischen Vorkommensregionen konnte nicht festgestellt werden. Insbesondere die Referenzvorkommen aus Italien und Ungarn zeigten keine überdurchschnittlichen genetischen Unterschiede zu den Vorkommen aus Deutschland. Eine Abgrenzung von Vorkommensgebieten in der aktuellen Form wird daher für die Schlehe von den Analysen nicht gestützt. Vielmehr wäre eine Abgrenzung kleinräumiger als bisher angedacht vorzunehmen. Es ist aber zu bedenken, dass zu einem gewissen Teil die genetische Differenzierung der Schlehenvorkommen im Zusammenhang mit ihrer Fähigkeit zur vegetativen Vermehrung steht, wie dies von Leinemann et al. (2014) gezeigt werden konnte. Da somit Zufallseffekte bei der Etablierung der einzelnen Vorkommen zu dieser kleinräumigen Differenziertheit führen, kann nicht davon ausgegangen werden, dass mit einer besonders „kleinräumigen Strategie“ in hohem Maße spezifische Anpassung an lokale Umwelten erhalten wird. Dies bestätigen auch die Feldversuche in den Klonarchiven und die Biomarkeranalysen, die zeigen, dass das italienische Vorkommen sogar besonders wüchsig ist und nur wenig Energie für Anpassungsprozesse benötigt.

Die genetischen Unterschiede zwischen Vorkommen scheinen die Kontrolle der Herkunft von Vermehrungsgut (Stecklingen) zu ermöglichen. Mit Zuordnungsverfahren auf der Basis genetischer Marker konnten hohe Zuordnungsraten einzelner Pflanzen zu den jeweiligen Ausgangsvorkommen erreicht werden. Insbesondere die Kombination genetischer Informationen aus dem Zellkern und den Chloroplasten ist vielversprechend.

Der zweite Hauptprojekttteil zielte auf die Erfassung adaptiv relevanter Variation. Wesentliche Voraussetzung für deren Untersuchung war die Anlage sogenannter Klonarchive, die in dreifacher Wiederholung in den Ländern Brandenburg, Thüringen und Rheinland-Pfalz etabliert wurden. Die Idee der Klonarchive resultierte aus dem Bestreben, an lokale Umweltverhältnisse angepasste Pflanzen über Klonierung und Translokation in neue

Umwelten zu verfrachten, um direkt Aussagen über Angepasstheit und Anpassungsfähigkeit der Vorkommen zu treffen. Im Vergleich dazu schließen generativ erzeugte Pflanzen aus Samen immer die Neukombination von Genen, darunter auch solchen, die über externen Genfluss in das Vorkommen gelangt sind, mit ein.

Die physiologischen Merkmale der Herkünfte sollten auf der Basis von Wachstumserfolgen, phänologischen Bonituren und Biomarkeranalysen durchgeführt werden. Dabei zeigte sich, dass die projektierte Größenordnung für die Klonarchive mit acht Vorkommen mit jeweils 25 Pflanzen und drei Wiederholungen pro Klonarchiv bereits an der Grenze eines realisierbaren Versuchsdesigns waren. Daher mussten sowohl Probenahme, als auch die Anzucht der Pflanzen wiederholt werden. Ursache hierfür ist die starke Variation der Stecklingsqualität / -vitalität innerhalb von Vorkommen, zwischen verschiedenen Vorkommen und auch zwischen unterschiedlichen Anzuchtjahren. Obwohl Stecklinge gekühlt und frisch innerhalb von 24 Stunden an die Anzuchtsorte (Arnsberg und Hann. Münden) geliefert wurden, zeigte sich eine enorme Variation in der Anzahl der erzeugten Stecklinge pro Strauch. Nach diesen Erfahrungen wurde die Anzahl der notwendigen Proben drastisch erhöht. Bei der Hasel wurden 4000 Proben genommen und bei der Schlehe 16000 Proben für jeweils 1800 Pflanzen in den Klonarchiven. Dies bedeutet, dass bei der Hasel mit Ausfällen von bis über 50 % bei einzelnen Klonen gerechnet wurde und bei der Schlehe von bis zu 90 %. Der Unterschied hier liegt in der Verwendung von Langstecklingen für die Hasel und Kurzstecklingen für die Schlehe, die in der Produktion wesentlich anfälliger gegen Störungen waren.

Nach der Etablierung der Klonarchive waren weitere Ausfälle zu verzeichnen, die nicht in Unterschieden der individuellen Vitalität / Anpassungsfähigkeit der einzelnen Pflanzen begründet waren. Hier sind unter anderem Schäden durch Mäuse oder durch Rabenvögel zu nennen, obwohl entsprechende Abschreckungs- bzw. Bekämpfungsmaßnahmen durchgeführt wurden. Dennoch konnten in den einzelnen Klonarchiven Pflanzenzahlen realisiert werden, die für sich oder im Zusammenhang aller drei Klonarchive zu belastbaren Aussagen führten. Dies gilt im besonderen Maße für das Klonarchiv in Brandenburg, das die Grundlage für alle Biomarkeranalysen bildete. Insgesamt zeigte sich, dass die Anlage von Versuchsflächen in dreifacher Wiederholung in verschiedenen Umwelten einen immensen Aufwand bedeutet. Zusätzlich problematisch ist die Verwendung von Stecklingen, deren Beprobungsaufwand in dieser Größenordnung erheblich ist. Hier wird geraten, dieses Verfahren nur für Straucharten anzuwenden, die sich bereits als besonders robust bei der Vermehrung durch Stecklinge erwiesen haben. Eine Risikominimierung bzw. eine Reduzierung des Aufwands könnte erreicht werden, indem statt vegetativer Vermehrung generatives Pflanzgut verwendet wird. Dies gleicht in seiner Genetik zwar nicht vollständig den Ausgangsvorkommen, repräsentiert jedoch in der Praxis das Material, das in der Regel für die Produktion von Pflanzen Verwendung findet. Mit der Verwendung von Saatgut

könnten deutlich höhere Sicherheitsreserven bei der Produktion der Versuchspflanzen realisiert werden, als bei der Verwendung vegetativ erzeugter Pflanzen, da für die letzteren Gewächshäuser mit steuerbarer Luftfeuchtigkeit (Nebelanlagen) vorhanden sein müssen, und deren Kapazität im Rahmen des Projektes voll ausgeschöpft wurde. Eine weitere Vereinfachung würde die Verwendung von Vorkommensmischproben bedeuten. Deren Eigenschaften würden zwar von Jahr zu Jahr bezüglich ihrer genetischen Zusammensetzung variieren, aber auch hier gilt, dass letztlich ja auch solches Material in der Praxis zu Anwendung käme. Direkte Aussagen über die Vorkommen selber wären dann aber nicht ohne Weiteres möglich.

Die weiteren Untersuchungen in den Klonarchiven gestalteten sich wenig problematisch, so wurden die Wachstumsmerkmale, phänologische Aufnahmen und Biomarkeranalysen wie projektiert durchgeführt und zeigten belastbare Ergebnisse. Bei der Planung der Biomarkeranalysen wurde davon ausgegangen, dass während der Projektlaufzeit zumindest an einem der Standorte ungünstige Witterungsbedingungen auftreten würden, die zu einer eindeutigen Differenzierung und Bewertung der Herkünfte bzgl. ihres Anpassungspotenzials gegenüber Stress führen würden. Aus stressphysiologisch (ungünstiger) Sicht traten solche Witterungsbedingungen im Beobachtungszeitraum nicht auf. Die Wuchsbedingungen waren optimal.

Umso bemerkenswerter war es, dass trotz dieser günstigen Wuchsbedingungen signifikante Unterschiede im Wachstum, beim Blattaustrieb, der Blühintensität und in einer Vielzahl von Biomarkerreaktionen auftraten. Angesichts der häufigen Witterungsextreme vor und nach der Projektlaufzeit ist darauf hinzuweisen, dass Herkunftsversuche wesentlich längere Standzeiten haben müssen, um langfristig belastbare Aussagen treffen zu können.

Vor dem Hintergrund, dass beide Straucharten erstmals mit diesem Stichprobenumfang biochemisch untersucht wurden, war ebenfalls überraschend, dass:

- sich beide Arten biochemisch erheblich unterschieden, so dass eine vergleichende Betrachtung z. B. von Biomarkermustern kaum sinnvoll erschien,
- große Unterschiede zwischen den gleichen Herkünften unterschiedlicher Anzuchtstermine bestanden und
- eine hohe individuelle Varianz in den Gehalten der Blatinhaltsstoffe je Herkunft bestand.

Insgesamt zeigte sich, dass die tatsächliche physiologische Konstitution des einzelnen Strauches von einer Vielzahl von Einflussfaktoren abhängt. Neben dem Genotyp, (Mikro-) Standort und Alter spielt hier eine Vielzahl von weiteren (überwiegend unbekannt) Faktoren eine Rolle. Um den Versuchsansatz kritisch zu bewerten, sind doppelte Anzucht,

Beprobung und Analyse der Sträucher auf Grund der teilweise schlechten Pflanzenqualität notwendig geworden. Dies ging zu Lasten der biochemischen Vergleichsanalysen zwischen den drei Standorten.

## HASEL

Die untersuchten Herkünfte zeigen differenzierte spezifische physiologische Zustände. Allerdings bestehen auch Unterschiede zwischen den beiden Anzuchtsterminen bezogen auf gleiche Herkünfte. Dies zeigt, dass die individuelle und populationspezifische physiologische Variabilität der Nachkommenschaften auch unter gleichen Anzuchtbedingungen hoch ist.

Besonders gute physiologische Vitalitätszustände zeigten am Standort der Baumschule Stadtsee - Eberswalde die Herkünfte aus Brandenburg und Nordrhein-Westfalen. Beide erreichten große Wuchshöhen bei geringen Mortalitätsraten. Der überdurchschnittliche Wachstumserfolg der Brandenburger Haseln war an allen drei Anzuchtsorten zu verzeichnen. Die Brandenburger Herkunft bildet große Blattflächen aus, in denen überdurchschnittlich hohe Gehalte an den wichtigsten C-Verbindungen (Kohlenhydrate, Ascorbat, phenolische Inhaltsstoffe) nachgewiesen wurden. Sie sind die maßgebliche Ursache für den Wachstumserfolg. Die Herkunft aus NRW zeigt physiologisch eine ähnliche Konstellation, allerdings bei sehr geringen Chlorophyllgehalten (zumindest bei beiden Anzuchten im Jahr 2013).

Im Gegensatz dazu fallen die hohen Mortalitätsraten und das geringe Wachstum der überlebenden Haseln der Herkünfte aus Italien und Ungarn auf, die sich untereinander physiologisch erheblich unterscheiden. Die Haseln aus Italien haben kleine Blattflächen, geringe Kohlenhydrat- und Phenol- aber erhöhte Chlorophyll-, Stärke- und Carotinoidgehalte. Die Herkünfte aus Ungarn haben dagegen hohe Blattflächen bei geringen Chlorophyll-, Stärke-, Procyanidin- und Carotinoidgehalten. Dagegen waren die Kohlenhydrat- und Phenol- sowie die ortho-Dihydroxyphenol-Gehalte überdurchschnittlich hoch.

Biochemisch auffällig geringe Gehalte an Chlorophyllen, Gesamtphenolen und ortho-Dihydroxyphenol-Gehalte bei gleichzeitig kleinen Blattflächen und geringem Wachstum zeigten die Haseln aus Rheinland-Pfalz (BB und RP). Ganz ähnlich verhielten sich die Haseln aus Hessen, die an allen drei Standorten ein geringes Wachstum zeigen. Die Konstellation der Blattinhaltsstoffe deutet auf einen angespannten physiologischen (Stress-)Zustand hin. Alle phenolischen Parameter sind ebenso erhöht, wie der Ascorbat- und Carotinoidgehalt, während der akkumulierte Kohlenhydratgehalt gering ist.

Eine ganz andere (positive) Konstellation der Inhaltstoffe zeigt die Herkunft aus Niedersachsen mit auffällig hohen Stärkegehalten (bei verminderten Kohlenhydrat- und Phenolgehalten).

Mit Ausnahme des stabilen, überdurchschnittlich hohen Chlorophyllgehaltes aus beiden Anzuchten und in beiden Untersuchungsjahren nahmen die Haseln der Thüringer Herkunft in allen anderen Parametern wenig auffällige mittlere Rangpositionen ein.

## SCHLEHE

Die untersuchten Herkünfte der Schlehe zeigten differenzierte spezifische physiologische Zustände. Den höchsten Biomassezuwachs erreichten die Schlehen aus Niedersachsen bei gleichzeitig überdurchschnittlich hohen Ascorbat-, Aminosäure- und Procyanidingehalten. Ebenfalls gute physiologische Vitalitätszustände zeigten am Standort der Baumschule Stadtsee - Eberswalde die Herkünfte aus Hessen und Brandenburg. Schlehen beider Herkünfte haben nur geringe Mortalitätsraten, erreichten allerdings auch nur mittlere bis geringe Höhenzuwächse. Wie oben ausgeführt, haben beide Herkünfte überdurchschnittliche Gehalte an phenolischen Inhaltsstoffen, die mit dem Wachstumserfolg negativ korreliert sind. Während bei den Sträuchern der hessischen Herkunft ebenfalls die hohen Chlorophyllgehalte auffielen, waren es bei den Brandenburger Sträuchern die großen Blattmassen und -flächen.

Deutlich schlechter entwickelten sich die Schlehen aus Rheinland-Pfalz und Thüringen aufgrund hoher Mortalitätsraten bei unterschiedlichen physiologischen Mustern in beiden Untersuchungsjahren. Die Thüringer Herkunft befand sich in einem Stresszustand, der durch einen hohen Carotinoid- und Procyanidingehalt (2013) gekennzeichnet war. Die Herkunft aus Rheinland-Pfalz bildete nur kleine Blätter aus, die hohe Ascorbat- und Stärkegehalte, aber nur geringe Gehalte an phenolischen Inhaltsstoffen enthielten.

Die geringsten Gehalte an den untersuchten Blattinhaltsstoffen zeigten die beiden ausländischen Herkünfte: In fast allen phenolischen und kohlenhydratdominierenden Inhaltsstoffen erreichten die beiden Herkünfte die geringsten Werte. Die Herkunft aus Ungarn fiel bereits durch eine hohe Mortalitätsrate auf. Die überlebten Pflanzen erreichten hohe Blattflächen, trieben früh aus und blühten stark. Unterschiede zwischen der Herkunft aus Ungarn und Italien bestanden neben der Mortalitätsrate im Gehalt an Procyanidinen.

Die Herkunft aus NRW fiel neben dem späten Austrieb durch geringe Stärkegehalte bei gleichzeitig hohen Tanningehalten auf.

Die biochemischen Muster der Schlehe zeigten interessanterweise, dass das italienische Vorkommen das beste Wachstum aufwies und wenig phenolische Inhaltsstoffe produzierte,

während die Pflanzen aus dem Vorkommen Hessen hohe Gehalte an Phenolen und gleichzeitig das geringste Wachstum hatten. Dieses Ergebnis könnte auf herkunftsspezifische und teilweise gegensätzlich ausgerichtete Strategien zwischen Wachstum und Abwehr schließen und stützen die "growthordefense-These" von Herms und Mattson (1991). Danach befindet sich die Pflanze bezüglich der internen Ressourcen-Verteilung in einem Spannungsfeld zwischen Wachstumsprozessen (growth) einerseits und einem effizienten Konkurrenzverhalten gegenüber Nachbarindividuen und biotischen Schaderregern (defense) andererseits. Da die Ressourcen in der Pflanze begrenzt sind, ist eine regulative Balance zwischen den Produkten des Primär- und des Sekundärstoffwechsels erforderlich, die durch die gesteuerte Kohlenstoffallokation (C-Verteilung) erfolgt. Die unterschiedlichen Wuchsleistungen beider Herkünfte sind dabei sicher nicht auf Unterschiede in der Nettoprimärproduktion zurückzuführen. Obwohl diese Größe im Rahmen der Untersuchungen nicht bestimmt worden ist, lassen die hohen Chlorophyllgehalte und die signifikant höheren Kohlenhydratgehalte der italienischen Herkunft im Vergleich zur hessischen Herkunft keine geringeren Kohlenhydratsyntheseraten bei der hessischen Herkunft vermuten. Somit könnte die unterschiedliche Ressourcenverteilung letztendlich zu dem unterschiedlichen Wachstum beider Schlehenherkünfte führen. Die biochemischen und genetischen Ursachen für die verschiedenen "Strategien" sind noch weitestgehend unbekannt, aber auch bei anderen Pflanzenarten beschrieben (u. a. Kätzel und Löffler, 2004).

## 6. ÜBERTRAGBARKEIT DER ERGEBNISSE AUF ANDERE ARTEN

Sowohl bezüglich der genetischen Marker als auch aller weiteren Analysen zeigen die Ergebnisse des Projektes, dass eine Übertragbarkeit auf andere Arten kaum möglich ist. Schon die beiden hier untersuchten Arten zeichnen ein heterogenes Bild. Selbst der Vergleich mit Referenzvorkommen aus Süd- und Südosteuropa auf der Basis von Genmarkern führt zu keiner einheitlichen Schlussfolgerung, da bei der Hasel eine deutliche genetische Differenzierung zwischen diesen Vorkommen und den naturnahen deutschen Vorkommen vorliegt, bei der Schlehe jedoch nicht. Möglicherweise kann über „Voruntersuchungen“, etwa durch genetische Analysen in vergleichsweise geringem Umfang, die genetischen Muster bisher nicht berücksichtigter Arten mit den vorliegenden Untersuchungen verglichen werden, um Hinweise auf Differenzierungsmuster dieser neuen Arten zu erhalten. Wie bereits oben ausgeführt wurde, gilt dies auch für die Anwendung von Biomarkern.

## 7. METHODENLEITFADEN

Die im Projekt gewählte Vorgehensweise sowie die verwendeten Methoden sind grundsätzlich geeignet, die geografisch - genetische Differenzierung, die Angepasstheit und das Anpassungspotential von Pflanzenvorkommen zu analysieren. Die im Projekt gewählten Verfahren und Methoden werden in ähnlicher Weise seit Jahrzehnten für Forstbaumarten genutzt. Da Methoden insbesondere im Bereich der Genetik einem raschen Wandel unterliegen, wird auch aus diesem Grund auf eine detaillierte Darstellung einzelner Methoden verzichtet beziehungsweise auf die entsprechenden Veröffentlichungen über Projektergebnisse verwiesen (Leinemann et al. 2013, Leinemann et al. 2014).

Zur Darstellung wird eine Gliederung in Projektphasen gewählt.

### Phase 1: Projektkonzeption

- Zielsetzung: Informationen zur geografisch - genetischen Differenzierung, zur Angepasstheit und zum Anpassungspotential von weitverbreiteten vielfach genutzten Straucharten.
- Wesentliche Determinante zur Umsetzung eines solchen Projektes ist die Wahl geeigneter Stichprobengrößen und -verfahren zur Materialgewinnung. Folgende Faktoren sollten beachtet werden:
  - Anzahl von Untersuchungsvorkommen. Hier ist grundsätzlich **eine ausreichende Repräsentanz** über das Verbreitungsgebiet der Art in Deutschland anzustreben. Die **Verwendung von Referenzvorkommen aus dem benachbarten Ausland** kann im Hinblick auf die Verbreitung und Verwendung der betreffenden Arten erwogen werden. Im Rahmen des Projektes hat sich insbesondere die Zusammenarbeit im Verbund mit forstlichen Versuchsanstalten und Kompetenzzentren der Länder bewährt. Hier liegt die notwendige Kompetenz in der Fläche vor, Vorkommen können effizient ausgewählt und gegebenenfalls beprobt werden. Offensichtlich steigt mit einer höheren Anzahl untersuchter Vorkommen die Auflösung der genetischen Strukturen in der Fläche. Im Rahmen einer Kosten-Nutzen-Abwägung zeigte sich aber, dass die Anzahl von **3 Vorkommen pro Bundesland** eine pragmatische Größenordnung darstellt, um eine ausreichend fundierte Datenbasis bereitzustellen.
  - Kriterien zur Auswahl von Vorkommen sollten **Naturnähe, Alter, Angepasstheit / Vitalität, Individuenzahl, Repräsentativität für bestimmte Standorte, phänologische Charakteristika** und die **Distanz zu naturfernen**

**Vorkommen** sein. Die Kriterien sind jeweils auf die untersuchten Arten anzupassen und entsprechend zu gewichten.

- Für belastbare Aussagen muss sich die Stichprobengröße innerhalb der Vorkommen an einer **notwendigen Mindestgröße** orientieren. Diese Mindestgröße kann bei Genmarkern auf der Basis der erwarteten genetischen Differenzierung eingegrenzt werden. Die im Projekt gewählte Stichprobengröße von **50 Individuen / Vorkommen** erwies sich bei teilweise stark differenzierenden AFLP-Fragmenten als ausreichend. Die Stichprobengröße von **25 Klonen / Vorkommen** für die Etablierung der Klonarchive ist ausreichend, um Aussagen abzusichern, liegt aber schon an der Grenze des praktisch durchführbaren.

## Phase 2: Gewinnung von Pflanzenmaterial

- Durchführung der Stichprobenahme und Materialsammlung
  - **Probenahme für Genmarkerstudien:** Diese ist **repräsentativ** durchzuführen. Die Probenahme selbst ist unkompliziert, da moderne Genmarker weniger sensibel auf Material mit reduzierter Frische reagieren. Die Beprobung kann daher fast zu jeder Jahreszeit durchgeführt werden. Ein Blatt oder ein kleiner Zweig mit wenigen Knospen reicht aus.
  - Ungleich aufwendiger ist die **Gewinnung von Stecklingen**. Zur Vorbereitung der Probenahme kann es in einzelnen Vorkommen notwendig sein, Teile des Vorkommens zurückzuschneiden, um den Austrieb vitaler Sprosse anzuregen. Dies kann insbesondere in alten Vorkommen der Fall sein. Der Zeitpunkt der Probenahme ist abhängig von der Art und dem jährlichen Verlauf der Vegetationsperiode im Frühjahr. Es wird geraten, vor Ort den aktuellen Vegetationszustand ermitteln zu lassen, um eine ausreichende Entwicklung der Sprosse bezüglich Länge und Grad der Verholzung bei der Probennahme zu gewährleisten. Je nach Art und Vermehrungsmethode (Lang- oder Kurzstecklinge) variieren hier die Vorgaben stark. Der Transport der Proben ist unbedingt gekühlt durchzuführen. Die Proben sollten ausreichend feucht gehalten werden und die Zeit zwischen Probenahme und Absteckung sollte 24 Stunden nicht überschreiten. Wie bereits diskutiert, schwankt die Qualität der Steckreisler individuell zwischen den Vorkommen und zwischen Jahren. Daher ist eine ausreichend große Stichprobe nur schwer zu kalkulieren. Im Rahmen des Projektes wurden Ausfälle von bis zu 90% angenommen. Dies zieht einen erheblichen Aufwand bei der Anzucht nach sich. Im Sinne einer pragmatischen und robusten Projektplanung und Projektdurchführung kann

daher auch die Verwendung von Saatgut erwogen werden. Saatgut hat den Vorteil, dass es einfach gewonnen, transportiert und ausgepflanzt werden kann. Eine Limitierung durch Gewächshausflächen mit computergesteuerten Nebelanlagen ist dann nicht gegeben. Die Verwendung von Stecklingen sollte nur für Arten geplant werden, die bekanntermaßen gut für die Stecklingsvermehrung geeignet sind, wie z.B. *Cornus sanguinea*.

- Die Erfassung der einzelnen Vorkommen mit GPS sollte standardmäßig erfolgen.
- Anzucht von Stecklingen und Etablierung von Klonarchiven
  - Zunächst ist zu entscheiden, ob die Pflanzen als **Lang- oder Kurzstecklinge** vermehrt werden. Bei der Hasel zeigten vergleichende Untersuchungen eine deutliche Überlegenheit der Absteckung von Langstecklingen, während bei der Schlehe weiterhin Kurzstecklinge verwendet wurden.
  - Bezüglich der Anzucht der Stecklinge wird auf den Methodenteil verwiesen. Unbedingt notwendig ist eine **optimale und permanente Steuerung der Temperatur und die Gewährleistung einer hohen Luftfeuchtigkeit** während der Phase der Wurzelbildung. Für weitere Details wird auf den Methodenteil verwiesen.
  - Die **Erfolgskontrolle** kann anhand von Stichproben im Spätsommer / Herbst erfolgen. Eine belastbare Zahl bezüglich der tatsächlich erzeugten Pflanzenzahlen kann jedoch erst nach Überwinterung im Frühjahr ermittelt werden.
  - Anbauversuche (Klonarchive) sollten in **mindestens 3 Wiederholungen** angelegt werden. Die Lage der Flächen sollte so gewählt werden, dass eine tägliche Überwachung und Durchführung von Außenaufnahmen möglich ist.

### Phase 3: Durchführung von Außenaufnahmen und Laboranalysen

- Außenaufnahmen
  - Mit der Ermittlung von Anwuchs- und Wuchsraten sowie phänologischen Daten sollte bereits im Frühjahr nach der Auspflanzung begonnen werden. Dies dient auch dazu, den individuellen Ausgangszustand einzelner Klone zu charakterisieren. Für die Erhebung der phänologischen Daten wurde im Rahmen dieses Projektes ein 5-Phasen-Modell genutzt, das mit Abbildungen im Methodenteil dargestellt ist.

- Laboranalysen

- Die genetischen Analysen können direkt nach der Probennahme beginnen. Grundsätzlich wird geraten, diese Analysen am Kerngenom und am Chloroplastengenom parallel durchzuführen. Mit „Fingerprinttechniken“ wie AFLP-Analysen können belastbare Daten im Hinblick auf die genetische Differenzierung von Strauchvorkommen gewonnen werden. Diese hauptsächlich **im Kerngenom lokalisierten Marker sollten in Kombination mit spezifischen Genmarker des Chloroplastengenoms genutzt werden**, da sie unterschiedliche Ausbreitungsmechanismen besitzen. Für Details wird auf den Methodenteil verwiesen und die in internationalen Zeitschriften erschienenen Arbeiten von Leinemann et al. 2013 und 2014.
- Biomarkeranalysen können erst durchgeführt werden, wenn der „Pflanzschock“ in der Anwuchsphase abgeklungen ist. Dies ist in der Regel frühestens in der auf die Auspflanzung folgenden Vegetationsperiode der Fall. Die im Projekt verwendete Kombination von Biomarkern gewährleistet eine ausreichende Charakterisierung von Wachstums- und Anpassungsprozessen. Details sind auch hier dem Methodenleitfaden zu entnehmen.

Phase 4: Datenanalyse

- Für die Datenanalyse ist eine Vielzahl von Software verfügbar, die im Projekt angewandten Programme können empfohlen werden und sind häufig frei verfügbar. Für Details wird auf dem Methodenteil verwiesen.

## 8. SCHLUSSFOLGERUNGEN FÜR DIE PRAXIS

### HASEL:

Für die Hasel wurde eine deutliche Differenzierung der genetischen Strukturen von naturnahen Strauchvorkommen in Deutschland gefunden. Auf der Grundlage der Anwuchs- und Wachstumsmessungen, den phänologischen Daten und Biomarkeranalysen in den Klonarchiven war eine bessere Anpasstheit lokaler Vorkommen jedoch nicht eindeutig nachweisbar. So zeigte sich z.B. der überdurchschnittliche Wachstumserfolg der Haseln aus Nordrhein-Westfalen und Brandenburg auch an den Standorten Thüringen und Rheinland-Pfalz.

Deutlich wurde aber, dass Vermehrungsgut aus Süd- und Südosteuropa eher mittelmäßig (Italien) bis schlecht (Ungarn) abschneidet. Ungeachtet der bereits vorliegenden gesetzlichen Regelungen ist auf Basis der vorliegenden Daten von der Verwendung solchen Vermehrungsgutes abzuraten. Die Verwendung lokalen Vermehrungsgutes hat grundsätzlich den Vorteil der Nutzung lokaler genetische Variation mit dementsprechenden Anpassungsmustern, sie wird daher empfohlen. Es kann davon ausgegangen werden, dass eine solche Vorgehensweise den Schutz der lokalen natürlicherweise vorhandenen genetischen Vielfalt und Diversität fördert. Die vorliegende Regelung der sechs Vorkommensgebiete scheint hier hinreichend pragmatisch.

### SCHLEHE:

Insgesamt zeigt die Schlehe eine hohe genetische Differenzierung zwischen den Vorkommen. Diese spiegelt sich überwiegend auf dem Niveau der einzelnen Populationen wider. Auch unter Einbeziehung der Referenzvorkommen aus Italien und Ungarn war eine Differenzierung regionaler genetischer Strukturen nicht deutlich erkennbar. Auch Wuchsparameter und Biomarkeranalysen zeichnen kein einheitliches Bild, indem lokale Vorkommen regelmäßig bessere Anpassungseigenschaften nachwiesen. Auch wenn die Differenzierung der Eigenschaften der einzelnen Vorkommen individuell sehr unterschiedlich ausfällt, wird von einer kleinflächigen Behandlung von Schlehenvorkommen, die über die gesetzlichen Regelungen hinausreicht, abgeraten. Grundsätzlich kann auch hier zur Verwendung lokalen Pflanzenmaterials geraten werden, dies geschieht aber allein im Hinblick auf kurze Transportwege und verbesserte Kontrollmöglichkeiten. Für die Überprüfung der Herkunft von Pflanzenmaterial scheint die Schlehe gute Voraussetzungen zu bieten, da einzelne Vorkommen charakteristische genetische Strukturen aufweisen.

## 9. KURZFASSUNG DER ERGEBNISSE

### KURZFASSUNG

Mit der Novellierung des Bundesnaturschutzgesetzes (BNatSchG) hat der Gesetzgeber Rechtsgrundlagen geschaffen, welche die Verwendung einheimischer Gehölze aus regionaler Herkunft fördern und ab 2020 verbindlich regeln (Barsch et al. 2012). Zum Schutz der biologischen und damit der genetischen Vielfalt wird damit eine großräumige Erzeugung und Vermarktung von Strauchgehölzen unterbunden. Über die genetischen Eigenschaften von Gehölzvorkommen in Deutschland ist jedoch nur wenig bekannt. Unter anderem stellt sich die Frage: gibt es überhaupt merkliche genetische Unterschiede zwischen Gehölzvorkommen in Deutschland und wirken sich diese Unterschiede auf deren Angepasstheit bzw. Anpassungsfähigkeit aus. In einem vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz seit 2009 geförderten Modell- und Demonstrationsprojekt wurden Schlehen- und Haselvorkommen über weite Teile Deutschlands auf ihre genetischen und ihre Anbaueigenschaften untersucht. Es zeigte sich, dass Gehölzvorkommen von Hasel und Schlehe in Deutschland eine erhebliche genetische Variation besitzen. Dabei zeigt die Hasel regionale genetische Unterschiede, die zumindest teilweise auf natürliche Entwicklungsprozesse zurückzuführen sind. Die Abgrenzung von Vorkommensgebieten dient so dem Schutz dieser Prozesse und der Erhaltung regional spezifischer genetischer Variation. Im Vergleich zur Hasel zeigen Schlehenvorkommen in Deutschland eine noch deutlich höhere genetische Variation. Die genetischen Unterschiede zwischen Schlehenvorkommen sind jedoch eher zufällig und folgen keinem geografischen Muster. Dies zeigt sich auch daran, dass Vergleichspopulationen aus Italien und Ungarn genetisch kaum von deutschen Vorkommen unterschieden werden können, während dies bei der Hasel leicht möglich ist. Die Ergebnisse der genetischen Analysen spiegeln sich in Teilen auch in den Anbauversuchen und in Biomarkeranalysen wider. So zeigen die Untersuchungen bei der Hasel, dass Pflanzen aus süd- oder südosteuropäischen Vorkommen ein vergleichsweise schlechtes Adaptionsprofil für mitteleuropäische Verhältnisse besitzen, während dies bei der Schlehe nicht der Fall ist. Für beide Arten konnten Ansätze zur effektiven Kontrolle der Herkunft von gehandeltem Pflanzenmaterial auf der Basis von genetischen Analysen aufgezeigt werden.

### SUMMARY

Based on the amendment of the German law of nature conservation (BNatSchG) the trade and utilization of plant material of shrub species will be restricted to regional material in 2020 to safeguard biological and genetic diversity of shrub species in Germany. Though only little is known about the genetic variation of those species in Germany and an important

question in this context is, whether provenances of shrub species in Germany genetically and therefore biologically differentiated and, if so, how does this affect their adaptive potential. A project was started in 2009 funded by the German ministry of food, agriculture and consumer protection aiming to improve the knowledge about genetic variation of model shrub species Black thorn (*Prunus spinosa L.*) and Hazelnut (*Corylus avellana l.*) in Germany. Genetic marker studies in natural stands and growth traits, phenological studies and bio marker analysis in provenance trials were conducted. The results of the project show that provenances of these two shrub species possess considerable genetic variation. However, the distribution of the genetic variation within the two investigated species is quite different. In Hazelnut it turned out that genetic and geographic structures are correlated because adjacent provenances often show relatively similar genetic variation whereas geographically distant provenances were genetically distant too. This applies in particular concerning two reference populations from Hungary and Italy. In black thorn, the distribution of genetic variation shows no geographical pattern and is more or less randomly distributed and specific adaptive processes are not very likely. This is highlighted by the absence of genetic differentiation between German provenances and the Italian and Hungarian reference provenances. The analyses of the adaptive potential within the established provenance trials show that hazel provenances of south and southeastern Europe are less adapted in Germany whereas black thorn provenances show no that clear tendencies. In both species basic methods concerning the tracing reproductive material were established.

## 10. LITERATUR

- Anonymus (2004): Verwendung einheimischer Gehölze regionaler Herkunft für die freie Landschaft. Broschüre, herausgegeben vom BMVEL in Zusammenarbeit mit der BLAG „Erhaltung forstlicher Genressourcen und Forstsaatgutrecht“, 7 Seiten.
- Barsch F., Heym A. und Nehring S. T. (2012): Leitfaden zur Verwendung gebietseigener Gehölze. Hrsg. Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit (BMU) Referat Öffentlichkeitsarbeit · 11055 Berlin, service@bmu.bund.de, www.bmu.de, 30 Seiten.
- Dorken M. E., Eckert C. G. (2001): Severely reduced sexual reproduction in northern populations of a clonal plant, *Decodon verticillatus* (Lythraceae). *J Ecol* 89:339–350.
- Duchesne P., Bernatchez L. (2002): AFLPOP: a computer program for simulated and real population allocation, based on AFLP data. *Mol Ecol Notes* 2:380–383. doi:10.1046 / j.1471-8278.2002.00251.x.
- Excoffier L., Smouse P. E., Quattro J. M. (1992): Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction sites. *Genetics* 131:479–491.
- Gailing O., von Wühlisch G. (2004): Nuclear markers (AFLPs) and chloroplast microsatellites differ between *Fagus sylvatica* and *F. orientalis*. *Silvae Genetica* 53:105–110.
- Gillet E. (2010): GSED—“Genetic structures from electrophoresis data”. <http://www.uni-goettingen.de/de/95607.html>.
- Gregorius, H.-R. (1974): Genetischer Abstand zwischen Populationen. Zur Konzeption der genetischen Abstandsmessung. *Silvae Genetica* 23: 22-27.
- Gregorius H.-R., Roberds J. H. (1986): Measurement of genetical differentiation among subpopulations. *Theor Appl Genet* 71,826–834. <http://dx.doi.org/10.1007/BF00276425>.
- Herms, D.A., and W.J. Mattson. (1991.): Does reproduction compromise defense in woody plants? In: Y.N. Baranchikov, W.J. Mattson, F. Hain, and T.L. Payne, eds. *Forest Insect Guilds: Patterns of Interaction with Host Trees*, pp. 35-46. USDA General Technical Report NE-153.
- Hiller A. und Hacker E. (2001): Ingenieurbiologie und die Vermeidung von Florenverfälschungen – Lösungsansätze zur Entwicklung von Regiosaatgut. *Mitteilungen 18 der Gesellschaft für Ingenieursbiologie*: 16-42.
- Höppener-Fidus B., Priebe M. (1994): Herkunftsunterschiede heimischer Feldgehölze. Diplomarbeit, Univ. Hannover, Abt. Baumschule, 108 S.
- Huff D. R., Peakall R., Smouse P. E. (1993): RAPD variation within and among natural populations of outcrossing buffalo grass *Buchloe dactyloides* (Nutt.) Engelm. *Theor Appl Genet* 86:927–934.
- Kätzel, R. und Hinrichs T. (2005): Herkunftssicherung gebietsheimischer Sträucher in Brandenburg,

ein Bestandteil des nationalen Konzeptes „Genetische Ressourcen für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten“. [www. bmvel.de](http://www.bmvel.de).

- Kätzel R. und Löffler S. (2004) Stressphysiologische Reaktionen von Kiefernbeständen der Level II-Dauerbeobachtungsflächen der Bundesländer Brandenburg und Berlin im Trockenjahr 2003. Arbeitsbericht der BFH Nr. 2/2004: 92-05.
- Kleinschmit J., Leinemann L. and Hosius B.(2008): Gene Conservation through seed orchards – a case study of *Prunus spinosa* L. in: Seed Orchard Conference Dag Lindgren (ed.), Umea, Sweden p. 115-126.
- Kowarik I. and Seitz B. (2003): Perspektiven für die Verwendung gebietseigener („autochthoner“) Gehölze. *Neobiota* 2: 3-26.
- Leinemann L., Bendixen K., Kownatzki D., Hattemer H. H., Liepe K. und Stenger G. (2002): Genetische Untersuchungen an Landschaftsgehölzen im Hinblick auf die Erzeugung und Zertifizierung von Vermehrungsgut. *Allg. Forst u. J-Ztg.* 173, 145-152.
- Leinemann L., Steiner W., Hosius B. und Kleinschmit J. (2010a): Klonale Reproduktion in naturnahen Vorkommen der Schlehe (*Prunus spinosa* L.). *Forstarchiv* 81, Heft 4, 165-169.
- Leinemann L., Arenhövel W., Finkeldey R., Haase B., Kätzel R., Konnert M., Rogge M. und W. Steiner (2010b) Projektvorstellung. Hrsg.: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung. Tagungsband zu den Informationstagen Biologische Vielfalt in Bonn am 21. und 22. April 2010. S. 100- 108.
- Leinemann L., Steiner W., Hosius B., Kuchma O., Arenhövel W., Fussi B., Haase B., Kätzel R., Rogge M. and Finkeldey R.(2013): Genetic variation of chloroplast and nuclear markers in natural populations of hazelnut (*Corylus avellana* L.) in Germany. *Plant SystEvol*, 299, 2, 369 – 378.
- Leinemann L., Kleinschmit J., Fussi B., Hosius B., Kuchma O., Arenhövel W., Lemmen P., Kätzel R., Rogge M., Finkeldey R.(2014:) Genetic composition and differentiation of sloe (*Prunus spinosa* L.) populations in Germany with respect to the tracing of reproductive plant material. *Plant. Syst. Evol.* 300, 9, 2115-2125.
- Lichtenthaler H.K. (1987) *Methods in Enzymology*, 148: 350–380.
- Mantel N. (1967): The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Res* 27:209–220.
- Marzini K. (1997): Ergebnisse von Versuchspflanzungen regionaler Gehölze für Extremlagen im Rahmen von Flurbereinigungsverfahren. *Deutsche Baumschule* 10, 1997: 557-559.
- Maurer W. D. (2003): Tagungsbericht zur Fachtagung „Autochthone Gehölze“ am 14. / 15. Mai 2002 an der FAWF Rheinland-Pfalz in Trippstadt, Selbstverlag FAWF RP Trippstadt, 84 Seiten.
- Michalakis Y., Excoffier L. (1996): A genetic estimation of population subdivision using distances between alleles with special reference for microsatellite loci. *Genetics* 142:1061–1064.
- Mohanty A., Martín J. P. and Aguinagalde I. (2000): Chloroplast DNA diversity within and among

- populations of the allotetraploid *Prunus spinosa* L. *Theor Appl Genet* (2000) 100:1304–1310.
- Mohanty A., Martin J. P. and Aguinagalde I. (2002): Population genetic analysis of European *Prunus spinosa* (Rosaceae) using chloroplast DNA Markers. *American Journal of Botany* 89(8): 1223–1228.
- Moran P. A. P. (1950): Notes on continuous stochastic phenomena. *Biometrika* 37:17–23.
- Palme A. and Vendramin G. G. (2002): Chloroplast DNA variation, postglacial recolonisation and hybridisation in hazel, *Corylus avellana*. *Molecular Ecology* 9: 1769-1780.
- Peakall R., Smouse P. E. (2006): Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol EcolNotes* 6:288–295. doi:10.1111 / j.1471-8286.2005.01155.x.
- Peakall R., Smouse P. E., Huff D. R. (1995): Evolutionary implications of allozyme and RAPD Variation in diploid populations of dioecious buffalo grass *Buchloe dactyloides*. *Mol Ecol* 4:135–147.
- Peakall R., Ruibal M., Lindenmayer D. B. (2003): Spatial autocorrelation analysis offers new insights into gene flow in the Australian bushrat, *Rattus fuscipes*. *Evolution* 57:1182–1195.
- Rumpf H. (2002): Phänotypische, physiologische und genetische Variabilität bei verschiedenen Herkünften von *Viburnum opulus* L. und *Coryllus avellana* L. Dissertation, Universität Hannover.
- Rumpf H. (2003): Welche Erkenntnisse aus der forstlicher Generhaltung können für die Anzucht gebietseigener ("autochthoner") Sträucher genutzt werden? *Neobiota* 2: 37-42.
- Schmidt S. (2003): Genetische Vielfalt und Vernetzung verschiedener Teilpopulationen von *Coryllus avellana* L. und *Prunus spinosa* L. an Wald- und Wegrändern des Sollings. Dissertation, Universität Göttingen.
- Schmidt P. A. und Krause A. (1997): Zur Abgrenzung von Herkunftsgebieten bei Baumschulgehölzen für die freie Landschaft, *Natur undLandschaft* 72.
- Seitz B. et al. (2007): Erhaltung genetischer Vielfalt: Kriterien für die Zertifizierung regionalen Saat- und Pflanzgutes. *BfN-Skripten* 208.
- Spethmann W. (1995): In-situ / ex-situ-Erhaltung von heimischen Straucharten. *Schriften zu Genetischen Ressourcen, ZADI, Bonn* 1: 68-87.
- Spethmann W. (2003): Wie können Saatguthandel und Baumschulen einen Beitrag zur Erhaltung der Biodiversität einheimischer Sträucher leisten? *Neobiota* 2: 27-35.
- Vos P., Hogers R., Bleeker M., Reijans M., van de Lee T., Frijters A., Pot J., Peleman J., Kiper M., Zabeau M. (1995): AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res* 23(21): 4407–4414.
- Weising K. and Gardner R. C- (1999): A set of conserved PCR primers for the analysis of simple sequence repeat polymorphisms in chloroplast genomes of dicotyledonous angiosperms. *Genome* 42: 9-19.

- Wendel J. F., Weeden E. N. (1989): Visualization and interpretation of plant isozymes. In: Soltis D. E., Soltis P. S. (eds.) *Isozymes in plant biology*. Dioscorides Press, Portland, pp 5–45.
- Wünsche O. (2004): ) Die Hasel. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL), Institut für Agrarökologie, Ökologischen Landbau und Bodenschutz; Vöttinger Straße 38, 85354 Freising. <http://www.LfL.bayern.de>.
- Yeh F. C., Boyle T. (1999): Popgene Version 1.31. [http://www.ualberta.ca/~fyeh/popgene\\_download.html](http://www.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html).

## ANHANG

*Tabelle 1: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) der Trockenmasse der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 2. Pflanztermin.*

2013						
Herkunft	n	MW [mg]	Varianz [%]	Median [mg]	Min [mg]	Max [mg]
Ungarn	4	210 (a)	28,0	209	142	280
Italien	15	191 (a)	26,2	179	110	285
Brandenburg	15	206 (a)	25,6	212	116	296
Hessen	14	190 (a)	41,4	176	69	355
Niedersachsen	14	213 (a)	30,7	207	119	307
Nordrhein-Westfalen	15	199 (a)	21,8	202	100	262
Rheinland-Pfalz	15	174 (a)	26,6	184	91	252
Thüringen	15	205 (a)	32,3	177	117	314
2014						
Ungarn	4	330 (a)	11,0	328	289	376
Italien	15	233 (a)	40,7	228	72	412
Brandenburg	15	288 (a)	28,7	287	85	387
Hessen	14	234 (a)	32,4	214	123	366
Niedersachsen	15	243 (a)	31,0	217	157	400
Nordrhein-Westfalen	15	267 (a)	23,0	269	184	402
Rheinland-Pfalz	15	243 (a)	42,8	234	72	430
Thüringen	15	249 (a)	30,4	262	85	404

*Tabelle 2: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) der spezifischen Blattfläche der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 1. Pflanztermin.*

2013						
Herkunft	n	MW [cm <sup>2</sup> / g]	Varianz [%]	Median [cm <sup>2</sup> / g]	Min [cm <sup>2</sup> / g]	Max [cm <sup>2</sup> / g]
Ungarn	23	197 (a)	18,5	192	136	295
Italien	2	179 (a)	0,0	179	179	179
Nordrhein-Westfalen	14	170 (a)	16,1	168	137	252
Thüringen	12	213 (a)	2,3	213	202	224
2014						
Ungarn	23	148 (a)	19,9	135	88	219
Italien	2	170 (a)	15,7	170	151	188
Nordrhein-Westfalen	14	162 (a)	12,4	161	130	213
Hessen	1	150		150		
Thüringen	12	172 (a)	13,7	178	133	210

*Tabelle 3: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gesamtchlorophyllgehaltes der einzelnen Herkünfte in der Thüringer Baumschule 2014.*

Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	3	1,20 (a)	49,7	1,26	0,57	1,75
Italien	15	1,24 (a)	50,1	1,28	0,34	2,53
Brandenburg	6	1,24 (a)	76,9	1,00	0,39	3,07
Hessen	9	1,10 (a)	44,8	1,30	0,35	1,68
Niedersachsen	8	1,10 (a)	50,2	1,09	0,40	1,81
Nordrhein-Westfalen	9	1,37 (a)	44,0	1,49	0,36	2,32
Rheinland-Pfalz	4	1,14 (a)	39,3	1,26	0,51	1,54
Thüringen	9	1,21 (a)	49,8	1,20	0,56	2,06

*Tabelle 4: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes löslicher Kohlenhydrate der einzelnen Herkünfte in der Thüringer Baumschule 2014.*

Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	3	108,4 (a)	4,0	106,2	105,5	113,4
Italien	15	99,9 (a)	9,8	97,7	82,8	121,3
Brandenburg	6	100,8 (a)	5,6	99,9	95,4	108,4
Hessen	9	112,1 (a)	7,9	110,5	100,9	126,8
Niedersachsen	8	117,0 (a)	6,5	117,2	105,2	130,8
Nordrhein-Westfalen	9	102,4 (a)	8,0	103,2	91,5	117,0
Rheinland-Pfalz	4	101,9 (a)	20,7	111,2	70,4	114,7
Thüringen	9	107,7 (a)	9,1	112,9	87,7	117,6

*Tabelle 5: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Stärkegehaltes der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 1. Pflanztermin.*

2013						
Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	23	55,6 (a)	29,2	55,1	23,2	87,1
Italien	2	72,0 (a)	10,0	72,0	66,9	77,0
Nordrhein-Westfalen	14	58,1 (a)	29,3	58,0	31,7	97,1
Thüringen	12	55,7 (a)	33,6	59,0	25,4	79,6
2014						
Ungarn	23	60,5 (a)	25,1	59,2	28,9	88,8
Italien	2	48,7 (a)	12,9	48,7	44,3	53,2
Nordrhein-Westfalen	14	56,6 (a)	25,4	54,6	35,0	86,6
Hessen	1	26,7		26,7		
Thüringen	12	52,4 (a)	24,6	54,1	28,9	67,3

*Tabelle 6: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes löslicher Stärke der einzelnen Herkünfte in der Thüringer Baumschule 2014.*

Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	3	18,3 (a)	32,2	18,8	12,1	23,9
Italien	15	26,9 (a)	43,6	23,1	11,8	51,0
Brandenburg	6	25,0 (a)	21,0	24,6	16,6	32,8
Hessen	9	22,8 (a)	33,9	19,3	13,3	34,2
Niedersachsen	8	34,5 (a)	68,8	31,4	10,6	83,3
Nordrhein-Westfalen	9	23,7 (a)	29,0	20,4	14,3	36,4
Rheinland-Pfalz	4	26,9 (a)	34,4	29,6	13,5	34,9
Thüringen	9	25,9 (a)	48,0	22,5	14,1	49,4

*Tabelle 7: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gesamtascorbatgehaltes der einzelnen Herkünfte in der Thüringer Baumschule 2014.*

Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	3	9,50 (a)	12,2	9,57	8,31	10,63
Italien	15	10,48 (a)	21,6	11,12	6,36	14,56
Brandenburg	6	8,41 (a)	17,5	8,20	6,78	10,26
Hessen	9	9,63 (a)	13,5	10,35	7,47	10,85
Niedersachsen	8	9,87 (a)	17,3	9,44	8,10	13,87
Nordrhein-Westfalen	9	8,87 (a)	14,1	9,04	7,18	11,18
Rheinland-Pfalz	4	9,10 (a)	22,8	8,92	6,84	11,74
Thüringen	9	9,88 (a)	23,0	10,27	5,94	12,76

*Tabelle 8: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Gehaltes Vanillin-positiver Verbindungen der einzelnen Herkünfte in der Thüringer Baumschule 2014.*

Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	3	283	20,2	273	232	345
Italien	15	283	18,2	280	203	376
Brandenburg	6	269	14,5	272	216	315
Hessen	9	300	12,1	310	235	339
Niedersachsen	8	285	18,5	273	218	379
Nordrhein-Westfalen	9	271	15,0	266	216	336
Rheinland-Pfalz	4	283	19,4	292	209	342
Thüringen	9	288	19,0	277	196	380

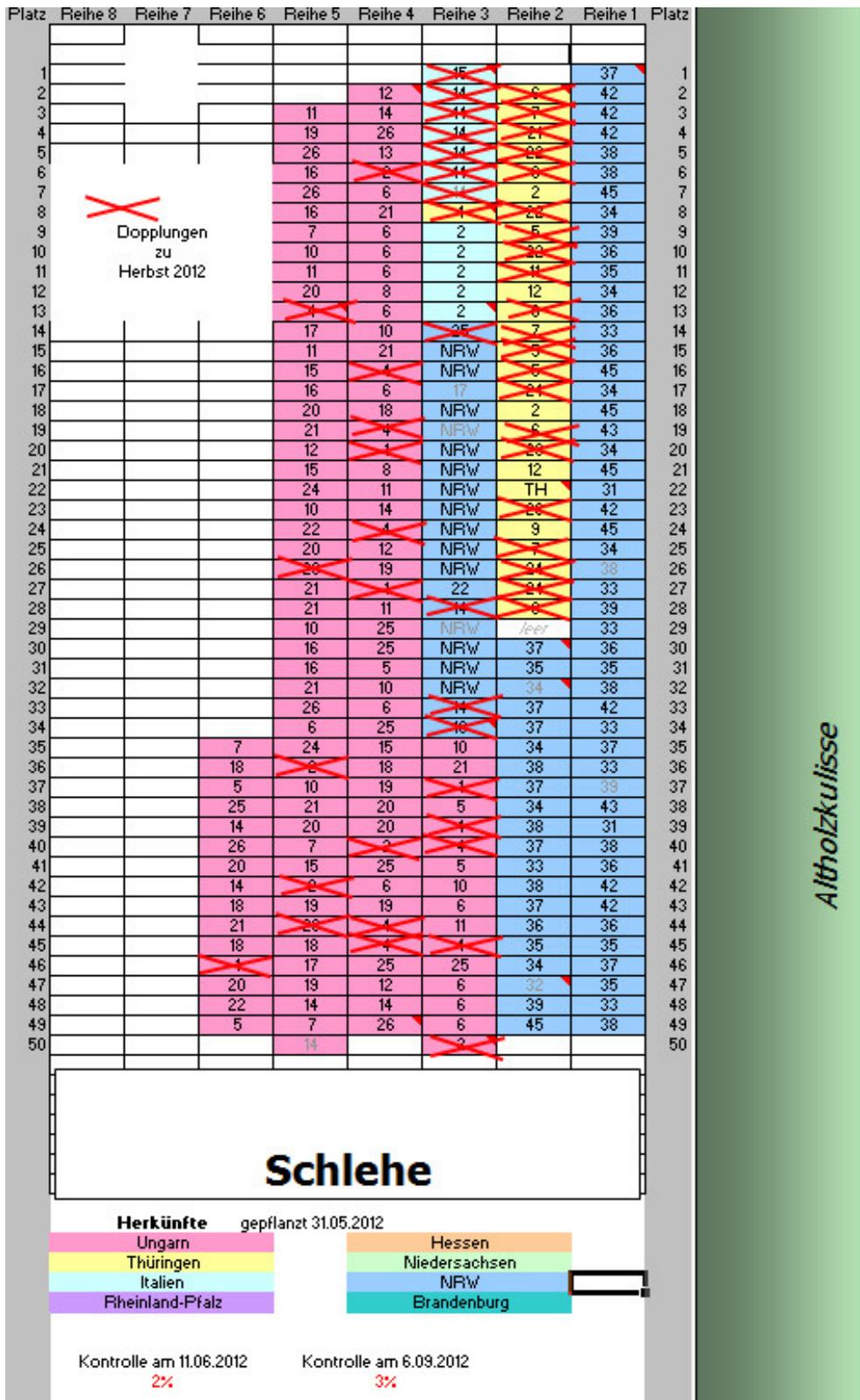
*Tabelle 9: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Procyanidingehaltes der einzelnen Herkünfte beider Untersuchungsjahre; 1. Pflanztermin.*

2013						
Herkunft	n	MW [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Varianz [%]	Median [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Min [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]	Max [ $\mu\text{mol} / \text{g}$ TM]
Ungarn	23	137 (a)	21,6	132	87	186
Italien	2	128 (a)	0,0	128	128	128
Nordrhein-Westfalen	14	153 (a)	16,8	162	110	204
Thüringen	12	125 (a)	24	130	74	184
2014						
Ungarn	23	175 (a)	29,3	176	93	348
Italien	2	134 (a)	3,2	134	131	137
Nordrhein-Westfalen	14	191 (a)	12,6	189	155	233
Hessen	1	286		286		
Thüringen	12	144 (a)	18,8	141	101	180

*Tabelle 10: Statistische Kenngrößen (Mittelwerte, Varianz, Minimal- und Maximalwerte, Signifikanztest nach TUKEY  $\alpha = 0,05$ ) des Procyanidingehaltes der einzelnen Herkünfte in der Thüringer Baumschule 2014.*

Herkunft	n	MW [mg / g TM]	Varianz [%]	Median [mg / g TM]	Min [mg / g TM]	Max [mg / g TM]
Ungarn	3	240 (a)	14,2	230	213	279
Italien	15	266 (a)	26,1	248	189	479
Brandenburg	6	240 (a)	20,8	240	161	303
Hessen	9	265 (a)	10,9	265	223	297
Niedersachsen	8	231 (a)	11,4	229	191	267
Nordrhein-Westfalen	9	239 (a)	15,45	235	184	320
Rheinland-Pfalz	4	237 (a)	20,1	242	176	286
Thüringen	9	255 (a)	12,4	259	195	304





Altholzkuilisse

Abbildung 2: Pflanzplan Hasel Eberswalde (Pflanzung 2011 und 2012).

Platz	Reihe 30	Reihe 29	Reihe 28	Reihe 27	Reihe 26	Reihe 25	Reihe 24	Reihe 23	Reihe 22	Reihe 21	Platz	
98											98	
97								IT-22	HS-10		97	
96								IT-22	HS-10		96	
95								IT-22	HS-10		95	
94								IT-22	HS-10		94	
93	<b>Hasel</b>											93
92	<b>Pflanzung 10/2012</b>								IT-26	HS-13		92
91								IT-26	HS-13		91	
90								IT-26	HS-13		90	
89								IT-21	HS-5		89	
88							BB-17	IT-21	HS-5		88	
87							BB-17	IT-21	HS-5		87	
86							BB-17	IT-21	HS-5		86	
85		<b>Markküfte</b>	gepflanzt 07.10.2012				BB-28	BB-17				85
84		Unqarn				BB-28	BB-11	IT-20	HS-12		84	
83		Thüringen				BB-28	BB-11	IT-20	HS-12		83	
82		Italien			Niederrachen	BB-12	BB-11	IT-20	HS-12		82	
81		Rheinland-Pfalz			NRW	BB-12	BB-8	IT-9	HS-15		81	
80					Brandenburg	BB-12	BB-8	IT-9	HS-15		80	
79						BB-14	BB-8	IT-9	HS-15		79	
78						BB-14	BB-8	IT-9	HS-15		78	
77						BB-14	BB-8	IT-23	HS-6		77	
76						TH-23	UN-23	IT-23	HS-6		76	
75						TH-23	UN-23	IT-23	HS-6		75	
74						TH-3	BB-10	UN-23	HS-6		74	
73						TH-3	BB-10	UN-23			73	
72						TH-3	BB-10	UN-4			72	
71						TH-3	BB-10	UN-4			71	
70						HS-25	NRW-23	UN-4			70	
69					TH-23	RP-21	NRW-23	UN-4	NS-10		69	
68					TH-23	RP-21	NRW-23	UN-21	NS-10		68	
67					TH-7	RP-21	NRW-23	UN-21	NS-10		67	
66					TH-7	RP-6	NRW-25	UN-21	NS-10		66	
65					TH-7	RP-6	NRW-25	UN-21			65	
64					TH-7	RP-6	NRW-25	UN-1			64	
63					TH-5	RP-6	NRW-25	UN-1			63	
62					TH-5	RP-16	NRW-10	UN-1			62	
61					TH-5	RP-16	NRW-10	UN-1			61	
60					TH-5	RP-16	NRW-10	UN-2			60	
59	NRW-14				TH-25	RP-16	NRW-10	UN-2			59	
58	NRW-14				TH-25	RP-3	NRW-24	UN-2			58	
57	NRW-14				TH-25	RP-3	NRW-24	UN-2			57	
56	NRW-4				TH-25	RP-3	NRW-24	TH-4			56	
55	NRW-4				TH-1	RP-3	NRW-24	TH-4			55	
54	NRW-4				TH-1	RP-25	NRW-17	TH-4			54	
53	NRW-4				TH-1	RP-25	NRW-17	TH-4			53	
52	NRW-9				TH-1	RP-25	NRW-17	TH-6			52	
51	NRW-9				TH-24	RP-25	NRW-17	TH-6			51	
50	NRW-9				TH-24	RP-24	NRW-16	TH-6			50	
49	NRW-2				TH-24	RP-24	NRW-16	TH-6			49	
48	NRW-2				TH-24	RP-24	NRW-16	TH-11			48	
47	NRW-2				BB-29	RP-24	NRW-16	TH-11			47	
46	NRW-2				BB-29	RP-13	NRW-13	TH-11			46	
45	NRW-6				BB-29	RP-13	NRW-13	TH-11			45	
44	NRW-6				BB-13	RP-13	NRW-13	TH-20			44	
43	NRW-6				BB-13	RP-13	NRW-13	TH-20			43	
42	NRW-6				BB-13	RP-13	NRW-13	TH-20			42	
41	NRW-6				BB-13	RP-13	NRW-13	TH-20			41	
40	NRW-19				BB-20	HS-14	IT-18	TH-21			40	
39	NRW-19				BB-20	HS-14	IT-18	TH-21			39	
38	NRW-19				BB-20	HS-11	IT-12	TH-21			38	
37	NRW-19				BB-20	HS-11	IT-12	TH-21			37	
36	NRW-1				BB-1	HS-11	IT-12	TH-16			36	
35	NRW-1				BB-1	HS-11	IT-12	TH-16			35	
34	NRW-1				BB-1	HS-8	IT-11	TH-16			34	
33	NRW-1				BB-1	HS-8	IT-11	TH-16			33	
32	BB-7				BB-5	HS-8	IT-11	TH-18			32	
31	BB-7				BB-5	HS-19	IT-13	TH-18			31	
30	BB-7				BB-5	HS-19	IT-13	TH-18			30	
29	BB-2				BB-5	HS-19	IT-13	TH-18			29	
28	BB-2				BB-4	HS-19	IT-13	RP-6			28	
27	BB-2				BB-4	HS-23	IT-16	RP-6			27	
26	BB-2				BB-4	HS-23	IT-16	RP-6			26	
25	BB-6				BB-4	HS-23	IT-16	RP-11			25	
24	BB-6				BB-4	HS-23	IT-16	RP-11			24	
23	BB-6				BB-19	HS-3	IT-17	RP-11			23	
22	BB-6				BB-19	HS-3	IT-17	RP-11			22	
21	BB-6				BB-19	HS-3	IT-17	RP-11			21	
20	BB-21				BB-19	HS-3	IT-17	RP-12			20	
19	BB-21				NRW-5	HS-3	IT-17	RP-12			19	
18	BB-21				NRW-5	HS-4	IT-15	RP-12			18	
17	BB-21				NRW-5	HS-4	IT-15	RP-12			17	
16	BB-3				NRW-5	HS-4	IT-15	RP-1			16	
15	BB-3				NRW-8	HS-4	IT-15	RP-1			15	
14	BB-3				NRW-8	NS-19	NS-22	RP-1			14	
13	BB-3				NRW-8	NS-19	NS-22	RP-1			13	
12	BB-25				NRW-8	NS-19	NS-22	RP-8			12	
11	BB-25				NRW-7	NS-19	NS-22	RP-8			11	
10	BB-25				NRW-7	NS-3	NS-11	RP-8			10	
9	BB-25				NRW-7	NS-3	NS-11	RP-8			9	
8	BB-9				NRW-20	NS-3	NS-11	RP-22			8	
7	BB-9				NRW-15	NS-3	NS-11	RP-22			7	
6	BB-9				NRW-20	NS-20	NS-21	RP-22			6	
5	BB-9				NRW-12	NS-20	NS-21	RP-22			5	
4	TH-19				NRW-12	NS-20	NS-21	RP-2			4	
3	TH-19				NRW-11	NS-20	NS-1	RP-2			3	
2	TH-22				NRW-11	NS-1	NS-1	RP-2			2	
1	TH-22				NRW-11	NS-1	NS-21	RP-2			1	

**Schlehe**

Abbildung 3: Pflanzplan Hasel Eberswalde (Pflanzung 2011 und 2012).



99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	
99x	TH $\alpha$ 13x	RP $\alpha$ 22x	RP $\alpha$ 10x	IT $\alpha$ 2x	NI $\alpha$ 21x	BB $\alpha$ 1x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	
99x	TH $\alpha$ 4x	RP $\alpha$ 25x	RP $\alpha$ 1x	IT $\alpha$ 7x	NI $\alpha$ 1x	BB $\alpha$ 2x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	
99x	TH $\alpha$ 20x	RP $\alpha$ 14x	RP $\alpha$ 7x	IT $\alpha$ 4x	NI $\alpha$ 22x	BB $\alpha$ 3x	IT $\alpha$ 20x	IT $\alpha$ 11x	99x											
99x	TH $\alpha$ 13x	RP $\alpha$ 19x	RP $\alpha$ 25x	IT $\alpha$ 11x	NI $\alpha$ 21x	BB $\alpha$ 4x	IT $\alpha$ 24x	IT $\alpha$ 5x	99x											
99x	NW $\beta$ 8x	BB $\alpha$ 17x	RP $\alpha$ 1x	IT $\alpha$ 5x	NI $\alpha$ 22x	NW $\beta$ 18x	IT $\alpha$ 21x	IT $\alpha$ 6x	99x											
99x	NW $\beta$ 6x	BB $\alpha$ 28x	RP $\alpha$ 22x	IT $\alpha$ 9x	NI $\alpha$ 1x	NW $\beta$ 19x	TH $\beta$ 13x	IT $\alpha$ 15x	99x											
99x	NW $\beta$ 10x	BB $\alpha$ 6x	RP $\alpha$ 8x	IT $\alpha$ 6x	NI $\alpha$ 21x	NW $\beta$ 20x	TH $\beta$ 5x	IT $\alpha$ 5x	99x											
99x	NW $\beta$ 11x	BB $\alpha$ 22x	RP $\alpha$ 6x	IT $\alpha$ 12x	HE $\beta$ 4x	NW $\beta$ 22x	TH $\beta$ 4x	IT $\alpha$ 24x	99x											
99x	NW $\beta$ 4x	BB $\alpha$ 17x	RP $\alpha$ 19x	IT $\alpha$ 20x	HE $\beta$ 10x	NW $\beta$ 14x	TH $\beta$ 6x	IT $\alpha$ 25x	99x											
99x	NW $\beta$ 2x	BB $\alpha$ 26x	RP $\alpha$ 24x	IT $\alpha$ 19x	HE $\beta$ 25x	NW $\beta$ 15x	TH $\beta$ 7x	IT $\alpha$ 2x	99x											
99x	NW $\beta$ 18x	BB $\alpha$ 6x	RP $\alpha$ 16x	IT $\alpha$ 15x	HE $\beta$ 4x	NW $\beta$ 16x	TH $\beta$ 4x	IT $\alpha$ 21x	99x											
99x	NW $\beta$ 20x	BB $\alpha$ 19x	RP $\alpha$ 14x	IT $\alpha$ 21x	HE $\beta$ 25x	NW $\beta$ 17x	TH $\beta$ 13x	IT $\alpha$ 24x	99x											
99x	NW $\beta$ 21x	BB $\alpha$ 22x	NW $\beta$ 2x	IT $\alpha$ 22x	HE $\beta$ 4x	NW $\beta$ 11x	TH $\beta$ 20x	IT $\alpha$ 15x	99x											
99x	NW $\beta$ 14x	BB $\alpha$ 17x	NW $\beta$ 20x	IT $\alpha$ 24x	HE $\beta$ 26x	NW $\beta$ 10x	RP $\beta$ 8x	IT $\alpha$ 25x	99x											
99x	NW $\beta$ 17x	BB $\alpha$ 4x	NW $\beta$ 21x	IT $\alpha$ 25x	HE $\beta$ 10x	NW $\beta$ 13x	RP $\beta$ 25x	IT $\alpha$ 3x	99x											
99x	NW $\beta$ 20x	BB $\alpha$ 3x	NW $\beta$ 16x	TH $\beta$ 4x	HE $\beta$ 26x	NW $\beta$ 8x	RP $\beta$ 6x	IT $\alpha$ 20x	99x											
99x	NW $\beta$ 24x	BB $\alpha$ 28x	NW $\beta$ 17x	TH $\beta$ 5x	HE $\beta$ 10x	NW $\beta$ 9x	RP $\beta$ 1x	IT $\alpha$ 5x	99x											
99x	NW $\beta$ 15x	BB $\alpha$ 1x	NW $\beta$ 22x	TH $\beta$ 13x	HE $\beta$ 5x	NW $\beta$ 11x	RP $\beta$ 14x	IT $\alpha$ 11x	99x											
99x	NW $\beta$ 16x	IT $\alpha$ 25x	NW $\beta$ 19x	TH $\beta$ 6x	HE $\beta$ 26x	NW $\beta$ 15x	RP $\beta$ 19x	IT $\alpha$ 3x	99x											
99x	NW $\beta$ 13x	IT $\alpha$ 24x	NW $\beta$ 16x	TH $\beta$ 4x	HE $\beta$ 10x	NW $\beta$ 8x	RP $\beta$ 14x	IT $\alpha$ 9x	99x											
99x	NW $\beta$ 14x	IT $\alpha$ 22x	NW $\beta$ 15x	BB $\beta$ 1x	HE $\beta$ 4x	NW $\beta$ 17x	RP $\beta$ 25x	IT $\alpha$ 5x	99x											
99x	NW $\beta$ 10x	IT $\alpha$ 21x	NW $\beta$ 14x	BB $\beta$ 2x	HE $\beta$ 26x	NW $\beta$ 2x	RP $\beta$ 24x	IT $\alpha$ 2x	99x											
99x	NW $\beta$ 15x	IT $\alpha$ 20x	NW $\beta$ 13x	BB $\beta$ 3x	HE $\beta$ 10x	NW $\beta$ 15x	RP $\beta$ 22x	IT $\alpha$ 19x	99x											
99x	NW $\beta$ 8x	IT $\alpha$ 19x	NW $\beta$ 17x	BB $\beta$ 4x	RP $\beta$ 24x	NW $\beta$ 4x	RP $\beta$ 19x	IT $\alpha$ 3x	99x											
99x	NW $\beta$ 11x	IT $\alpha$ 15x	NW $\beta$ 9x	BB $\beta$ 17x	RP $\beta$ 25x	NW $\beta$ 14x	BB $\alpha$ 19x	NI $\alpha$ 21x	99x											
99x	IT $\alpha$ 2x	IT $\alpha$ 13x	NW $\beta$ 23x	BB $\beta$ 19x	RP $\beta$ 26x	NW $\beta$ 13x	BB $\alpha$ 6x	NI $\alpha$ 18x	99x											
99x	IT $\alpha$ 24x	IT $\alpha$ 12x	NW $\beta$ 11x	BB $\beta$ 6x	RP $\beta$ 10x	NW $\beta$ 14x	BB $\alpha$ 28x	NI $\alpha$ 22x	99x											
99x	IT $\alpha$ 25x	IT $\alpha$ 11x	NW $\beta$ 10x	BB $\beta$ 10x	RP $\beta$ 14x	RP $\alpha$ 22x	BB $\alpha$ 25x	NI $\alpha$ 21x	99x											
99x	IT $\alpha$ 5x	IT $\alpha$ 9x	NW $\beta$ 8x	BB $\beta$ 26x	RP $\beta$ 1x	RP $\alpha$ 25x	BB $\alpha$ 22x	NI $\alpha$ 1x	99x											
99x	IT $\alpha$ 2x	IT $\alpha$ 6x	NW $\beta$ 2x	BB $\beta$ 28x	RP $\beta$ 6x	RP $\alpha$ 1x	BB $\alpha$ 26x	NI $\alpha$ 22x	99x											
99x	IT $\alpha$ 15x	IT $\alpha$ 5x	NW $\beta$ 18x	BB $\beta$ 22x	RP $\beta$ 22x	RP $\alpha$ 19x	BB $\alpha$ 6x	NI $\alpha$ 21x	99x											
99x	IT $\alpha$ 5x	IT $\alpha$ 4x	NW $\beta$ 24x	BB $\beta$ 29x	RP $\beta$ 19x	RP $\alpha$ 24x	BB $\alpha$ 22x	NI $\alpha$ 1x	99x											
99x	IT $\alpha$ 3x	IT $\alpha$ 3x	NW $\beta$ 2x	BB $\beta$ 25x	RP $\beta$ 8x	RP $\alpha$ 8x	BB $\alpha$ 19x	NI $\alpha$ 22x	99x											
99x	IT $\alpha$ 21x	IT $\alpha$ 2x	NW $\beta$ 4x	BB $\beta$ 19x	RP $\beta$ 10x	RP $\alpha$ 19x	BB $\alpha$ 17x	NI $\alpha$ 21x	99x											
99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x	99x

Abbildung 5: Pflanzplan Hasel Rheinland-Pfalz.

Pflanzplan Hasel - Zehnsberg 2012

Aufnahme der Ausfälle am 04.09.2013

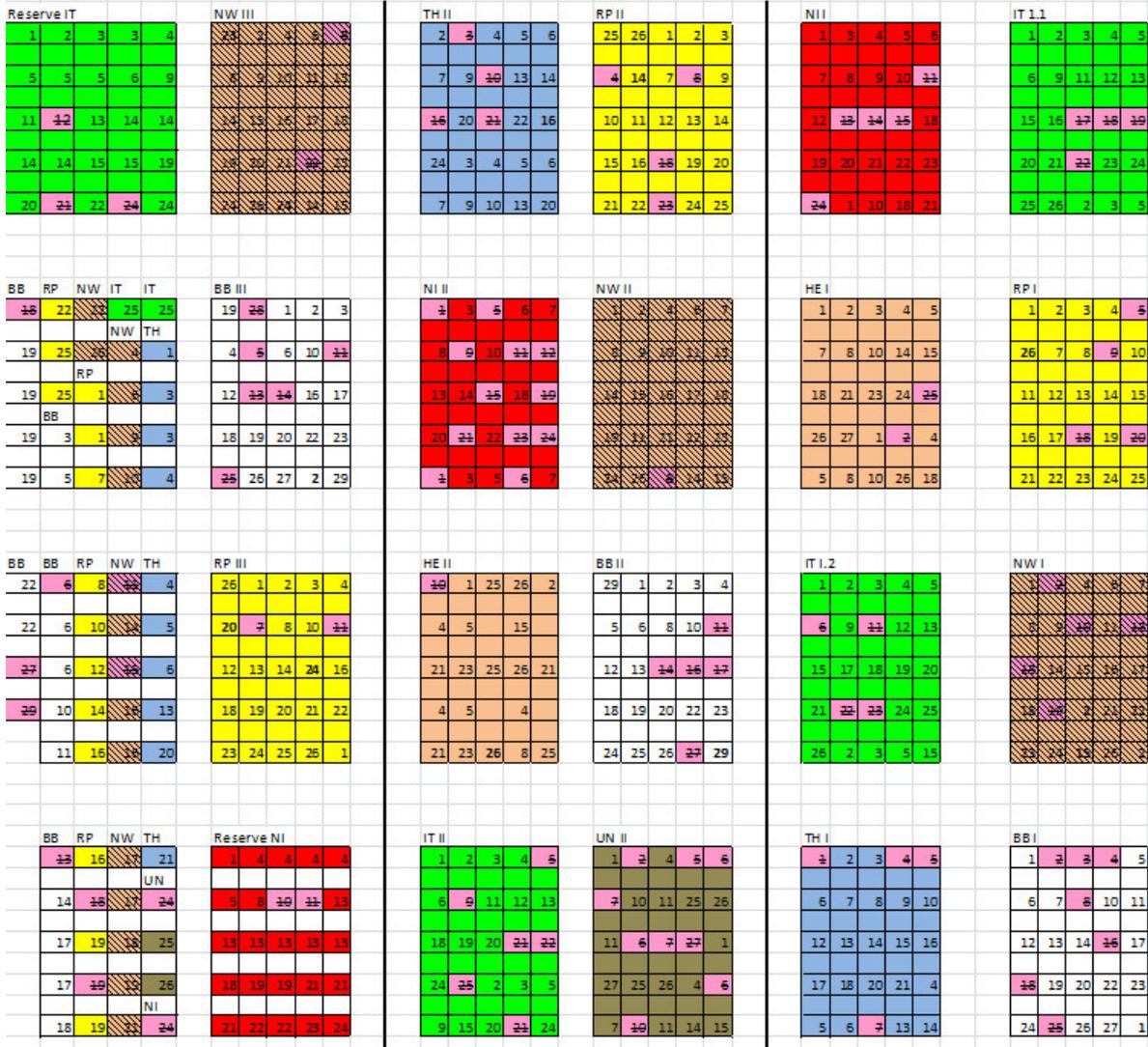


Abbildung 6: Pflanzplan Hasel Thüringen.