

TAKING  
**COOPERATION**  
FORWARD

 Central Europe

 **SUSTREE D.C.3.2 : Lehrmaterial für Schulen und Universitäten**

 SUSTREE (2016-2019)

# TEIL 1

## Das Projekt SUSTREE



# HERKUNFTSUNTERSCHIEDE VON BAUMARTEN ALS BASIS FÜR ANPASSUNG

SUSTREE ist ein grenzüberschreitendes Kooperationsprojekt in Mitteleuropa, mit dem die Anpassung der Wälder an den Klimawandel durch den Einsatz von geeignetem Saat- und Pflanzgut untersucht und gefördert werden soll.



*Teilnehmer des Projektes SUSTREE*



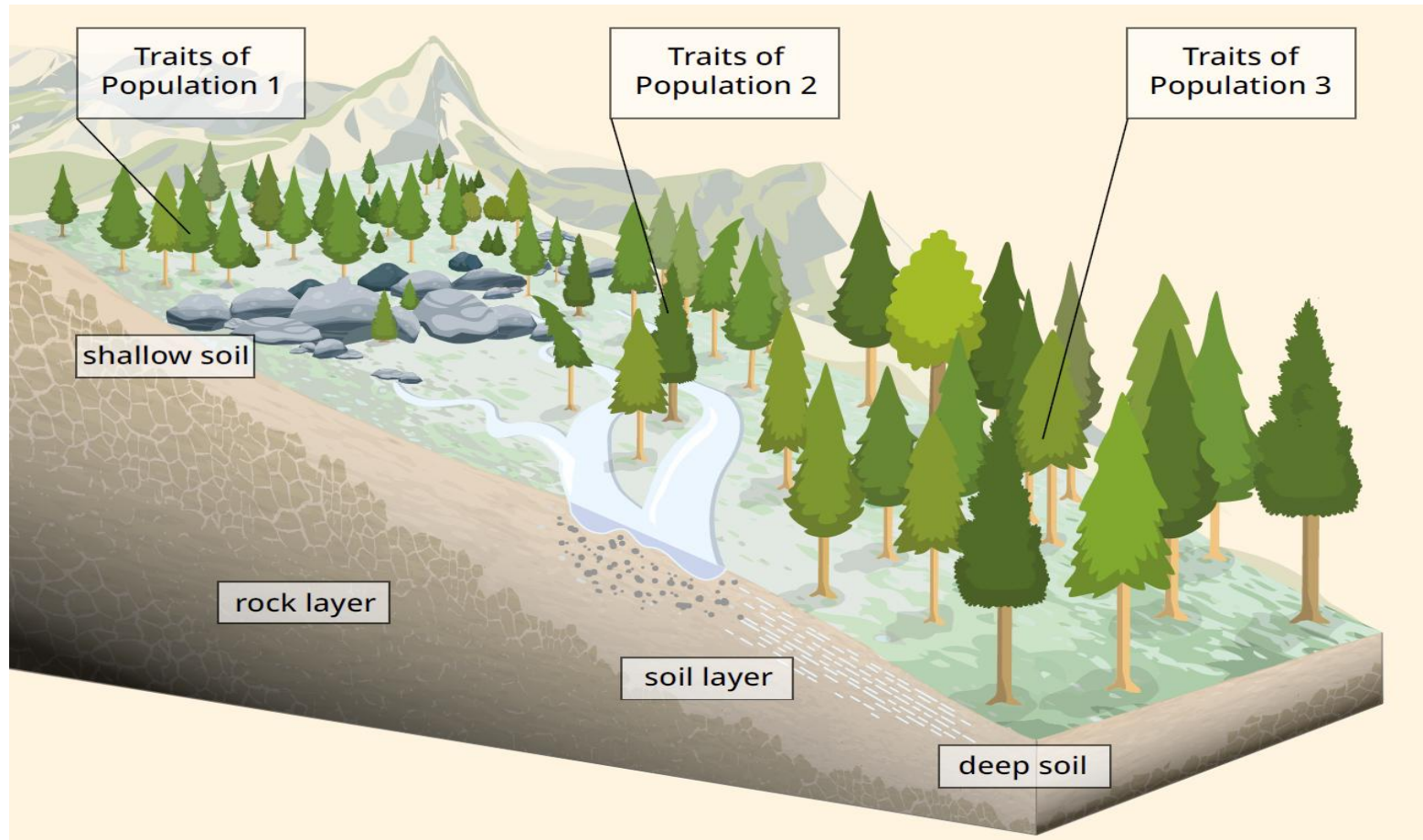
# HERKUNFTSUNTERSCHIEDE VON BAUMARTEN ALS BASIS FÜR ANPASSUNG

## Kernbotschaften:

- Waldbäume sind an das Klima ihrer Lebensräume angepasst und besitzen Eigenschaften, die optimales Wachstum und Überleben unter stabilen Umweltbedingungen ermöglichen.
- Aufgrund des raschen Klimawandels können diese lokalen Anpassungen nicht mit den sich ändernden Umweltbedingungen Schritt halten. Die Gewissheit, dass lokale Baumbestände und deren Saatgut immer die beste Wald darstellen verliert dadurch seine Gültigkeit.
- Die im Rahmen von europäischen und nationalen Gesetzen festgelegten Herkunftsgebiete unterscheiden sich von Land zu Land. Sie geben nur bedingt die Klimabedingungen wieder und sind nicht dazu geeignet, Waldumbau im Klimawandel zu unterstützen.
- Zukünftige Gesetzgebungen zur Wiederaufforstung und zum Saatguttransfer sollten daher die lokalen Anpassungen von Baumarten in deren gesamten Verbreitungsgebiet berücksichtigen, um die genetischen Ressourcen von Baumarten im Klimawandel bestmöglich zu schützen und nützen.



# HERKUNFTSUNTERSCHIEDE VON BAUMARTEN ALS BASIS FÜR ANPASSUNG

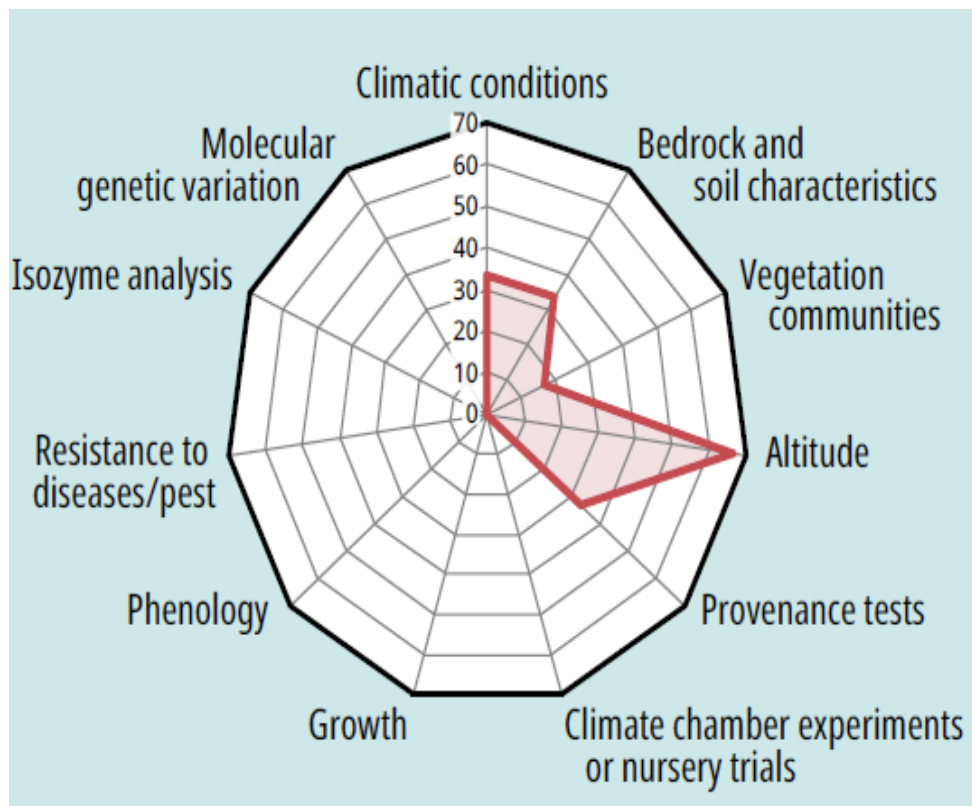


*Waldbäume zeigen eine genetische Variation aufgrund von Anpassungen an das Klima verschiedener Seehöhen und Bodeneigenschaften*





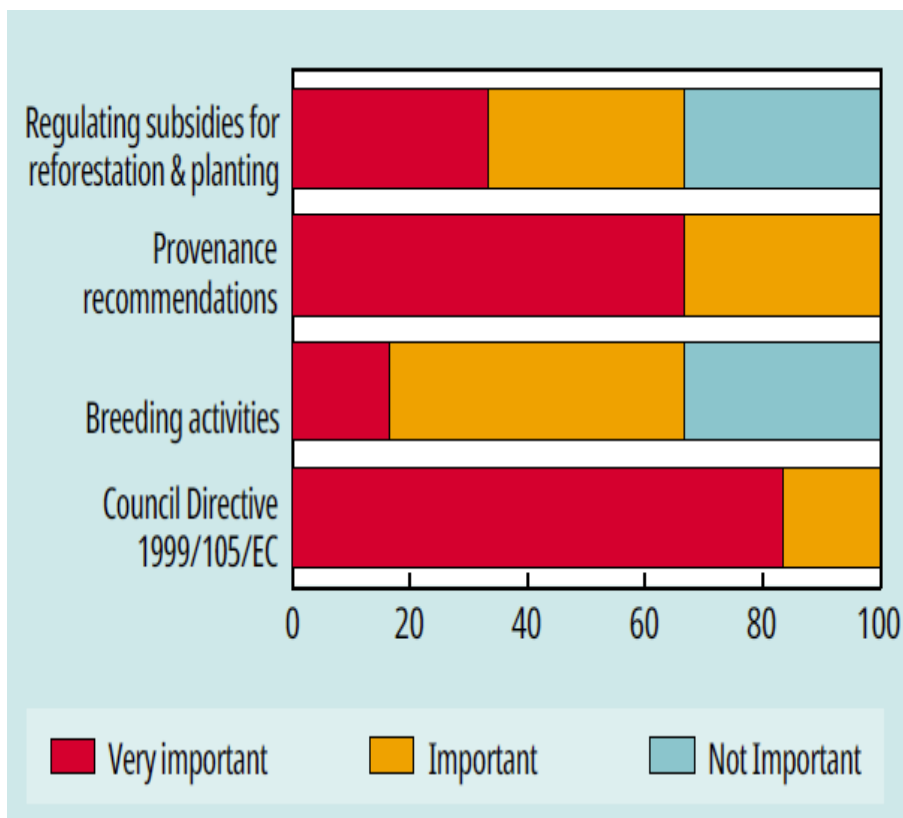
## *Grundlagen für die Abgrenzung von Herkunftsgebieten in sechs Ländern Mitteleuropas*



Herkunftsgebiete und die Kriterien auf denen sie basieren, wie zum Beispiel ökologischen Einheiten, Vegetationszonen oder genetische Ähnlichkeiten unterscheiden sich von Land zu Land.



## *Bedeutung der Herkunftsgebiete für Länder Mitteleuropas*



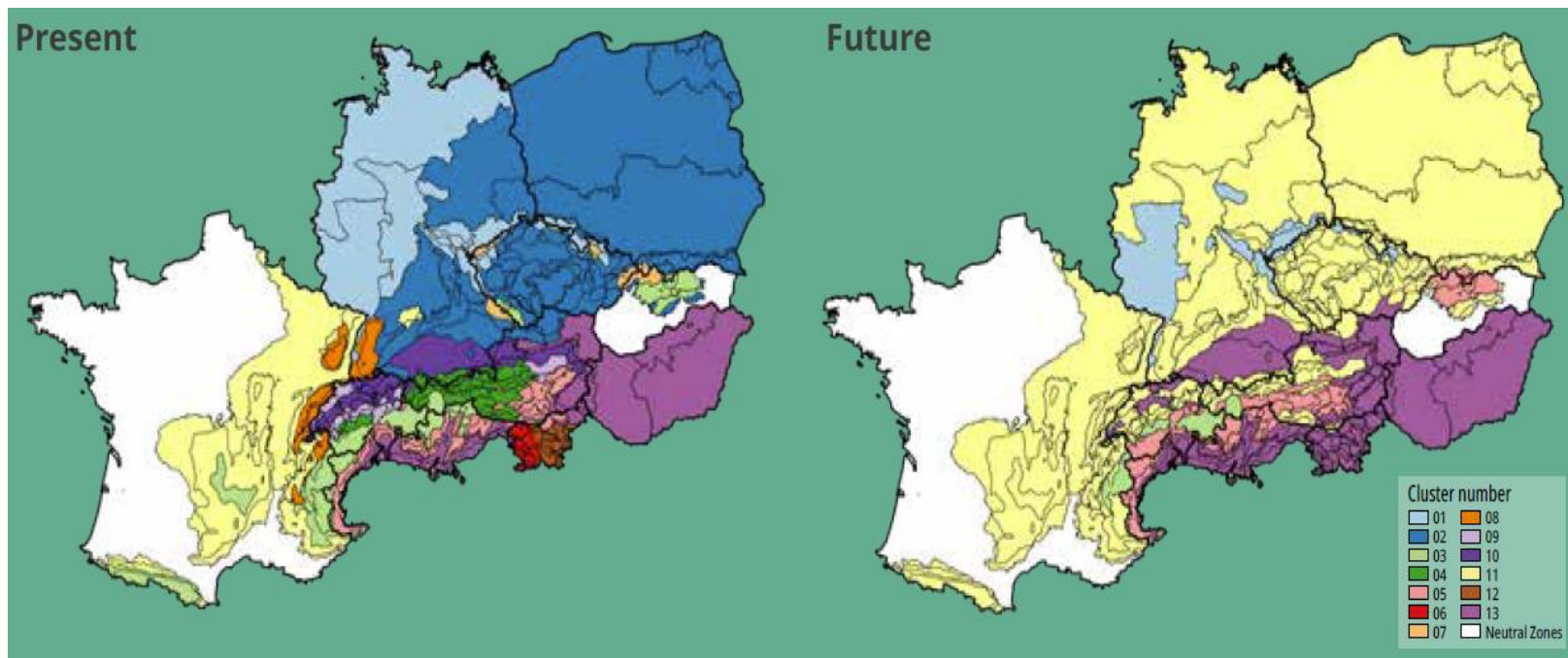
Nationale Gesetzgebungen erschweren und verhindern die Anpassungen der Wälder an den Klimawandel, denn der Transfer von Forstsaat- und Pflanzgut zwischen Herunftsgebieten und zwischen Ländern wird eingeschränkt.

Zum Beispiel ist der Transfer von Forstsaat- und Pflanzgut zwischen Polen, Tschechien und der Slowakei nur sehr eingeschränkt möglich.



# HERKUNFTSGEBIETE IM KLIMAWANDEL

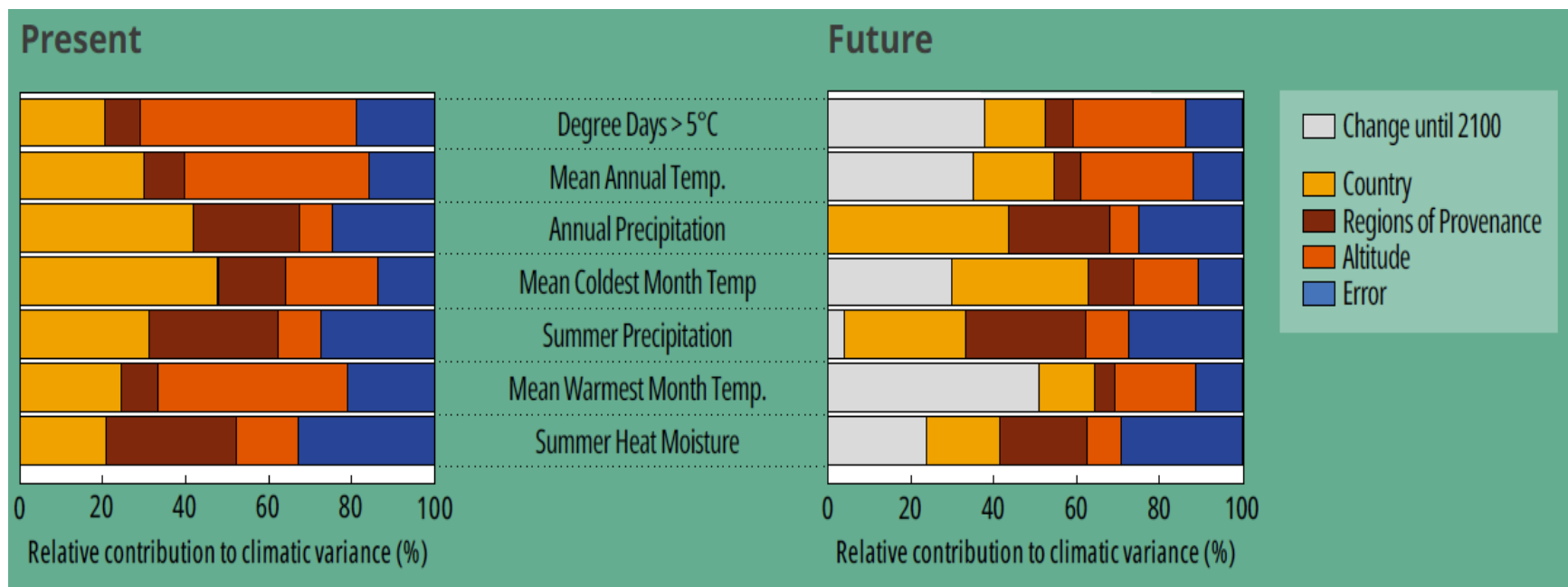
*Klimatisch ähnliche Herkunftsgebiete der Fichte (Picea abies) unter aktuellen Bedingungen (links) und unter der erwarteten zukünftigen Verschiebung und Expansion des südwestlichen und pannonischen Klimaregimes laut RCP-Szenario 4.5.*





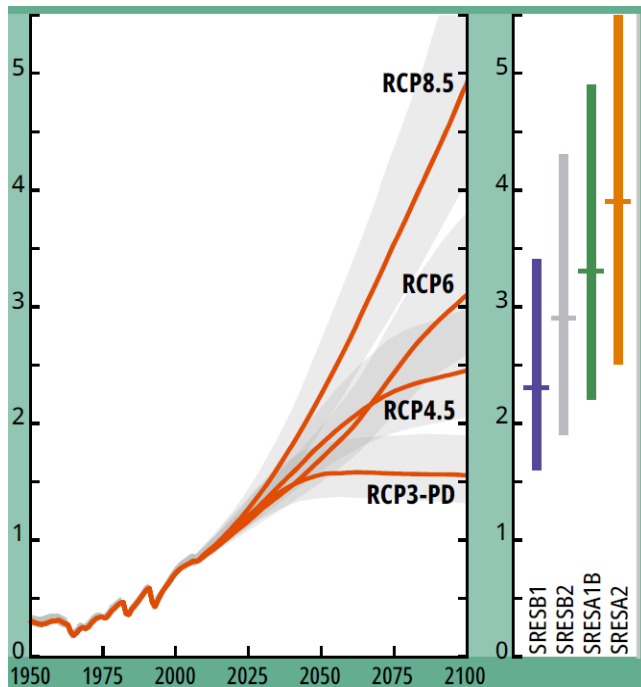
# HERKUNFTSGEBIETE IM KLIMAWANDEL

Wie gut erklären Landesgrenzen, Herkunftsgebiete und Seehöhe die Variation von klimatischen Faktoren, die für die lokale Anpassung von Baumpopulationen bedeutend sind.



# HERKUNFTSGEBIETE IM KLIMAWANDEL

*Gemessene und modellierte globale Jahresmitteltemperatur für die Periode 1950-2100 dargestellt als Abweichung der mittleren Temperatur von 1980-1999, für vier verschiedene RCP-Szenarien. Quelle: Rogelj et al. (2012)*

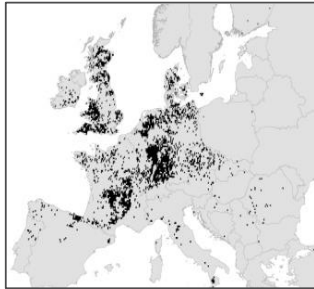


Weder Herkunftsgebiete noch Ländergrenzen können die klimatischen Unterschiede in mitteleuropäischen Wäldern sinnvoll erklären. Daher sollten nationale Grenzen und die heutigen Herkunftsgebiete als Basis für die Regulierung des Samentransfers überdacht werden.

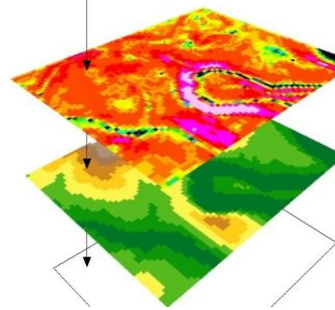


# BAUMARTENVORKOMMEN - MODELLE

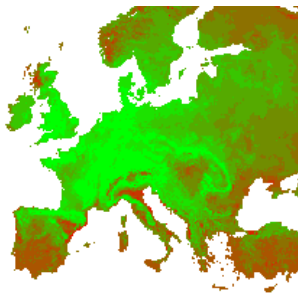
Baumartenvorkommen (Mauri et al (2016))



83 Klimavariablen (EURO-CORDEX)



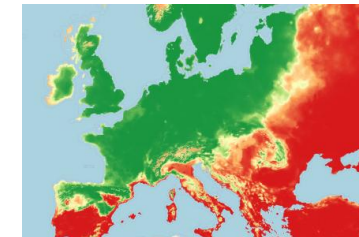
**ENSEMBLE MODELL**  
Biomod 2 (Thuiller et al 2016)



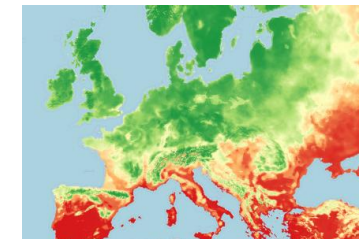
Prediction  
uncertainty

10  
different  
models

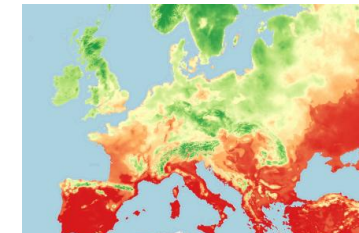
Potential  
distribution  
range



Current



2081-2100  
RCP 4.5



2081-2100  
RCP 8.5

TAKING COOPERATION FORWARD



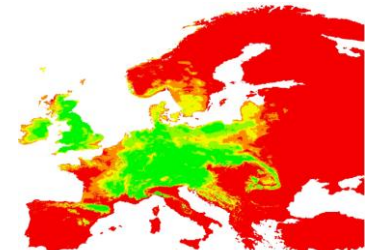
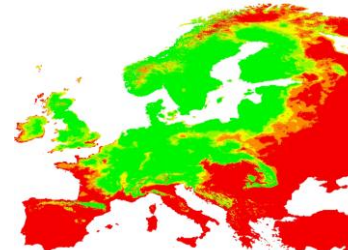
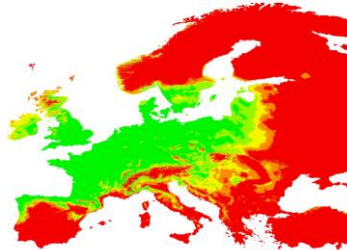
# BAUMARTENVORKOMMEN - MODELLE

*Quercus robur*

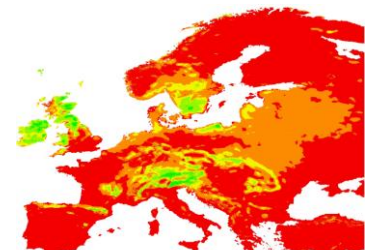
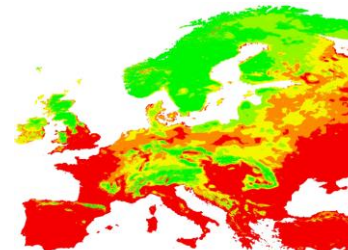
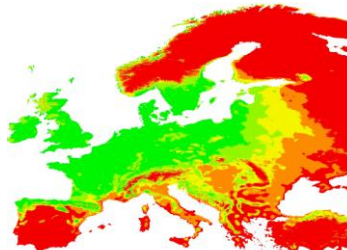
*Picea abies*

*Larix decidua*

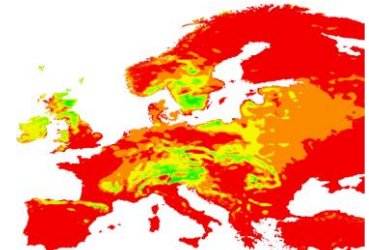
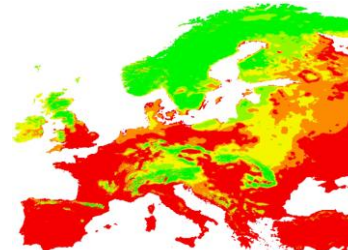
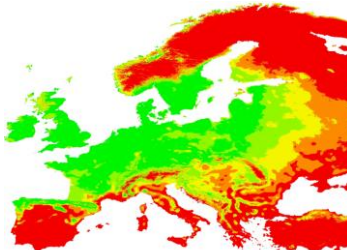
current



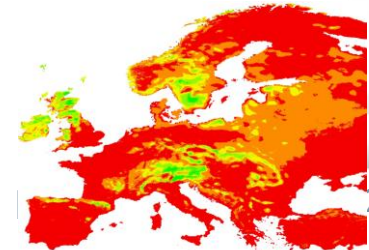
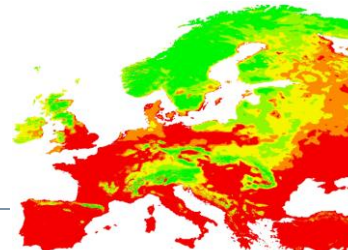
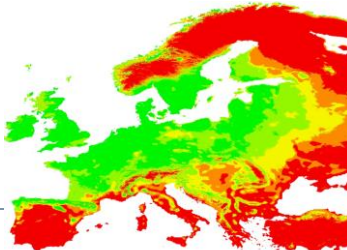
2041-2060  
(RCP 4.5)



2061-2080  
(RCP 4.5)



2081-2100  
(RCP 4.5)





# BAUMARTENVORKOMMEN - MODELLE

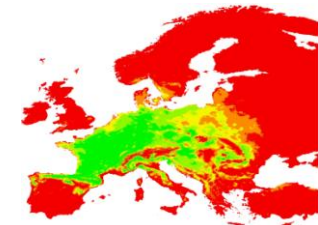
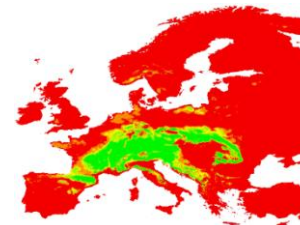
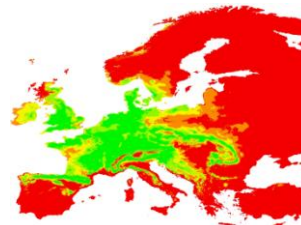
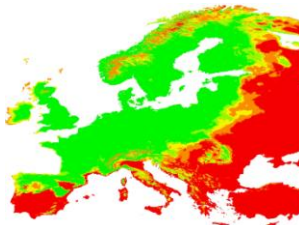
*Pinus sylvestris*

*Fagus sylvatica*

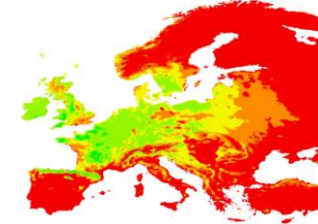
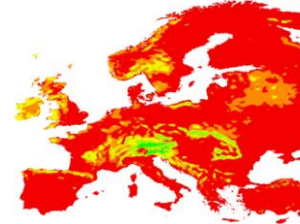
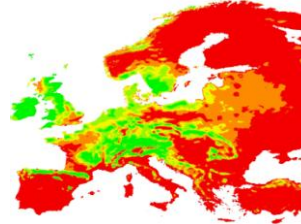
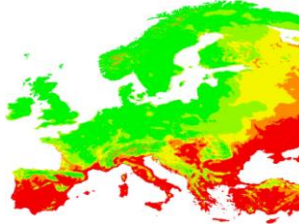
*Abies alba*

*Quercus petraea*

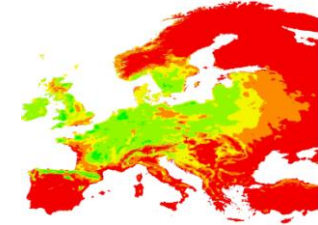
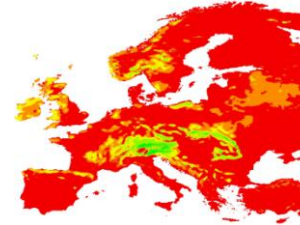
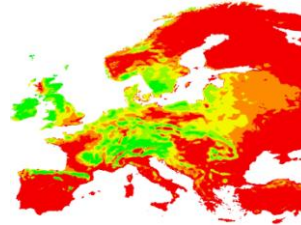
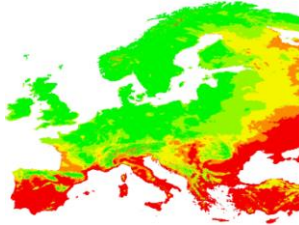
current



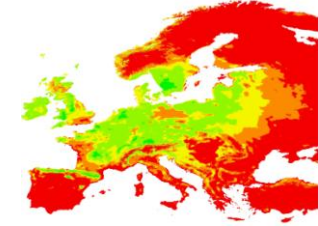
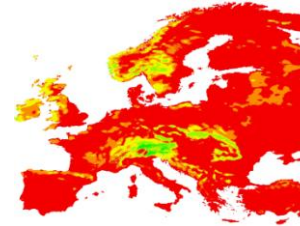
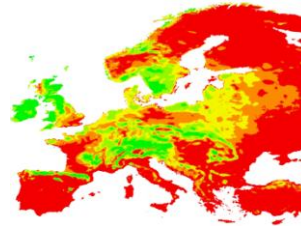
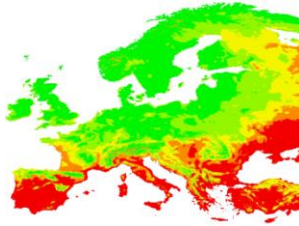
2041-2060  
(RCP 4.5)



2061-2080  
(RCP 4.5)



2081-2100  
(RCP 4.5)





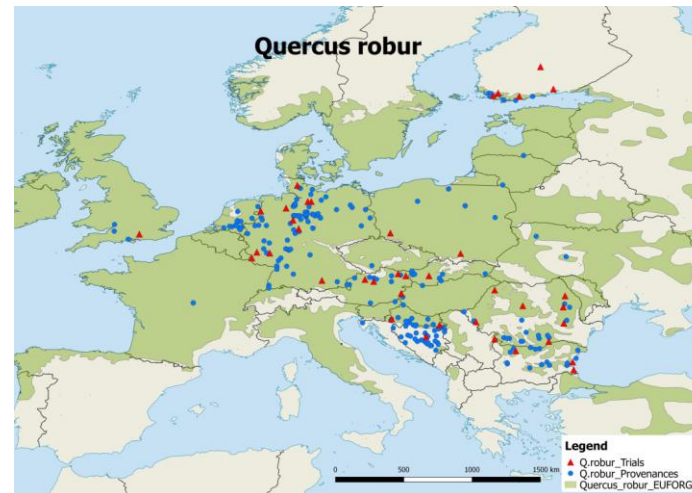
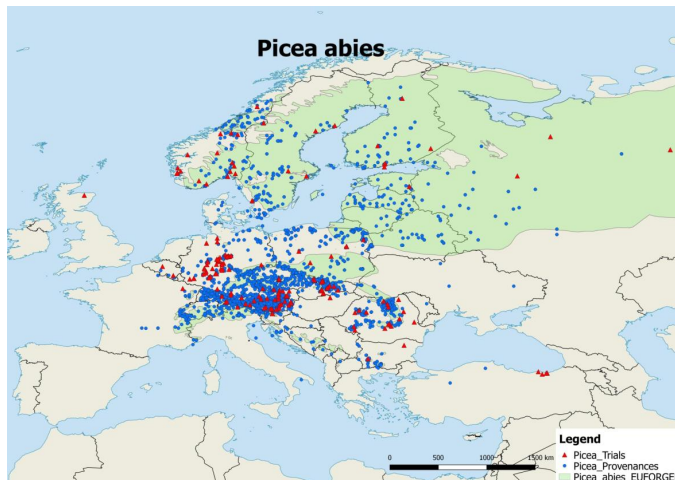
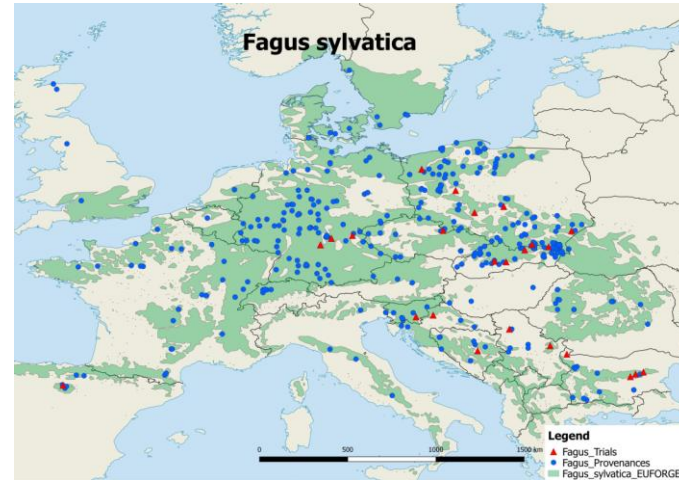
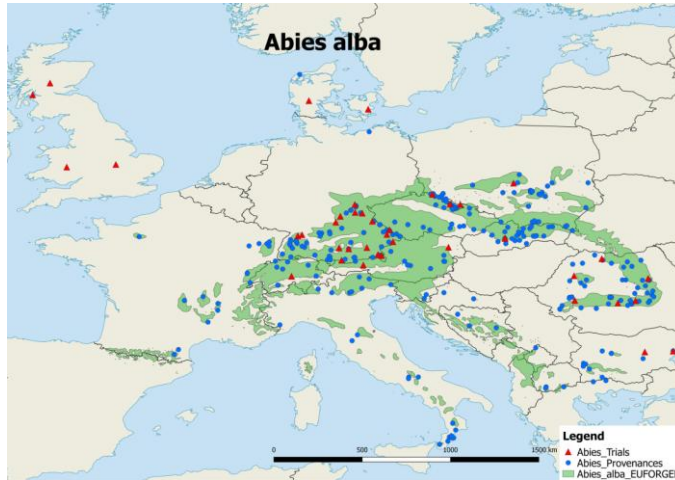
## Datenbank Europäischer Herkunftsversuche



Baumart	Anzahl an Flächen
Abies alba	45
Fagus sylvatica	31
Larix decidua	52
Picea abies	247
Pinus sylvestris	136
Quercus petraea	31
Quercus robur	45
<b>Summe</b>	<b>587</b>



## Beispiele aus der Datenbank für vier Baumarten

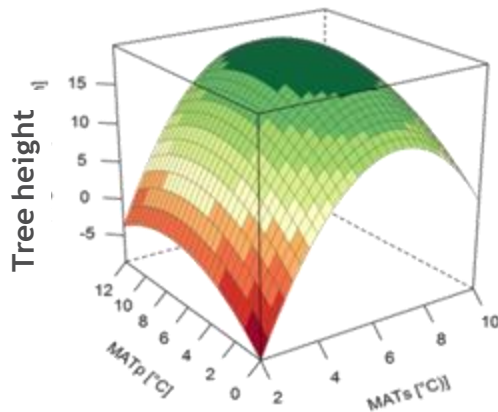


**Blau - Geprüfte Herkünfte**

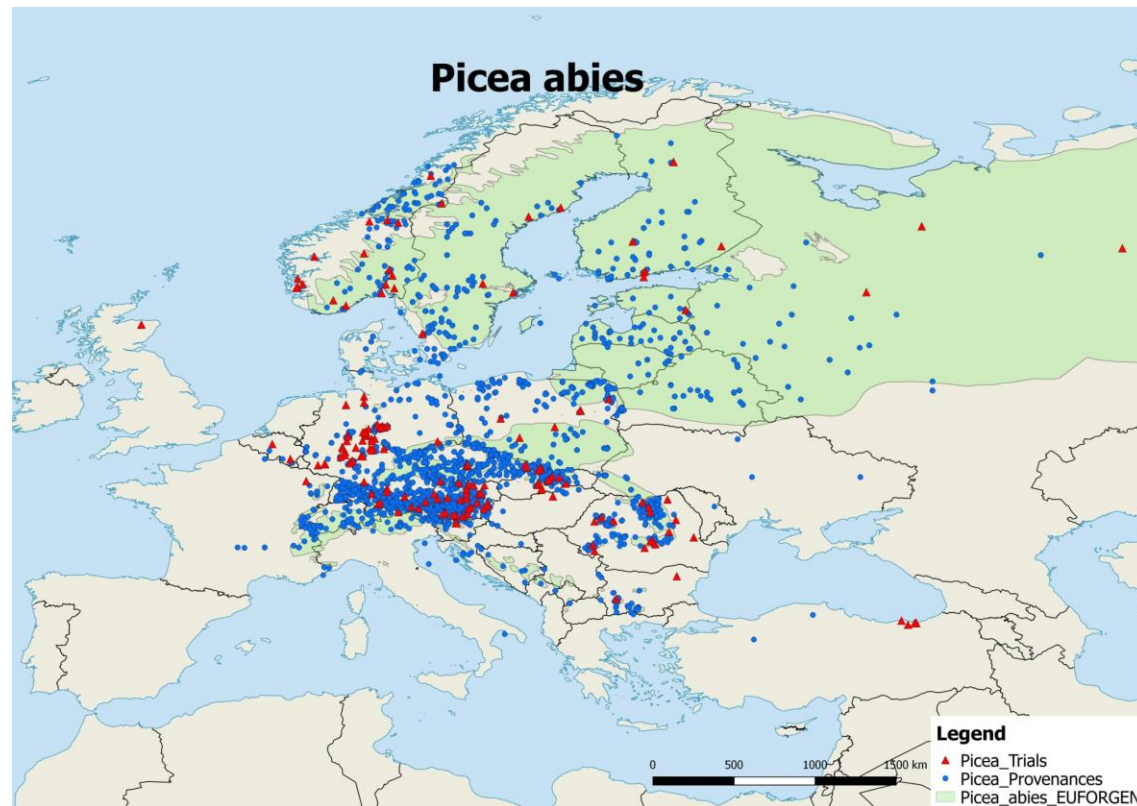
**Rot - Versuchsort**

TAKING COOPERATION FORWARD

- Herkunftsversuche wurden genutzt um den möglichen Transfer von Herkünften zu untersuchen
- Einsatz von empirischen Modellen



## Beispiel: Fichte



Datenbank beinhaltet 247 Versuche mit mehreren tausend getesteten Herkünften



## UNIVERSAL RESPONSE FUNCTION

$$\text{Productivity} = f(\text{Env}_1 + \text{Env}_2 + \text{Env}_3 \dots \text{Env}_n)$$

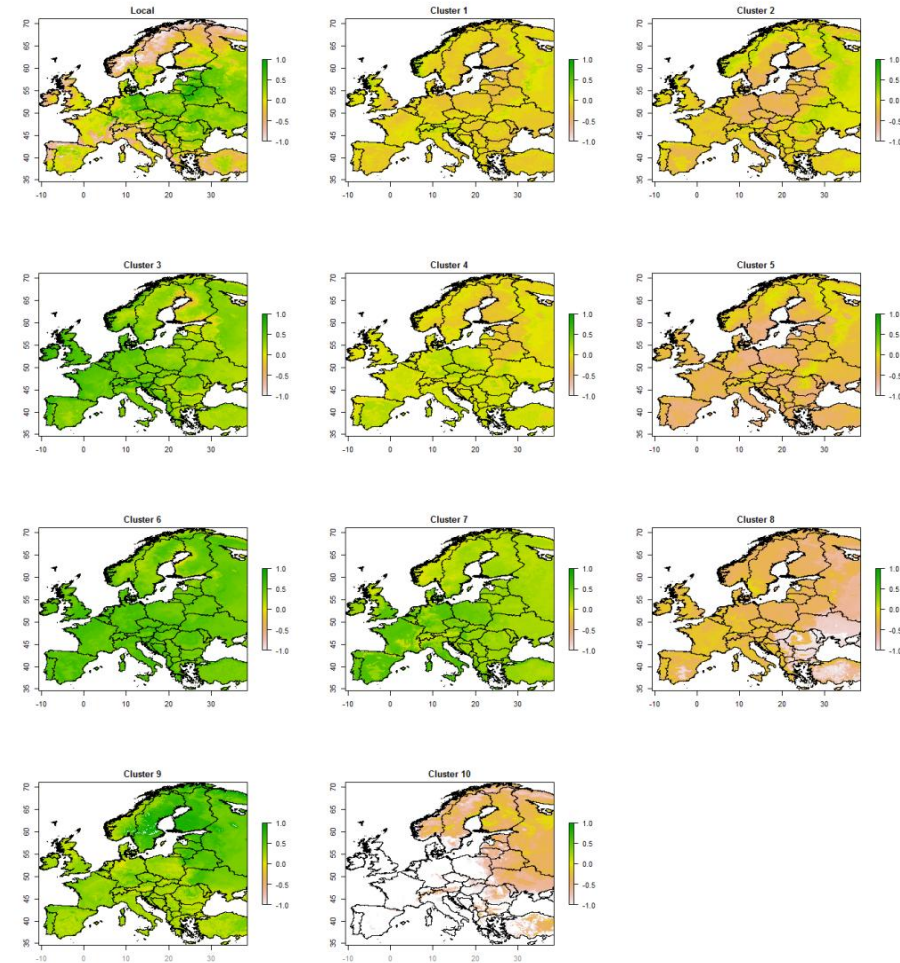
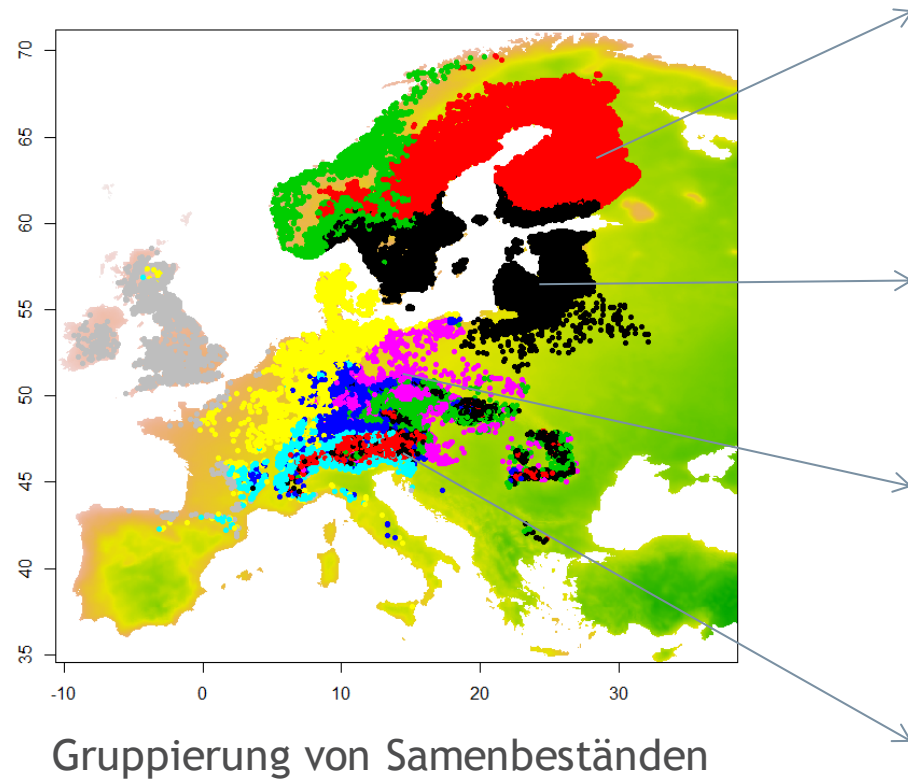
*Modelliert mit quadratischer Funktion, oder*

*Modelliert mit Random Forest Algorithmus*





# SAMENTRANSFER IM KLIMAWANDEL



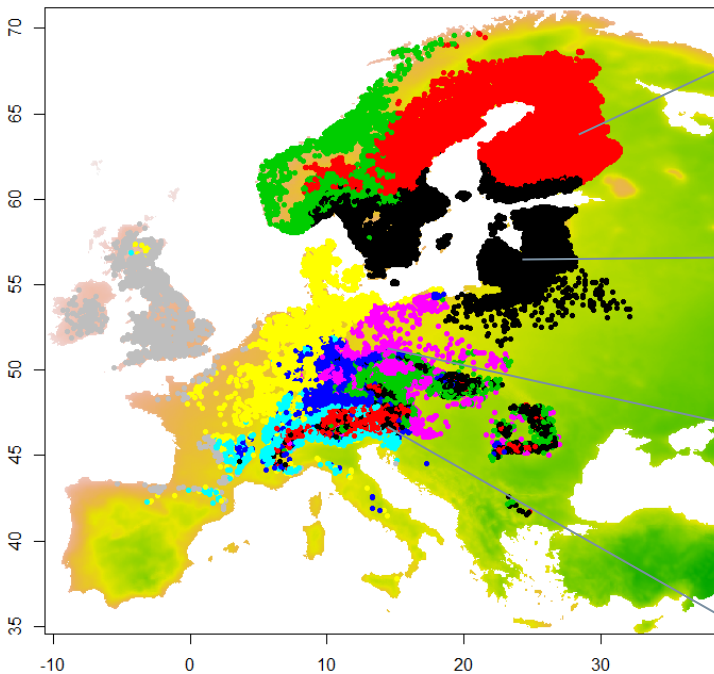
**Produktivität unter bisherigem Klima**





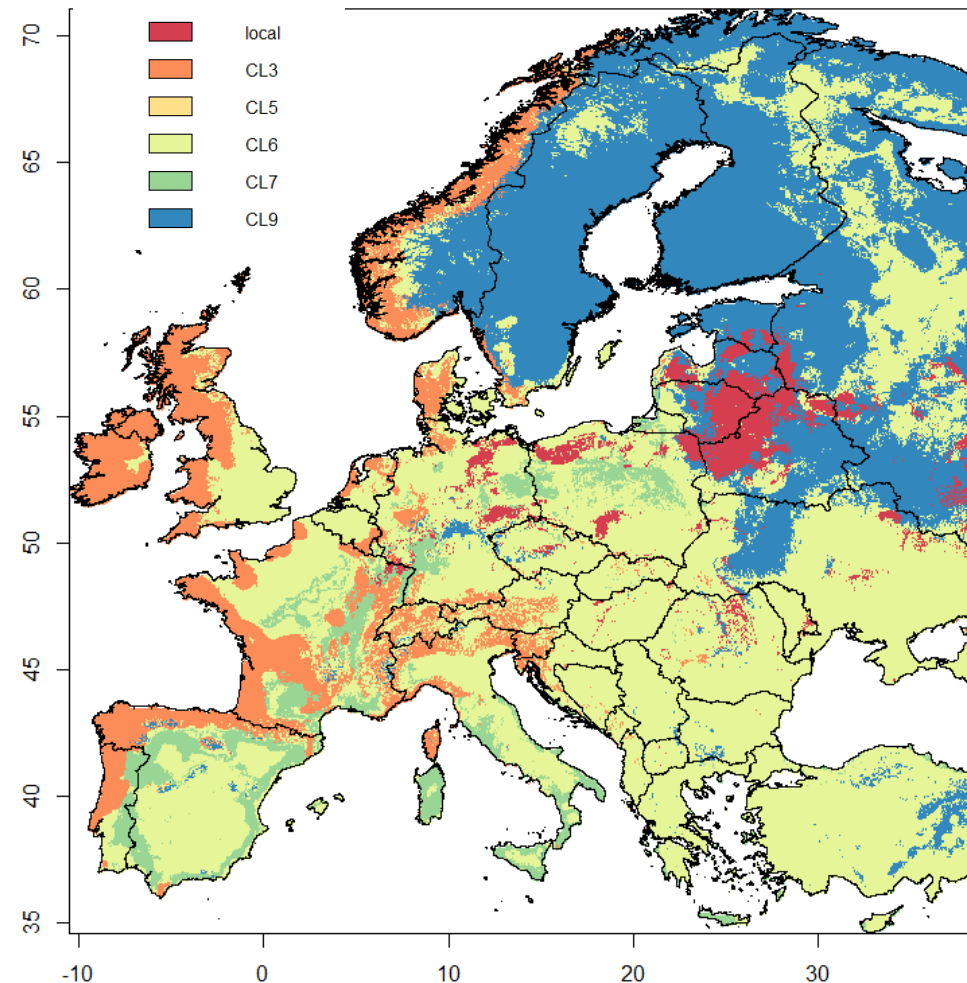
# SAMENTRANSFER IM KLIMAWANDEL

- |     |     |      |
|-----|-----|------|
| CL1 | CL5 | CL9  |
| CL2 | CL6 | CL10 |
| CL3 | CL7 | CL11 |
| CL4 | CL8 |      |



Gruppierung von Samenbeständen

Best provenance cluster

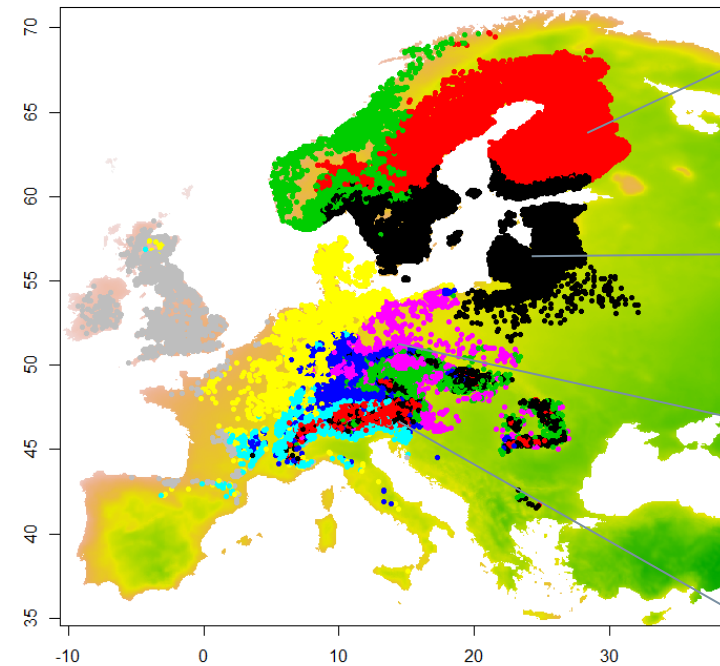


Herkunftsgruppen mit optimaler  
Produktivität unter bisherigem Klima



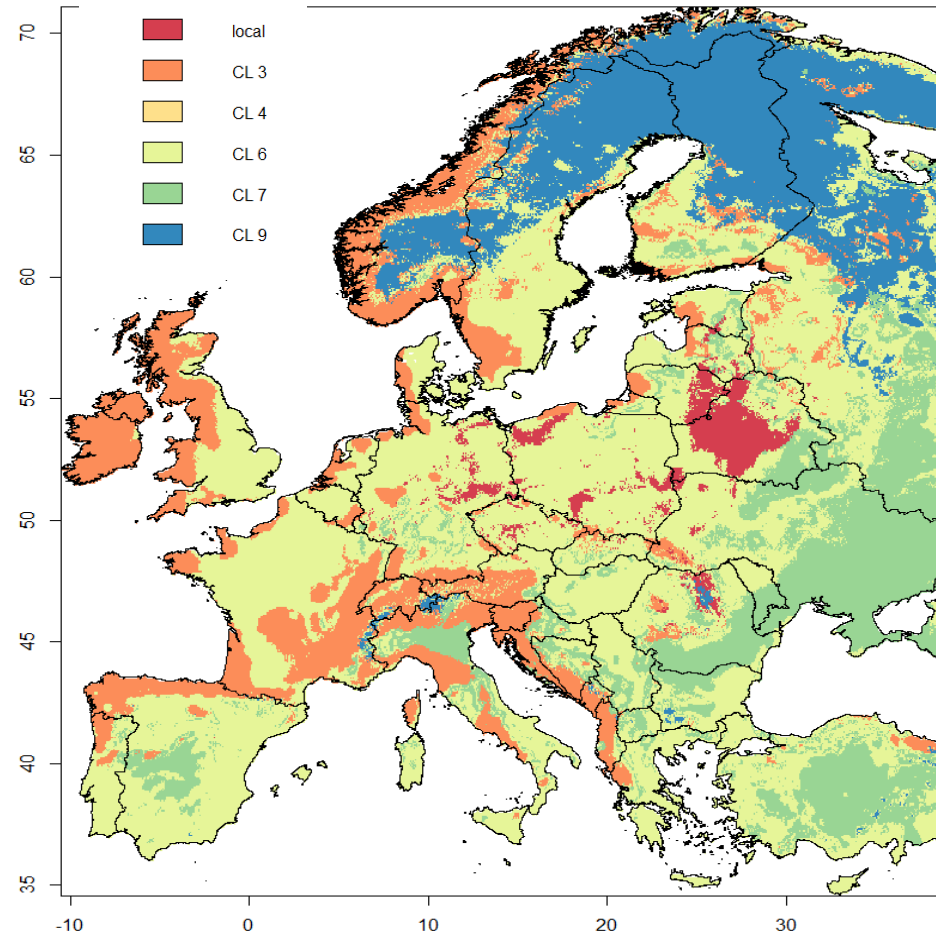
# SAMENTRANSFER IM KLIMAWANDEL

- |     |     |      |
|-----|-----|------|
| CL1 | CL5 | CL9  |
| CL2 | CL6 | CL10 |
| CL3 | CL7 | CL11 |
| CL4 | CL8 |      |



Gruppierung von Samenbeständen

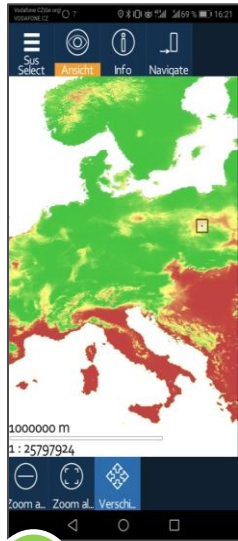
Best provenance cluster



Herkunftsgruppen mit optimaler  
Produktivität unter zukünftigem Klima

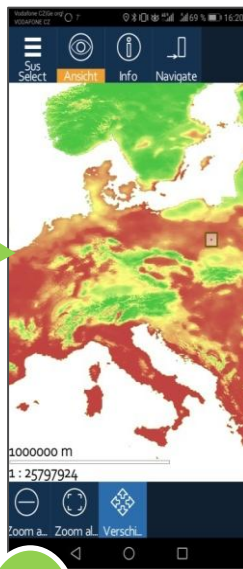


# SMARTPHONE APP: SUSSELECT



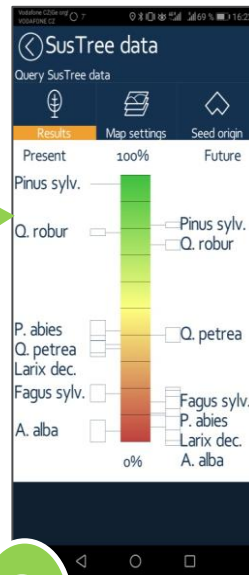
1

Wie gefährdet  
ist meine  
Baumart  
heute



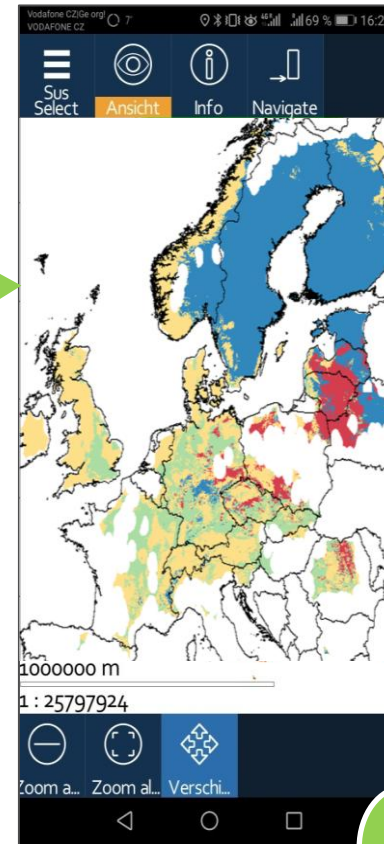
2

.....und im  
Klimawandel



3

Vergleiche  
Baumarten



4

Finde das beste  
Pflanzmaterial

SusSelect - ein  
Entscheidungs-  
werkzeug zum  
Auffinden der  
optimalen  
Samenherkünfte im  
Klimawandel



# TEIL 2

## Herkunftsforschung von Waldbaumarten





# HERKUNFTSFORSCHUNG VON WALDBAUMARTEN

Definition Herkunft: eine Population oder Gruppe von Individuen derselben Baumart, die innerhalb einer mehr oder weniger stark abgegrenzten geographischen Region vorkommt, bzw. von dort abstammt.

Definition Herkunftsversuch: ein langjähriger Feldversuch auf dem verschiedene genetische Einheiten (Herkünfte) gemeinsam zu Vergleichszwecken angebaut werden. Üblicherweise repräsentiert die Summe aller Herkünfte ein größeres Areal als einzelne Herkünfte.



Unterschiedliches Dickenwachstum von Herkünften der nordamerikanischen Douglasie. Die gezeigten Herkünfte stammen aus Washington (WA, USA) und dem interior British Columbia (BC, Kanada) und wachsen gemeinsam auf einem Herkunftsversuch in Ostösterreich ((Photo: Lambert Weißenbacher, BFW)





# ZIELE DER HERKUNFTSFORSCHUNG

Das Ziel der Herkunftsforschung ist zu bestimmen, wie sich das Wuchsverhalten und die Überlebensrate von Herkünften in Abhängigkeit von den Umwelteinflüssen des Versuchsstandorts und in Abhängigkeit vom geographischen Ursprung der Herkünfte verändert. Neben der Wuchsleistung und Mortalität können auch weitere Eigenschaften wichtig sein, wie der phänologische Wuchsverlauf (Blattaustrieb und -abwurf), Holzeigenschaften, Wuchsform und vieles mehr.

Erkenntnisse über die geographische Variation der Baumarten für die Holzproduktion und deren Abhängigkeit von Umweltfaktoren können genutzt werden, um die besten Herkünfte für Aufforstungen oder die Einführung neuer Baumarten zu identifizieren.

Darüber hinaus können die charakterisierten Herkünfte als Basis für weiterführende Züchtungen dienen.

Im Hinblick auf den Klimawandel können die Ergebnisse genutzt werden, um eine möglichen Samentransfer (Richtung und Ausmaß) zu bestimmen.

Umfangreiche Modelle auf Basis von vielen Herkünften und Versuchsanbauten erlauben darüber hinaus Vorhersagen über die zukünftigen Verbreitungsgebiete von Arten oder spezifischen Herkünften.



## NATÜRLICHES VERBREITUNGSGEBIET

Arten mit großer geographischer Verbreitung (z.B. *Pinus sylvestris*, *Picea mariana*) haben generell eine höhere phänotypische Variabilität als diejenigen mit kleiner Verbreitung (z.B. *Pinus radiata*, *Picea omorika*).

Das Ausmaß des Verbreitungsgebietes bestimmt die klimatischen und ökologischen Unterschiede (z.B. kontinentales und ozeanisches Klima) an denen eine Art vorkommt und für die sich lokale Anpassungen innerhalb der Baumart entwickelt haben.

So zeigen sich entlang von Umweltgradienten (Seehöhe, geogr. Breite) graduelle Veränderungen der Baumeigenschaften, die mal als Kline bezeichnet.





*Picea mariana*



*Picea omorika*



# GEOGRAPHISCHES VERBREITUNGSGEBIET



*Pinus sylvestris*



*Pinus uncinata*



Das Vorkommen von Baumarten in Gebirgen mit starken Seehöhenunterschieden ermöglicht eine Vielzahl von lokalen Kleinklimaten und unterschiedliche Bodentypen.

## VERBREITUNGSGEBIETE können

Kontinuierlich oder diskontinuierlich sein

Diskontinuierliche Verbreitungen bestehen aus mehreren eigenständigen (kleineren) Arealen: zwischen diesen Regionen findet kein Genfluss statt (z.B. *Pinus cembra* or *Larix decidua*).



*Pinus cembra*





- Die klinale Variation von Nord nach Süd weist bei vielen Baumarten die stärksten phänotypische/genetischen Unterschiede auf.

Ursache dieses, dem Breitengrad folgenden Trends sind Unterschiede in der Länge der Vegetationszeit, in mittleren und extremen Temperaturen, Unterschiede in Tageslängen etc.

- Klinale Variation von trockenen zu feuchten Regionen.

Dieser Trend tritt vor allem von ozeanisch geprägten Küstenregionen zu kontinental geprägten Landmassen auf.

- Seehöhengradient - Seehöhenunterschiede von 1000 m entsprechen in etwa einer Verschiebung um 10 Breitengrade und damit einer Temperaturdifferenz von rund 10°C. Diese Unterschiede entstehen durch die dry adiabatic lapse rate.

Es ist zu beachten, dass Seehöhenunterschiede aber nicht dieselben lokalen Anpassungen bedingen müssen wie unterschiedliche geografische Breiten, denn Baumpopulationen entlang eines Seehöhengradienten können weiterhin durch Genfluss verbunden sein (wenn auch geringfügig), während die räumliche Distanz der geogr. Breite eines regelmäßigen Genfluss stärker behindert.



- Ein Herkunftsversuch sollte, in einem ersten Schritt, möglichst das ganze natürliche Verbreitungsgebiet einer Baumart umfassen.
- Um die Nord-Süd und Ost-West Ausdehnung vieler Baumarten zu erfassen, könnten **10 - 15 Herkünfte** einen ersten Anhaltspunkt für die **Variation einer Baumart** geben.
- Um in einem zweiten Schritt, auch regionale Abweichungen zu erfassen, sollte die Anzahl an Herkunftsfür Baumarten mit kleinen Verbreitungsgebieten auf 20 - 30 erhöht werden, und für Baumarten mit großen Verbreitungsgebieten auf 50 - 100.
- Einer der größten europäischen (und vermutlich weltweit) Herkunftsversuche ist der IUFRO Fichtenversuch von 1964/68 mit 1100 geprüften Herkunftsfürten.



## ➤ ANZAHL DER HERKÜNFTE IN EINEM VERSUCH

ist abhängig von der Größe des natürlichen Verbreitungsgebietes (je größer ein Gebiet, desto mehr Herkünfte werden benötigt) und von der Variation innerhalb dieses Gebietes.

## ➤ ANZAHL DER NÖTIGEN HERKUNFTSVERSUCHE

Ist abhängig von der Ausdehnung und Heterogenität des potentiellen Anbauggebietes der Baumart.



## ➤ ANZAHL DER WIEDERHOLUNGEN (BLOCKS) INNERHALB EINES VERSUCHS

ist abhängig von der Standortsheterogenität innerhalb des Versuchs, sollte aber zumindest drei Blöcke umfassen.

In den meisten Fällen werden 3 bis 4 Blöcke genutzt, d.h. jede Herkunft ist 3-4 mal auf der Fläche vertreten. Dieses Design erlaubt die Berechnung der Varianz aufgrund genetischer Variation und Umweltheterogenität.

## ➤ ANZAHL DER BÄUME INNERHALB EINES PLOTS

ist abhängig von der erwarteten Dauer des Experiments und der getesteten Baumart. Zudem muss auch hier die Standortsheterogenität berücksichtigt werden, denn ein einzelner Plot sollte möglichst homogen sein.

Übliche Pflanzenzahlen pro Plot sind 25 - 36 Bäume, die Pflanzabstände sollten die Anforderungen der jeweiligen Baumart berücksichtigen.





## ANLAGE VON HERKUNFTSVERSUCHEN - Methoden für die Verteilung von Herkunftten

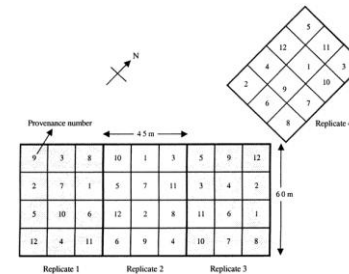
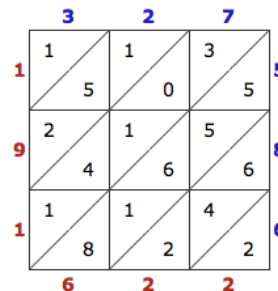
### BLOCK DESIGN

- Jeder Block enthält alle Herkunftten, die in Plots zufällig über den Block verteilt sind (auch randomisierter Blockversuch genannt).
- Methode ist gut geeignet für nachfolgende statistische Auswertung.

### ALTERNATIVE DESIGNS:

#### GITTERDESIGN

#### EINZELBAUMPARZELLEN





**WICHTIG:** gute Markierung vor Ort  
inkl. Nennung des Herkunftsortes





Repräsentative Bäume von drei europäischen Herkunftten der Waldkiefer, die in einem 1982 angelegten IUFRO Versuch im Zentralpolen wachsen.







*Unterschiede in der Astigkeit*





# HERKUNFTSVERSUCHE



# HERKUNFTSVERSUCHE







# HERKUNFTSVERSUCHE





# PROVENANCE RESEARCH OF FOREST TREE SPECIES



# HERKUNFTSVERSUCHE





# HERKUNFTSVERSUCHE





# HERKUNFTSVERSUCHE





# TEIL 3

## Alternativen zum Schutz natürlicher genetischer Ressourcen



- Schutz natürlicher Ressourcen auf verschiedenen Ebenen (Vielfalt der Ökosysteme, Arten, Gene).
- Schutz des evolutionären Potentials von Arten.
- Erhaltung der Anpassungsfähigkeit als Option für zukünftige Generationen unter gleichzeitiger Berücksichtigung der heutigen Anforderungen



## *Einflussfaktoren auf genetische Vielfalt*

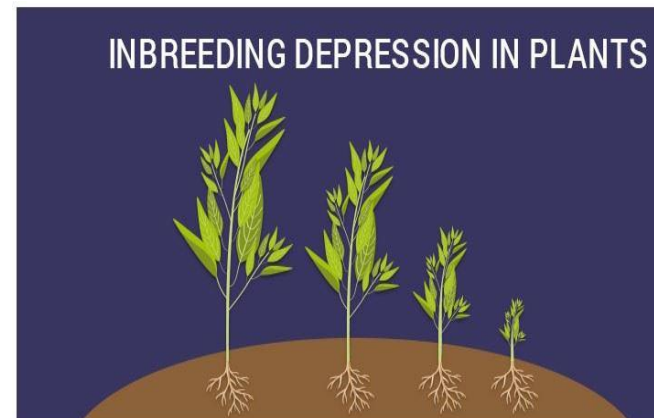
- Abnahme der effektiven Populationsgröße
- Zunahme der räumlichen Isolation (Fragmentierung)
- Abnahme der Populationsdichte
- Umweltveränderungen

## *Genetische Prozesse*

- genetische Drift
- Genfluss
- Vermehrung (Inzucht)
- Selektion



Samengeneration	Sämlingshöhe
1. Generation	32,5 cm
2. Generation	20,7 cm
3. Generation	18.1 cm



Source: Byjus.com



# POPULATIONSGRÖßE: WIEVIEL IST GENUG?

- **50/500 Regel** (Franklin 1980)
- **50** - Inzuchtdepression noch auf einem akzeptablen Niveau
- **500** - ausreichend um neuen Variation durch Mutationen zuzulassen um Variation, die durch genetische Drift verloren geht, zu ersetzen.
- Diese Zahlen beziehen sich auf die effektive Populationsgröße  $N_e$ , und nicht auf die Anzahl an Individuen  $N$ .
- Effektive Populationsgröße  $N_e$ : Anzahl an Individuen, die sich an der Reproduktion beteiligen.
- Bei Bäumen ist  $N_e$  immer deutlich kleiner als  $N$  aufgrund: überlappender Generationen, Zweihäusigkeit, asynchrone Blühperioden, Unterschiede in der Fruchtbarkeit zwischen Individuen.





## *In situ - Ex situ*

***In situ*** - Erhaltung innerhalb der natürlichen Verbreitungsgebiete und innerhalb von Waldbeständen durch natürliche Verjüngung.

***Ex situ*** - Künstliche Erhaltung von Populationen in Samenplantagen, Klonsammlungen oder Samenbanken, kann innerhalb oder außerhalb des natürlichen Verbreitungsgebietes erfolgen.



# ERHALTUNG DER BIODIVERSITÄT

## *IN SITU*: BÄUME ALS PARADIGMA

### Ideales Erhaltungsmodell

Ziel: große, kontinuierliche Populationen (Baumbestände) die geschützt sind.

Dabei darf Schutz nicht mit der Abwesenheit von Bewirtschaftung verwechselt werden, sondern mit dem Schutz der natürlichen Prozesse wie Reproduktion und natürlicher Verjüngung. Diese Prozesse verlangen ggf. Menschl. Eingriffe.

Einschränkungen: Lage, Größe, Abstände, Sicherheit, Biologie

- Große Verbreitungsgebiete vieler Arten
- Genfluss zwischen den Beständen
- Unterschiedliche Lebensräume

*Essentiel aber nicht ausreichend*



# ERHALTUNG DER BIODIVERSITÄT

## *EX SITU* : METHODEN UND GRENZEN

Samenbanken - *Probleme mit der Lagerfähigkeit und  
Regeneration*

Samenplantagen/Klonsammlungen - *Änderungen der  
Genhäufigkeiten , nur möglich für wenige Populationen*

Botanische Gärten - *nur wenige Individuen, Genpool  
wird nur eingeschränkt erhalten*



# ERHALTUNG DER BIODIVERSITÄT

## *EX SITU* : METHODEN UND GRENZEN

- Sinnvoll, aber aufwendig und deshalb nur für wenige Arten (oft kommerziell nutzbare) zielführend
- Letzte Chance für hoch gefährdete und seltene Arten
- Ideal als Ergänzung zu anderen Strategien

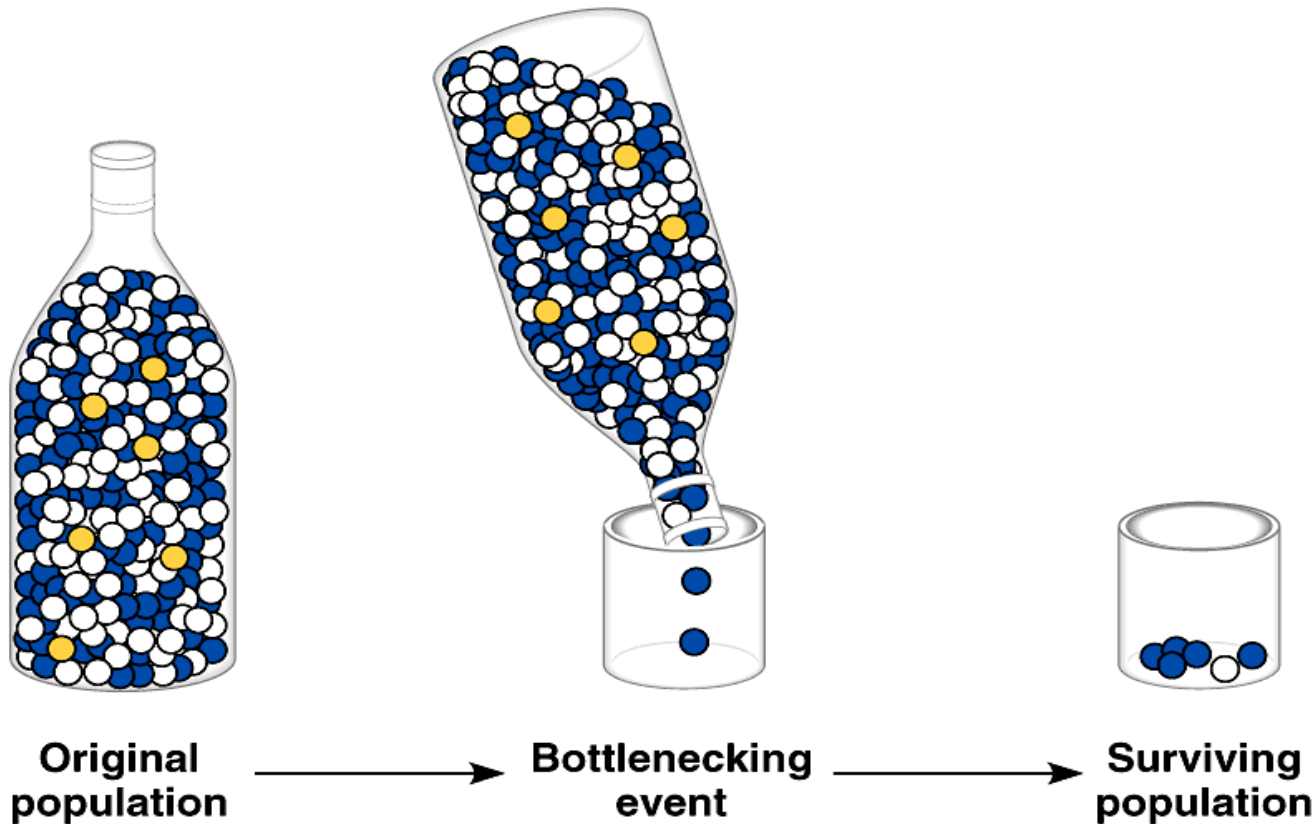




# ERHALTUNG DER BIODIVERSITÄT

## *EX SITU* : METHODEN UND GRENZEN

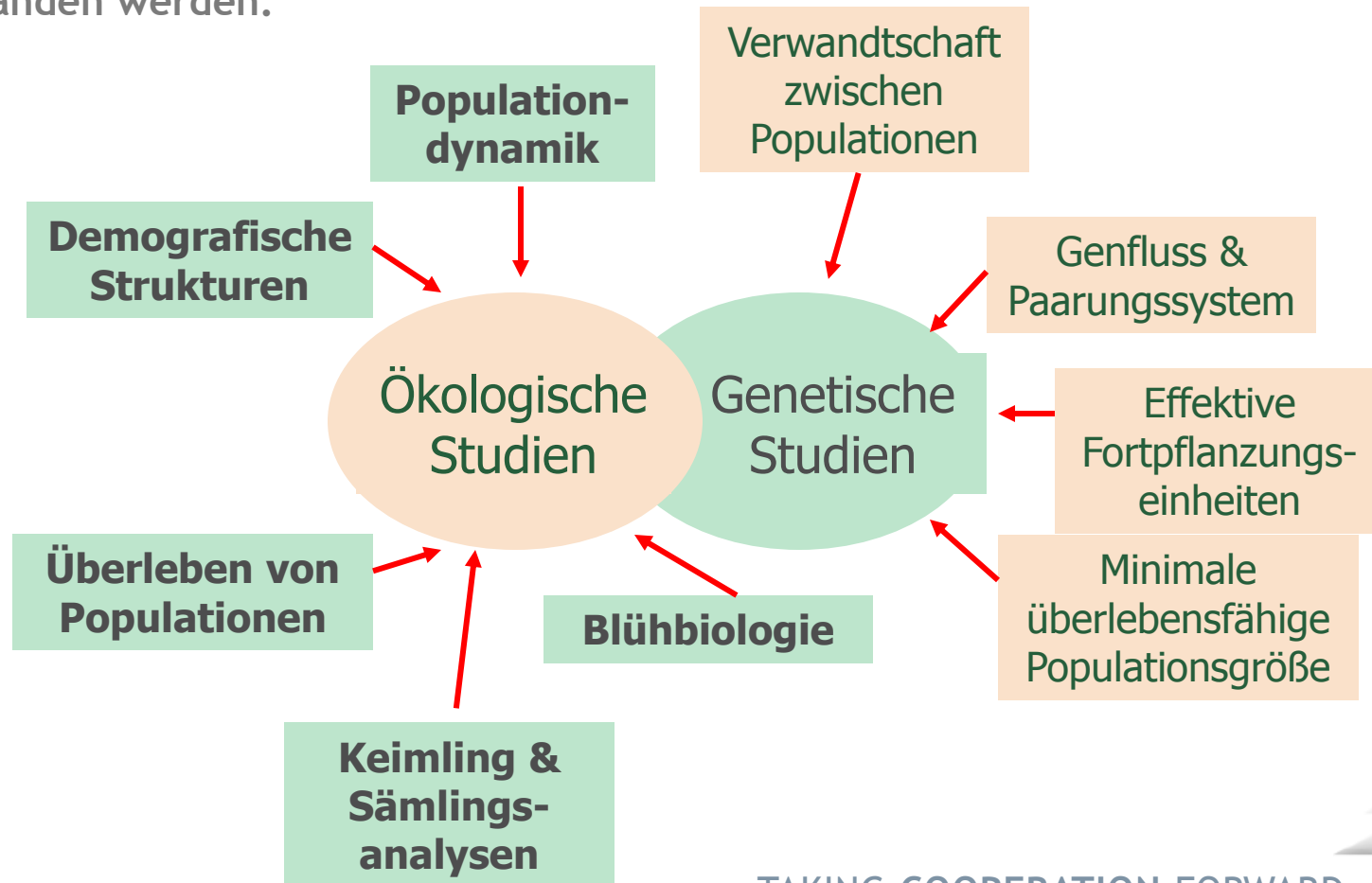
Flaschenhals → genetische Drift



Copyright © Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.

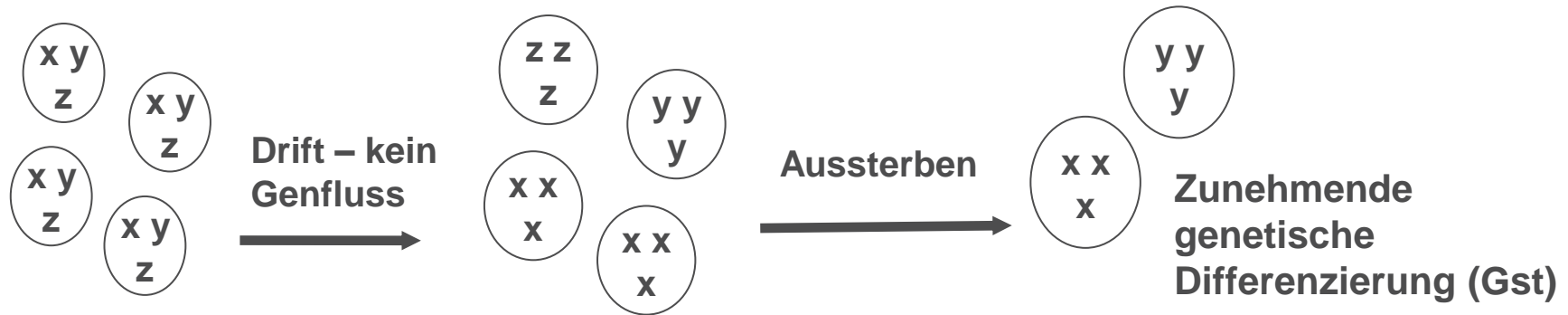


Ökologische und genetische Studien sind komplementäre Ansätze als Voraussetzung zur Erhaltung der Biodiversität auf Ebene von Ökosystemen, Arten und Genen und sollten keinesfalls als entgegengesetzte Ansätze verstanden werden.

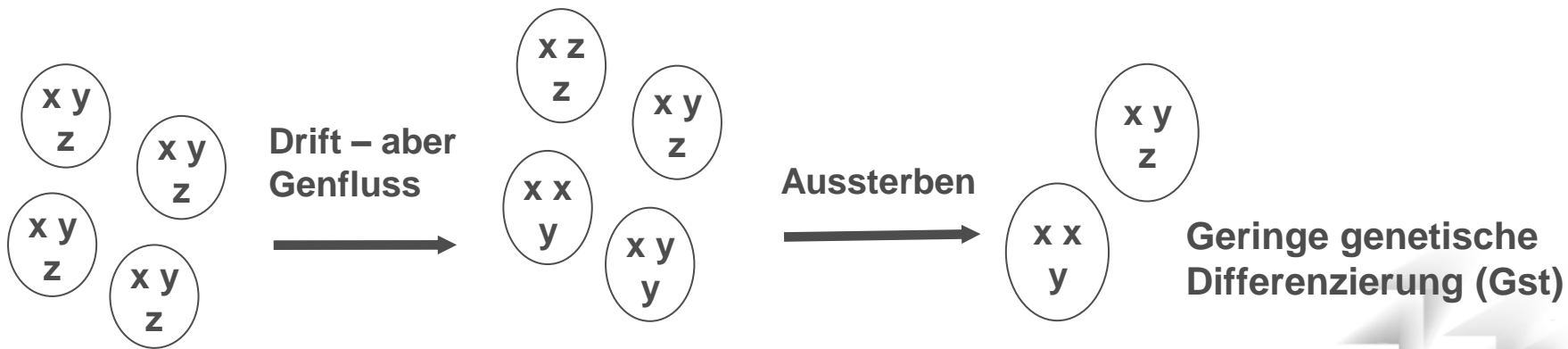


# ERHALTUNG DER BIODIVERSITÄT: GENETISCHE PROZESSE

## A: Drift and Aussterben: Verlust der genetischen Vielfalt

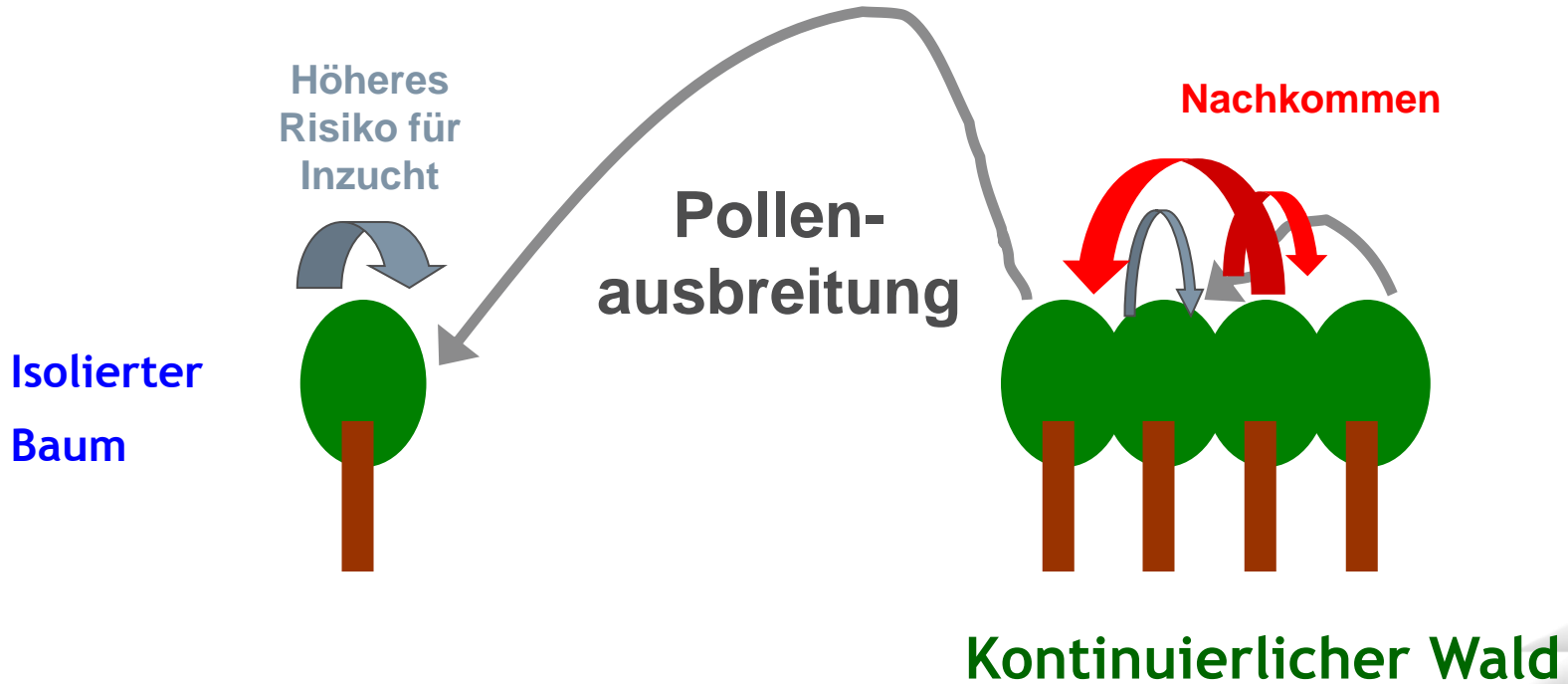


## B: Genfluss reduziert den Verlust der genetischen Diversität



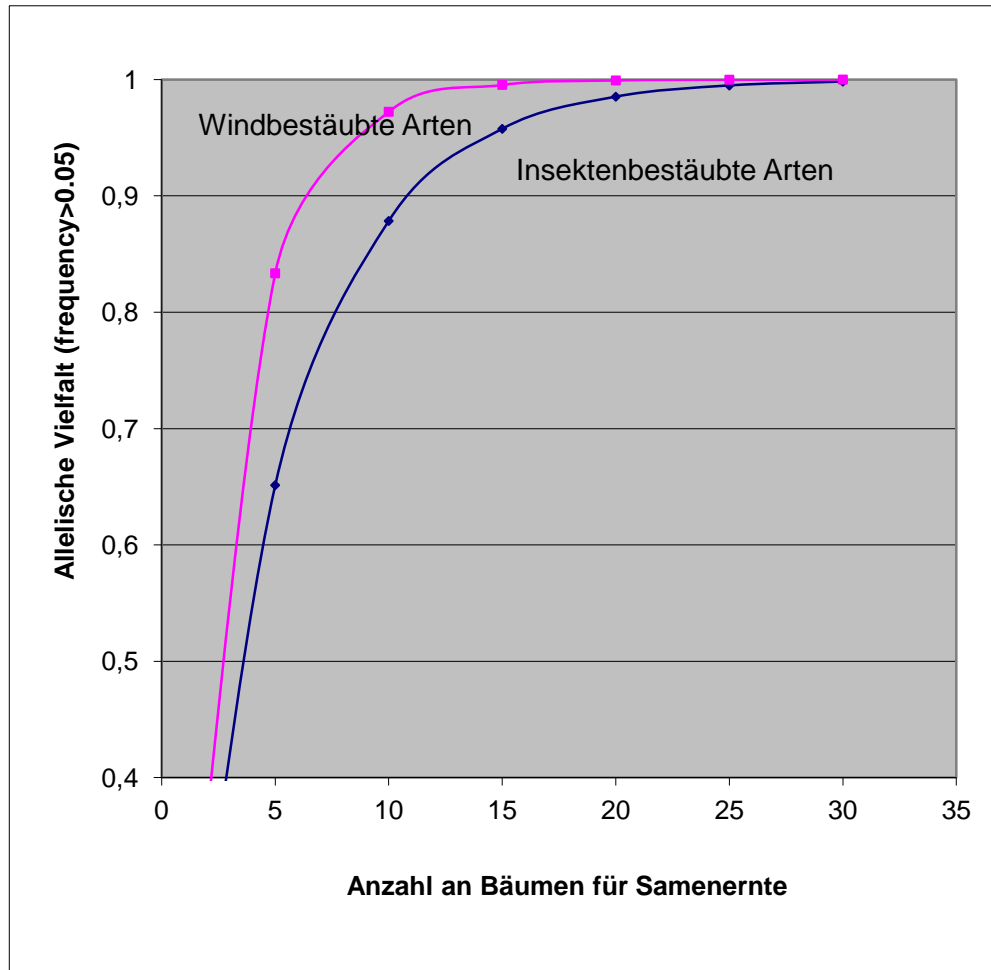
# VERÄNDERTE PAARUNGSMUSTER IN FRAGMENTIERTEN WALDBESTÄNDEN

Erwartung: zunehmende Tendenz zu Inzucht  
größere Pollenausbreitungsdistanzen  
geringere Anzahl an Pollenvätern

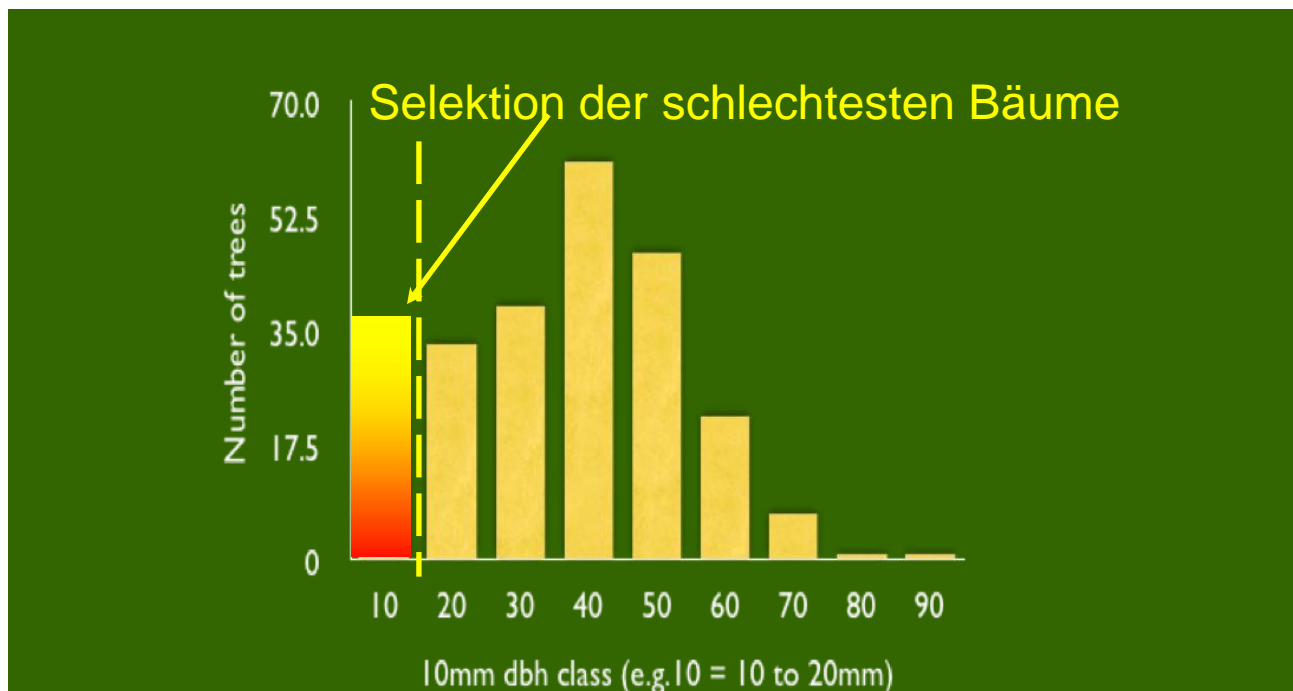




# VON WIEVIELEN BÄUMEN SOLLTE MAN SAMMELN?



- Dysgenic Selektion ist eine Auswahl von Individuen, die zu einer unerwünschten gerichteten Veränderung der genetischen (und letztlich phänotypischen) Qualität der nachfolgenden Generationen führt



“...ein bemerkenswertes Kennzeichen ist das Fehlen von ausgeprägten Variationsmustern in Bezug zur geographischen Breite und Länge; das könnte aus der Tatsache resultieren, dass Wälder im Mittelmeerraum seit Jahrhunderten vom Menschen verändert wurden und einer negativen Selektion unterzogen wurden” (Palmberg 1975)

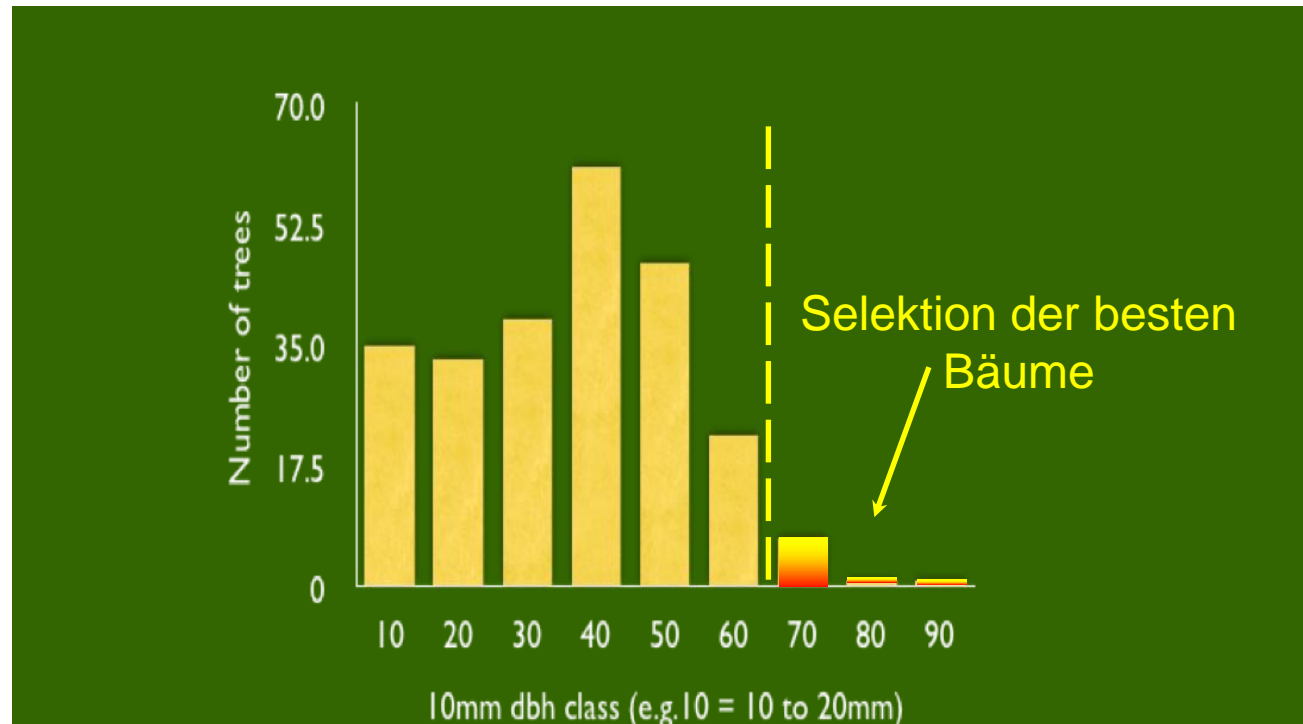


“...in den meisten Regionen kommt diese, einst berühmte Baumart, als ein nur wenig mehr als stark verzweigter Strauch oder kleiner Baum vor, ein gutes Beispiel von extremer genetischer Erosion aufgrund einer Übernutzung der besten Genotypen in der Vergangenheit” (Pennington et al. 1981)

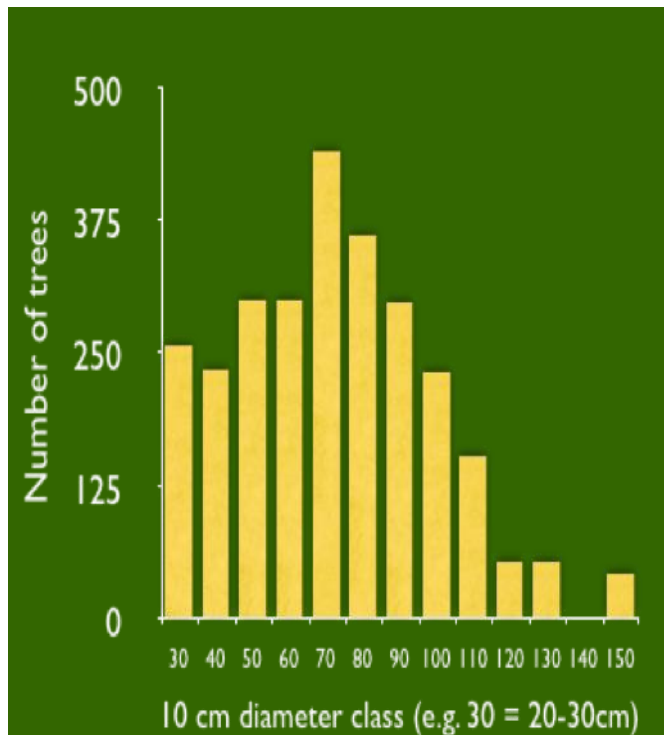




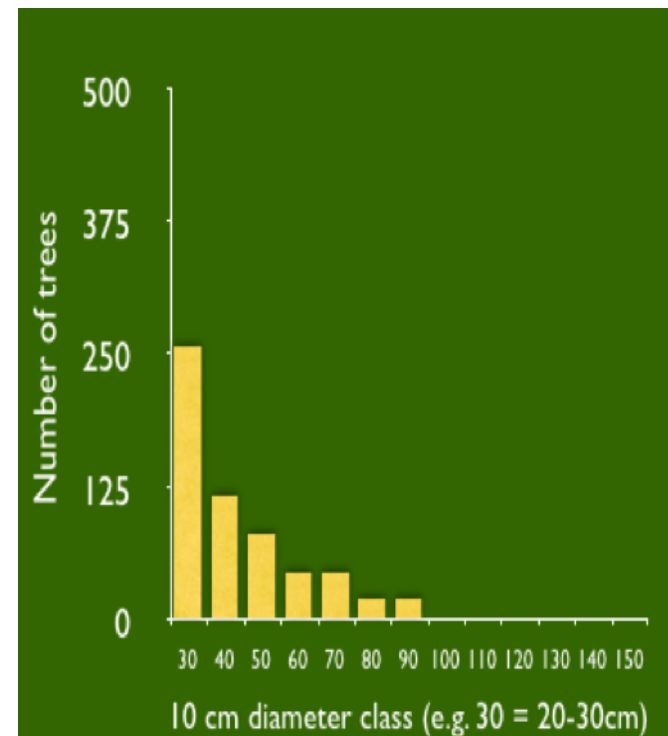
# POSITIVE PHÄNOTYPISCHE SELEKTION MIT DEM ZIEL EINER GENETISCHEN VERBESSERUNG



## Vor der Ernte



## Nach der Ernte



nach Grogan et al. 2008

TAKING COOPERATION FORWARD



$$\text{Reaktion auf Selektion (R)} = \\ \text{Selektionsdifferential (S) x Erblichkeit (h}^2\text{)}$$

- ...erlaubt die Berechnung der Auswirkungen von phänotypischer Selektion, unabhängig davon ob diese positive oder negative Auswirkungen hat



## Reaktion auf Selektion (R) = Selektionsdifferential (S) x Erblichkeit ( $h^2$ )

**Selektionsdifferential** = der Unterschied zwischen dem Mittelwert der ausgewählten (selektierten) Individuen und dem Mittelwert der Population

Bsp: wenn ausgewählte Plus-Bäume einen mittleren BHD von 40 cm aufweisen und der Bestandesmittelwert ist 20 cm, dann beträgt  $S = 20$  cm.

Selektionsdifferential ist ein Maß für die genetische Überlegenheit innerhalb einer Generation und reflektiert sowohl die Umweltvariation als auch genetische Variation





## Reaktion auf Selektion (R) = Selektionsdifferential (S) x Erblichkeit ( $h^2$ )

Erblichkeit = ein Maß, das angibt inwieweit die Überlegenheit eines Merkmals an die Nachkommen von ausgewählten (selektierten) Individuen weitergegeben wird

Der Wert der Erblichkeit schwankt zwischen NULL (= keine Weitergabe der Überlegenheit) und EINS (vollständige Weitergabe)



## Reaktion auf Selektion (R) = Selektionsdifferential (S) x Erblichkeit ( $h^2$ )

$$h^2 = \frac{V_A}{V_P}$$

$$h^2 = \frac{V_A}{V_G + VE}$$

$$h^2 = \frac{V_A}{V_A + VD + VI + VE}$$

➤ Um die Reaktion auf Selektion zu berechnen, muss die Erblichkeit im engeren Sinne genutzt werden, die man durch die Berechnung der additiven genetischen Effekte berechnen kann.



- FRANKLIN, Ian Robert. Evolutionary change in small populations. 1980.
- PALMBERG, Christel. Geographic variation and early growth in south-eastern semi-arid Australia of *Pinus halepensis* Mill. and the *P. brutia* Ten. species complex. *Silvae Genetica*, 1975, 24: 150-160.
- PENNINGTON, Terence D., et al. *A monograph of neotropical Meliaceae (with accounts of the subfamily Swietenioideae by BT Styles and the chemotaxonomy by DAH Taylor)*. 1981.
- GROGAN, James, et al. What loggers leave behind: impacts on big-leaf mahogany (*Swietenia macrophylla*) commercial populations and potential for post-logging recovery in the Brazilian Amazon. *Forest Ecology and Management*, 2008, 255.2: 269-281.

