

forstarchiv 82, 120-124
(2011)

DOI 10.4432/0300-
4112-82-120

© DLV GmbH

ISSN 0300-4112

Korrespondenzadresse:
heike.liesebach@vti.
bund.de

Eingegangen:
26.10.2010

Angenommen:
15.05.2011

Einfluss der waldbaulichen Behandlung von Robinienbeständen (*Robinia pseudoacacia* L.) auf die genetische Struktur der Nachkommenschaften: ein Vergleich Deutschland – Ungarn

Influence of silvicultural management in populations of black locust (*Robinia pseudoacacia* L.) on the genetic structure of progenies: a comparison between Germany and Hungary

HEIKE LIESEBACH¹ und VOLKER SCHNECK²

¹Institut für Forstgenetik, Johann Heinrich von Thünen-Institut Bundesforschungsanstalt für Ländliche Räume, Wald und Fischerei (vTI), Sieker Landstraße 2, D-22927 Großhansdorf

²Institut für Forstgenetik, Johann Heinrich von Thünen-Institut Bundesforschungsanstalt für Ländliche Räume, Wald und Fischerei (vTI), Eberswalder Chaussee 3A, D-15377 Waldsiedersdorf

Kurzfassung

Die aus Nordamerika stammende Robinie ist seit mehr als dreihundert Jahren in Europa heimisch und in vielen Ländern von forstwirtschaftlicher Bedeutung. Dabei gibt es deutliche Unterschiede bei der Bewirtschaftung der Robinie zwischen verschiedenen Ländern. Seit 2003 unterliegt die Robinie in Deutschland dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG).

Die Untersuchung der Auswirkungen der unterschiedlichen Bewirtschaftungsverfahren auf die genetische Struktur der Nachkommenschaften von ungarischen und deutschen Robinienbeständen ist Gegenstand dieser Studie.

Es wurden die Nachkommenschaften von 8 deutschen und 6 ungarischen Robinienbeständen mittels Isozymanalyse untersucht und verschiedene Parameter zur Charakterisierung der genetischen Variation und der Differenzierung innerhalb und zwischen den Populationen berechnet. Die genetische Variation innerhalb der Gruppe der 8 deutschen Nachkommenschaften war dabei signifikant kleiner als bei den 6 ungarischen Nachkommenschaften. Andererseits zeigte sich, dass zwischen den 6 ungarischen Populationen eine deutlich geringere Differenzierung besteht als zwischen deutschen Populationen. Mögliche Ursachen für die gefundenen Ergebnisse wie beispielsweise unterschiedliche Begründungsverfahren der Bestände werden diskutiert.

Schlüsselwörter: Waldbau, Bestandesbegründung, populationsgenetische Strukturen, genetische Marker, Isoenzyme, Variation innerhalb von und zwischen Populationen

Abstract

Black locust is native in North America, yet this tree species has grown in Europe for more than 300 years with an increasing importance for forestry in several countries. Since 2003, black locust is a subject to the Regulations on Forest Reproductive Material in Germany. Remarkable differences exist between different European countries in the silvicultural treatment of black locust. Different silvicultural regimes can influence the genetic structure of black locust stands. Therefore it is the aim of this study to investigate possible differences in the genetic structure of progenies of black locust stands from Hungary and Germany caused by different silvicultural treatments.

Progenies of 8 German and 6 Hungarian stands were analysed by isozymes and the parameters for genetic variation and differentiation within and between populations were calculated. Genetic variation within the group of German progenies was significantly smaller as compared to the progenies of Hungarian stands. In contrast, the genetic differentiation among the Hungarian progenies was clearly lower than among the German ones. Possible reasons for these particular population genetic structures, like different procedures of stand establishment, are discussed.

Key words: forest management, stand establishment, population genetic structure, genetic markers, isozymes, variation within and among populations

Einleitung

Unter den waldbaulichen Maßnahmen ist die Wahl des Verjüngungsverfahrens und des zu verwendenden Vermehrungsgutes von entscheidender Bedeutung für die zukünftige Waldgeneration, deren Stabilität, Leistung und Ertrag (Rohmeder 1972, Kleinschmit 2002).

Die Robinie (*Robinia pseudoacacia* L.) stammt aus Nordamerika und wurde vor ca. 350 Jahren nach Europa und auch nach Deutschland eingeführt. Sie hat inzwischen weltweit eine große Bedeutung

als „multipurpose tree“ gewonnen, wurde allerdings in Deutschland in der Vergangenheit nur wenig bewirtschaftet. Sie findet jedoch wegen des dauerhaften Holzes zunehmend Interesse in der Forst- und Holzwirtschaft (Ewald et al. 1992, Naujoks et al. 1993, Seeling 1997) und ist auch als Baumart für Kurzumtriebsplantagen oder Niederwaldbewirtschaftung attraktiv geworden (Peters et al. 2007, Ertle et al. 2008).

Entsprechend einer EU-Richtlinie von 1999 wurde die Robinie im Jahr 2003 als eine der neuen Baumarten in das Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) aufgenommen. Um einen ersten Überblick

über die Anbaueignung verschiedener Populationen in Deutschland zu gewinnen, wurde 1999 von der Arbeitsgemeinschaft der Länderinstitutionen für Forstpflanzenzüchtung eine Prüfung der Nachkommenschaften von 20 Robinienbeständen begonnen (Schneck et al. 2002). Neben Erhebungen zum Keim- und Wachstumsverhalten und zur Qualität wurden auch populationsgenetische Begleituntersuchungen durchgeführt.

Die für die Untersuchung verwendeten Isoenzymmarker sind zu meist neutrale Genmarker, die nicht unmittelbar für phänotypische oder anpassungsrelevante Eigenschaften verantwortlich sind. Sie sind jedoch sehr gut dazu geeignet, die genetische Variation und die Differenzierung innerhalb von und zwischen Populationen zu quantifizieren und Verwandtschaftsbeziehungen darzustellen.

Das Ziel der Untersuchung bestand in der Gewinnung erster Erkenntnisse über populationsgenetische Strukturen von Robinienbeständen in Deutschland. Zum Vergleich sollten Bestände aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet in den USA und aus dem europäi-

schen Ausland einbezogen werden, wobei Ungarn als traditionelles Robinienanbauland einen Schwerpunkt bildete. Aus den Ergebnissen dieser Untersuchungen sollten sowohl erste Schlussfolgerungen für die Praxis der Saatgutgewinnung gezogen werden als auch weitere Forschungsziele abgeleitet werden, um Kenntnislücken zu schließen.

Material und Methoden

Die Robinie gehört zur Familie der Leguminosen. Sie ist in der Lage, sich vegetativ über Wurzelaufläufer auszubreiten. Eine generative Vermehrung findet jedoch ebenfalls statt, wobei die Robinie von Insekten bestäubt wird. Die Baumart ist relativ anspruchslos, sodass sie auch unter wesentlich ungünstigeren Bedingungen als in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet angebaut werden kann (Tabelle 1). Robinien sind in der Lage, über eine Symbiose mit Bakterien (*Rhizobium* sp.) Luftstickstoff zu fixieren.

Saatgut für die Nachkommenschaftsprüfung wurde in insgesamt 20 Beständen geerntet, davon stammen 8 aus Deutschland und 6 aus Ungarn (Tabelle 2). Nur auf dieses Material soll hier näher eingegangen werden. Eine vollständige Liste befindet sich bei Schneck et al. (2002).

Die Aussaat erfolgte im Frühjahr des Jahres 2001. In den Jahren 2002 und 2003 wurden insgesamt 9 Versuchsflächen angelegt.

Die genetischen Analysen wurden an Blattproben von 2-jährigen Pflanzen aus der Baumschule des Instituts für Forstgenetik in Waldsiefersdorf durchgeführt, wobei je Herkunft 50 Sämlinge untersucht wurden. Insgesamt wurden 700 Individuen genotypisiert. Die Methoden zur Proteinextraktion, Elektrophorese und Färbung der Enzyme wurden ausführlich von Liesebach et al. (2005) beschrieben. Aus 11 verwendeten Enzymsystemen konnten 12 polymorphe Gene reproduzierbar ausgewertet werden.

Tab. 1. Wuchsbedingungen der Robinie.
Site conditions for black locust.

	Höhe über NN (m)	Jahresmitteltemperatur (°C)	Mittl. Jahresniederschlag (mm)
Natürliche Wuchsgebiete (USA)	200-1000	12,3-16,8	942-1246
Bedeutende Vorkommen in Deutschland	40-110	8,2-9,2	503-573
Anbauggebiete in Ungarn	150	9,8-10,5	542-600

Tab. 2. Herkunft des Saatguts für die Nachkommenschaftsprüfung bei Robinie.
Provenance of tested stands of black locust.

Nr.	Nachkommenschaft (Forstamt)	Land	Nördl. Breite	Östl. Länge	Fläche (ha)	Bemerkungen
1	Göritz (FA Hundeluft)	Deutschland (Sachsen-Anhalt)	51°58'	12°32'	0,8	Samenplantage aus 21 Klonen, Samen gepflückt (Darre Annaburg)
2	Annaburg (FA Annaburg)	Deutschland (Sachsen-Anhalt)	51°39'	12°57'	1,2	Bestand 29 Jahre alt, Samen gesammelt (Institut für Forstgenetik Waldsiefersdorf)
3	Arensdorf (FA Annaburg)	Deutschland (Sachsen-Anhalt)	51°48'	12°59'	0,5	Bestand 12 Jahre alt, Samen von ca. 15 Bäumen gepflückt (Institut für Forstgenetik Waldsiefersdorf)
4	Haldensleben (FA Haldensleben)	Deutschland (Sachsen-Anhalt)	52°20'	11°12'		Samenernte am liegenden Stamm (Darre Annaburg)
5	Altbrandsleben (FA Altbrandsleben)	Deutschland (Sachsen-Anhalt)	52°05'	11°13'		Samenernte am liegenden Stamm (Darre Annaburg)
6	Waldsiefersdorf (FA Müncheberg)	Deutschland (Brandenburg)	52°32'	14°03'	0,5	Samenplantage und Klonarchiv aus 39 Klonen, Samen gesammelt (Institut für Forstgenetik Waldsiefersdorf)
7	Hasenholz (FA Müncheberg)	Deutschland (Brandenburg)	52°34'	14°03'	2	Bestand 77 und 42 Jahre alt, Samen gesammelt (Institut für Forstgenetik)
8	Gottesgabe (FA Seelow)	Deutschland (Brandenburg)	52°38'	14°10'	2	Bestand 60 Jahre alt, Samen an 2 Bäumen gepflückt, zusätzlich Samen gesammelt (Institut für Forstgenetik Waldsiefersdorf)
11	Mikebuda 5G	Ungarn	47°10'	19°40'		wahrscheinlich Samen aus dem Boden gesiebt (Bezug durch Niedersächsische Forstliche Versuchsanstalt Escherode)
12	Mikebuda 27G, 28D, 30B	Ungarn	47°10'	19°40'		Desgl.
13	Opalyi 1A, B	Ungarn	47°09'	19°32'		Desgl.
14	Pusztavacs 60A	Ungarn	47°52'	22°18'		Desgl.
15	Pusztavacs 56C	Ungarn	47°09'	19°32'		Desgl.
16	Ofeherto 10B	Ungarn	47°56'	22°03'		Desgl.

Aus der Allel- und Genotypenzusammensetzung an den untersuchten Genorten der Stichproben aus den Populationen werden in der Populationsgenetik übliche Parameter berechnet, die die genetische Variation quantifizieren (Hattermer et al. 1993).

Um Populationen hinsichtlich des Ausmaßes ihrer genetischen Variation zu vergleichen, werden Parameter wie Anzahl der Allele, Heterozygotie oder Diversität verwendet, die die Variation innerhalb der Populationen beschreiben.

Differenzierungsmaße und genetische Abstände werden dagegen berechnet, um die Variation zwischen Populationen zu charakterisieren. Die Subpopulationsdifferenzierung entspricht dem genetischen Abstand zwischen einer Population und dem restlichen untersuchten Material aller anderen Populationen und liegt zwischen 0 und 1 (Gregorius und Roberds 1986). Ein größerer Wert bedeutet hier, dass die betreffende Population sich stark von den übrigen unterscheidet, ein kleiner Wert bedeutet dagegen, dass die entsprechende Population der Gesamtheit des einbezogenen Materials ähnelt.

Ergebnisse

Tabelle 3 gibt einen Überblick über die gesamte genetische Variation an den untersuchten Isoenzym-Genorten. Die Anzahl der Allele und die Heterozygotie liegen in einem Bereich, der für Isoenzymmarker typisch und vergleichbar mit anderen Baumarten ist. Die Genorte LAP-A und LAP-B wurden von den weiteren Berechnungen der populationsgenetischen Parameter ausgeschlossen, da sie häufig Nullallele aufwiesen.

Die genetische Variation innerhalb der 14 untersuchten Populationen aus zwei Ländern (Tabelle 4) bewegt sich zwischen 2,3 und 2,8 Allelen je Locus, zwischen einer erwarteten Heterozygotie von 0,284 und 0,443 und einer Genpooldiversität zwischen 1,398 und 1,796. Für diese 3 Parameter ist die genetische Variation für die Gruppe der 8 deutschen Nachkommenschaften signifikant kleiner als bei den 6 ungarischen Nachkommenschaften. Für den beobachteten Heterozygotiegrad konnte lediglich ein Trend in diese Richtung festgestellt werden.

Tab. 3. Parameter der genetischen Variation an 12 Isoenzym-Genorten bei insgesamt 14 Robinienpopulationen.

Parameters of genetic variation at 12 isozyme gene loci of 14 populations of black locust.

Isoenzym-Genort	Anzahl der Allele	Beobachtete Heterozygotie	Erwartete Heterozygotie
AMY-A	5	0,3202	0,3791
AMY-B	3	0,4799	0,4599
FEST-B	4	0,4317	0,6353
FEST-C	4	0,3202	0,3335
IDH-A	4	0,5894	0,5893
LAP-A	4	0,3102	0,4508
LAP-B	4	0,1876	0,3730
MDH-A	2	0,0201	0,0221
MDH-B	3	0,5179	0,5064
PGDH-B	2	0,3750	0,3545
PGDH-C	2	0,3296	0,4234
SKDH-A	3	0,5358	0,5690
Mittelwert	3,3	0,3680	0,4250

Um die genetische Variation zwischen den Populationen zu quantifizieren, wurde zunächst die Subpopulationsdifferenzierung berechnet. Die Tabelle 5 zeigt, dass bei der Einbeziehung aller 14 Populationen die Werte zwischen 0,047 und 0,232 liegen. Eine Subpopulationsdifferenzierung von 0,047 bedeutet, dass sich die entsprechende Population (Pusztavac Nr. 14) nur um ca. 5 % von der Gesamtheit aller übrigen unterscheidet. Die Population Hasenholz (Nr. 7) dagegen weicht um erhebliche 23 % von den übrigen Populationen ab. Wenn nur die deutschen oder nur die ungarischen Nachkommenschaften in die Kalkulation einbezogen werden, zeigt sich noch deutlicher, dass die ungarischen Populationen sich untereinander sehr ähneln (6 % mittlere Differenzierung), während die deutschen Populationen stärker voneinander abweichen (13 % mittlere Differenzierung).

Tab. 4. Populationsgenetische Parameter zur Charakterisierung der Variation innerhalb von Populationen (Wilcoxon two-sample test, * bedeutet $p < 0,05$, genetische Variation signifikant kleiner bei 8 deutschen Nachkommenschaften im Vergleich zu 6 ungarischen Nachkommenschaften).

Population genetic parameters for the characterisation of variation within populations (Wilcoxon two-sample test, * $p < 0.05$, genetic variation significant lower in 8 German progenies compared with 6 Hungarian progenies).

Nr.	Nachkommenschaft	Anzahl Allele je Locus	Beobachtete Heterozygotie	Erwartete Heterozygotie	Genpool-Diversität
1	Göritz	2,3	0,426	0,395	1,6524
2	Annaburg	2,4	0,370	0,377	1,6054
3	Arendsdorf	2,8	0,405	0,435	1,7694
4	Haldensleben	2,7	0,368	0,387	1,6317
5	Altbrandsleben	2,6	0,402	0,392	1,6453
6	Waldsiefersdorf	2,6	0,405	0,376	1,6037
7	Hasenholz	2,5	0,299	0,284	1,3975
8	Gottesgabe	2,6	0,408	0,401	1,6682
11	Mikebuda	2,8	0,429	0,432	1,7616
12	Mikebuda	2,6	0,425	0,421	1,7273
13	Opalyi	2,8	0,420	0,424	1,7367
14	Pusztavacs	2,8	0,389	0,421	1,7285
15	Pusztavacs	2,7	0,409	0,443	1,7962
16	Ofeherto	2,7	0,316	0,382	1,6183
1-8	Deutschland	2,56*	0,385	0,381*	1,6217*
11-16	Ungarn	2,73	0,398	0,421	1,7281

Tab. 5. Subpopulationsdifferenzierung zur Charakterisierung der Variation zwischen Populationen.
Subpopulation differentiation for characterisation of genetic variation among populations.

Nr.	Nachkommenschaft	Alle Populationen	Deutschland	Ungarn
1	Göritz	0,1201	0,1107	
2	Annaburg	0,1669	0,1549	
3	Arensdorf	0,1045	0,1183	
4	Haldensleben	0,1115	0,1385	
5	Altbrandsleben	0,1274	0,1465	
6	Waldsiefersdorf	0,0961	0,0818	
7	Hasenholz	0,2317	0,2300	
8	Gottesgabe	0,0771	0,0843	
11	Mikebuda	0,0807		0,0600
12	Mikebuda	0,0728		0,0571
13	Opalyi	0,0780		0,0556
14	Pusztavacs	0,0472		0,0549
15	Pusztavacs	0,0884		0,0675
16	Ofeherto	0,0849		0,0908
Mittelwert		0,1062	0,1331	0,0643

Eine weitere Möglichkeit zur Beurteilung der Ähnlichkeit in der Variation zwischen Populationen bieten paarweise genetische Abstände, wobei aus einer Distanzmatrix ein UPGMA-Dendrogramm zur grafischen Darstellung erzeugt werden kann. Die Abbildung 1 zeigt die Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den untersuchten Populationen. Das umrandete Feld umfasst alle 6 ungarischen Populationen, die im Dendrogramm eine engere Verwandtschaft zeigen, und eine deutsche Population, die der Gruppe der ungarischen Nachkommenschaften ähnelt. Die anderen 7 deutschen Populationen zeigen sowohl zu dieser Gruppe als auch untereinander größere genetische Abstände.

Diskussion

Mithilfe von kodominant vererbten Isoenzymmarkern konnten gegensätzliche genetische Strukturen in den Robinien-Nachkommenschaften aus Deutschland im Vergleich zu denen aus Ungarn festgestellt werden. Die ungarischen Nachkommenschaften besitzen eine vergleichsweise hohe genetische Variation innerhalb der Populationen, aber nur eine sehr geringe Differenzierung zwischen den Populationen. Bei den deutschen Nachkommenschaften dagegen wurde eine geringere genetische Variation innerhalb der Populationen festgestellt, die Differenzierung zwischen ihnen war dagegen beachtlich groß. Eine Erklärung für diese Erscheinung bietet die unterschiedliche Bewirtschaftungsweise der Robinie in diesen beiden Ländern.

In Ungarn werden Robinien traditionell im mittelfristigen Umtrieb bewirtschaftet. Aufforstungen werden mit Sämlingen vorgenommen, wobei das Saatgut in der Regel in gepflanzten Beständen durch Sieben des Bodens gewonnen wird (Rédei und Osváth-Bujtás 2005). Die ausschließlich generative Vermehrung über mehrere Generationen und der Saatgut- und Sämlingstransport innerhalb des Landes haben somit zu einer vergleichsweise hohen genetischen Variation in diesen Populationen, aber auch zu einer Homogenisierung ihrer genetischen Strukturen geführt.

In Deutschland wurde die Robinie nach ihrer Einführung sehr lange Zeit weitgehend sich selbst überlassen. Teilweise wurden Robinien z. B. an Wegrändern gepflanzt. Von diesen „Gründerpopulationen“ ausgehend, breitete sie sich spontan vegetativ über Wurzeläusläufer und auch generativ aus. Dadurch bildeten sich

Bestandesstrukturen, die nur aus wenigen Klonen bestehen. Eine Untersuchung mit Isoenzymmarkern in zwei Populationen aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet in den USA (Chang et al. 1998) zeigt das ebenso wie eigene Erhebungen in Brandenburger Beständen mit Isoenzym- und Mikrosatellitenmarkern (Hertel und Schneck 2003, Liesebach und Schneck 2010 unveröffentlicht). Durch die auf diese Weise entstandenen sehr geringen effektiven Populationsgrößen besitzen generative Nachkommenschaften solcher Populationen eine eher geringe genetische Variation. Gleichzeitig werden bei geringen effektiven Populationsgrößen Zufallsprozesse stark wirksam, die zu

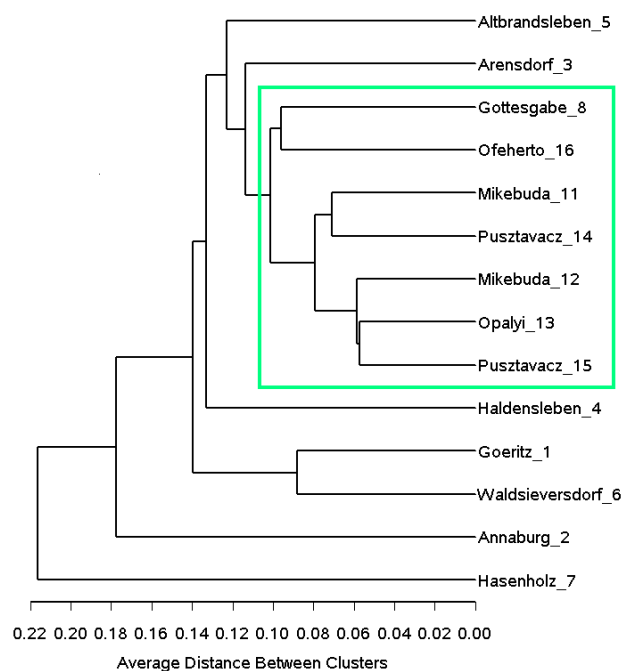


Abb. 1. UPGMA-Dendrogramm basierend auf genetischen Abständen zwischen 14 Robinienpopulationen.

UPGMA-Dendrogram based on pairwise genetic distances between 14 progenies of black locust.

großen genetischen Differenzierungen zwischen Populationen führen können. Solche Differenzierungen zwischen Populationen sind nicht von vornherein als negativ zu bewerten. Stärkere Inzuchteffekte im Saatgut, die damit in Verbindung stehen könnten, sind jedoch nicht erwünscht.

Bei der Saatguternte in nach dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) zugelassenen Beständen ist die klonale Bestandesstruktur zu berücksichtigen, indem möglichst weit voneinander entfernt stehende Bäume beerntet werden. Es ist vorgesehen, die genetische Struktur eines Robinienbestandes im Zusammenhang mit den Bestäubungsverhältnissen mit nuklearen Mikrosatellitenmarkern näher zu untersuchen, um die Pollentransportdistanzen bei dieser insektenbestäubten Baumart abzuschätzen und Informationen über mögliche Inzuchteffekte im Saatgut in Abhängigkeit von der klonalen und räumlichen Struktur der Elterngeneration zu gewinnen. Aus diesen experimentellen Ergebnissen werden neue Informationen erwartet, aus denen sich weitere praktische Empfehlungen für die Zulassung von Erntebeständen bei Robinie und für die Ernte selbst ableiten lassen werden.

Literatur

- Chang C.-S., Bongarten B., Hamrick J. 1998. Genetic structure of natural populations of black locust (*Robinia pseudoacacia* L.) at Coweeta, North Carolina. *Journal of Plant Research* 111, 17-24
- Ertle C., Böcker L., Landgraf D. 2008. Wuchspotential von Stockausschlägen der Robinie. *AFZ/DerWald* 63, 994-995
- Ewald D., Naujoks G., Hertel H., Eich J. 1992. Hat die Robinie in Brandenburg eine Zukunft? *AFZ/DerWald* 47, 738-740
- Gregorius H.-R., Roberds J.H. 1986. Measurement of genetical differentiation among subpopulations. *TAG Theoretical and Applied Genetics* 71, 826-834
- Hattemer H.H., Bergmann F., Ziehe M. 1993. Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaft. 2. Aufl. Sauerländer's Verlag, Frankfurt a. M.
- Hertel H., Schneck V. 2003. Untersuchungen zur genetischen Struktur eines Robinienbestandes (*Robinia pseudoacacia* L.) in Brandenburg. In: Welling M. (Hrsg.) *Bedrohung der biologischen Vielfalt durch invasive gebietsfremde Arten - Erfassung, Monitoring und Risikoanalyse*. Schriftenr. Bundesministerium f. Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft, Reihe A 498. Landwirtschaftsverlag, Münster, 257-263
- Kleinschmit J. 2002. Ist Naturverjüngung immer die beste Lösung für den naturnahen Waldbau? In: Niedersächsische Forstliche Versuchsanstalt (Hrsg.) *Herkunftsfrage aus Sicht der Betriebswirtschaft, Jahrestagung des Nordwestdeutschen Forstvereines in Hann. Münden*. Nienburg, 28-33
- Liesebach H., Yang M.-S., Schneck V. 2005. Genetic diversity and differentiation in a black locust (*Robinia pseudoacacia* L.) progeny test. *Forest Genetics* 11, 151-161
- Naujoks G., Hertel H., Ewald D. 1993. Geradschaftige Robinien – eine Baumart für Ausgliederungsflächen. *Mitt. Bundesforschungsanstalt f. Forst- u. Holzwirtschaft* 172. Max Wiedebusch Kommiss. Verlag, Hamburg, 305-306
- Peters K., Bilke G., Strohbach B. 2007. Ertragsleistung sechsjähriger Robinien (*Robinia pseudoacacia*) auf vier ehemaligen Ackerstandorten unterschiedlicher Bodengüte in Brandenburg. *Archiv Forstwesen u. Landschaftsökologie* 41, 26-28
- Rédei K., Osváth-Bujtás Z. 2005. II. Züchtung und Vermehrung der Robinie (*Robinia pseudoacacia* L.). *Forst u. Holz* 60, 466-468
- Rohmeder E. 1972. *Das Saatgut in der Forstwirtschaft*. Verlag Paul Parey, Hamburg u. Berlin
- Schneck V., Hertel H., Yang M.-S. 2002. Prüfung von Nachkommenschaften ausgewählter Robinienbestände – Konzept, Anzuchtphase und Populationsstruktur. In: Schirmer R., Feil M. (Hrsg.) *25. Internationale Tagung der Arbeitsgemeinschaft für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Teisendorf*. Bayerisches Amt für Forstliche Saat- und Pflanzenzüchtung, Bayerische Staatsforstverwaltung, 111-118
- Seeling U. 1997. Die Robinie – nur ein Exot im deutschen Wald? *Forst u. Holz* 52, 81-86