

1. Allgemeine Angaben

Abschlussbericht zu Projekt **SI 11/7-1+2+3**: "Verbindung von Struktur- und Prozessmodellen des Baumwachstums"

1.1 Antragsteller

Sloboda, Branislav, Prof. Dr. Dr. h.c.
Professor, Leiter des Instituts für Forstliche Biometrie und Informatik
Institut für Forstliche Biometrie und Informatik, Fakultät für Forstwissenschaften und
Waldökologie der Georg-August-Universität Göttingen
Büsgenweg 4, 37077 Göttingen
Tel.: 0551/39-3461 und -3464 (Sekretariat), Fax: 0551/39-3465
E-mail: fbiom@uni-forst.gwdg.de

und

Kurth, Winfried, Prof. Dr.
Professor
Institut für Informatik, Lehrstuhl Grafische Systeme
Brandenburgische Technische Universität Cottbus
Postfach 10 13 44, 03013 Cottbus
Tel.: 0355/69-3816 und -3886 (Sekretariat), Fax: 0355/69-3830
E-mail: wk@informatik.tu-cottbus.de

1.2 Thema

Verbindung von Struktur- und Prozessmodellen des Baumwachstums

1.3 Kennwort: Integration von Baummodellen

1.4 Berichtszeitraum:

Der Bericht bezieht sich auf den Zeitraum vom 1. 11. 1998 bis zum 31. 03. 2002. Eine Förderung durch die DFG fand vom 1. 11. 1998 bis zum 31. 10. 2001 statt.

1.5 Publikationen:

Gustavo A. Anzola Jürgenson, Linking structural and process-oriented models of plant growth. Dissertation, Georg-August-Universität Göttingen, März 2002.
(liegt der DFG bereits vor)

2. Arbeits- und Ergebnisbericht

2.1 Ausgangsfragen und Zielsetzung

Die Ausgangssituation bei der Antragstellung war eine Vielzahl von spezialisierten Simulationsmodellen, von denen jedes Teilaspekte des Pflanzenwachstums, der Baumarchitektur oder des Mikroklimas und der Physiologie abbildet, die jedoch untereinander kaum kommunizieren können und z.T. auf unterschiedliche Arten spezialisiert sind. Ziel war die Anwendung neuerer Ansätze der Informatik, um die Koordination, den Datenaustausch und die synchrone Anwendung von Softwarewerkzeugen der Pflanzensimulation, die von unterschiedlichen Arbeitsgruppen mit verschiedenem Fokus entwickelt worden sind, zu vereinfachen.

Hierbei treten zwei natürlicherweise abgestufte Ebenen der Komplexität auf:

- die Weitergabe von Informationen von einem Modell an ein anderes – z.B. von Kronenstrukturdaten eines 3D-Wachstumsmodells an ein physikalisch basiertes Modell der Lichtinterzeption. Dies ist durch die Schaffung geeigneter Schnittstellen grundsätzlich immer zu bewältigen (und war auch vor Beginn des Projekts für viele Spezialfälle schon realisiert); durch eine gemeinsame Software-Einheit mit "Drehscheiben-Funktion" (oder Vernetzungsfunktion, daher "NEXUS") kann aber eine effizientere und transparentere Realisierung erreicht werden als durch einen "Zoo" von ad hoc implementierten Einzelschnittstellen zwischen je 2 Einheiten.
- der bidirektionale Informationsfluss zur Laufzeit eines dynamischen Verbundmodell-Simulationslaufes (Rückkopplungsschleife) – z.B. die Beeinflussung der Assimilation und des Wachstums einer Pflanze durch das Mikroklima, wodurch wiederum aufgrund der Beeinflussung der Kronenstruktur das Mikroklima modifiziert wird. Modellverbünde, die dies abbilden, sind bisher selten und meist über Anfänge nicht hinausgekommen (z.B. "Simple Whole Tree"-Projekt im Rahmen des NAPAP-Programms, USA).

Bisher findet der Austausch an Informationen zwischen verschiedenen, von unterschiedlichen Arbeitsgruppen entwickelten Modellen meist nur statisch und in einer Richtung statt, wobei die Ergebnisse eines Modells in ein anderes übernommen werden und Randbedingungen für Prozesse liefern (z.B. die Kronenstruktur als Randbedingung der Lichtinterzeption, die

Topologie und Geometrie des verzweigten Achsensystems als Randbedingung des Xylemsaftflusses). Die Dissertation Anzola (S. 11 ff.) gibt eine umfassende Übersicht über neuere Entwicklungen der Struktur-Funktions-orientierten Pflanzenmodellierung, die in diesem Zusammenhang relevant sind. Die Rückkopplung soll Ergebnisse der Strahlungs-, Mikroklima- und Wasserhaushaltsmodelle für die Steuerung des Wachstums und der Strukturentwicklung der Pflanze bereitstellen. Sowohl die zeitliche als auch die räumliche Skalierung stellen dabei grössere Barrieren dar. Die Modellkopplung bedurfte einer Fortführung der Zusammenarbeit zwischen der antragstellenden Arbeitsgruppe Pflanzenmodellierung am Institut für Forstliche Biometrie und Informatik der Universität Göttingen, der Arbeitsgruppe F. Houllier (AMAP) am CIRAD in Montpellier, Frankreich, und der Arbeitsgruppe R. Sievänen am METLA in Finnland. Es war außerdem notwendig, geeignetes Datenmaterial auszusuchen und aufzubereiten, um mit einer Validierung der Kopplung und Rückkopplung der Modelle mindestens zu beginnen. Dies erfolgte anhand bereits aufgenommener Daten aus dem Solling für die Baumart Fichte (*Picea abies*), sowie anhand neuerer Daten aus einer Verjüngungsfläche nahe der Versuchsfläche Unterlüss des "Forschungszentrums Waldökosysteme" für die Baumart Traubeneiche (*Quercus petraea*) und aus Datensätzen des CIRAD für Kaffeepflanzen (*Coffea arabica*; vgl. Diss. Anzola, S. 72 ff.). Die Anwendung moderner Programmier Techniken und Methoden sollte außerdem die Zusammenarbeit der Beteiligten erleichtern und beschleunigen. Dabei wurde ein hohes Maß an Plattformunabhängigkeit aller Module angestrebt, um deren Anwendbarkeit in verschiedenen Arbeitsgruppen zu gewährleisten und zu erweitern.

Als biologisch motivierte Zielsetzung stand die Prüfung von Hypothesen zur Interaktion zwischen Mikroklima im Bestand, Wasserhaushalt und Wachstum in der Baumkrone durch Modellexperimente im Vordergrund, wobei die enge Zusammenarbeit mit dem Projekt "Experimentelle Untersuchung und numerische Simulation des hydraulischen Systems Baum-Boden" (SL 11/8-1+2) fortgeführt wurde.

2.2 Durchführung und Ergebnisse

Um die Kopplung zu realisieren, wurde das Programm NEXUS geschrieben, das den Daten- und Informationsaustausch zwischen verschiedenen Modellen regelt oder gar erst ermöglicht. Das Programm wurde in der Programmiersprache C++ unter Anwendung neuerer Programmiermethoden geschrieben, insbesondere von Methoden der objektorientierten Programmierung (OOP).

"Objektorientiert" bedeutet, dass man Gegenstände, Ideen und Begriffe in abstrakten Strukturen repräsentiert. Diese Strukturen werden Objekte genannt und enthalten alle relevanten Informationen, die das Objekt selbst beschreiben (Attribute), sowie Funktionen, die das Verhalten des Objektes festlegen (Methoden). Diese Objekte können ebenfalls weitere Objekte enthalten. So kann man ein Objekt „Pflanze“ definieren, das aus den Objekten „Stamm“, „Wurzel“ und „Krone“ besteht. Man kann auch Prozesse als Objekte definieren, also z.B. die Objekte „Wasserfluss“, „Transpiration“, „Lichtaufnahme“ und „Photosynthese“. In der objektorientierten Programmierung nennt man die Definition eines Objektes Klasse. Mit Hilfe der Klassen können dann mehrere Objekte vom selben Typ erzeugt werden, sogenannte Instanzen. Also muß man nur einmal die Klasse „Blatt“ definieren, während jedes einzelne Blatt nur eine Instanz dieser Klasse ist (vgl. Dissertation Anzola, S. 82 ff.).

Der Vorteil der OOP ist die Möglichkeit, Modelle in Module aufzuteilen, die miteinander austauschbar sind. So kann man z.B. in einem Modell für C-Allokation verschiedene Assimilationsmodelle einsetzen und miteinander vergleichen, oder ein Assimilationsmodell wird in verschiedene Allokationsmodelle eingesetzt.

Für die erste Version des Programms wurden verschiedene Module gewählt, die nun miteinander interagieren können (genaue Beschreibung in der Diss., S. 91 ff.) Diese Module behandeln die Strahlungsbilanz, den Wasserhaushalt und das Wachstum. Für die Strahlungsbilanz wurden die Programme MIR (Mapping Incoming Radiation) und MuSc (Multiple Scattering) gewählt. Beide Programme wurden in ihrer ursprünglichen Form von Dr. J. Dauzat am CIRAD (Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement), Frankreich, entwickelt. MIR berechnet die direkte Strahlung, die auf jeden Punkt der Pflanze aus verschiedenen Richtungen eintreffen kann. Dafür wird die Raytracing-Methode in Verbindung mit dem Lichthemisphären-Modell von Den Dulk benutzt. Das Modell MuSc berechnet die diffuse Strahlung, die durch Reflexion und Refraktion in den verschiedenen Schichten eines Bestandes entsteht (vgl. Diss., S. 22 ff.). Für

den Wasserfluss im Xylem wurden die Programme HYDRO und HYDRA gewählt. HYDRO wurde ebenfalls von Dr. Dauzat entwickelt. Es berechnet für jedes Blatt anhand meteorologischer Daten Transpiration, Assimilation und Wasserpotentiale. Die Wasserpotentiale werden dazu benutzt, durch ein iteratives Verfahren den Wasserfluss zu berechnen (S. 36 ff.). Das Programm HYDRA wurde von Dr. T. Früh am Institut für Forstliche Biometrie und Informatik der Universität Göttingen entwickelt. Das Modell benutzt ein genaueres und numerisch stabileres Verfahren als HYDRO, um den Wasserfluss zu simulieren, und kann Nicht-Gleichgewichts-Situationen erfassen. Die Transpiration jedoch wird als konstant für alle Assimilationsorgane gesetzt, so dass das Mikroklima nur sehr vergrößert berücksichtigt wird (zur genaueren Diskussion s. Diss., S. 33 ff.). Als Wachstumsmodule wurden die zwei Programme GROGRA und AMAP gewählt. GROGRA (GROWth GRAMmar interpreter) wurde von W. Kurth am Institut für Forstliche Biometrie und Informatik der Universität Göttingen entwickelt. Es simuliert das Wachstum durch sogenannte L-Systeme (Lindenmayer-Systeme) in festen Zeitschritten. Als Standardschrittweite können Jahre benutzt werden, aber kleinere und größere Abstände sind ebenfalls möglich. AMAP („Atelier de Modélisation de l'Architecture des Plantes“ bzw. „botAnique et bioinforMatique de l'Architecture des Plantes“) wurde am CIRAD von der Arbeitsgruppe von Philippe de Reffye entwickelt. AMAP ist eine Gruppe mächtiger Programme zur Simulation und grafischen Darstellung von Pflanzen und Beständen. Die Simulation des Wachstums wird mit Hilfe der Beschreibung von morphogenetischen Gradienten und unter Verwendung des Begriffs des physiologischen Alters durchgeführt (vgl. Diss., S. 51 ff.). Im Gegensatz zu den anderen Modulen wird AMAP kommerziell genutzt und ist daher nicht unbeschränkt zugänglich.

Alle diese Programme wurden in der Programmiersprache C geschrieben, ohne OOP zu benutzen. Um die Kopplung der Modelle zu erleichtern, wurden die Module MIR, MuSc und HYDRO reimplementiert und in C++ unter Anwendung von OOP neu geschrieben. GROGRA wurde von W. Kurth modifiziert, um den Datenaustausch zu vereinfachen. HYDRA wird in Rahmen eines parallel laufenden Projekts von Dr. M. Schulte ebenfalls an die Anforderungen angepasst.

Als Teil der Arbeit wurde eine Bibliothek von Standardprozeduren und -klassen geschrieben, die anderen Wissenschaftlern zur Verfügung gestellt werden soll, um die Entwicklung weiterer Module zu erleichtern (siehe Dissertation Anzola, S. 97 ff.; die Klassenbeschreibungen werden auch komplett im Internet zur Verfügung gestellt). Dazu

gehören unter anderem spezielle mathematische Klassen und Prozeduren und Klassen zur Beschreibung von Pflanzen und deren Elementen.

Der Informationsaustausch zwischen den Modulen findet durch den Austausch von Dateien statt. NEXUS ist in der Lage, verschiedene Formate zu lesen und zu schreiben. Für die Darstellung der Pflanzenstruktur wird ein Standardformat angestrebt, um eben den Austausch von Daten zu vereinfachen. Zur Zeit kommen folgende Formate in Frage:

- Das dtd-Format (descriptive tree data format) von GROGRA. Mit diesem Format lassen sich Baumstrukturen sehr einfach codieren. Außerdem können Zusatzinformationen in Form von Attributen weitergegeben werden.
- Das MTG-Format (Multiscale Tree Graph), entwickelt für die AMAPmod-Abfragesprache AML. Dieses Format ist dem obengenannten ähnlich, aber mit dem Unterschied, dass Informationen in verschiedenen räumlichen Maßstäben dargestellt werden können.

NEXUS ist in der Lage, die verschiedenen Module unter Angabe relevanter Parameter aufzurufen, deren Verhalten zur Laufzeit begrenzt zu steuern, die Ergebnisse zu empfangen und an andere Module weiterzuleiten. Die Kontrolle zur Laufzeit wird mit Hilfe sogenannter „Sockets“ erreicht. Sockets, wie sie hier verwendet werden, sind einfache bidirektionale Datenströme, die zur Weiterleitung von Signalen zwischen zwei oder mehr Programmen dienen. Dies wird in erster Linie dazu benutzt, die Wachstumsmodelle bei jedem Zeitschritt (Wachstumsperiode) so lange anzuhalten, bis die anderen Module Ergebnisse geliefert haben. Es ist möglich, dass verschiedene Module verschiedene Schrittweiten haben, z.B. Jahre für das Wachstum und Tage für die Berechnung der Assimilation. NEXUS hilft dabei, diese miteinander abzustimmen.

Für die Validierung wurden Daten aus Costa Rica und aus Unterlöss, Deutschland, verwendet. Die Daten aus Costa Rica wurden von Dr. Dauzat zur Verfügung gestellt, um die neuen Versionen der Programme MIR, MuSc und HYDRO zu testen. Es wurden meteorologische Daten (Globalstrahlung, PAR, Lufttemperatur, relative Luftfeuchtigkeit und Windgeschwindigkeit über dem Bestand) für einen sonnigen und einen bedeckten Tag im Sommer 1994, sowie Struktur- und Architekturdaten für eine Kaffeepflanze (*Coffea arabica*) verwendet. In Unterlöss, in der Lüneburger Heide, wurden meteorologische Daten für zehn

aufeinanderfolgende Tage im Sommer 2000 gemessen. Außerdem wurde an sieben Eichen (*Quercus* sp.) der Saftfluss gemessen (Kooperation mit Prof. Dr. Jan Čermák, Brno), und die Bäume wurden anschließend kartiert und im dtd-Format codiert.

Unter Verwendung der AMAP-Software wurden virtuelle Szenen hergestellt, in denen die kartierten Bäume und ihre Nachbarn dargestellt werden. Die Szenen wurden benutzt, um die Strahlungsbilanz der einzelnen Bäume unter Berücksichtigung ihrer Umwelt zu simulieren. Die Szenen werden von MIR/MuSc benötigt, um mit der Position der verschiedenen Pflanzen die Beschattung und die Lichtreflexion und -refraktion zu berechnen. Mit diesen Daten berechnet HYDRO die Transpiration und die Assimilation, und anschließend den Wasserfluss. NEXUS liefert die Basisdaten, die HYDRA benötigt, um ebenfalls den Wasserfluss zu berechnen.

Bei diesem Teil des Vorhabens ergaben sich signifikante Probleme organisatorischer Natur. Vor allem durch die voranschreitende Kommerzialisierung der AMAP-Software und durch die damit erhöhten Sicherheitsmaßnahmen wurde der Zugriff auf den Code neuerer Versionen und die Benutzung der Software in anderen Arbeitsgruppen erschwert oder gar unmöglich gemacht. Die aktuelle Version von NEXUS arbeitet nur mit der Version 2.2 von AMAP unter UNIX-Systemen, die nur begrenzt verfügbar ist. Dadurch kann eine effektive Anbindung an diese Software nicht realisiert werden. Außerdem war die Kommunikation zwischen den verschiedenen Programmierern, vor allem mit den Autoren früherer Modellversionen, nicht immer ohne Verzögerungen möglich. Dadurch ergaben sich erhebliche Verspätungen, Komplikationen bei den Programmierarbeiten und die Notwendigkeit, einige Programmteile neu zu schreiben und Lösungen zu improvisieren.

Das Verhalten von Transpirations- und Assimilationsraten und des Wasserflusses wurde verglichen für Bäume verschiedener Größe und für dieselben Bäume unter verschiedenen Wuchsbedingungen:

- freistehend gegen Konkurrenz
- sonnige Tage gegen bedeckte Tage
- meteorologische Daten aus Costa Rica gegen Daten aus Deutschland.

Da die Parametrisierung der Modelle für die Baumart Eiche noch nicht abgeschlossen ist, können noch keine quantitativen Aussagen über die Modelle gemacht werden. Trotzdem zeigt

die Anwendung der Modelle bei unterschiedlichen Wuchs- und Umweltbedingungen qualitative Unterschiede, die vergleichbar mit denen aus der Literatur sind, indem eine Verringerung der Assimilations- und Transpirationsraten und des Wasserflusses bei geringerem Lichtgenuss und geringerer Temperatur stattfindet. Die simulierten Zeitreihen des Baumwasserflusses stimmen in ihrem qualitativen Verlauf gut mit den gemessenen Zeitreihen überein.

Um die bidirektionale Kopplung mit GROGRA zu testen, wurde ein L-System für die Baumart Fichte (*Picea abies* (Karst.) L.) von W. Kurth so modifiziert, dass es auf die Signale von NEXUS reagiert. NEXUS generiert Werte in tabellarischer Form, die von GROGRA gelesen werden und mit Schwellenwerten im L-System verglichen werden. Bei Überschreiten dieser Schwellenwerte ändert sich das Verzweigungsverhalten des simulierten Baumes. Damit lässt sich eine Rückkopplungsschleife zwischen Bestandes-Mikroklima und Wachstum im Modell repräsentieren (vgl. Diss., S. 110 f., insbes. Fig. 5-15).

NEXUS bildet somit einen Grundbaustein für die Modellkopplung. Die Anpassung von existierenden Modellen an neue Baumarten bleibt eine aufwändige Prozedur, die jedoch durch die Anbindung an andere Modelle zukünftig mehr Früchte tragen kann. Ähnliche Bestrebungen, zu einer Vernetzung von Modellen und zu gemeinsamer Datennutzung im Bereich der Pflanzenarchitektur und -physiologie zu kommen, werden international von verschiedenen Arbeitsgruppen vorangetrieben, so von Christophe Godin am CIRAD (Montpellier), C. Messier (Montréal), R. Sievänen (Vantaa). Durch regelmäßige Kontakte, Arbeitsbesuche und Kongressbeiträge sind wir mit diesen Gruppen im Austausch. Das Projekt wurde – aufgrund der erforderlichen engen Abstimmung mit J. Dauzat und Ch. Nouguier – teilweise am CIRAD durchgeführt. Für 2 Arbeitsaufenthalte von G. A. Anzola Jürgenson in Montpellier stellte das CIRAD dankenswerterweise eine Cofinanzierung der durch die Reisen angefallenen Zusatzkosten bereit. Dies und die nahtlose Weiterbeschäftigung unseres Mitarbeiters auf einer Postdoc-Stelle in einem CIRAD-CATIE-Modellierungsprojekt *unterstreicht das aktuelle Interesse*, das dem NEXUS-Ansatz auch von dort entgegengebracht wird und eine kontinuierliche Weiterentwicklung begünstigt. Dies ist ein Vorteil dieses international angelegten Projektes.

Eine wirtschaftliche Nutzung der Ergebnisse des Projekts ist momentan noch nicht vorauszusehen. In einem Nachfolgeprojekt des CIRAD, Frankreich, und des CATIE (Centro

Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza), Costa Rica, soll NEXUS an weitere Modelle angebunden und an anderen, tropischen Baumarten getestet werden.

2.2 Kooperationspartner

(in alphabetischer Reihenfolge)

- J.-F. Barczi, CIRAD, Montpellier (Frankreich)
- Dr. G. Buck-Sorlin, IPK Gatersleben
- Prof. Dr. J. Cermák, Universität Brno (Tschechien)
- Dr. H. Coners, Albrecht-von-Haller-Institut für Pflanzenwissenschaften, Univ. Göttingen
- Dr. J. Dauzat, CIRAD, Montpellier (Frankreich)
- H. Dzierzon, Inst. für Forstliche Biometrie und Informatik, Univ. Göttingen
- Dr. Ch. Eschenbach, Institut für Botanik, Universität Hohenheim
- Dr. Th. Fourcaud, CIRAD, Montpellier (Frankreich)
- Dr. Ch. Godin, CIRAD, Montpellier (Frankreich)
- Prof. Dr. G. Gravenhorst, Inst. für Bioklimatologie, Univ. Göttingen
- Prof. Dr. F. Gruber, Institut für Forstbotanik, Univ. Göttingen
- PD Dr. A. Ibrom, Inst. für Bioklimatologie, Univ. Göttingen
- Dr. F.-J. Knauft, BITÖK, Univ. Bayreuth
- Prof. Dr. Ch. Leuschner, Albrecht-von-Haller-Institut für Pflanzenwissenschaften, Univ. Göttingen
- Dr. E. Nikinmaa, Univ. Helsinki (Finnland)
- Ch. Nouguier, CIRAD, Montpellier (Frankreich)
- O. Panfyorov, Inst. für Bioklimatologie, Univ. Göttingen
- Dr. J. Perttunen, METLA, Vantaa (Finnland)
- Prof. Dr. H. Pretzsch, Lehrstuhl für Waldwachstumskunde, TU München
- Dr. M. Schulte, Inst. für Forstliche Biometrie und Informatik, Univ. Göttingen
- Dr. R. Sievänen, METLA, Vantaa (Finnland)
- U. Singer, Inst. für Forstliche Biometrie und Informatik, Univ. Göttingen

2.3 Qualifikation des wissenschaftlichen Nachwuchses

Im Rahmen des Projekts wurde eine Promotion an der Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie der Georg-August-Universität Göttingen abgeschlossen (Dr. Gustavo A. Anzola Jürgenson, Ergebnis: *magna cum laude*).

3. Zusammenfassung

Die erhöhte Anforderung der modernen Waldwirtschaft und der Wissenschaft machen es erforderlich, Struktur- und Prozessinformationen in geeigneten Modellen miteinander in Wechselwirkung bringen zu können. Dieses wurde anhand der Kopplung unabhängig voneinander konzipierter Modelle zu den Bereichen "strukturelles Kronenwachstum", "Bestandes-Mikroklima" und "Xylemsaftfluss" auf verallgemeinerbare Weise realisiert. Eine Rahmen-Software, genannt NEXUS, wurde für diesen Zweck objektorientiert in der Programmiersprache C++ implementiert und getestet. NEXUS ist eine generische Schnittstelle für Pflanzenmodelle zum Datenaustausch zur Laufzeit. In der aktuellen Version wurden die Modelle GROGRA (W. Kurth, Univ. Göttingen; Wachstum und Architektur) sowie AMAP, HYDRO, MIR und MuSc (CIRAD, Frankreich; Architektur, Wasserfluss, direkte und diffuse Strahlung, Photosynthese) miteinander gekoppelt, die Anbindung des dynamischen Wasserfluss-Simulators HYDRA (T. Früh und M. Schulte, Univ. Göttingen) wurde vorbereitet.

Die Kopplung wurde mit Daten für Kaffeepflanzen aus Costa Rica, die von Dr. J. Dauzat vom CIRAD, Frankreich, zur Verfügung gestellt wurden, validiert. Außerdem wurden Daten für Eiche (*Quercus petraea*) aus der Lüneburger Heide benutzt, die in Kooperation mit Prof. Dr. J. Cermák, Dr. M. Schulte und H. Coners gesammelt wurden. Die Parametrisierung der hydraulischen Architektur der Eiche konnte jedoch nicht komplett abgeschlossen werden. Nach bisherigem Stand scheinen die Simulationsläufe in den gekoppelten Modellen qualitativ korrekt zu sein. Durch den Abschluss in der Parametrisierung für die Eiche in einem parallel begonnenen Projekt wird eine quantitative Validierung erwartet. Außerdem wird die Software in einem Nachfolgeprojekt des CIRAD, Frankreich, und des CATIE (Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza), Costa Rica, an tropischen Baumarten und Kaffeepflanzen angewandt und getestet.

Cottbus, den 29. 5. 2002

Winfried Kurth