

Bachelorarbeit an der Fakultät für Forstwissenschaften und
Waldökologie der Georg-August-Universität Göttingen

Datenanalyse für Strukturmodelle dreier Pappelklone auf Kurzumtriebsplantagen

Data analysis for structural models of three poplar clones on a short rotation
plantation

vorgelegt: 22. Oktober 2014
von: Andrea Plazas Cebrián

Themensteller: Prof. Dr. Winfried Kurth

Mittwoch, 22. Oktober 2014

Danksagung

Allen, die an dieser Arbeit beteiligt sind, möchte ich an dieser Stelle ganz herzlich danken. Mein besonderer Dank gilt Herrn Kurth und Herrn Stiehm, die meine Arbeit betreut haben und mich immer mit ihren Rat und Unterstützung weitergeholfen haben. Bei Herrn Lakämper, Herrn Willems und Herrn Rimmele möchte ich mich bedanken, dass sie mir bei der Datenaufnahme geholfen haben. Auch bei Herrn Ong will ich mich herzlich bedanken, dass er seine Programmierkenntnisse für den Aufbau des Modells eingebracht hat, und bei Frau Graw, die ihr Interesse an dieser Arbeit gezeigt hat. Meinen Eltern und meinen Freunden, im besonderem Anna Coker und Franziska Donath, danke ich für das Korrekturlesen und die stetige Unterstützung meines Studiums.

Kurzumtriebsplantagen (KUP) haben als Ziel, eine effiziente Quelle nachwachsender Rohstoffe in Form von Biomasse zu sein. Dazu sind schnell wachsende Baumarten wie die Pappel geeignet. Auf einer Versuchsfläche des ProLoc Verbundvorhabens, in dem die Klon-Standort-Wechselwirkung in einem Sortenversuch geprüft wird, wurden drei verschiedene Sorten von **Pappelklonen** (MAX1, NE42 und AF2) gepflanzt, geplant ist eine Umtriebszeit von 3 Jahren.

Ziel dieser Arbeit ist es, ein Modell in der regelbasierten Sprache XL auf der **Simulationsplattform GroIMP** aufzubauen, das realistisch die oberirdische Struktur der Klone repräsentiert und das Wachstum für 3 Jahre vorhersagt. Die Hypothese ist, dass es morphologische Unterschiede zwischen den drei Klonen gibt. Dafür wurden Strukturmessungen in einer Stichprobe von 16 Pflanzen pro Klon durchgeführt.

Die Datenaufnahme wurde im **dtd-Datenformat** vorgenommen, die Grundeinheit der Aufnahme entspricht der Wachstumseinheit (WE). Von jeder mit einer Nummer identifizierten WE wird die dazugehörige Information (u.a. Länge, Durchmesser und Internodien-Anzahl) aufgenommen und in einer Zeile der Datei notiert.

Diese Daten dienen als Input für die Statistik-Software R, um die Struktur der Klone zu analysieren. Es werden Methoden der deskriptiven Statistik eingesetzt, um **Korrelationen** (z. B. zwischen Länge einer WE und Internodienanzahl bzw. Durchmesser) zu quantifizieren und **Verteilungen** (z. B. Verzweigungswinkel, Internodien-Anzahl und Längen) anzupassen.

Der nächste Schritt ist, die **Parameter** der angepassten Verteilungen und die **Regressionskoeffizienten** zu kalkulieren. Solche Analysen werden nach Klon, Alter und Verzweigungsordnung aufgeschlüsselt. Die Unterschiede zwischen Klonen wurden durch eine Varianzanalyse geprüft.

Die Ergebnisse der Analyse haben gezeigt, dass diese Methode sich für den Aufbau eines Struktur-Modells eignet. Die Anova-Analyse hat es nicht zugelassen, die Hypothese der morphologischen Unterschiede zwischen Klonen zu bestätigen. Die Verteilung von Internodienanzahl bzw. Länge pro WE lässt sich mit der Anpassung der **negativen Binomialverteilung** beschreiben. Für die Verteilung der Verzweigungswinkel wird die **Normalverteilung** angewendet. Korrelationen zwischen Variablen wie Länge und Durchmesser einer WE oder Internodienanzahl und Anzahl von Seitentrieben wurden nachgewiesen. Gesetzmäßigkeiten und Architekturregeln wie **Ordnungstrend, Alterstrend und Akrotonie** wurden auch bestätigt. Dieses Modell kann man zu einem **Funktion-Struktur-Modell** ergänzen, das uns strukturelle Informationen bietet.

Short rotation plantations have the objective to be an efficient source of renewable resources in form of biomass. For that purpose fast-growing tree species such as poplars are adequate. A sample area of the ProLoc joint research project tests the clone-location interaction in a variety experiment. Here, three different varieties of **poplar clones** (MAX1, NE42 and AF2) were planted and a rotation period of 3 years was planned.

The aim is to build a model in the rule-based language XL on the **simulation platform GroIMP**, which realistically represents the above-ground structure of the clones and predicts growth for 3 years. The hypothesis is that there are morphological differences between the three clones. Therefore, structure measurements were carried out in a sample of 16 plants per clone.

The data acquisition was performed in the **dtd data format**, the basic unit of recording corresponding to the growth unit (GU). For each one, which is identified with a number, the associated information is collected (e.g. length, diameter, and number of internodes) and listed in a line of the file.

These data serve as input for the statistical software R to analyse the structure of the clones. Methods of descriptive statistics are used to quantify **correlations** (e.g. between length of a GU and the number of internodes or diameter) and to adjust **distributions** (e.g. branching angle, number of internodes and length).

The next step is to calculate the parameters of the fitted distributions and the **coefficients of the regressions**. Such analyses are itemised by clone, age and order of branching. The differences between clones were tested using an analysis of variance.

The results of the analysis have shown that this method is suitable for the construction of a structural model. The ANOVA analysis did not confirm the hypothesis that there are morphological differences between the clones. The distribution of number of internodes or length per GU can be described by adjusting the **negative binomial distribution function**. For the distribution of the branching angles, the **normal distribution** is applied. Correlations between variables such as length and diameter of a GU or number of internodes and number of lateral shoots have been verified. Architectural rules like **order trend, age trend and acrotony** were confirmed. This model can be completed to a **functional-structural model**, which provides us structural information.

1. Einleitung	1
2. Material und Methoden	3
2.1. Ansatz der Modellierung	3
2.2. Versuchsanordnung, Messungsmethode und Plausibilitätsprüfung	3
2.3. Von der Datenanalyse zu Modellregeln	9
2.4. Umsetzung der Architektur-Regeln im Modell	15
3. Ergebnisse	19
4. Diskussion	37
5. Anhang	40
6. Literaturverzeichnis	57

1. Einleitung

Das Bevölkerungswachstum und der aktuelle Lebensstandard haben in den letzten Jahrzehnten zu einer Erhöhung der Nachfrage nach Energie geführt und dementsprechend auch zu einem Anstieg ihrer Produktion. Es gibt viele Möglichkeiten, Energie zu gewinnen, die verschiedene Auswirkungen auf die Umwelt haben. Die Verbrennung von fossilen Brennstoffen wie Öl, Gas und Kohle verursacht die Freisetzung von Kohlenstoffdioxid in die Atmosphäre, was den Treibhauseffekt begünstigt. Eine Alternative dazu bieten erneuerbare Energien, die beispielsweise aus nachwachsenden Rohstoffen produziert werden.

An Bedeutung zunehmend sind die Kurzumtriebsplantagen (KUP): eine selbstregenerierende Quelle in Form von Biomasse, die durch Verfeuerung nutzbare Energie freisetzt. Die übliche Umtriebszeit einer KUP beträgt zwischen 3 und 10 Jahre. Nach dieser Zeit erfolgen die Ernte und eine Regenerierung durch Stockausschlag. Baumarten, die besonders geeignete Merkmale für KUP besitzen, sind die Pappel (*Populus* sp.) und die Weide (*Salix* sp.): Schnelles Wachstum in jungen Jahren und hohe Biomasseproduktion; leichte vegetative Vermehrung und Eignung für Niederwald durch schnellen Stockausschlag nach der Ernte; hohe Energiespeicherung pro Gewichtseinheit und genetische Variation, die die Voraussetzung für eine genetische Verbesserung durch Selektion und Züchtung ist. (Ceulemans, 1990)

Um die Wirtschaftlichkeit solcher Plantagen zu sichern, werden verschiedene Arten und Klone in Feldversuchen untersucht, um zu bestimmen, welche bessere Erträge bei definierten bioklimatischen Standortbedingungen zeigen. Eine effiziente Produktion wird dadurch angestrebt, dass die erzeugte Biomasse pro Jahr und ha maximiert werden soll. Um dieses Ziel zu erreichen, werden u.a. Funktions-Struktur-Modelle eingesetzt, die einige Einflussfaktoren des Wachstums für die Baumarten auf physiologischer und morphologischer Ebene berücksichtigen (Buck-Sorlin et al., 2006). Die Identifizierung der Gene, die diese Aspekte beeinflussen, ermöglicht eine gezielte genetische Selektion durch Züchtung der Pappel- und Weiden-Klone und dadurch eine ertragsoptimierte Bewirtschaftung.

Die Bedeutsamkeit, morphologische Merkmale zu erforschen, die die Architektur der Pflanze definieren, ist durch Studien nachgewiesen worden, die deren Einfluss auf Lichtinterzeption und letztendlich auf Kohlenstoffassimilation und Konversion zu Biomasse demonstrieren. Von besonderer Bedeutung ist die Kronenarchitektur (Heilman et al., 1996). Aus diesem Grund ist es sinnvoll, deren Komponenten zu beschreiben und zu quantifizieren, um die Produktion von KUP zu optimieren. Solche Komponenten sind Astmerkmale wie Winkel, Länge, Durchmesser, Anzahl und Verteilung, die eine wichtige Rolle bei der Bestimmung der Kronenarchitektur und der Kronenschlussdichte spielen (Ceulemans, 1990).

Die Pappel hat eine Kronenstruktur, die dem Architekturmodell RAUH entspricht. Man kann die Pappel als typische Lichtbaumart bezeichnen, da sie eine nach oben senkrechte Orientierung der Äste, Triebe und Blätter aufweist. Dieses Phänomen wird

orthotropes Wachstum genannt und hat zur Folge, dass die Pappel viel Lichtstrahlung bis zum Boden durchlässt und gleichzeitig viel Licht braucht, weil die Stellung ihrer Blätter nicht optimal für die Strahlungsaufnahme ist (Bartels, 1987).

Schon 1990 wurde vom CIRAD (Montpellier) ein Modell aufgebaut, das die Architektur und das Wachstum von *Populus nigra* simulierte. Hier wurden die architektonischen Parameter wie Wachstum und Verzweigung für jeden Klon bestimmt, was es möglich gemacht hat, das Management der Plantagen für bestimmte Standortbedingungen zu optimieren und die Produktion in Masse und Qualität zu evaluieren (Caraglio et al., 1990).

Obwohl die Vorgehensweise dieses Modellaufbaus noch heute als Grundlage dienen kann, ermöglichen aktuelle Softwares wie R und GroIMP eine Vereinfachung der Datenanalyse und eine wirklichkeitsnahe Simulation. Ziel dieser Bachelorarbeit ist der Aufbau eines Modells in der regelbasierten Sprache XL auf der Simulationsplattform GroIMP, das realistisch die Struktur von drei Pappel-Klonen repräsentiert und das Wachstum für drei Vegetationsperioden vorhersagt. Konkret soll das Modell den Stockausschlag, das Längen- und Dickenwachstum und die Verzweigung wiedergeben. Die Bausteine dieses Strukturmodells sind die Internodien und die Knospen. Da die Messungen an den Bäumen im Winter durchgeführt wurden, werden die Blätter nicht behandelt. Die untersuchte Plantage mit den drei Hybriden (Max1, NE-42 und AF2) befindet sich auf einer Acker-Versuchsfläche und wird mit einer Umtriebszeit von drei Jahren bewirtschaftet.

Die Daten, die bei dem Feldversuch aufgenommen wurden, werden durch statistische Methoden mit der Software R analysiert, um die Struktur-Regeln der Morphologie zu bestimmen und die Parameter des Modells zu quantifizieren. Diese sollten sich für jeden Klon unterscheiden, was die Hypothese dieser Arbeit bestätigen würde: zwischen den drei Klonen sind morphologische Unterschiede vorhanden. Die durch Unterschiede in der Parametrisierung möglichen Kronenform-Abweichungen kann man bei der Simulation in GroIMP veranschaulichen.

2. Material und Methoden

2.1. Ansatz der Modellierung

Die Modellierung der Architektur einer Pflanze hat als Ziel, deren Variabilität und Entwicklung zu quantifizieren und vorherzusagen. Der scheinbaren Komplexität der Pflanzenarchitektur muss nicht eine komplexe Modellierung entsprechen. Die Struktur der Pflanze und ihre Zustandsänderung werden mittels einfacher Regeln erfasst. Diese enthalten bestimmte Parameter, die mithilfe der deskriptiven Statistik aus Messdaten ermittelt werden. Solche Analysen werden für jeden Klon durchgeführt und beispielsweise nach Alter und Verzweigungsordnung aufgeschlüsselt (Caraglio et al. 1990).

Um diese Aufgabe zu vereinfachen, beschreibt man die Struktur einer Pflanze durch ihre Grundeinheiten. In diesem Fall handelt es sich um die Wachstumseinheiten (WE). Eine WE ist ein Abschnitt einer Sprossachse, der im Verlauf einer ununterbrochenen Wachstumsphase entstanden ist. Wenn es mehrere Wachstumsphasen innerhalb eines Jahres gibt, spricht man von Polyzyklismus oder Johannestrieben. Bei den hier untersuchten Pappelpflanzen wurde dieses Phänomen nicht beobachtet. Daher sind in dieser Untersuchung die WE identisch mit den Jahrestrieben.

Die Charakterisierung einer WE erfolgt durch die Zuteilung von Variablen, die an den Pflanzen der Versuchsfläche messbar sind. Das sind Größen, die uns Information über die Morphologie der einzelnen WE geben, wie z. B. die Länge, die Internodienzahl, der Durchmesser, der Verzweigungswinkel usw.

Es werden Korrelationen (z. B. zwischen Länge einer WE und Internodien-Anzahl bzw. Durchmesser) quantifiziert und Verteilungen (z. B. Verzweigungswinkel, Internodien-Anzahlen und Längen) durch Modellverteilungen angepasst. Der nächste Schritt ist, die Parameter der angepassten Verteilungen und die Regressionskoeffizienten zu kalkulieren.

Allgemeine Gesetzmäßigkeiten des Pflanzen-Wachstums und ihrer Architektur werden auch untersucht. Die Information, die sie liefern, nutzt das Modell, um die Änderung des Zustands einer WE zu definieren. Zu diesen Gesetzmäßigkeiten gehören morphogenetische Trends wie die Akrotonie, der Alters- und der Ordnungstrend, außerdem der Verlauf des Durchmesserzuwachses.

2.2. Versuchsanordnung, Messungsmethode und Plausibilitätsprüfung

Die Versuchsfläche befindet sich in Nordhessen in Nähe der Ortschaft Unterrieden (bei Witzenhausen) bei den Koordinaten 51° 20' 40'' N 9° 53' 25'' O. Die Vornutzung ist Ackerbau und der Bodentyp ist Braunerde. In der Vegetationsperiode beträgt die Temperatur 15,6 °C und der Niederschlag 308 mm im langfristigen Mittel.

Die Größe der Versuchsfläche ohne den 5 m breiten Rand beträgt 2250 m² und befindet sich auf einer Höhe von 140-145 m ü.NN. Sie ist in 20 randomisierte Einzelparzellen aufgeteilt, die 9 x 10 m groß sind und auf denen je 100 Pflanzen in

einem Pflanzenverband von 0,5 x 1,8 m gepflanzt wurden. Folglich handelt es sich um 2000 Pflanzen pro Versuchsfläche. Es werden fünf Klone berücksichtigt, die in vier Wiederholungen auf die Einzelparzellen verteilt sind (siehe Abb. 1). Das entspricht 400 Pflanzen pro Klon auf der Versuchsfläche. Es handelt sich um 3 Pappelklone und 2 Weidenklone (Inger und Tordis). Die 3 Pappel-Sorten, die in der Analyse betrachtet werden sind „MAX-1“ (Klon 1), „NE-42“ (Klon 2) und „AF2“ (Klon 3).

Die Kreuzungen, aus denen sie entstanden sind, und ihre Sektionen sind die folgenden (Gallardo, 2014):

- MAX-1: *P. nigra* L. x *P. maximowiczii*, Sektion Maxein;
- NE-42: *P. maximowiczii* x *P. trichocarpa*, Sektion Meggyleveln;
- AF2: *P. nigra* x *P. deltoides*, Sektion Aigeiros.

Die Versuchsfläche befindet sich zum Zeitpunkt der Messungen am Ende des zweiten Umtriebs, die Wurzelbiomasse ist damit max. 6 Jahre alt, der Aufwuchs (oberirdische Biomasse) ist max. 3 Jahre alt.

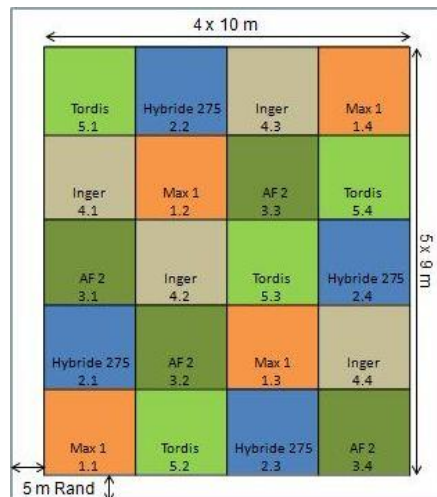


Abb.1: Aufbau der Versuchsfläche (Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, 2014).

Die Kennzeichnung der Einzelparzellen erfolgt durch eine Prüfgliednummer. Die erste Zahl entspricht dem Klon und die zweite Zahl der Wiederholung. Zusätzlich wird jeder Baum innerhalb der Klone in Abhängigkeit von seinem Pflanzplatz durchnummeriert (vgl. Tab. 1).

Prüfgliednummer	Klon	Wdh. Lfd.	Baumnummer	Identnummer
1.1	Max 1	1	1 bis 48	1.1 - 1 bis 48
1.2	Max 1	2	49 bis 96	1.2 - 49 bis 96
1.3	Max 1	3	91 bis 144	1.3 - 97 bis 144
1.4	Max 1	4	145 bis 192	1.4 - 145 bis 192
2.1	Hybride 275	1	1 bis 48	2.1 - 1 bis 48
2.2	Hybride 275	2	49 bis 96	2.2 - 49 bis 96
2.3	Hybride 275	3	91 bis 144	2.3 - 97 bis 144
2.4	Hybride 275	4	145 bis 192	2.4 - 145 bis 192
3.1	AF 2	1	1 bis 48	3.1 - 1 bis 48
3.2	AF 2	2	49 bis 96	3.2 - 49 bis 96
3.3	AF 2	3	91 bis 144	3.3 - 91 bis 144
3.4	AF 2	4	145 bis 192	3.4 - 145 bis 192
4.1	Inger	1	1 bis 48	4.1 - 1 bis 48
4.2	Inger	2	49 bis 96	4.2 - 49 bis 96
4.3	Inger	3	91 bis 144	4.3 - 91 bis 144
4.4	Inger	4	145 bis 192	4.4 - 145 bis 192
5.1	Tordis	1	1 bis 48	5.1 - 1 bis 48
5.2	Tordis	2	49 bis 96	5.2 - 49 bis 96
5.3	Tordis	3	91 bis 144	5.3 - 91 bis 144
5.4	Tordis	4	145 bis 192	5.4 - 145 bis 192

Tabelle 1: Benennungsschema der Versuchspflanzen (Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, 2012).

Die Versuchspflanzen bestehen aus ihrem Haupttrieb und den zusätzlichen, von der Basis (Wurzelstock) ausgehenden und als Stockausschlag oder Nebentriebe bezeichneten Achsen. Als „Triebe“ bezeichnen wir im Folgenden alle von der Basis ausgehenden Achsen einer Pflanze (Haupttrieb und Nebentriebe). Die Strukturmessungen wurden in einer Stichprobe von 16 Pflanzen pro Klon durchgeführt. Obwohl diese Zahl zu klein für eine Stichprobe erscheinen kann, ist das nicht der Fall, da die Aufnahmemethodik, die benutzt wurde, die Wachstumseinheiten (WE) als Grundeinheiten betrachtet. Dementsprechend teilt man jede Pflanze in ihre WE, die der Grundstein der Analyse und des Strukturmodells sind. Die Pflanzen wurden komplett von den basalen WE bis zur Krone gemessen, was eine umfangreiche Stichprobe erzeugt.

Diese Aufteilung der Pflanze in WE ist eine Voraussetzung für die Verwendung des dtd-Datenformats (descriptive tree data format), anhand dessen die Daten einer Pflanzenstruktur codiert werden und auf diese Weise für die Softwaresysteme Grogra und GroIMP lesbar sind.

Jeder Trieb wird mit einer Etiketle nummeriert. Die WE des Triebes einschließlich Seitenverzweigungen werden mit einer Nummer gekennzeichnet und dadurch identifiziert. Bei der Zuweisung dieser Identifikatoren muss keiner bestimmten Ordnung gefolgt werden. Das einzige, was man beachten sollte, ist, dass die Mutter-WE vor ihren inserierten WE (das bedeutet, ihrer Verlängerung oder ihren Seitenzweigen) erfasst werden. In jede Zeile der Datei wird die Prüfgliednummer, die Baumnummer, die Trieb-Nummer, die WE-Nummer und die WE-Nummer der Mutter-WE aufgeschrieben.

Somit wird die Pflanzenstruktur dadurch beschrieben, dass man eine statische Aufnahme der Werte und Daten jeder WE erhebt. Es handelt sich um keine Entwicklung der Struktur in der Zeit.

Die Aufnahmemethodik ist in drei Varianten zu unterscheiden:

Variante 1

Die *detaillierte morphologische Datenaufnahme* wurde an 4 dreijährigen Pflanzen pro Klon durchgeführt. Der durch Zufallsverfahren (Würfel) gewählte Baum wurde aus verschiedenen Blickwinkeln fotografiert. Als Referenz wurde die Nord-Richtung mit einem Pflock markiert. Zusätzlich wurde eine topologische Skizze von jedem Trieb gezeichnet.

Die Gesamthöhe des Baumes wurde mit einem Messstab gemessen. Der Basisdurchmesser in Höhe 0 aufgenommen ergibt sich als Mittelwert von zwei zueinander senkrechten und mit einem digitalen Messschieber aufgenommenen Durchmesser-Messungen. Jedem Trieb einer Pflanze wurde eine Nummer zugewiesen. Die kleinen Triebe, die man ohne Schwierigkeiten am stehenden Baum untersuchen kann, haben wir auf diese Weise erfasst. Die stärkeren Triebe, die zu groß sind, um die Messungen direkt am Baum durchzuführen, wurden gefällt und an zwei Pflöcken befestigt. In beiden Fällen wurde jede WE mit nummerierten Etiketten identifiziert. Dafür musste man bei WE, die eine Verlängerung sind, auf die Grenze zwischen den Jahrestrieben (Triebbasisnarbe) achten.

Die Daten wurden in eine Tabelle eingetragen, die dem dtd-Datenformat folgt und die folgenden Spalten hat (siehe Tabelle 2):

<u>Variable</u>	<u>Beschreibung</u>
Klon	Klonnummer
Wdh	Wiederholungsnummer
Baum	Pflanzplatz
Trieb	Triebnummer
WE	Wachstumseinheitnummer
L	Länge der WE in mm (mit Metermaß gemessen)

Mother	Name der WE der Mutter, wird nach dem Symbol „#“ notiert; nur bei der Basis-WE, die keine Mutter hat, wird das Symbol ## benutzt
A	Ansatzhöhe in mm (mit Metermaß gemessen). Dies ist der Abstand von der Basis der Mutter-WE, bei dem die behandelte WE austreibt. Diese Zahl wird bei der ersten WE der Seitenzweige notiert. Bei WE, die eine Verlängerung ihrer Mutter sind, also zu der gleichen Verzweigungsordnung gehören, wird nichts notiert
V	Wenn es sich um eine Verlängerungs-WE handelt, wird eine 1 geschrieben
R	Richtungsangabe nach Sektoren. Um diese zu bestimmen, muss man sich vorstellen, dass man senkrecht nach oben in die Wuchsrichtung der Mutterachse blickt. Dann sieht man die räumliche Orientierung von jedem Seitentrieb. Der Raum wird in 8 Sektoren geteilt. Sektor 1 steht für „oben“, Sektor 3 für „rechts“, Sektor 5 für „unten“ und Sektor 7 für „links“. Die übrigen Nummern entsprechen den Zwischenräumen, z. B. steht Sektor 2 für „oben rechts“. Je nach Position wird jeder Seiten-WE eine Nummer zugeordnet. Bei den ersten Wachstumseinheiten, die in der Regel senkrecht nach oben wachsen, nimmt man die Nordrichtung als Sektor 1
W	Verzweigungswinkel zur Mutter-WE in Grad, mit Winkelmesser aufgenommen. Im Fall einer Verlängerung der Mutter-WE entfällt die Messung normalerweise. Eine Ausnahme kann man machen, wenn bei der Verlängerungs-WE ein deutlicher Winkel zu ihrer Mutter-WE vorkommt.
E	Anzahl der Internodien der WE
K	Anzahl der lebenden Knospen der WE
D	Mittendurchmesser der WE in mm
Neo	Länge in mm des neoformierten Abschnitts, sofern freies Wachstum feststellbar
Bemerkungen	Hier werden sonstige Anmerkungen notiert, wie zum Beispiel abgestorben, abgebrochen oder Spitze abgerissen.

Tabelle 2: Aufgenommene Daten in der dtd-Datenformat-Tabelle.

Variante 2

Die spezifischen *Messungen zum Stockaustrieb* wurden an 4 dreijährigen Pflanzen pro Klon durchgeführt. Die Auswahl erfolgte so, dass diese Bäume möglichst eine verschiedene Anzahl von Nebentrieben besitzen. Jeder Stockaustrieb wurde in WE eingeteilt, und davon wurde die Länge, der Mittendurchmesser, die Internodien-Anzahl und die Seitenzweig-Anzahl erhoben.

Variante 3

Die *summarische Datenaufnahme* erfolgte an 8 weiteren Pappel-Pflanzen pro Klon. Für den Haupttrieb wurde die spezifische Datenaufnahme durchgeführt, und von den restlichen Stockausschlägen wurde deren Anzahl notiert und die Gesamtlänge und der Mittendurchmesser pro WE gemessen.

Nach dem Eintippen der Daten in Excel-Tabellen nach dem dtd-Datenformat wurden sie in die Statistik-Software R eingelesen. Vor dem Beginn der eigentlichen Analyse ist es sinnvoll, zu kontrollieren, ob die Daten plausibel sind. Die Plausibilitätsprüfung ermöglicht, dass die eigentliche Analyse effizient abläuft und verlässliche Ergebnisse liefert. Um die Plausibilitätsprüfung durchzuführen, wurden Kriterien entwickelt, die erfüllt sein müssen, damit die Daten als valide angesehen werden. Diese waren:

- Der Datentyp jeder Variable ist zu überprüfen. Zum Beispiel sollte der Datentyp der WE-Längen integer (ganze Zahl) sein und der der Verlängerungs-Angaben logical, weil sie nur 1 (TRUE) oder 0 (FALSE) als Werte annehmen.
- Die Werte bei den Variablen Klon, Wiederholung und Baum müssen denen aus der Nummerierung der Fläche entsprechen.
- Die Nummern der WE sollen immer positive Werte sein.
- Bei der Länge der WE soll der Bereich überprüft werden, es sollen keine negativen Werte, keine 0 und keine NA(not available)-Werte enthalten sein.
- Die Mutter-WE soll immer vorhanden sein und positive Werte enthalten. Eine Ausnahme gibt es bei der ersten (basalen) WE eines Triebes. Die basalen WE sind bei unseren Versuchspflanzen durch ein Alter von 3 Jahren charakterisiert.
- Bei der Ansatzhöhe muss man auf Verschiedenes achten: Der Bereich muss überprüft werden, es sollen keine negative Werte oder 0 zu finden sein. Der Wert darf nicht die Länge der Mutter-WE übersteigen. Wenn keine Angabe vorliegt (NA), dann muss bei „Verlängerung“ eine 1 stehen. Eine Ausnahme finden wir wieder bei den WE, die 3 Jahre alt sind, weil sie keine Verlängerung einer anderen WE sind, sondern selbst die erste WE des Triebes sind, und sie haben auch keine Ansatzhöhe, weil sie keine Mutter-WE haben.
- Die Richtungs-Angaben nach Sektoren (R) sollen zwischen 1 und 8 liegen. Wenn R eine 0 oder eine NA zeigt, dann muss bei „Verlängerung“ (V) eine 1 stehen.
- Die Verzweigungswinkel-Werte (W) sollen zwischen 0 und 180 liegen. Eine NA-Angabe bedeutet, dass die WE eine Verlängerung sein soll.

- Die Anzahl der abgestorbenen Knospen darf nicht größer als die Anzahl der Internodien einer WE sein.
- Der Bereich der Durchmesser-Werte soll überprüft werden (größer als 0, kleiner als ein für die Versuchspflanzen plausibler Maximaldurchmesser).

Eine andere Methode, die Plausibilität der Daten zu überprüfen, war die Suche in den Streudiagrammen nach Punkte, die sich auffallend weiter weg von der Punktwolke befanden. Ausreißer in der Datenmenge wurden darauf kontrolliert, ob es sich um Übertragungsfehler handelt bei Bedarf korrigiert. Unplausible Werte, die auf den Aufnahmebögen so notiert waren, hat man als Aufnahmefehler bemerkt und aus der Analyse entfernt.

2.3. Von der Datenanalyse zu Modellregeln

Wie vorher erwähnt wurde, werden die zu analysierenden Daten der WE nach Alter und Verzweigungsordnung aufgeschlüsselt. Da bei der Datenaufnahme diese Werte nicht notiert wurden, haben wir in der Statistik-Software zwei Funktionen neu programmiert, die für jede WE die beiden fehlenden Größen ermitteln und in zwei neuen Spalten notieren. Auf diese Weise ist die Unterteilung des Datensatzes nach Ordnung und Alter möglich.

Bei der Bestimmung des Alters beginnen wir mit den ältesten Wachstumseinheiten, die bei unseren Versuchspflanzen 3 Jahre alt sind. Die Bedingung, damit eine WE das Alter 3 bekommt, ist, dass sie keine „Mutter“ hat, das bedeutet, dass sie die erste WE des Triebes ist. Man bildet eine neue Spalte „age3“, in der bei den WE, die dieses Alter haben, eine „3“, und bei den restlichen ein „NA“ notiert wird. Jede WE wurde mit einer „id-Nummer“ und einer „id-Mother-Nummer“ identifiziert, die auch in zwei neuen Spalten aufgelistet sind. Die „id-Nummer“ entspricht der Prüfgliednummer (Klonnummer+Wiederholung), dem Pflanzplatz, der Triebnummer und der WE-Nummer. Die „id-Mother-Nummer“ ist aus den gleichen Nummern wie die „id-Nummer“ zusammengesetzt außer der „WE-Nummer“, die durch „WE-Mutter“ ersetzt wird. Diese Identifizierungen verwendet man, um das Alter mit einer Bottom-up-Analyse zu bestimmen. Durch die R-Funktion „subset“ hat man die WE mit Alter 3 ausgewählt, deren „id-Nummer“ vorgemerkt und die WE gesucht, die als „id-Mutter“ diese „id-Nummer“ haben. Diese entsprechen den „Tochter-WE“ der WE mit Alter 3 und sind dementsprechend zwei Jahre alt. Bei solchen WE wird in eine neue Spalte des Datenblattes eine „2“ geschrieben. Das gleiche Vorgehen wurde eingesetzt für die WE, die ein Jahr alt sind, und auch für diese wurde eine neue Spalte erzeugt. Abschließend werden die drei Spalten für die drei möglichen Altersstufen in eine Spalte „age“ zusammengefasst.

Die WE können noch in 3 Ordnungen differenziert werden: zur Ordnung 0 gehören die WE, die jeweils die zentrale Achse eines Triebes bilden. Das sind die erste WE eines Triebes und ihre Verlängerungen. Die WE, die eine Verzweigung darstellen und von einer WE der Ordnung 0 ausgehen, werden der Ordnung 1 zugeordnet. Analog zählen die Verzweigungen von WE der Ordnung 1 zur Ordnung 2, usw. (Höhere Ordnungen als 2 treten bei unseren Versuchspflanzen nicht auf.)

Die Ordnungsfunktion orientiert sich an drei Eigenschaften einer WE, um sie in die richtige Ordnung einzusortieren: das Alter, ob es sich um eine Verzweigung oder eine Verlängerung handelt, und die Ordnung der Mutter-WE.

Zuerst wird ein neues Objekt „age3“ gebildet, indem die WE mit Alter 3 ausgewählt werden. Ihre „id-Nummern“ werden dann im Datenblatt „mydata“ gesucht, und in eine neue Spalte „ord0a“ wird vorgemerkt, dass diese WE zur Ordnung 0 gehören (vgl. Abbildung 2).

Eine ähnliche Vorgehensweise setzt man bei den WE ein, die 2 Jahre alt sind und zur Ordnung 0 zählen. Nachdem die WE mit Alter 2 in einem Objekt „age2“ ausgewählt wurden, werden wiederum von diesem Objekt die WE, die eine Verlängerung sind ($V=1$), selektiert und der Ordnung 0 zugewiesen. Die neue Spalte, wo dies notiert wurde, heißt „ord0b“.

Man kann nochmals diese Methode der Identifizierung durch Alter und Verlängerung für eine dritte „Art“ von WE benutzen, nämlich für diejenigen, die zwei Jahre alt sind und die Ordnung 1 haben: das sind die Verzweigungen der WE mit Alter 3. Dafür werden im Objekt „age2“ die WE ausgewählt, die keine Verlängerung sind ($V=0$). Demzufolge sind diese die Seiten-WE, die 2 Jahre alt sind, gehören zur Ordnung 1 und werden in der Spalte „ord1a“ vermerkt.

Die WE, die jetzt noch nicht einer Ordnung zugewiesen wurden, sind ein Jahr alt, und man kann sie in „Verlängerungen“ und „Seitentriebe“ unterscheiden. Trotzdem reicht das nicht, um ihre Ordnung zu bestimmen, denn eine einjährige WE, die eine Verlängerung einer anderen WE ist, kann entweder zur Ordnung 0 oder zur Ordnung 1 gehören. Das gleiche geschieht bei den einjährigen WE, die eine Verzweigung sind: diese Merkmale treffen sowohl für WE der Ordnung 1 als auch für WE der Ordnung 2 zu (vgl. Abbildung 3). Aus diesem Grund geht man bei der Identifizierung der Ordnung der restlichen WE anders vor: Die einjährigen WE werden zwei verschiedenen Objekten zugewiesen, die den beiden Gruppen „Verlängerungen“ und „Seitentriebe“ entsprechen. In beiden Objekten wird dann die gleiche Strategie benutzt, indem man die „Mutter-WE“ in einem Objekt identifiziert und deren Ordnung in einer neuen Spalte „Ordnung der Mutter“ vormerkt. Dadurch kann man in Abhängigkeit von der Ordnung der Mutter-WE die Ordnung der aktuellen WE festlegen. Zum Beispiel gehören bei den einjährigen WE, die eine Verlängerung sind, diejenigen, die eine Mutter mit der Ordnung 0 haben, auch zur Ordnung 0, und diejenigen mit einer Mutter der Ordnung 1 zur Ordnung 1. Bei den einjährigen WE, die eine Verzweigung sind, geschieht das gleiche, nur dass die aktuellen WE zu einer höheren Ordnung als ihre Mutter-WE gehören. Das bedeutet, dass eine Verzweigungs-WE, die ein Jahr alt sind und deren Mutter-WE die Ordnung 1 vorweist, zur Ordnung 2 gehört, und eine, bei der die Mutter die Ordnung 0 hat, wird der Ordnung 1 zugeteilt. Auch hier werden die Ordnungen in einer Spalte vorgemerkt.

Der letzte Schritt besteht darin, die neu gebildeten Spalten mit Zuweisungen der Verzweigungsordnungen in eine einzige „Ordnung-Spalte“ zu integrieren.

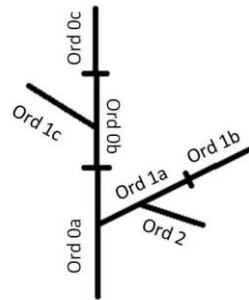


Abb. 2: Skizze der Verzweigungsordnung der WE.

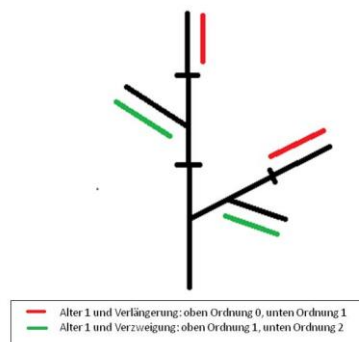


Abb. 3: Überblick der WE, bei denen die Ordnung der Mutter-WE als Faktor für die Zuweisung der Verzweigungsordnung benutzt wird.

Die Analyse der Daten kann man in Verteilungen, Korrelationen und Analyse morphogenetischer Trends aufteilen.

Die Verteilungen der drei Variablen Länge, Internodien-Anzahl und Verzweigungswinkel pro WE werden in ein Balkendiagramm mittels der R-Funktion `hist()` gezeichnet. Diese Darstellung ermöglicht die Einschätzung einer oder mehrerer Verteilungsfunktionen (Modellverteilungen), die eine gute Anpassung an die abgebildete, empirische Verteilung des Datensatzes bieten könnten. Die für eine Modellverteilung charakteristischen Parameter werden für die verschiedenen Versuchspflanzen kalkuliert oder geschätzt. Die Güte der Anpassung wird quantifiziert und bewertet mithilfe der Akaike Informationskriterium (AIC). Dieser gibt einen AIC-Wert zurück, der klein sein soll, um eine gute Anpassung bei gleichzeitig niedriger Anzahl an beschreibender Variablen abzusichern. Mit dieser Methode kann man bestimmen, welche Verteilungsfunktion eine beste Anpassungsmöglichkeit bietet und wie sich die Qualität der Anpassung für die verschiedenen Unterteilungen ändert (Zeileis et al., o.j.).

Die Verteilung der Internodienanzahl bzw. Längen pro WE nach Klon, Alter und Verzweigungsordnung wird in einem Diagramm dargestellt. Man kann auf dieser Weise auf den ersten Blick schon die verschiedene Form der Verteilungen nach Klon, Alter und Verzweigungsordnung erkennen.

Die Abbildung der Verteilung der Verzweigungswinkel (Abbildung 7) zeigt beispielsweise, dass sich diese gut durch eine Normalverteilung beschreiben lässt. Um diese Beobachtung graphisch zu bestätigen, bietet sich die Funktion `qqnorm()` an, die ein Quantil-Quantil-Diagramm erzeugt, auf dessen x-Achse die theoretischen Quantile der Normalverteilung und auf dessen y-Achse die Quantile der beobachteten Verteilung abgebildet werden. Wenn diese Darstellung annähernd eine Gerade bildet, kann man davon ausgehen, dass die Verteilung der Verzweigungswinkel-Daten ähnlich einer Normalverteilung ist (Nuske et al. 2011).

Eine andere Möglichkeit, die Güte der Anpassung zu testen, ist die Untersuchung ihrer Parameter. Die Normalverteilung wird durch den Mittelwert und die Standardabweichung beschrieben. Die beiden Größen können für einen bestimmten Datensatz mit den R-Funktionen `mean()` und `sd()` berechnet werden. Zusätzlich kann man von dem gleichen Datensatz diese Parameter auf eine andere Weise berechnen, nämlich mittels der R-Funktion `fitdistr()`, die die Maximum-Likelihood-Methode umsetzt. Diese Methode schätzt für die ausgewählten Daten die Parameter der selektierten Verteilungsfunktion, bei denen es am wahrscheinlichsten ist, eine solche empirische Verteilung zu erhalten. Anschließend kann man die Parameter, die durch die Maximum-Likelihood-Methode kalkuliert wurden, mit denen vergleichen, die einfach durch die Bildung des Mittelwertes und der Standardabweichung der Daten berechnet wurden.

Die Verteilung der einzelnen Triebe, also der Stockausschläge, wurde auch auf zwei verschiedene Weisen dargestellt, um die Gesetzmäßigkeiten der Differenzierung innerhalb der Stockausschläge zu untersuchen. In der x-Achse werden die WE von den einzelnen Trieben nach abnehmender Länge bzw. Internodienanzahl abgebildet (Längenrang bzw. Internodienanzahl-Rang der WE) und der y-Achse entspricht die WE-Länge in mm oder die WE-Internodienanzahl.

Einmal wurden die vier unterschiedlichen Individuen desselben Klons im gleichen Diagramm dargestellt. Dafür wurden die WE, die drei Jahre alt sind, ausgewählt, weil sie den ersten WE von jedem Trieb entsprechen. Das hat drei Diagramme für die drei Klone ergeben, wo man auf einen Blick beobachten kann, ob eine ähnliche Verlaufsform sichtbar ist.

In der zweiten Darstellung hat man innerhalb von jedem Individuum die unterschiedlichen WE-Alter der Verzweigungsordnung 0 im selben Diagramm repräsentiert, so dass man erkennen kann, ob die Form des Verlaufs steiler wird, was bedeuten würde, dass das Wachstum bei den langen Achsen überproportional ist auf Kosten der kürzeren.

Der Zusammenhang zwischen einer abhängigen Variable (y-Achse) und einer unabhängigen Variable (x-Achse) wird in einem Streudiagramm durch die Funktion `plot()` abgebildet. Um die lineare Korrelation zwischen beiden Variablen zu quantifizieren, benutzt man die Funktion `cor()`, die einen Korrelationskoeffizienten in

Prozente zurückgibt. Wenn man eine hohe Korrelation zwischen den Variablen bestätigen kann, passt man als nächstes ein lineares Modell mit der Funktion „ $y = xb + e$ “ an die Punktwolke an. Die Funktion `lsfit()` kalkuliert die Steigung b und den Interzept e . In manchen Fällen ist es sinnvoll, den Interzept 0 zu erzwingen, zum Beispiel bei der Korrelation zwischen Länge und Internodien-Anzahl einer WE, wo eine Länge 0 die Internodien-Anzahl 0 nach sich ziehen sollte. Wenn die Parameter der angepassten linearen Funktion bekannt sind, kann man diese in der ursprünglichen Graphik durch die Funktion `abline()` darstellen, so dass man in derselben Graphik die Daten-Punktwolke und das angepasste Modell hat.

Auf diese Weise wird die Korrelation zwischen folgenden Variablen untersucht:

- Internodienanzahl und Länge einer WE
- Anzahl der Seitentriebe und Länge einer WE
- Anzahl der Seitentriebe und Internodien-Anzahl einer WE
- Länge des Haupttriebes und Anzahl der von der Basis ausgehenden Triebe des Individuums (Stockauschlag)
- Durchmesser und Länge einer WE für Alter 1
- Durchmesser und Länge einer WE für Alter 2 und 3

Für die Modellierung einer Pflanze sind die Gesetzmäßigkeiten des Wachstums und der Architektur wichtig. Um das sekundäre Dickenwachstum zu quantifizieren, bestimmt man den durchschnittlichen Jahres-Dickenzuwachs, differenziert nach Alter, Klon und Verzweigungsordnung. Wichtige morphogenetische Gradienten, die die Kronenarchitektur beeinflussen, sind der Ordnungstrend, der Alterstrend und die Akrotonie.

Der durchschnittliche Jahres-Dickenzuwachs einer WE entspricht der Division von deren Durchmesser durch ihr Alter für Alter 2 und 3. Die Aufschlüsselung nach Klon und Ordnung für diese Variable erfolgt durch die Bildung des Mittelwertes der Durchmesserzuwächse der WE, die zu einem bestimmten Klon und einer bestimmten Verzweigungsordnung gehören.

Die durchschnittliche Internodienlänge wird pro WE als Quotient aus Länge und Internodien-Anzahl ermittelt. Die Aufteilung nach Klon und Ordnung erfolgt auf die gleiche Weise wie beim durchschnittlichen Durchmesserzuwachs.

Die durchschnittliche Anzahl lebender bzw. abgestorbener Knospen an WE des Alters 1 wird als Mittelwert pro WE für jeden Klon gebildet.

Der Ordnungstrend beschreibt das Phänomen, dass die WE, die eine Seitenverzweigung darstellen, systematisch kürzer als ihre Mutter-WE sind. Der Alterstrend stellt eine Längenabnahme der WE auf derselben Achse im Zusammenhang mit ihrem Alter dar.

Beide Trends werden quantifiziert, indem man durch ein Box-Plot-Diagramm die WE-Länge bzw. Internodienanzahl verschiedener Verzweigungsordnungen bzw. Altersstufen vergleicht.

Die Akrotonie beschreibt einen Längentrend entlang einer Muttereinheit, wo das Längenwachstum der Seiten-WE zur Spitze der Mutter-WE hin gefördert wird. Dieses

Phänomen könnte man durch eine Funktion beschreiben, deren zwei Parameter (Steigung und Interzept) den Grad der Akrotonie quantifizieren. Mittels eines Scatterplots wird der Quotient aus Länge der Seiten-WE und Länge der Fortsetzungs-WE der Mutter-WE auf der y-Achse abgebildet, in Abhängigkeit von der relativen Position der untersuchten WE an der Mutter-WE (x-Achse). Diese normierte Positionsangabe bildet man durch den Quotienten aus Ansatzhöhe der WE und Länge der Mutter-WE. Der Quotient wird absichtlich aus Länge der Seiten-WE und Länge der Fortsetzungs-WE gebildet, um die Variation innerhalb der Jahre auszuschließen (Lanwert et al., o.j.).

Die Feststellung der Signifikanz von morphologischen Unterschieden zwischen Klonen wurde durch eine Varianzanalyse (Anova-Test) für folgende Daten geprüft:

- Anzahl der von der Basis ausgehenden Achsen (Stockausschlag)
- Anzahl der Seitentriebe (für WE mit Alter größer als 1)
- Internodien- Anzahlen der WE und WE-Längen (abhängig von Alter, Verzweigungsordnung)
- Regressionskoeffizient für Beziehung Länge-Durchmesser (für Alter 1)
- Durchmesserzuwachs
- Verzweigungswinkel
- Alterstrend
- Ordnungstrend
- Grad der Akrotonie

Um eine Varianzanalyse durchzuführen, müssen zwei Voraussetzungen erfüllt sein: die Normalverteilung und die Varianzhomogenität der Daten.

Die Normalverteilung hat man graphisch durch ein Quantil-Quantil-Diagramm (Funktion `qqnorm()` in R) und durch einen Shapiro-Wilk-Test (Funktion `shapiro.test()` in R) bewertet. Bei einer geringen Gruppengröße ist es sinnvoll, auch mittels des Shapiro-Wilk-Tests, die Residuen nach durchgeführter Anova auf Normalverteilung zu überprüfen (Nuske et al., 2011).

Für die Untersuchung auf Varianzhomogenität der Daten hat man einen Levene-Test verwendet, welcher in R unter der Funktion `leveneTest()` zu finden ist.

Wenn die Voraussetzungen erfüllt werden, kann man die R-Funktion `aov()` einsetzen, die einen Anova-Test durchführt. Die Nullhypothese ist, dass die drei Klone gleiche Gruppenmittelwerte besitzen. Die parametrische Anova gibt einen F-Wert von einem F-Test zurück. Wenn das Verhältnis zwischen zwei Varianzwerten nah an 1 liegt mit einem hohen Signifikanzniveau, wird die Nullhypothese akzeptiert. Wenn aber das Signifikanzniveau klein ist, kann man sagen, dass der F-Wert sich durch andere Faktoren erklären lässt, und die Nullhypothese wird verworfen (Nuske et al., 2011).

Die Aufschlüsselung nach Alter und Verzweigungsordnung macht es möglich, dass das Modell realistisch den Zustand der Struktur für jeden Moment der Pflanze nachbildet. Die Aufschlüsselung nach dem Klon dient dazu, eventuelle morphologische

Unterschiede zwischen den drei Klonen festzustellen und zu ermitteln. Die quantitative Beschreibung der Variation erfolgt durch den entsprechenden Parameter.

Die Ergebnisse der Datenanalyse werden genutzt für den Aufbau eines Struktur-Modells. Die möglichen Unterschiede des Wachstumsverhaltens der Klone werden auf die Änderung der Parametrisierung von demselben Modell gespiegelt.

2.4. Umsetzung der Architektur-Regeln im Modell

Mit den Ergebnissen der Datenanalyse kann man ein einfaches Strukturmodell der Pappel auf der Simulationsplattform GroIMP in der regelbasierten Sprache XL erstellen, bei dem die Internodien die Grundeinheiten des Modells bilden. Das Modell soll den Stockausschlag, das Längen- und Dickenwachstum und die Verzweigung für drei Vegetationsperioden realistisch wiedergeben.

Die Programmiersprache XL ist eine Erweiterung der L-Systeme (Lindenmayer-Systeme). Das sind parallele Regelsysteme, die aus einer Menge von Zeichen (Alphabet), einer Menge von Regeln und einer Zeichenkette gebildet sind. Im Alphabet werden die Zeichen definiert. Die Regeln bestehen aus zwei Seiten. Die linken Seiten der Regeln werden in der aktuellen Zeichenkette gesucht und durch die entsprechenden rechten Seiten der Regeln ersetzt. Diese Ersetzung erfolgt parallel, das bedeutet, dass alle Regeln, von denen die linke Seite in der aktuellen Zeichenkette identifiziert wird, in dem gleichen Schritt ausgeführt werden (Kurth, 2013). Das kann man mehrmals ausführen und jeder dieser Schritte wird als Ableitungsschritt (rewriting) bezeichnet (siehe Beispiel).

Beispiel:

Alphabet {A, B}, Startwort A

Regelmenge

A → B

B → AB

Ableitungskette:

A → B → AB → BAB → ABBAB → BABABBAB → ...

Um biologische Strukturen grafisch zu modellieren, braucht man noch zusätzlich zu diesem Regelsystem eine geometrische Interpretation. Dafür fügt man eine Abbildung hinzu, die jeder Zeichenkette eine Teilmenge des 3-dimensionalen Raumes zuordnet. Diese Abarbeitung der Zeichenketten wird durch die sogenannte „Turtle-Geometrie“ realisiert, eine virtuelle Zeichenvorrichtung mit einem Befehlsvorrat (Kommandos), der eine Untermenge der Zeichenmenge des L-Systems wird. Diese „Turtle“-Vorrichtung hat ein Gedächtnis, wo sie grafische und nicht grafische Information speichert, zum Beispiel ihr Standpunkt und die Eigenschaften der Linie, die sie bei ihren Schritten zeichnet (Farbe, Länge, Dicke) (Kurth, 2007).

Einige Turtle-Befehle werden in der folgenden Tabelle erklärt (Kurth, 2007):

Kommando	Wirkung
FO	Gehe vorwärts und erzeuge eine Einheit (Strecke, Internodium, Knospe). Benutzt die Länge von der aktuellen Schrittgröße. Die Null steht für keine Maßangabe der Länge
MO	Gehe vorwärts ohne Erzeugung einer Einheit
L(x)	Ändert die aktuelle Schrittgröße (Länge) zu x
LAdd(x)	Vergrößert die aktuelle Schrittgröße um x
LMul(x)	Multipliziert die aktuelle Schrittgröße mit x
D(x), DAdd(x), DMul(x)	Analog für die aktuelle Dicke
P(c)	Ändert die aktuelle Farbe zu c(= 0...15)
F(x), F(x,d), F(x,d,c)	Gehe vorwärts und bildet ein Zylinder mit x= Länge, d= Dicke und c= Farbe
RU(a)	Rotiere nach rechts um a Grad

Tabelle 3: „Turtle“-Befehle.

Die Struktur der Pflanze lässt sich in 3D ausführen. Dafür gibt es für die „Turtle“ weitere Kommandos für die Rotation um die 3 Achsen im Raum (siehe Abbildung 4):

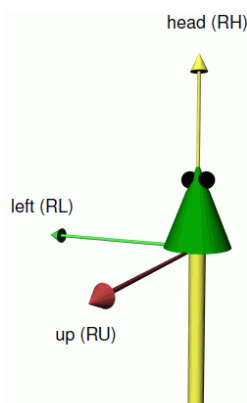


Abb. 4: Rotation der „Turtle“ um die 3 Achsen im Raum, um eine 3D-Darstellung der modellierten Pflanze zu schaffen (Kurth, 2013).

Das Symbol-Konzept kann man noch erweitern, indem man reelwertige Parameter nicht nur bei Turtle-Kommandos wie „RU(45)“ und „F(6)“ zulässt, sondern bei allen Zeichen. Bei diesen parametrischen L-Systemen werden für die Symbole

Parameterlisten definiert. Die Parameter werden dann in der Ausführung der Regelanwendung mit den vordefinierten Werten belegt.

Beispiel (Kurth, 2013):

Regel $A(x, y) \implies F(7 \cdot x + 10) B(y/2)$

vorliegendes Zeichen z.B.: $A(2, 6)$

nach der Regelanwendung: $F(24) B(3)$

Es können auch logische Bedingungen mit Java-Syntax ausgewertet werden, bei denen die Parameter auf Erfüllung einer Kondition geprüft werden und die Regel erst ausgeführt wird, wenn das der Fall ist.

Beispiel:

$A(x, y) (x \geq 17 \ \&\& \ y \neq 0) \implies \dots$

Hier wird die Regel nur ausgeführt, wenn x größer oder gleich 17 ist und y ungleich 0 ist.

Die Modellierung der Struktur und Entwicklung der Pappeln erreicht man, indem die Regeln auf ein Startwort angewandt und dann immer wieder wiederholt auf das Ergebnis angewandt (Lu et al., 2011).

Ein Nachteil von L-Systemen mit Turtle-Kommandos ist, dass bei den Zeichenketten die Relationen zwischen Objekten auf zwei Arten beschränkt sind: „direkter Nachfolger“ oder „Verzweigung“. Das Zulassen von mehreren Relationstypen und von Zyklen führt zu der Erweiterung zu Graph-Grammatiken. Ein Graph ist eine Menge von Knoten, die durch Kanten verbunden sind. Die Knoten entsprechen geometrischen Einheiten vom Modell wie Internodien, Wachstumseinheiten und Knospen. Die Kanten sind Relationen zwischen Knoten und umfassen z.B. Nachfolgebeziehung und Verfeinerungsbeziehung (Kurth, 2013) (vgl. Abbildung 5).

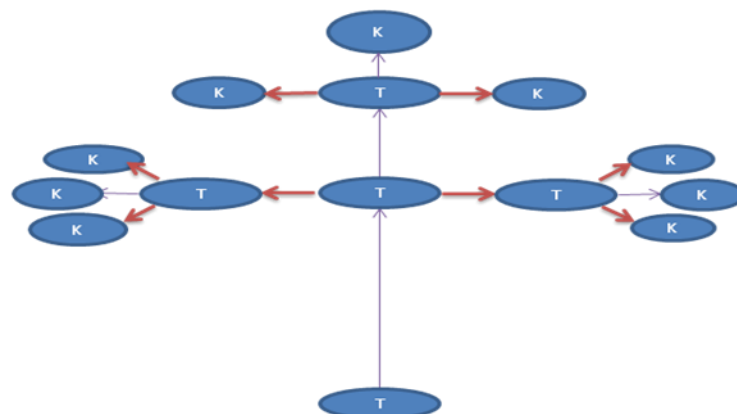


Abb. 5: Skizze der Modellierung von einem Baum mit relationalen Wachstumsgrammatiken. T steht für Jahrestrieb und K für Knospe. Die lila Pfeile repräsentieren Nachfolgebeziehungen (selbe Achse) und die roten Pfeile Verzweigungsbeziehungen (neue Achse) (Kurth, 2013).

Da mehrere Arten von Relationen möglich sind, wird von relationalen Wachstumsgrammatiken (RGG) gesprochen (Kurth, 2007). Diese sind ein Graph-Ersetzungs-Formalismus und beinhalten drei Teile (Kurth, 2013):

- Ein Alphabet, wo alle Knotentypen und Kantentypen definiert werden.
- Das Axiom: Dieses ist ein initialer Graph, der aus Elementen des Alphabets zusammengesetzt ist
- eine Menge von Graphersetzungsregeln

Eine RGG ist aus Regeln gebildet, die auf einen gegebenen Graph parallel angewandt werden. Hier folgt ein Schema der allgemeinen Struktur einer RGG-Regel (Kurth, 2007):

L, (E) → R {P}

L → Menge von Graphen, die mittels R ersetzt werden

(E) → Kondition, Menge von logischen Bedingungen

R → Menge von Graphen, die ersetzt werden, wenn die Konditionen erfüllt werden

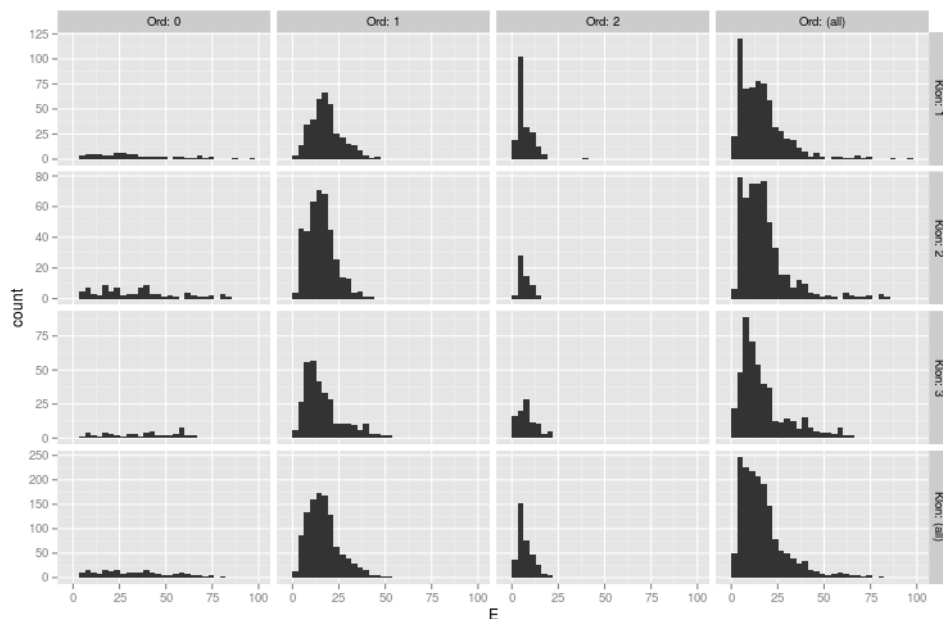
P → Imperativer Programm-Code. Liste aus Befehlen

Die Parameter der angepassten Verteilungen, die Regressionskoeffizienten der Korrelationen, die morphogenetischen Gradienten und die Gesetzmäßigkeiten des Wachstums dienen dem Aufbau von RGG-Regeln, die in der Sprache XL programmiert und mit der Software GroIMP (Growth-grammar related Interactive Modelling Platform) gelesen und ausgeführt werden.

3. Ergebnisse

Die Abbildung der Verteilung der Länge bzw. der Internodienanzahl nach Klon, Alter und Verzweigungsordnung aufgeschlüsselt lässt einen unterschiedlichen Verlauf bzw. Verteilung feststellen. Innerhalb von derselben Alters- bzw. Verzweigungsgruppe erkennt man aber nur mäßige Unterschiede (siehe Abbildung 6 und Abbildung 19 im Anhang). Es fällt auf, dass es sich um eine Verteilung mit positiver Schiefe handelt. Es werden mehrere mögliche Funktionen untersucht, die sich zum Beschreiben der Verteilung anbieten könnten. Der Auswahl dieser Funktionen erfolgt unter Berücksichtigung der Literatur, in der auch die Struktur der Gattung *Populus* analysiert wird (Caraglio et al., 1990). Die Anpassung der Verteilungen erfolgt mit dem Verfahren der Generalisierten Linearen Modelle (GLM).

Die Poisson-Verteilung wird durch den Parameter Lambda (λ) beschrieben, der gleichzeitig den Mittelwert und die Varianz repräsentiert. Für niedrige Lambda-Werte erhält die Poisson-Verteilung eine positive Schiefe ähnlich der beobachteten Verteilung. Für die beobachteten Werte liegt der Mittelwert aber deutlich höher mit einer noch größeren Varianz. Für die betrachteten Daten bietet die Poisson-Verteilung ohne Transformation der Daten keine gute Anpassungsmöglichkeit. Wenn die Parameter für die Poisson-Verteilung per GLM geschätzt werden, zeigen sich signifikante Unterschiede zwischen den Klonen, aber die Güte der Anpassung ist mäßig. Die Anpassung der Quasi-Poisson-Verteilung eignet sich besser für die positive Schiefe, und die Unterschiede bei der Parametrisierung zwischen den Klonen sind, im Vergleich zu Poisson, nicht mehr signifikant. Bei der negativen Binomialverteilung kommen auch keine signifikanten Unterschiede bei der Parametrisierung zwischen den Klonen auf und man bekommt eine bessere Güte der Anpassung.



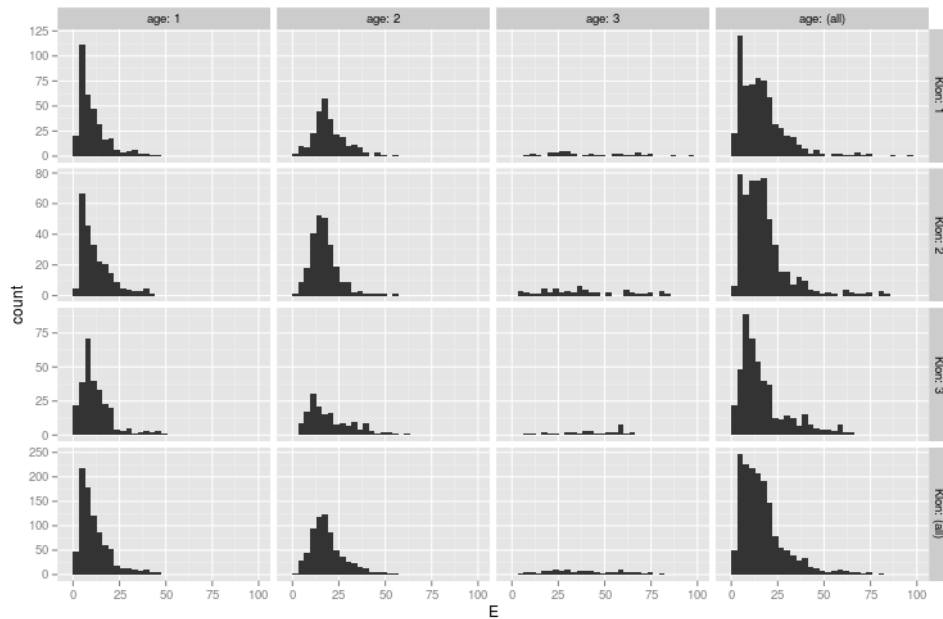


Abb. 6: Verteilung der Internodienanzahl nach Verzweigungsordnung bzw. Alter und Klon aufgeschlüsselt. E = Internodienanzahl, Ord = Verzweigungsordnung, age = Alter.

In der nächsten Tabelle kann man einen Vergleich zwischen den AIC-Werten für die Poisson-Verteilung und für die negative Binomialverteilung bei verschiedenen Unterteilungen der Daten sehen. Der AIC-Wert ist je nach Prädiktorvariable(n) bei der negativen Binomialverteilung deutlich kleiner als bei der Poisson-Verteilung (siehe Tabelle 4 und Tabelle 15 im Anhang).

AIC-Werte bei der Verteilung der Internodien pro WE	Alter		Verzweigungsordnung	Alter und Verzweigungsordnung	Klon, Alter und Verzweigungsordnung
	Klon	Alter			
Poisson	21184	16401	15740	15147	15148
Negative Binomial	12369	11735	11499	11406	11407

Tabelle 4: AIC-Werte bei der Anpassung von verschiedenen Verteilungsfunktionen an unterschiedliche Gruppen von Daten für die Verteilung der Internodienanzahl pro WE.

Wenn man die AIC-Werte zwischen den verschiedenen Prädiktoren vergleicht, sieht man, dass die beste Güte der Anpassung erreicht wird, wenn man Alter und Verzweigungsordnung als beschreibende Variablen verwendet. Die Verzweigungsordnung hat einen mäßig größeren Anteil an der Verbesserung als das Alter, da eine Aufschlüsselung nur nach Verzweigungsordnung bzw. Alter einen niedrigeren Wert ergibt. Wenn man bei der Unterteilung nach Alter und Verzweigungsordnung noch zusätzlich nach Klon unterscheidet, bleiben aber die AIC-Werte fast gleich. Das zeigt

wieder, dass es bei der Verteilung der Länge bzw. Internodienanzahl pro WE keine signifikanten Unterschiede zwischen den Klonen gibt.

Wenn man die AIC-Werte zwischen der Verteilung der Länge und der Internodienanzahl pro WE vergleicht, fällt auf, dass bei der Internodienanzahl-Verteilung die Werte kleiner sind, was eine bessere Anpassung andeutet.

Da die negative Binomialverteilung sich für die Anpassung eignet und Unterschiede zwischen den Ordnungs- und Altersklassen bewiesen wurden, ist es sinnvoll, die Parameter n und p dieser Verteilung für die verschiedenen Gruppen zu berechnen.

Die Verteilung der Verzweigungswinkel wurde nach Klon und Verzweigungsordnung aufgeschlüsselt. Es wurden nur die Verzweigungsordnungen 1 und 2 benutzt, da bei 0 keine Verzweigungswinkel vorkommen. Das ergibt die Darstellung von 6 Verteilungen, die eine ähnliche Verlaufsform wie der Normalverteilung zeigen (siehe Abbildung 7 und Abbildungen 29, 31, 33, 35, 37 im Anhang). Wie schon im Material- und Methoden-Teil erklärt wurde, wurde diese Annäherung graphisch mit dem Quantil-Quantil-Diagramm und rechnerisch durch den Vergleich der Normalverteilungs-Parameter Mittelwert und Standardabweichung mit zwei verschiedenen Berechnungsmöglichkeiten bewertet. In den 6 Fällen nähert sich die Darstellung in den Quantil-Quantil-Diagrammen einer Gerade (siehe Abbildung 8 und Abbildung 30, 32, 34, 36, 38) und es ergeben sich sehr kleine Unterschiede bei den auf die 2 Methoden berechneten Parametern (vgl. Tabelle 4). Dieses bestätigt eine gute Anpassung der Normalverteilung an die empirische Verteilung des Datensatzes.

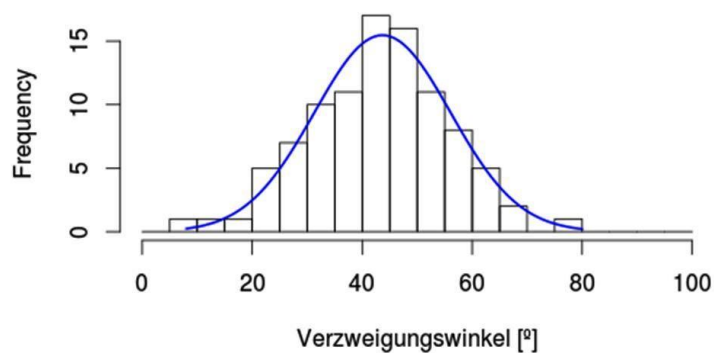


Abb. 7: theoretische (blau) und empirische (Balken) Verteilung der Verzweigungswinkel für Klon 3 und Ordnung 2.

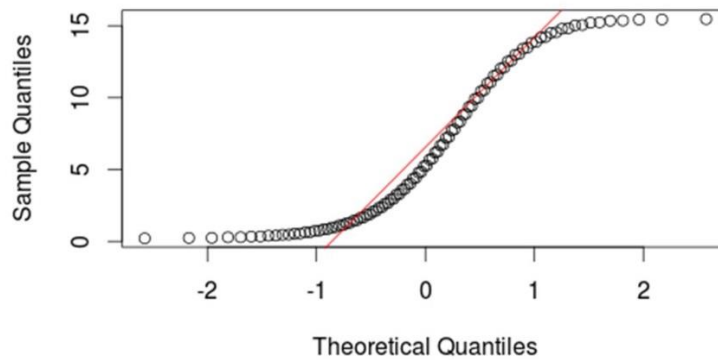


Abb. 8: Normal Quantil-Quantil-Diagramm der Verteilung der Verzweigungswinkel bei Klon 3 und Ordnung 2. Die rote Gerade bildet eine theoretische Normalverteilung ab.

		Klon 1	Klon 2	Klon 3
Ordnung 1	Mittelwert	46,90 (46,90)	51,21 (51,20)	43,42 (43,42)
	Standardabweichung	14,88 (14,86)	12,97 (12,95)	13,58 (13,55)
Ordnung 2	Mittelwert	49,11 (49,11)	55,86 (55,86)	43,69 (43,69)
	Standardabweichung	11,82 (11,79)	13,80 (13,67)	12,38 (12,32)

Tabelle 4: Parameter der Normalverteilung gewonnen durch den Mittelwert und die Standardabweichung des Datensatzes (ohne Klammern) und durch die Maximum-Likelihood-Methode mit „Normalverteilung“ (im Klammern) berechnet.

Beim Stockausschlag soll untersucht werden, nach welcher Gesetzmäßigkeit sich die Triebe voneinander differenzieren. Wir unterscheiden zwei Darstellungen:

Die Darstellung der Verteilung der vier Pflanzen desselben Klons zeigt, dass eine ähnliche Verlaufsform sowohl für den Längenrang als für den Internodienanzahl-Rang sichtbar ist (siehe Abbildung 9 und Abbildungen 39 bis 43 im Anhang), also dass man die gleiche Gesetzmäßigkeit innerhalb eines Klons für das Modell anwenden kann.

Bei der Untersuchung der Proportionalität des Wachstums bei den verschiedenen Trieben innerhalb einer Pflanze kann man keine einheitliche Aussage für einen Klon machen, da jede Pflanze ein anderes Wachstumsverhalten zeigt. Zum Beispiel kann man in der Abbildung 10 beim Alter 2 und 3 sehen, dass die längsten Triebe stärker gefördert werden als der Rest, aber auch dass die mittleren Triebe in dem Jahr weniger gewachsen waren. In der Periode von ersten zum zweiten Jahr war aber das Verhalten anders und die mittleren Triebe wurden am meisten gefördert. Im Anhang befinden sich die Abbildungen für die restlichen Bäume (siehe Abbildung 44 bis 54).

Man könnte aber aus dieser Darstellung eine andere Beobachtung machen: In den meisten Fällen waren die dreijährigen WE am zahlreichsten, gefolgt von den zweijährigen und anschließend den einjährigen, von denen man, bei vielen Darstellungen, nur eine bis drei WE sehen konnte. Das hat die Interpretation des Wachstums der Triebe im letzten Jahr erschwert. Eine Erklärung dieses Verhaltens wird im Diskussteil gegeben.

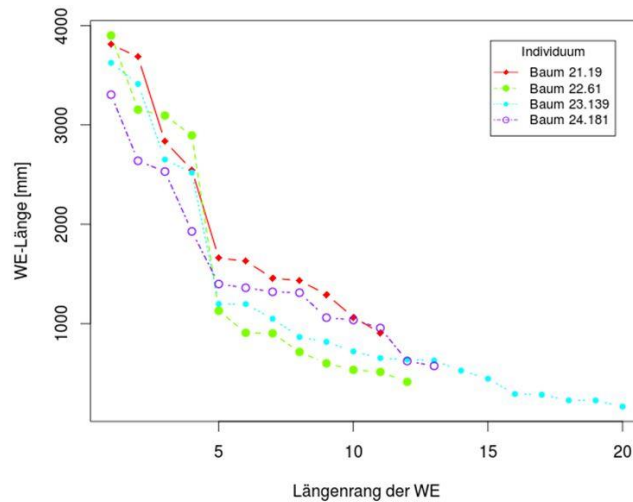


Abb. 9: Darstellung des Verlaufs der Längen [mm] der dreijährigen WE der vier Pflanzen in Klon 2 nach Längenrang der WE.

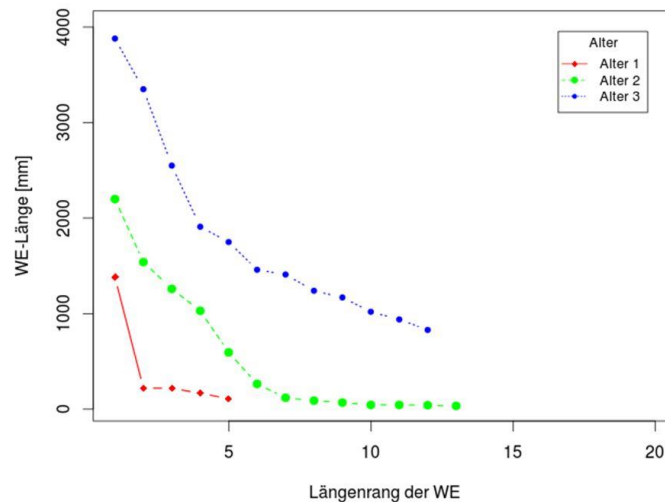


Abb. 10: Darstellung der WE-Längen der unterschiedlichen WE-Alter im Baum 11.1 und Ordnung 0 nach Längenrang einer WE für die Untersuchung des Wachstumsverhaltens des Stockausschlags innerhalb einer Pflanze.

Der Zusammenhang zwischen der Länge einer Wachstumseinheit und ihrer Internodienanzahl wurde nach Klon und Alter aufgeschlüsselt und in Grafiken abgebildet. Diese zeigen eine dichte Punktwolke, was für eine gute Korrelation zwischen beiden Variablen spricht (siehe Abbildung 11 und Abbildungen 20 und 21 im

Anhang). Man kann auch bei den drei Altersstufen einen ähnlichen Verlauf der Punktwolke zwischen den drei Klonen innerhalb desselben Alters beobachten. Die hohe Korrelation wurde durch die R-Funktion `cor()` nachgewiesen, die immer einen höheren Prozentsatz als 80% zurückgegeben hat. Aus dem Grund macht es hier Sinn, ein lineares Modell anzupassen und dessen Steigung zu kalkulieren, während der Interzept 0 erzwungen wurde.

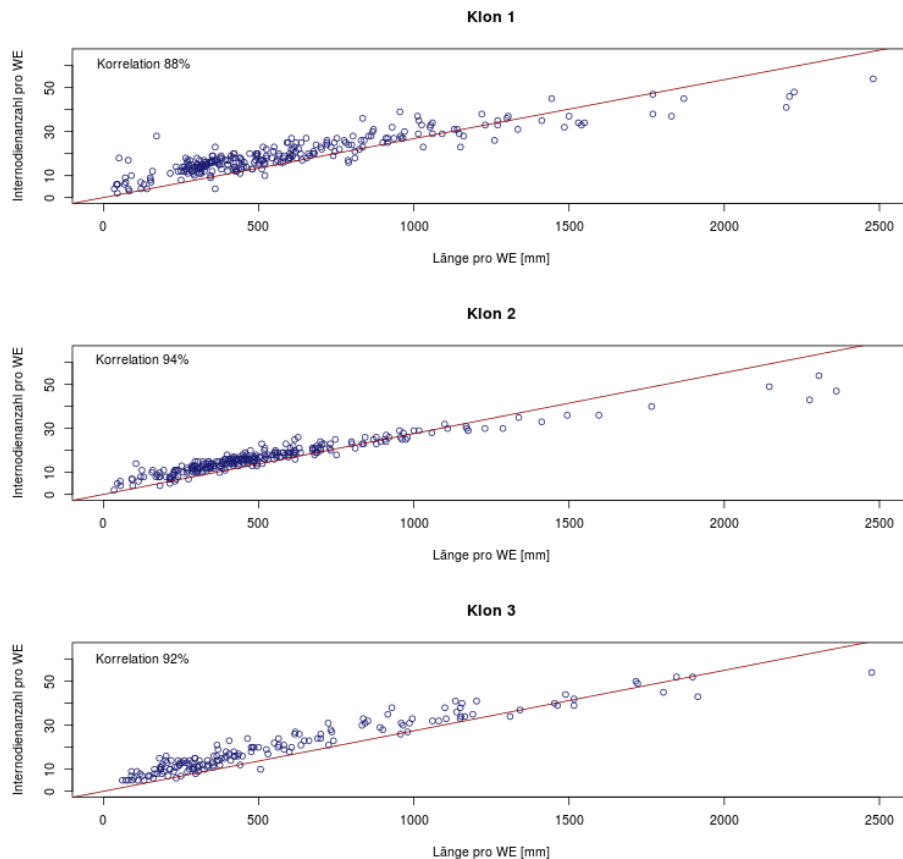


Abb. 11: Korrelation zwischen Länge einer WE [mm] und Internodienanzahl bei Alter 2.

Bei der Untersuchung der Korrelation zwischen der Länge einer WE bzw. ihrer Internodienanzahl und ihrer Anzahl von Seitentrieben wurden die Daten aus den spezifischen und summarischen Messungen benutzt und nach Alter und Klon unterteilt. WE des Alters 1 wurden nicht benutzt, da sie keine Seitentriebe haben. Die Korrelation zwischen den beiden Variablen war immer größer als 65% (siehe Tabellen 16 und 17 im Anhang), und aus diesem Grund konnte man an die Daten ein lineares Modell anpassen und dessen Steigung kalkulieren. Der Interzept 0 wurde erzwungen.

Wenn man die Punktwolken in den Grafiken innerhalb eines Alters zwischen Klonen vergleicht (siehe Abbildung 12 und Abbildungen 24 bis 26 im Anhang), fallen zwei Beobachtungen auf:

- der Verlauf der Punktwolke ist in den vier Fällen (für Alter 2 bzw. 3 und für Länge bzw. Internodienanzahl pro WE) zwischen den Klonen ähnlich.

- Man kann einen Schwellenwert erkennen sowohl für die Länge als auch für die Internodienanzahl pro WE, ab der die Wahrscheinlichkeit steigt, dass Seitenäste gebildet werden (siehe Tabelle 5). Dieser Schwellenwert bleibt auch für alle drei Klone sehr ähnlich.

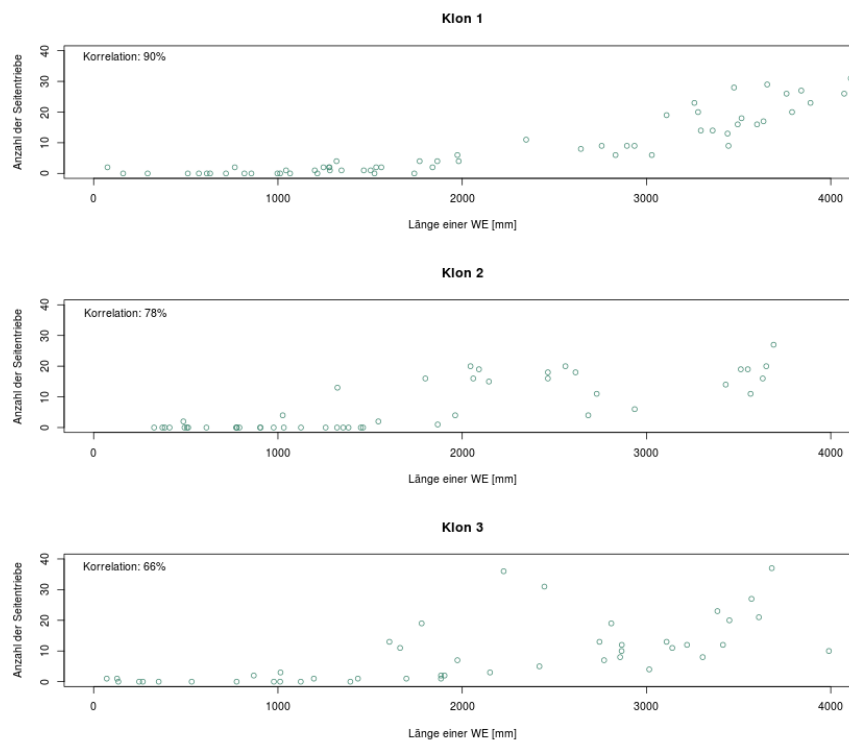


Abb. 12: Korrelation zwischen Länge [mm] einer WE und der Anzahl der Seitentriebe dieser WE für Alter 3.

Die Informationen, die diese Analyse für das Modell bietet, sind die Koeffizienten des linearen Modells und der Schwellenwert, ab dem sich die Seitenäste ausbilden.

Wert, ab dem die Wahrscheinlichkeit der Bildung von Seitenästen steigt	Länge der WE [mm]	Internodienanzahl der WE
Alter 2	1500	40
Alter 3	2000	45

Tabelle 5: Länge bzw. Internodienanzahl pro WE, ab der die Wahrscheinlichkeit steigt, dass Seitenäste ausgebildet werden.

Die graphische Darstellung der Länge bzw. Mittendurchmesser der ersten WE der Hauptachse und der Anzahl der von der Basis ausgehenden Achsen des Individuums hat gezeigt, dass diese Variablen bei keinem Klon korrelieren (vgl. Abbildung 13).

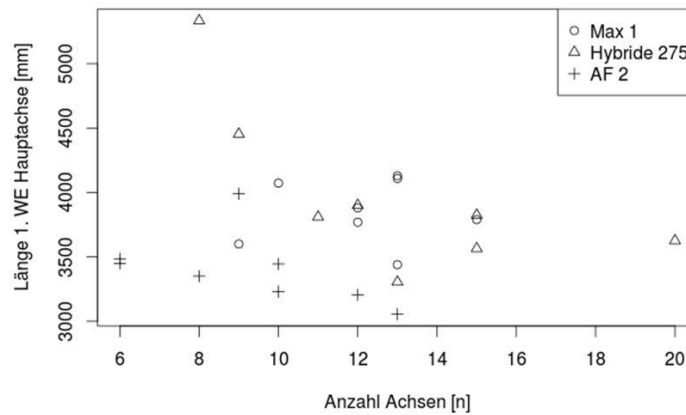


Abb. 13: Korrelation zwischen Anzahl der Achsen und Länge der ersten WE der Hauptachse nach Klon aufgeschlüsselt.

Die Korrelation zwischen Länge einer WE und ihrem Durchmesser wurde nach Alter und Verzweigungsordnung unterteilt. Bei den WE des Alters 1 kommen die drei Verzweigungsordnungen vor und bei allen Fällen wird eine gute Korrelation zwischen den zwei Variablen beobachtet, mit Ausnahme von Klon 2 bei der Verzweigungsordnung 2, wo die Korrelation nur 11% ist. Zweijährige WE gehören entweder der Verzweigungsordnung 0 oder 1 an, und bei den dreijährigen kommt natürlich nur die Verzweigungsordnung 0 vor. Diese drei Gruppen zeigen stets eine große Korrelation zwischen Länge und Durchmesser einer WE, und deswegen ist es möglich, ein lineares Modell anzupassen und dessen Steigung auszurechnen (siehe Abbildung 14 und Abbildungen 55 bis 59 im Anhang). Der Interzept 0 wird hier wieder erzwungen.

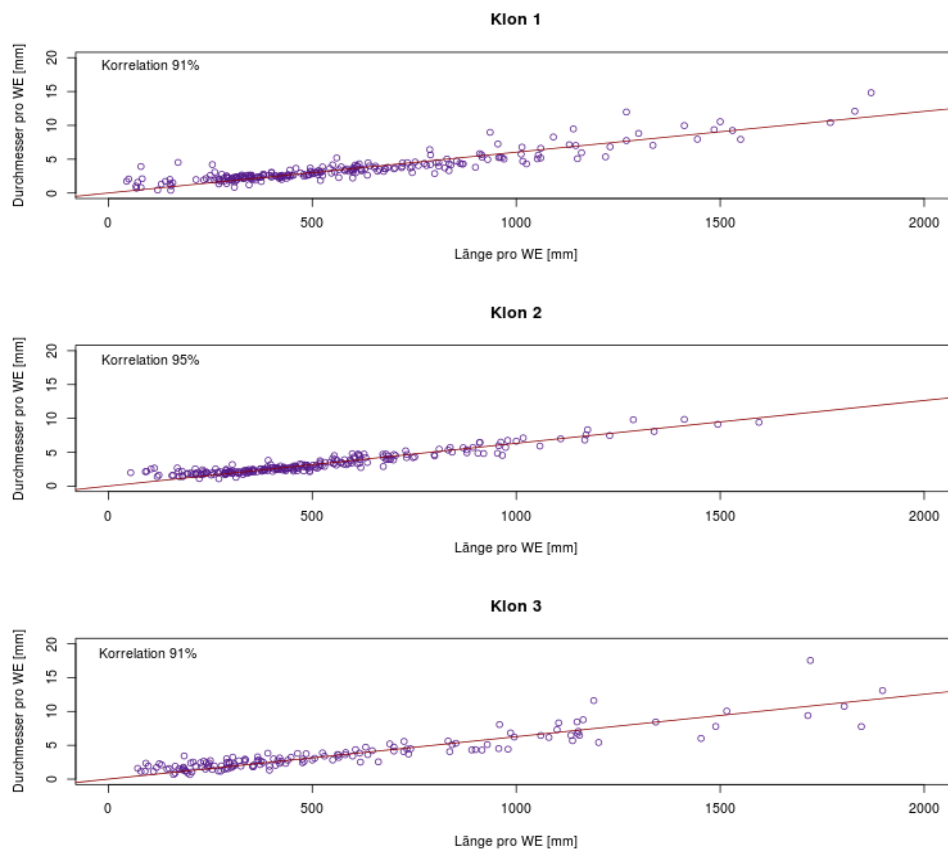


Abb. 14: Korrelation zwischen Länge und Durchmesser einer WE für Alter 2 und Verzweigungsordnung 1.

Man kann sowohl aus dem Parameter des linearen Modells als aus den Grafiken wieder herausziehen, dass kein großer Unterschied zwischen den Klonen in der Beziehung zwischen Länge und Durchmesser zu beobachten ist.

Bei dem Box-Plot-Diagramm zur Bestimmung eines Alterstrends für jeden Klon wurden nur die WE der nullten Ordnung der drei stärksten Triebe benutzt, da sich herausstellte, dass die kleinsten Triebe nicht für die Bestimmung dieser Regel geeignet waren wegen ihrer kleinen Differenzierung der WE-Längen und Internodienanzahlen zwischen den Altersstufen. Man hat nur die WE, die der Ordnung 0 angehören, ausgewählt, um einen Einfluss der Verzweigung auf die Länge bzw. Internodienanzahl der WE zu vermeiden. Dieses Phänomen wird beim Ordnungstrend untersucht.

Die Korrelation, mit allen Trieben berechnet, war sowohl bei den WE-Längen als auch bei den Internodienanzahlen pro WE nicht größer als 40%, aber wenn man nur die drei stärksten Triebe benutzt, wird diese Korrelation größer, vor allem beim Klon 2, wo sie um 50% erhöht wird (siehe Abbildung 15 und Abbildungen 22 und 23 im Anhang). Trotzdem waren die Korrelationen, mit Ausnahme von Klon 2, nicht sehr hoch (vgl. Tabelle 6). Vor allem hat man keine großen Unterschiede zwischen Alter 1 und 2 beobachtet. Die möglichen Gründe dafür werden im Diskussionsteil erläutert. Da man kein einheitliches Verhältnis zwischen den 3 Altern zu beobachten war und die

Korrelation nicht groß ist, kann keinen Verkürzungsfaktor für das Modell bestimmt werden.

	Klon 1	Klon 2	Klon 3
Korrelation zwischen Länge pro WE und Alter	0,43	0,67	0,46
Korrelation zwischen Internodienanzahl pro WE und Alter	0,41	0,76	0,46

Tabelle 6: Korrelationen zwischen Länge [mm] bzw. Internodienanzahl und Alter für die 3 stärksten Triebe.

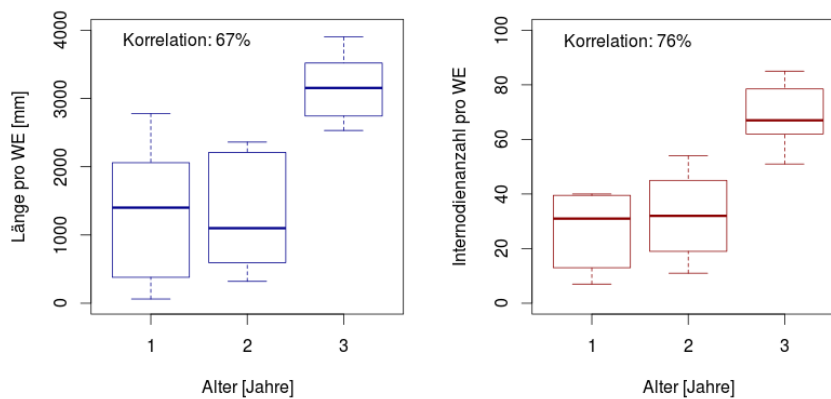


Abb. 15: Vergleich zwischen Alter und WE-Länge bzw. Internodienanzahl bei Klon 2 zur Bestimmung eines Alterstrends.

Bei der graphischen Darstellung des Ordnungstrends kann man einen Unterschied in der Länge der WE in Abhängigkeit von ihrer Verzweigungsordnung erkennen. Die längsten WE gehören zur Ordnung 0, gefolgt von denen der Ordnung 1 und letztendlich der Ordnung 2. Das gleiche Muster zeigt sich bei der Streuung, die bei Verzweigungsordnung 0 am größten ist und für Ordnung 2 am kleinsten. Das könnte an dem Fakt liegen, dass die Ordnung 0 WE aller 3 Altersstufen enthält und die Ordnung 2 WE nur einer Altersstufe. Die Tabelle 6 zeigt, dass die Anzahl der WE pro Gruppe bei der Ordnung 0 am geringsten ist, obwohl sie die größte Streuung hat (siehe Tabelle 6). Das spricht dafür, dass die Streuung durch die in Ordnung 0 enthaltenen verschiedenen Altersstufen verursacht ist. Bei den Verzweigungsordnungen 1 und 2 kann man bei den drei Klonen Ausreißer finden. Eine Korrelationsanalyse zwischen den zwei Variablen ergibt einen mäßig ausgeprägten Zusammenhang, der sich zwischen 51 und 58% je nach Klon bewegt (vgl. Abbildung 16).

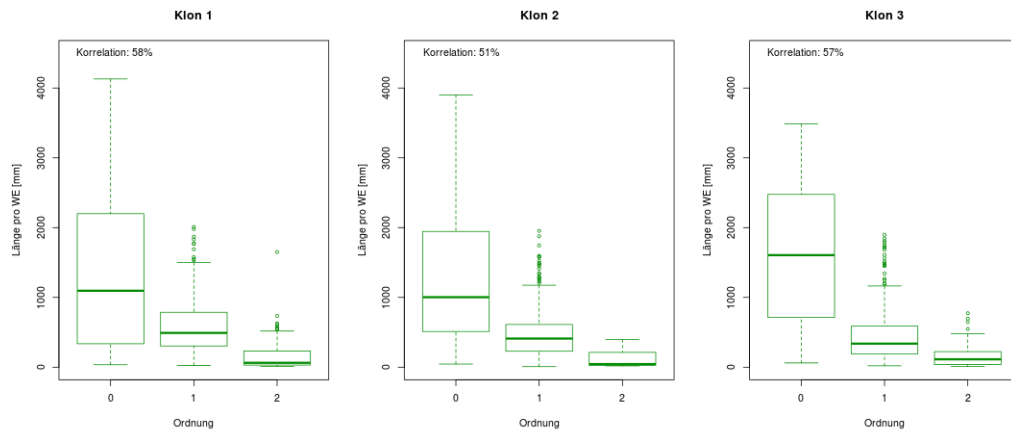


Abb. 16: Analyse des Ordnungstrends, nach Klon unterteilt.

Anzahl an WE pro Gruppe	Ordnung 0	Ordnung 1	Ordnung 2
Klon 1	81	377	208
Klon 2	86	415	56
Klon 3	59	347	99

Tabelle 6: Anzahl an WE pro Gruppe bei der Analyse der Ordnungstrends.

Bei dem Scatterplot des Quotienten aus Länge der Seiten-WE und Länge der Fortsetzungs-WE der Mutter-WE in Abhängigkeit von der relativen Position der untersuchten WE an der Mutter-WE kann man eine Tendenz der Kurve zur Exponentialverteilung erkennen, aber es fällt auch auf, dass man eine große Streuung hat (siehe Abbildung 17 und Abbildungen 27 und 28 im Anhang). Das Phänomen der Akrotonie kann man aus diesem Grund nicht durch eine Funktion beschreiben, aber es sollte schon bei der Modellierung beachtet werden, da sich zeigt, dass ein großer Teil der Seitenäste im oberen Bereich einer WE gebildet wird.

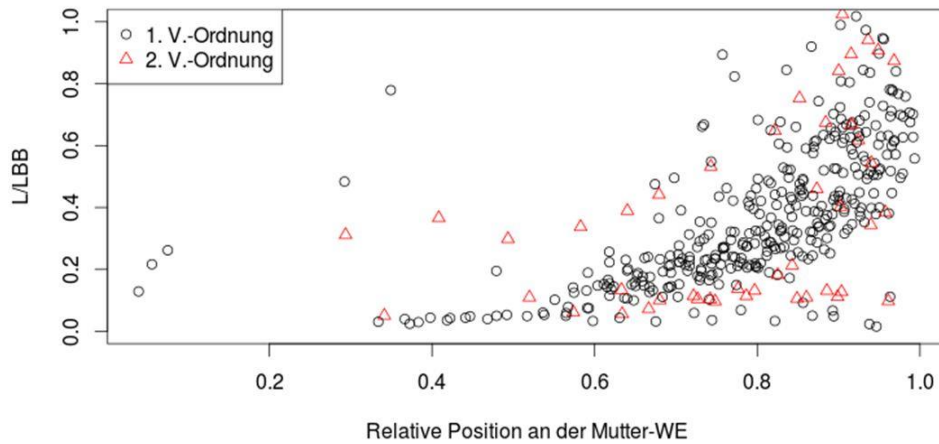


Abb. 17: Quotient aus Länge der Seiten-WE und Länge der Fortsetzungs-WE der Mutter-WE in Abhängigkeit von der relativen Position der untersuchten WE an der Mutter-WE für Klon 2, um das Phänomen Akrotonie zu untersuchen. L = Länge der Seiten-WE, LBB = Länge der Fortsetzungs-WE.

Die durchschnittliche Internodienlänge in mm wurde auch nach Alter und Klon ausgerechnet (siehe Tabelle 7). Man beobachtet, dass sie mit dem Alter zunimmt, was für einen Alterstrend spricht. Es werden keine großen Unterschiede zwischen den Klonen beobachtet, vor allem in den früheren Altersstufen.

durchschnittliche Internodienlänge [mm]	Klon 1	Klon 2	Klon 3
Alter 1	23,69	23,32	23,77
Alter 2	29,84	29,46	27,99
Alter 3	46,46	36,15	44,23

Tabelle 7: Durchschnittliche Internodienlänge in mm nach Klon und Alter.

Der durchschnittliche Jahresdickenzuwachs ist bei der Ordnung 0 größer als bei der Ordnung 1 und innerhalb der Ordnung 0 hat das Alter 2 ein größeres Wachstum bei Klon 2 und Klon 3. Der stärkste durchschnittliche Jahresdickenzuwachs kommt bei Klon 3 vor. Zwischen Klon 1 und 2 sind die Unterschiede nicht groß (siehe Tabelle 8).

Durchschnittlicher Jahresdickenzuwachs		Klon 1	Klon 2	Klon 3
Alter 3	Ordnung 0	3,80	3,09	5,49
Alter 2	Ordnung 0	3,73	4,44	6,22
	Ordnung 1	1,79	1,62	1,83

Tabelle 8: Durchschnittlicher Jahresdickenzuwachs [mm] nach Alter, Ordnung und Klon aufgeschlüsselt.

An der durchschnittlichen Anzahl lebender bzw. abgestorbener Knospen an WE des Alters 1 erkennt man, dass die Anzahl lebender Knospen bei allen Klonen größer ist als die Anzahl abgestorbener Knospen, und geringe Unterschiede zwischen Klonen (siehe Tabelle 9).

	Anzahl lebender Knospen pro WE	Anzahl abgestorbener Knospen pro WE
Klon 1	11	10
Klon 2	12	9
Klon 3	12	7

Tabelle 9: Anzahl lebender und abgestorbener Knospen an WE des Alters 1 aufgeschlüsselt nach Klon.

Die Überprüfung nach Normalverteilung und Varianzhomogenität der Datensätze hat gezeigt, dass diese Voraussetzungen für einen Anova-Test für fast keinen Fall gegeben sind. Nur beim Regressionskoeffizient zwischen Länge und Durchmesser einer WE und Anzahl der Stockausschläge zeigen die Tests, dass die Voraussetzungen gegeben sind. Bei diesen beiden Fällen wird ein Anova-Test durchgeführt, und das Ergebnis ist, dass keine signifikanten Unterschiede zwischen den Klonen zu bestätigen sind. Bei den Architekturregeln (Akrotonie, Alters- und Ordnungstrend) könnte man keinen Anova-Test durchführen aus dem Grund, dass keine Parameter bzw. Verkürzungsfaktoren identifiziert werden konnten.

Da man keine signifikanten Unterschieden bei der Morphologie der Klone beweisen konnte, wird ein einziges Modell gebildet, dessen Parametrisierung aus den Analysen des ganzen Datensatzes gewonnen wird.

Der Grundstein des Modells sind die WE, die durch ihre Internodienanzahl, Länge und Durchmesser definiert werden. Zwischen den Internodien bilden sich Seitenknospen und am Ende einer WE bildet sich eine apikale Endknospe.

Da die Güte der Anpassung der negativen Binomialverteilung besser bei der Internodienanzahl-Verteilung als bei der Länge-Verteilung nachgewiesen wurde, wird dieser Faktor der Anfangswert des Modells sein. Die Grundidee war, die Parameter n

und p der negativen Binomialverteilung für die verschiedenen Gruppen je nach Alter und Verzweigungsordnung zu bestimmen, aber die negative Binomialverteilung ist nicht im GroIMP implementiert. Obwohl die Option, die Funktion nach den schon implementierten Verteilungsfunktionen Gamma und Poisson selber zu programmieren, möglich wäre, übersteigt dies den Umfang dieser Bachelorarbeit. Aus diesem Grund wird die Verteilung der Internodienanzahl mit der Normalverteilung modelliert. Dafür werden der Mittelwert und die Standardabweichung für die verschiedenen Gruppen nach Alter und Ordnung kalkuliert (siehe Tabelle 10).

Parameter der Normalverteilung bei der Internodienanzahl pro WE			
Alter	Ordnung	Mittelwert	Standardabweichung
1	0	26,50	14,10
1	1	14,14	8,64
1	2	7,44	4,20
2	0	23,17	15,83
2	1	18,38	8,48
3	0	40,89	20,89

Tabelle 10: Mittelwert und Standardabweichung der Internodienanzahl pro WE nach Alter und Ordnung unterteilt.

Die Variablen Internodienanzahl und Länge sind stark korreliert und man kann die Parameter einer linearen Funktion nach Alter und Ordnung getrennt bestimmen (siehe Tabelle 11). Auf diese Weise wird einer bestimmten Internodienanzahl pro WE eine konkrete Länge zugewiesen.

Länge der WE [mm] = Internodienanzahl pro WE · Parameter		
Ordnung	Alter	Parameter
0	1	47
1	1	36
2	1	24
0	2	41
1	2	31
0	3	44

Tabelle 11: Parameter der linearen Funktion zwischen Länge und Internodienanzahl pro WE.

Der Durchmesser einer WE kann auf gleiche Weise mit einer linearen Funktion durch die Länge bestimmt werden (siehe Tabelle 12). Bei den einjährigen WE wird auf dieser Weise der Durchmesser kalkuliert.

Durchmesser [mm] = Länge der WE [mm] · Parameter		
Ordnung	Alter	Parameter
0	1	0,0063
1	1	0,0063
2	1	0,0093
0	2	0,0108
1	2	0,0062
0	3	0,0074

Tabelle 12: Parameter der linearen Funktion zwischen Länge und Durchmesser einer WE.

Das Dickenwachstum für die WE, die älter als 1 Jahr sind, wird auch im Modell nach Alter und Ordnung definiert (siehe Tabelle 13).

Durchschnittlicher Jahres-Dickenzuwachs [mm]		
Ordnung	Alter	Wert
0	2	4,62
1	2	1,73
0	3	3,85

Tabelle 13: Durchschnittliches Jahres-Dickenzuwachs nach Alter und Ordnung unterteilt.

Das Modell bildet die Verzweigung nach. Dafür wird ein Schwellenwert für die Internodienanzahl einer WE definiert, ab dem eine bestimmte Zahl an Seitenknospen Seitentriebe bilden (siehe Tabelle 5). Dieser Schwellenwert ist nach Alter 2 und 3 unterteilt. Die WE der Alter 2 wurden nicht in ihre Ordnungen unterteilt, da für diese Kalkulation die Daten der spezifischen und summarischen Aufnahmen benutzt wurden, wo nur der Haupttrieb und ihre Anzahl an Seitentrieben aufgenommen wurde.

Wenn dieser Schwellenwert überschritten wird, ist die Anzahl an Seitentrieben pro WE durch eine lineare Funktion in Abhängigkeit von der Internodienanzahl pro WE definiert (siehe Tabelle 14).

Anzahl an Seitentrieben pro WE= Internodienanzahl pro WE · Parameter		
Ordnung	Alter	Parameter
0	3	0,19124
0	2	0,34932

Tabelle 14: Parameter der linearen Funktion zwischen Anzahl an Seitentrieben und Internodienanzahl pro WE”.

Das Phänomen der Akrotonie wird berücksichtigt, indem man bei der Auswahl der Seitenknospen, die austreiben werden, solche selektiert, die näher an der Spitze der WE sind.

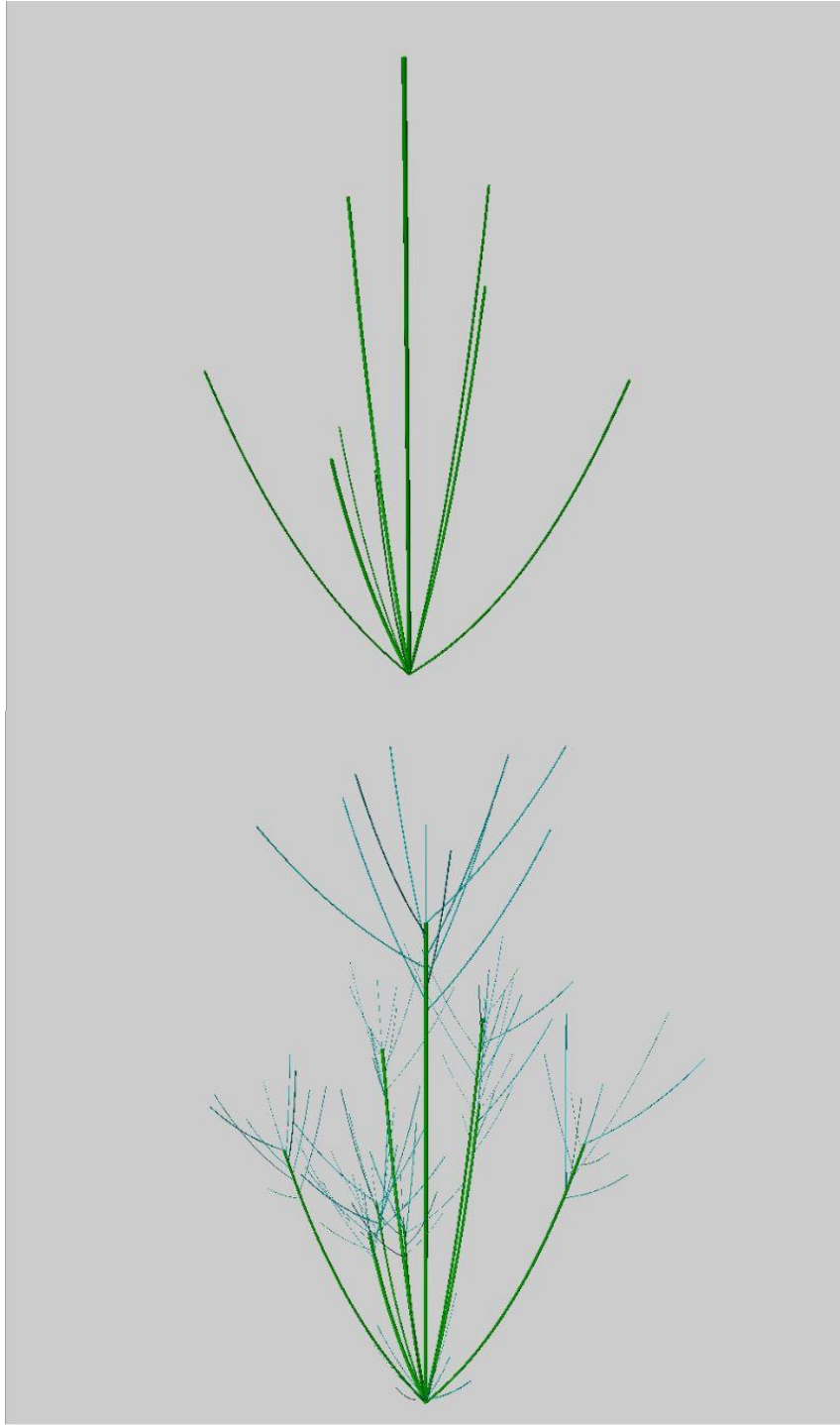
Die Verzweigungswinkel werden durch die Parameter einer Normalfunktion nach Alter und Ordnung bestimmt (siehe Tabelle 4).

Für die Nachbildung des Stockausschlages benutzt man eine Normalverteilung, deren Parameter Mittelwert und Standardabweichung aus den Daten der Anzahl an Stockausschlägen des Baumes berechnet werden.

Für den Alters- und Ordnungstrend könnte man einen Verkürzungsfaktor definieren. Der Alterstrend hat zwischen Alter 1 und 2 kleine Unterschiede sowohl in der Länge als auch in der Internodienanzahl gezeigt. Für einen möglichen Ordnungstrend war die Korrelation nicht deutlich genug, um einen Verkürzungsfaktor zu definieren.

Es wurden aber zwischen den verschiedenen Alters- und Ordnungsgruppen Unterschiede nachgewiesen, und dieses unterschiedliche Verhalten wird dadurch implizit beschrieben, indem man die Parameter des Modells nach Alter und Ordnung unterteilt.

Abbildung 18 zeigt exemplarisch das Wachstum und die Struktur eines Pappelindividuums.



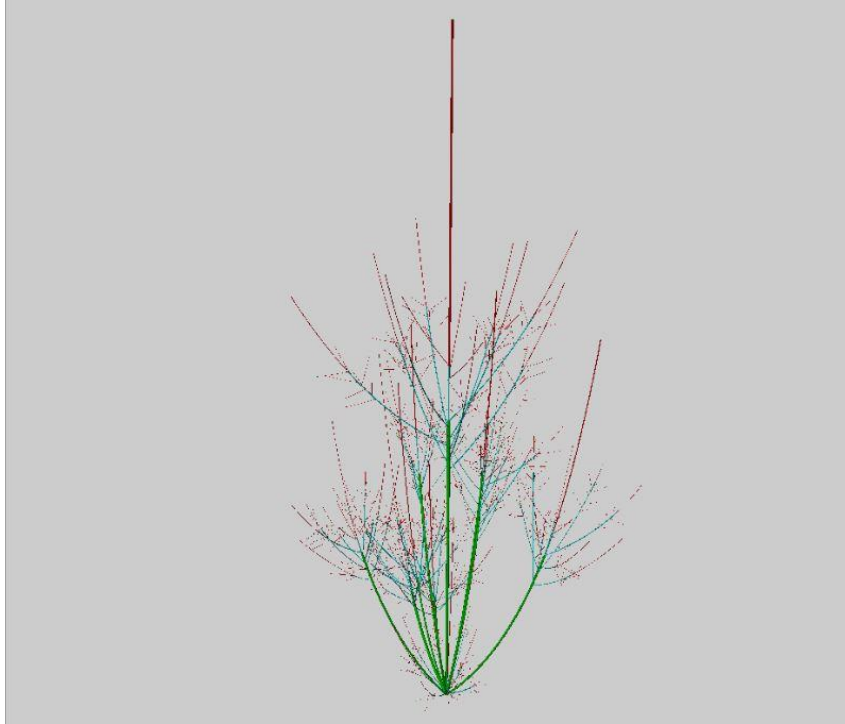


Abb. 18: Simulation der Struktur der Pappelklone für drei Altersstufen.

4. Diskussion

Die Hypothese, dass sich die Klone in ihrer Struktur und Verzweigungsarchitektur unterscheiden, konnte aus den Ergebnissen der Anova-Tests nicht bestätigt werden. Aus dem ähnlichen Verlauf der abgebildeten Funktionen zwischen den Klonen ließ sich dieses Ergebnis schon vermuten. Da die Klone einen ähnlichen Ertrag (Einzelbaummassen) auf der Fläche bringen, ist es plausibel, dass ihre Struktur auch Ähnlichkeiten zeigt (Stiehm, 2014). Die Unterschiede bei der Morphologie zwischen Klonen könnte man auch bei den Fällen untersuchen, wo sich die Sorten in ihrer Leistung differenzieren, oder auch bei einem neuen Hybrid.

Es bleibt in diesem Punkt noch Auswertungsbedarf, denn wenn die Voraussetzungen der ANOVA nicht erfüllt werden, wären noch nonparametrische Test durchführbar wären. Es besteht die Möglichkeit, dass diese Tests differenzierte Ergebnisse liefern.

Das Ziel der Analyse, ein Strukturmodell auf der Simulationsplattform GroIMP aufzubauen, das den Stockausschlag, das Längen- und Dickenwachstum und die Verzweigung abbildet, hat man erreicht. Trotzdem könnte man noch das aktuelle Modell optimieren, indem man folgende Verbesserungen einsetzt:

Um die Verteilung der Internodienanzahl pro WE mit der negativen Binomialverteilung im GroIMP zu definieren, könnte man, wie schon im Ergebnisteil erwähnt wurde, diese mit Hilfe der schon implementierten Verteilungen Gamma und Poisson approximativ selbst programmieren.

Eine andere Möglichkeit, die sich bietet, ist, die Poisson-Verteilung zu benutzen. Dafür sollte man erstmal das schon im Ergebnisteil angedeutete Problem mit dem Parameter λ lösen, indem man die Daten so skaliert, dass der Mittelwert niedriger ist. Der Nachteil dieser Möglichkeit ist, dass das den Parameter-Schätzer verzerren würde. Die andere Lösung wäre, die Daten zu logarithmieren, aber dies würde auch zur Verzerrung führen.

Der Schwellenwert für die Internodienanzahl, ab der die Knospen einer WE Seitentriebe bilden, konnte nur für die WE der Ordnung 0 definiert werden, da die spezifischen und summarischen Daten benutzt wurden. Es besteht noch die Möglichkeit, die detaillierten Aufnahmen zu benutzen, um auch einen Schwellenwert für die WE der Ordnung 1 und Alter 2 zu kalkulieren.

Es wurde beim Modell die Unregelmäßigkeit beobachtet, dass der Durchmesser der jüngeren WE bei einigen Simulationen dicker ist als der des älteren, darunterliegenden WE. Dies könnte man regeln, indem man den Durchmesser der WE vom Alter 1 und 2 auf den Durchmesser ihrer vorherigen Einheit limitiert. Das Dicken-Wachstum sollte man auch auf gleiche Weise beschränken.

Die Struktur der Gattung *Populus* wurde auch bei anderen Autoren untersucht. Caraglio et al. haben schon 1990 die Architektur und das Wachstum der Art *Populus nigra* modelliert. Für die Anpassung der Verteilung der Internodienanzahl pro WE wurde auch dort die negative Binomialverteilung benutzt. Der Wachstumsprozess wurde ebenso durch die Internodienanzahl pro WE definiert: die Einheit stoppt das

Wachstum, wenn sie eine bestimmte Anzahl an Internodien gebildet hat. Auch Architekturregeln wie der Alterstrend und die Akrotonie wurden bereits in der Arbeit von Caraglio et al. untersucht und bestätigt, aber nicht im Modell mathematisch angepasst (Caraglio et al., 1990).

Die geringen Unterschiede zwischen Alter 1 und 2 bei dem Alterstrend könnten daran liegen, dass der Verlauf der Länge bei verschiedenen Jahren der Form einer Sigmoidfunktion folgen würde. Um diese Hypothese zu beweisen, sollte man über mehrere Jahren Aufnahmen bei den Bäumen durchführen und eine Analyse durchführen, die die Länge bei verschiedenem Alter untersucht und prüfen, ob eine Sigmoidfunktion zu beobachten ist.

Die Wetterbedingungen haben auch einen Einfluss auf die Ergebnisse. Beim Alterstrend könnte der Fall vorliegen, dass auf Grund von Wettereinflüssen die zweijährigen WE besonders wenig oder die einjährigen WE besonders viel gewachsen sind.

Die Abbildung des Grades der Akrotonie bei verschiedenen Ansatzhöhen ergibt eine Linie, die sich der Form der Exponential-Funktion annähert, aber die große Streuung lässt keine gute Anpassung zu.

Die Erfassung des Wachstums der Triebe in verschiedenen Jahren wurde durch den Fakt erschwert, dass die Anzahl an einjährigen WE gering war. Eine mögliche Erklärung dafür ist, dass manche Achsen, die im ersten Jahr (Alter 3) ausgetrieben haben, im zweiten Jahr noch eine Fortsetzungs-WE ausbilden und dann absterben, ohne eine dritte WE auszubilden. Man könnte für weitere Analysen diese Möglichkeit berücksichtigen, indem man die WE danach differenziert, ob sie Stockausschläge oder Fortsetzungs-WE sind.

Obwohl es an den oben beschriebenen Stellen noch die Gelegenheit gibt, die Analyse zu optimieren, kann man davon ausgehen, dass die Methode zuverlässig ist, da die Ergebnisse miteinander in Einklang stehen.

Ein Nachteil der reinen Strukturmodelle ist, dass die physiologische und genetische Ebene außer Betracht bleibt. Die Funktion-Struktur-Modelle zeigen die Eigenschaften, die für eine maximale Biomasseproduktion verantwortlich sind. In der Züchtung soll dann auf diese Eigenschaften hingearbeitet werden. Unter diesen Eigenschaften sind sowohl die morphologische Komponente, als auch die physiologische, die für die Prozesse der Pflanze verantwortlich sind. (Buck-Sorlin et al., 2006). Die Kronenarchitektur hat einen Einfluss auf die Orientierung, Verteilung und Fläche der Blätter, die letztendlich eine Wirkung auf die Licht-Interzeption und die produzierte Biomasse hat (Broeckx et al., 2012). Auch das Phänomen Akrotonie bewirkt eine verstärkte Trieb- und Blattbildung im äußeren Kronenbereich, die eine Erhöhung der Biomasse-Produktion auslöst (Ceulemans, 1990). Im Struktur-Modell wurde das Phänomen bewiesen und quantifiziert, aber um genauer zu verstehen, welche Wirkung die Akrotonie und die anderen Architektur-Regeln auf die physiologischen Prozesse haben, braucht man die Ergänzung durch ein Funktions-Modell. Dieses könnte den Akrotonie-Grad in Verbindung mit Energie-Einfang und mit ihrer Umsetzung in Wachstum und Biomasse setzen und die dafür verantwortliche Gene identifizieren (Heilman et al., 1996).

Da die physiologischen Prozesse und die Struktur der Pflanze in Rückkopplung stehen, wäre es interessant, aus diesem Modell ein Funktions-Struktur-Modell aufzubauen, indem andere Faktoren wie z.B. die Effizienz der Photosynthese und die Netto-Kohlenstoff-Assimilation per Einheit Blattfläche untersucht werden (Heilman et al., 1996).

Die Physiologie und Morphologie der Pappel wurde schon mit Relationalen Wachstumsgrammatiken modelliert (Buck-Sorlin et al., 2006). In diesem Modell wurde die Architektur-Regel, die die Morphologie von einjährigen Pflanzen ohne Stockausschlag beschreibt, mit einer Untermenge an physiologischen Prozessen kombiniert. Solche Prozesse sind zum Beispiel die Bildung und der Transport des Pflanzenhormons Gibberellinsäure. Das Modell benutzt auch eine vereinfachte Photosynthesefunktion, die in Abhängigkeit von der Lichtstärke, Temperatur und Blattfläche die Produktion von Photosynthaten (primäre Kohlenhydrate) nachbildet. Zusätzlich dient eine Beschattungsfunktion dazu, die beschatteten und unbeschatteten Blätter zu unterscheiden.

Die Implementierung dieser physiologischen Funktionen im aktuellen Struktur-Modell würde dazu dienen, die Quantifizierung der Biomasse-Produktion zu ermöglichen. Die Anwendungen des Modells verbreitern sich dadurch und schaffen möglicherweise ein Werkzeug für eine ertragsoptimierte Züchtung und Bewirtschaftung.

5. Anhang

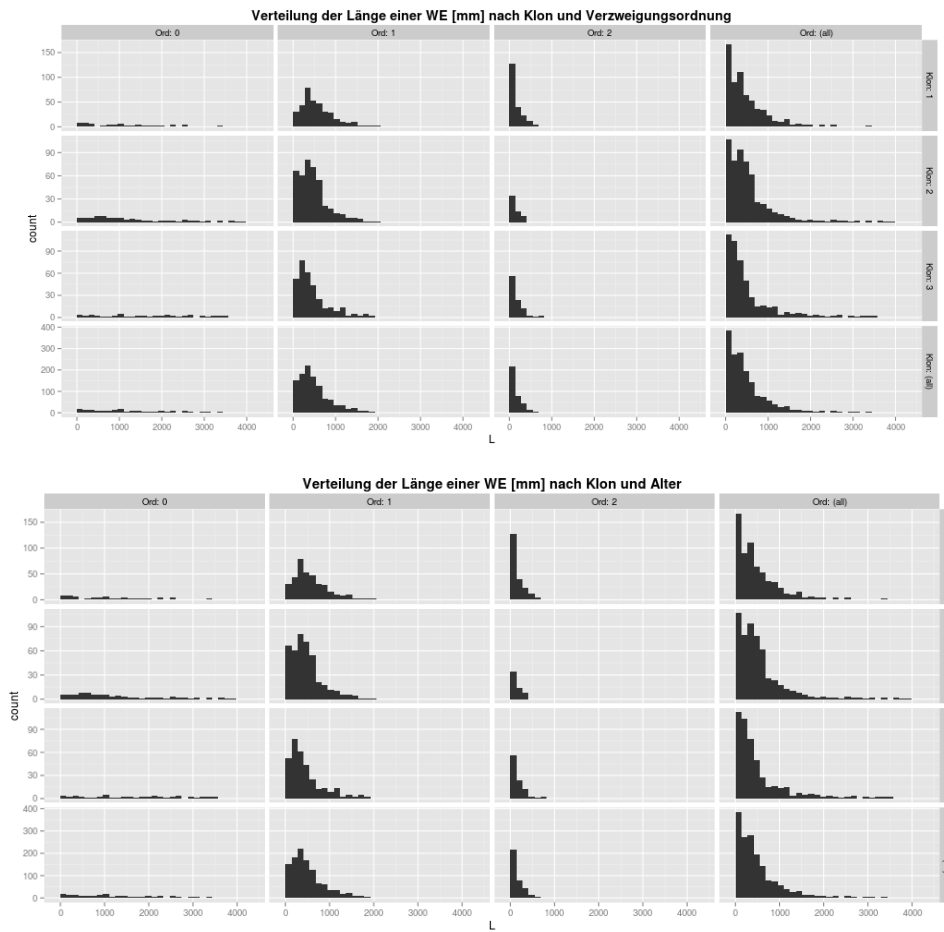


Abb 19: Verteilung der Länge einer WE nach Verzweigungsordnung bzw. Alter und Klon aufgeschlüsselt. L = Länge pro WE, Ord = Verzweigungsordnung, age = Alter.

AIC-Werte bei der Verteilung der Längen pro WE	Klon	Alter	Verzweigungsordnung	Alter und Verzweigungsordnung	Klon, Alter und Verzweigungsordnung
Poisson	932379	660612	560397	543486	543278
Negative Binomial	24848	24432	24016	24000	23999

Tabelle 15 :AIC-Werte bei der Anpassung verschiedener Verteilungsfunktionen an unterschiedliche Gruppen von Daten für die Verteilung der Internodienanzahl pro WE.

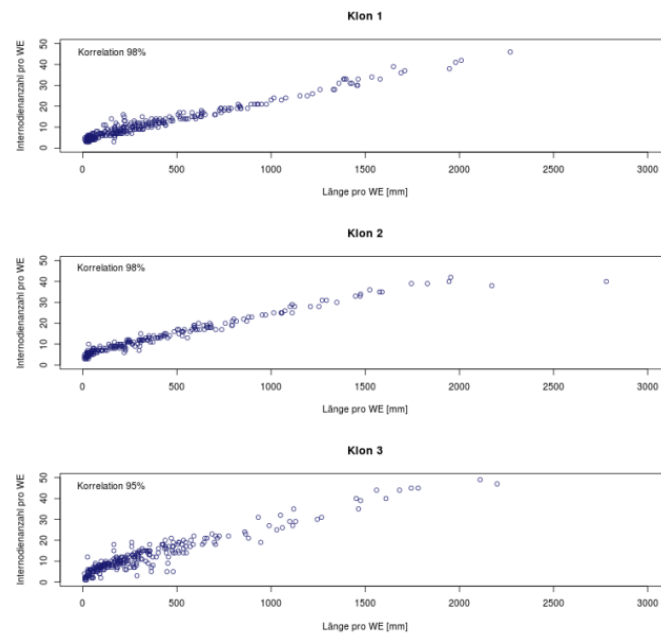


Abb. 20: Korrelation zwischen Länge einer WE [mm] und Internodienanzahl bei Alter 1

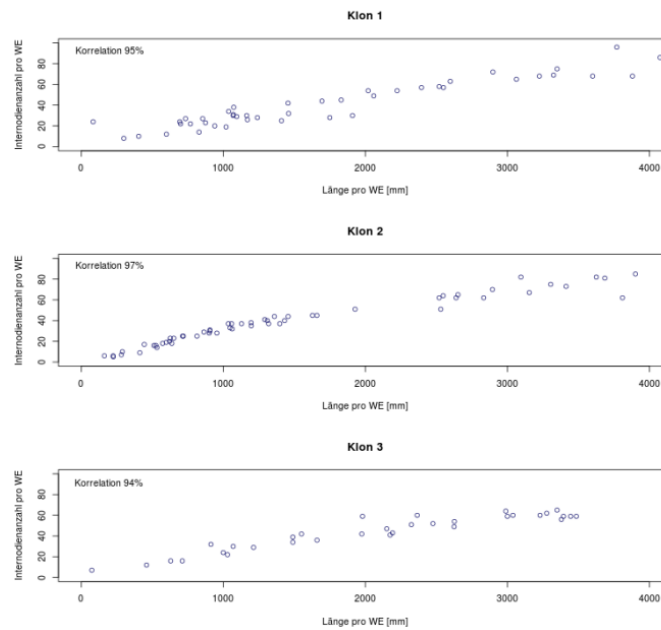


Abb. 21 : Korrelation zwischen Länge einer WE [mm] und Internodienanzahl bei Alter 3

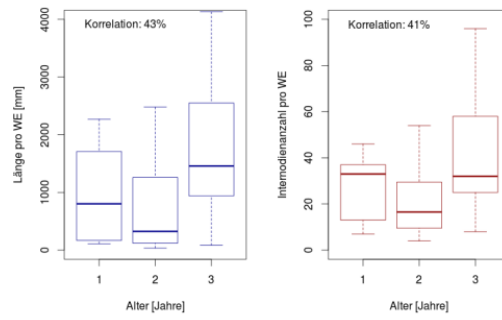


Abb. 22: Vergleich zwischen Alter und WE-Länge bzw. Internodienanzahl bei Klon 1 zur Bestimmung eines Alterstrends

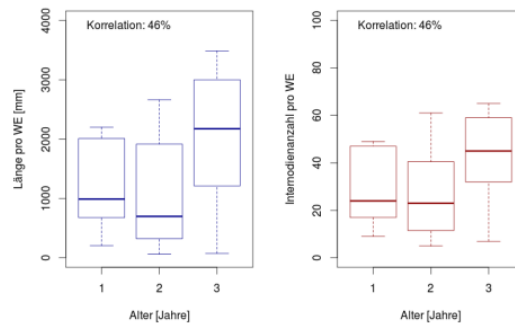


Abb. 23: Vergleich zwischen Alter und WE-Länge bzw. Internodienanzahl bei Klon 3 zur Bestimmung eines Alterstrends

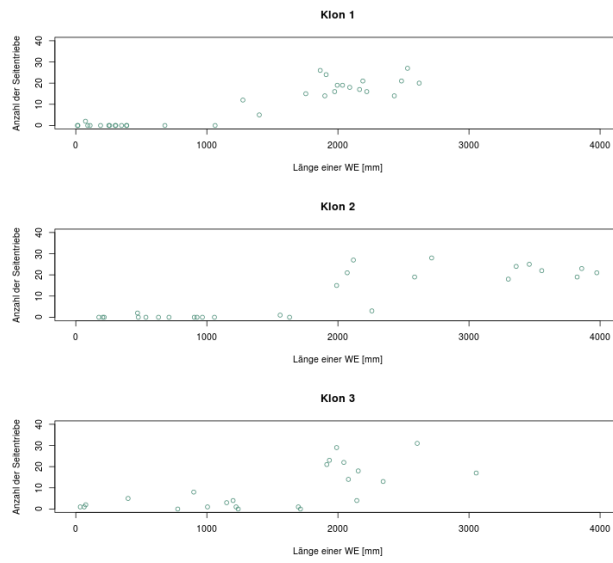


Abb. 24: Korrelation zwischen Länge [mm] einer WE und der Anzahl der Seitentriebe dieser WE für Alter 2

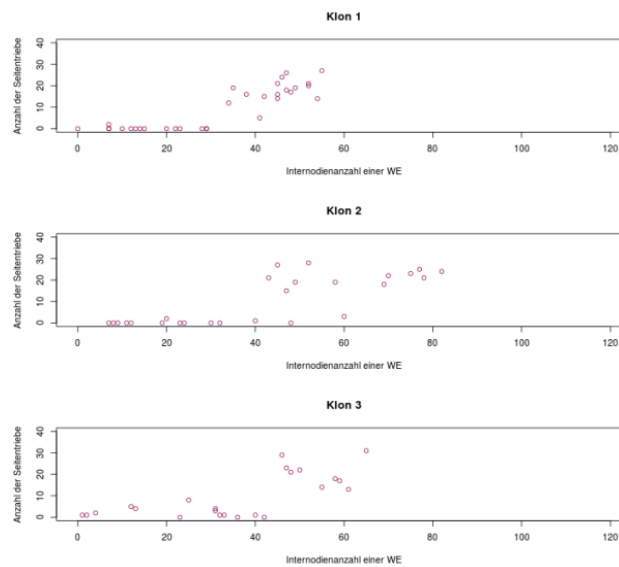


Abb. 25: Korrelation zwischen Internodienanzahl einer WE und der Anzahl der Seitentriebe dieser WE für Alter 2

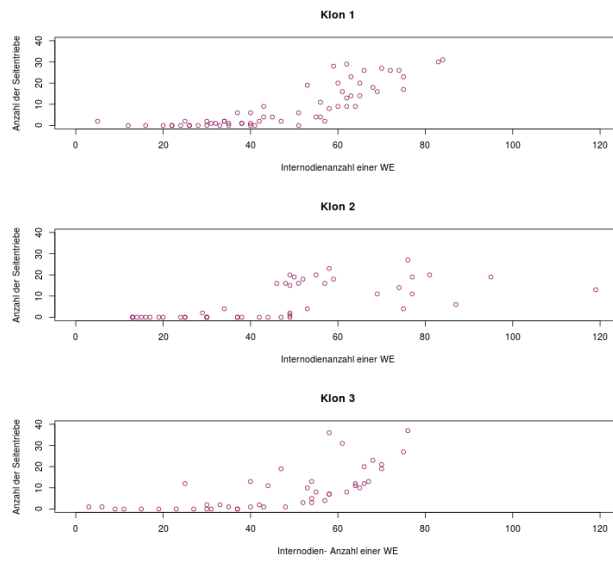


Abb. 26: Korrelation zwischen Internodienanzahl einer WE und der Anzahl der Seitentriebe dieser WE für Alter 3

	Alter 2	Alter 3
Klon 1	0,92	0,90
Klon 2	0,86	0,78
Klon 3	0,68	0,66

Tabelle 16: Korrelation zwischen Länge [mm] einer WE und der Anzahl der Seitentriebe dieser WE nach Klon und Alter aufgeschlüsselt.

	Alter 2	Alter 3
Klon 1	0,87	0,83
Klon 2	0,79	0,66
Klon 3	0,70	0,68

Tabelle 17: Korrelation zwischen Internodienanzahl einer WE und der Anzahl der Seitentriebe dieser WE nach Klon und Alter aufgeschlüsselt.

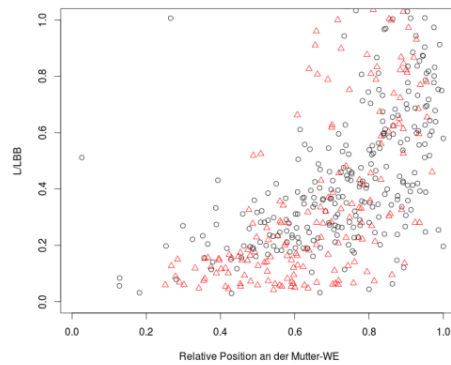


Abb. 27: Quotient aus Länge der Seiten-WE und Länge der Fortsetzungs-WE der Mutter-WE in Abhängigkeit von der relativen Position der untersuchten WE an der Mutter-WE für Klon 1, um das Phänomen Akrotonie zu untersuchen. L = Länge der Seiten-WE, LBB = Länge der Fortsetzungs-WE.

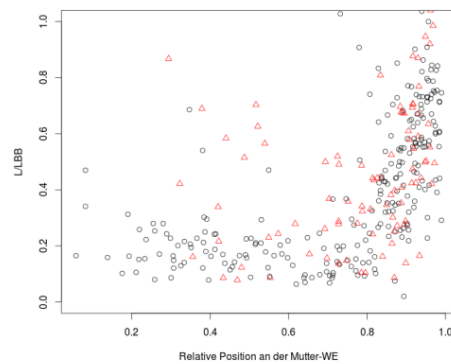


Abb. 28: Quotient aus Länge der Seiten-WE und Länge der Fortsetzungs-WE der Mutter-WE in Abhängigkeit von der relativen Position der untersuchten WE an der Mutter-WE für Klon 3, um das Phänomen Akrotonie zu untersuchen. L = Länge der Seiten-WE, LBB = Länge der Fortsetzungs-WE.

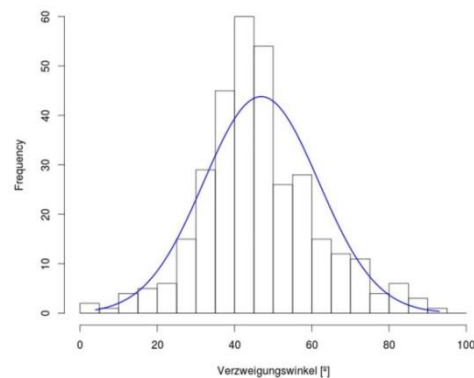


Abb. 29: theoretische (blau) und empirische (Balken) Verteilung der Verzweigungswinkel für Klon 1 und Ordnung 1.

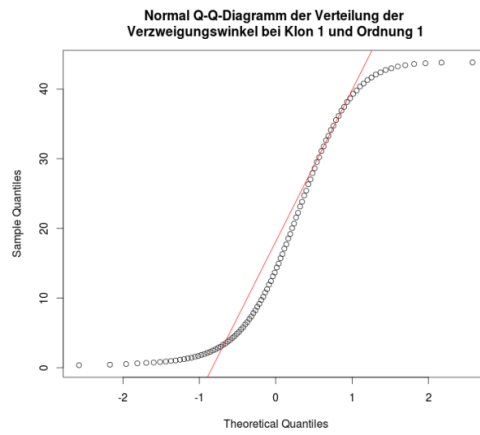


Abb. 30: Normal Quantil-Quantil-Diagramm der Verteilung der Verzweigungswinkel bei Klon 1 und Ordnung 1. Die rote Gerade bildet eine theoretische Normalverteilung ab.

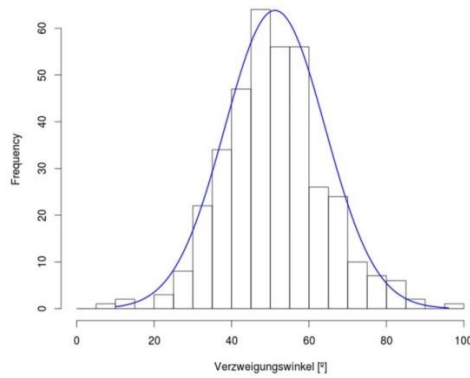


Abb. 31: theoretische (blau) und empirische (Balken) Verteilung der Verzweigungswinkel für Klon 2 und Ordnung 1.

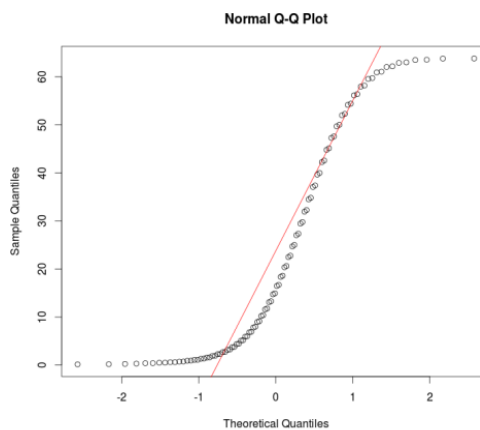


Abb. 32: Normal Quantil-Quantil-Diagramm der Verteilung der Verzweigungswinkel bei Klon 2 und Ordnung 1. Die rote Gerade bildet eine theoretische Normalverteilung ab.

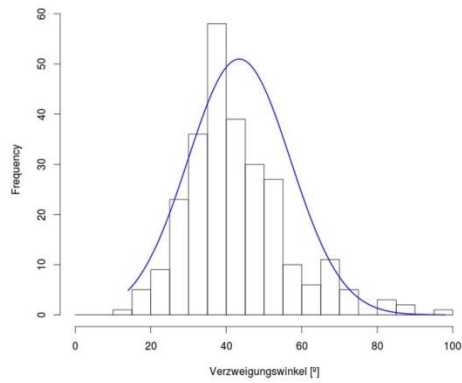


Abb. 33: theoretische (blau) und empirische (Balken) Verteilung der Verzweigungswinkel für Klon 3 und Ordnung 1.

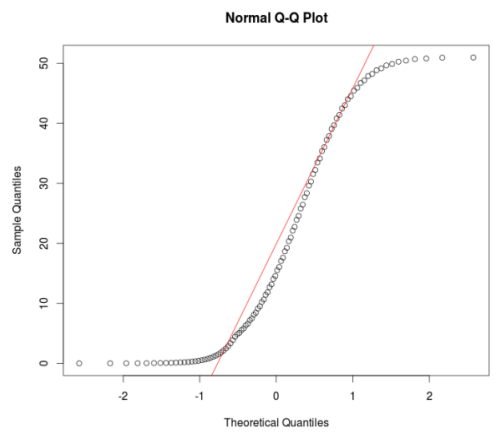


Abb. 34: Normal Quantil-Quantil-Diagramm der Verteilung der Verzweigungswinkel bei Klon 3 und Ordnung 1. Die rote Gerade bildet eine theoretische Normalverteilung ab.

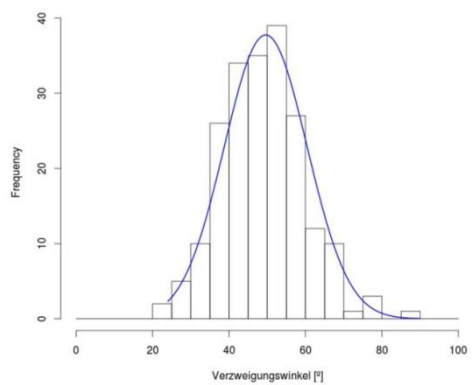


Abb. 35: theoretische (blau) und empirische (Balken) Verteilung der Verzweigungswinkel für Klon 1 und Ordnung 2.

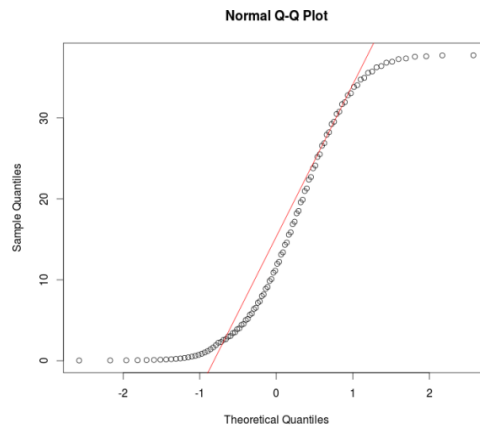


Abb. 36: Normal Quantil-Quantil-Diagramm der Verteilung der Verzweigungswinkel bei Klon 1 und Ordnung 2. Die rote Gerade bildet eine theoretische Normalverteilung ab.

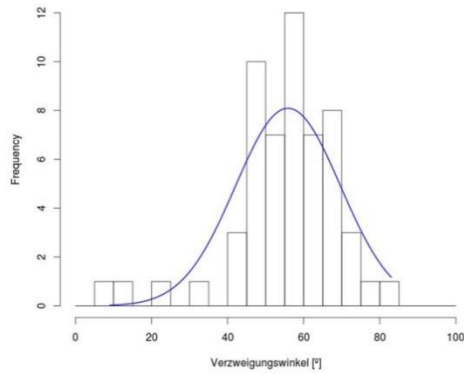


Abb. 37: theoretische (blau) und empirische (Balken) Verteilung der Verzweigungswinkel für Klon 2 und Ordnung 2.

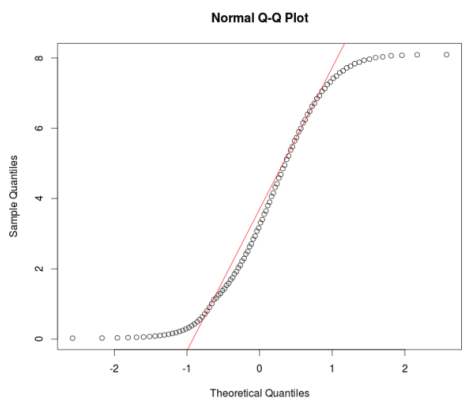


Abb. 38: Normal Quantil-Quantil-Diagramm der Verteilung der Verzweigungswinkel bei Klon 2 und Ordnung 2. Die rote Gerade bildet eine theoretische Normalverteilung ab.

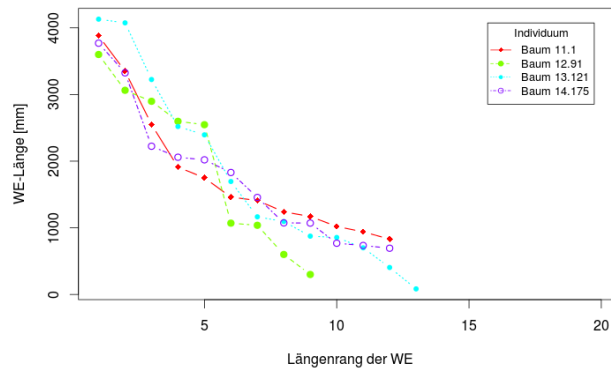


Abb. 39: Darstellung des Verlaufs der Längen [mm] der dreijährigen WE der vier Pflanzen in Klon 1 nach Längenrang der WE.

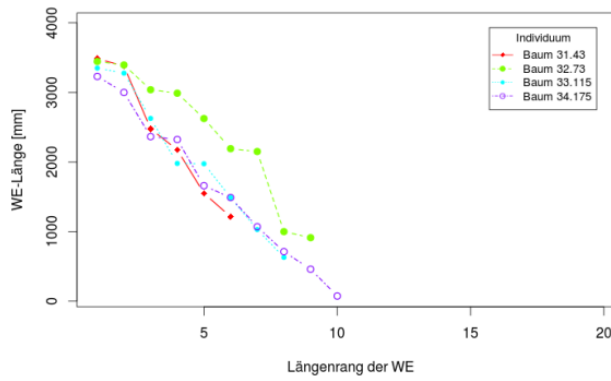


Abb. 40: Darstellung des Verlaufs der Längen [mm] der dreijährigen WE der vier Pflanzen in Klon 3 nach Längenrang der WE.

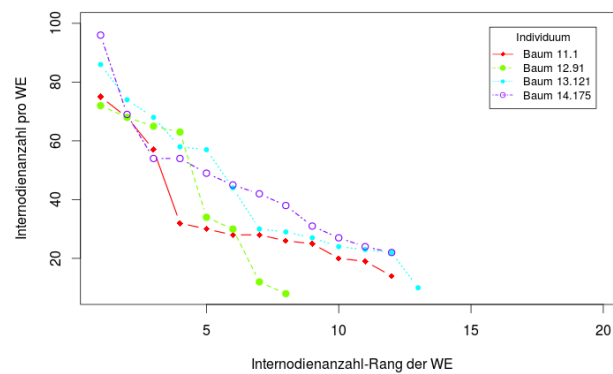


Abb. 41: Darstellung des Verlaufs der Internodienanzahl der dreijährigen WE der vier Pflanzen in Klon 1 nach Internodienanzahl-Rang der WE.

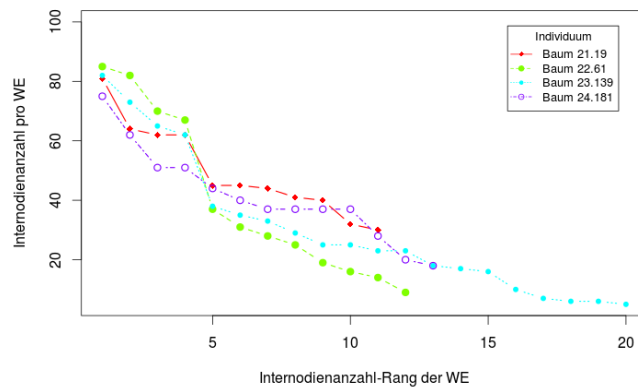


Abb. 42: Darstellung des Verlaufs der Internodienanzahl der dreijährigen WE der vier Pflanzen in Klon 2 nach Internodienanzahl-Rang der WE.

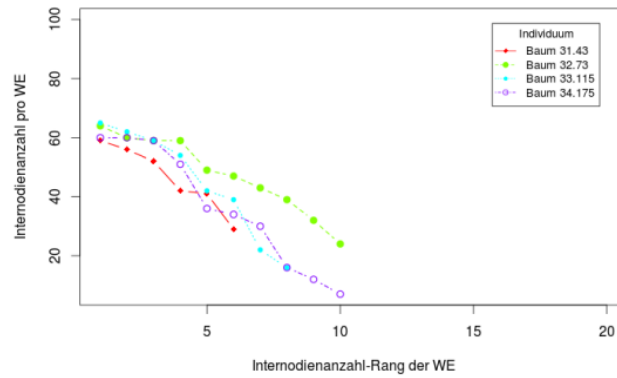


Abb. 43: Darstellung des Verlaufs der Internodienanzahl der dreijährigen WE der vier Pflanzen in Klon 2 nach Internodienanzahl-Rang der WE.

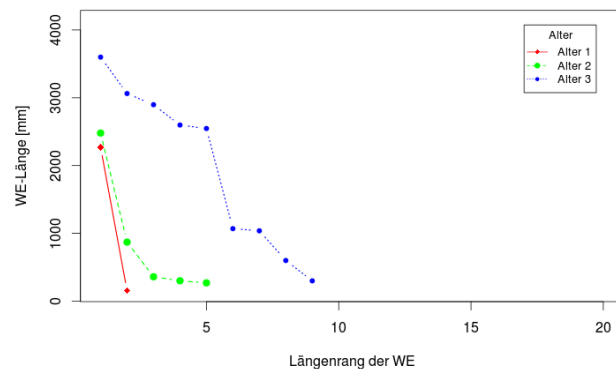


Abb. 44: Darstellung der WE-Längen der unterschiedlichen WE-Alter im Baum 12.91 und Ordnung 0 nach Längenrang einer WE für die Untersuchung des Wachstumsverhaltens des Stockausschlags innerhalb einer Pflanze.

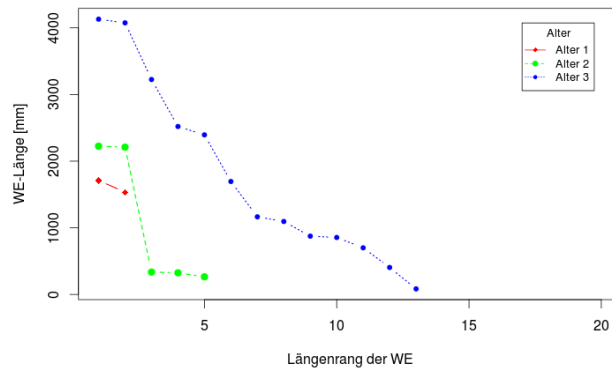


Abb. 45: Darstellung der WE-Längen der unterschiedlichen WE-Alter im Baum 13.121 und Ordnung 0 nach Längenrang einer WE für die Untersuchung des Wachstumsverhaltens des Stockausschlags innerhalb einer Pflanze.

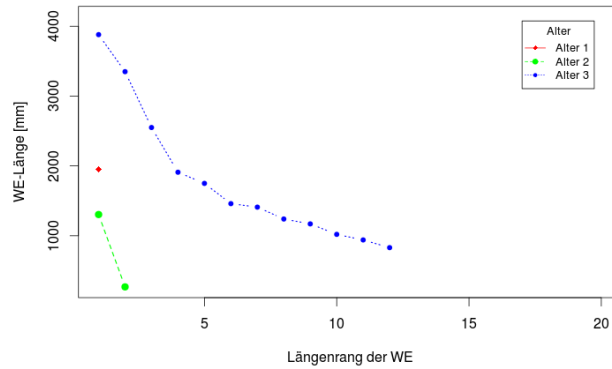


Abb. 46: Darstellung der WE-Längen der unterschiedlichen WE-Alter im Baum 14.175 und Ordnung 0 nach Längenrang einer WE für die Untersuchung des Wachstumsverhaltens des Stockausschlags innerhalb einer Pflanze.

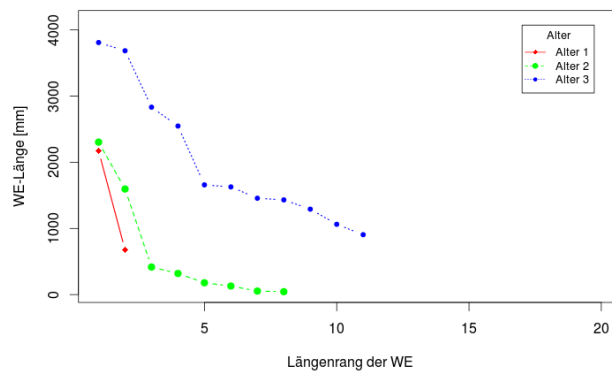


Abb. 47: Darstellung der WE-Längen der unterschiedlichen WE-Alter im Baum 21.19 und Ordnung 0 nach Längenrang einer WE für die Untersuchung des Wachstumsverhaltens des Stockausschlags innerhalb einer Pflanze.

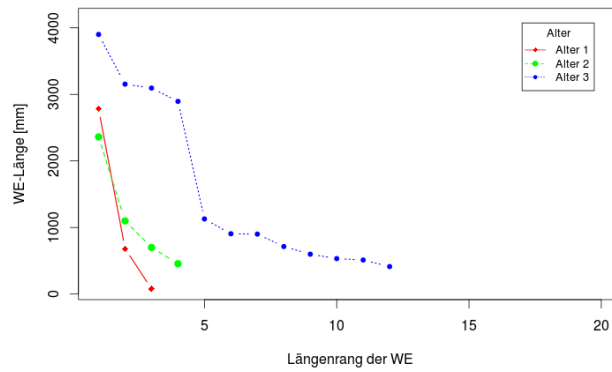


Abb. 48: Darstellung der WE-Längen der unterschiedlichen WE-Alter im Baum 22.61 und Ordnung 0 nach Längenrang einer WE für die Untersuchung des Wachstumsverhaltens des Stockausschlags innerhalb einer Pflanze.

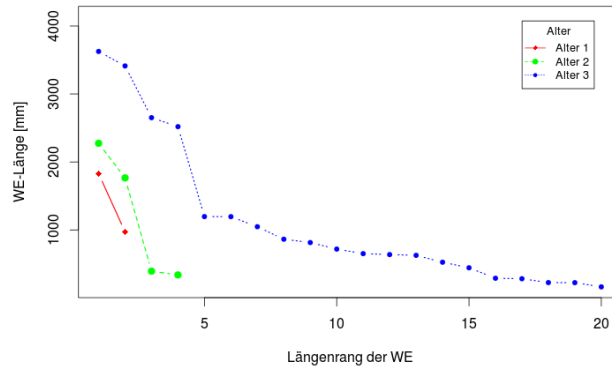


Abb. 49: Darstellung der WE-Längen der unterschiedlichen WE-Alter im Baum 23.139 und Ordnung 0 nach Längenrang einer WE für die Untersuchung des Wachstumsverhaltens des Stockausschlags innerhalb einer Pflanze.

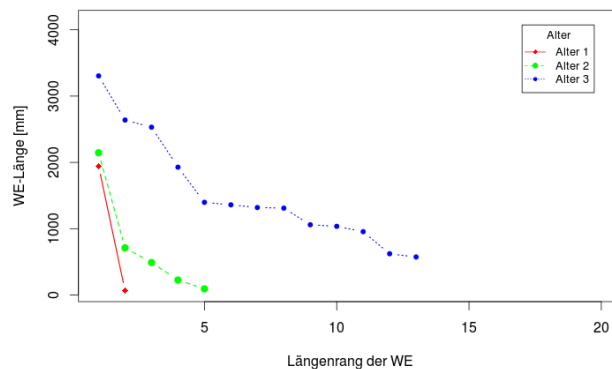


Abb. 50: Darstellung der WE-Längen der unterschiedlichen WE-Alter im Baum 24.181 und Ordnung 0 nach Längenrang einer WE für die Untersuchung des Wachstumsverhaltens des Stockausschlags innerhalb einer Pflanze.

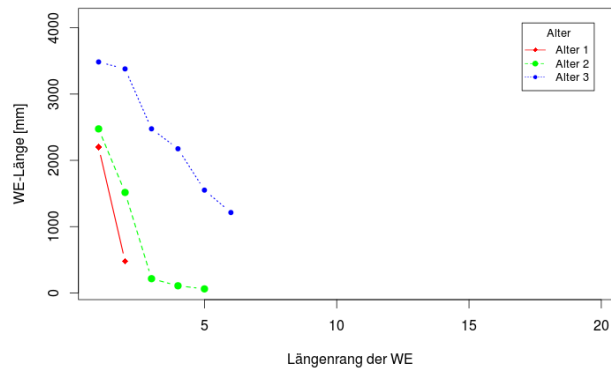


Abb. 51: Darstellung der WE-Längen der unterschiedlichen WE-Alter im Baum 31.43 und Ordnung 0 nach Längenrang einer WE für die Untersuchung des Wachstumsverhaltens des Stockausschlags innerhalb einer Pflanze.

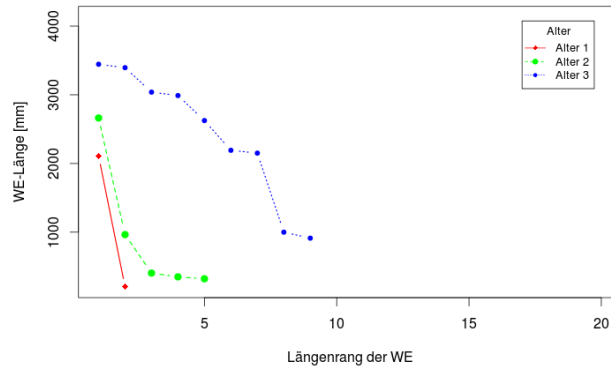


Abb. 52: Darstellung der WE-Längen der unterschiedlichen WE-Alter im Baum 32.73 und Ordnung 0 nach Längenrang einer WE für die Untersuchung des Wachstumsverhaltens des Stockausschlags innerhalb einer Pflanze.

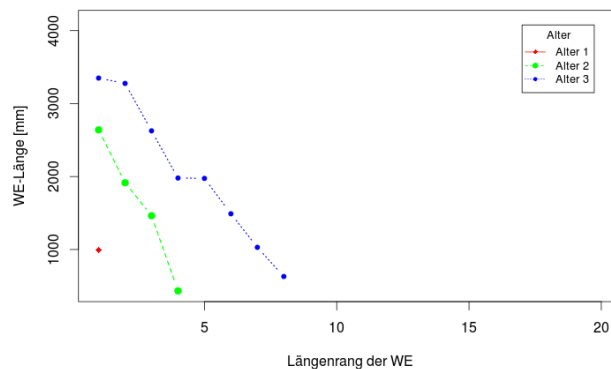


Abb. 53: Darstellung der WE-Längen der unterschiedlichen WE-Alter im Baum 33.115 und Ordnung 0 nach Längenrang einer WE für die Untersuchung des Wachstumsverhaltens des Stockausschlags innerhalb einer Pflanze.

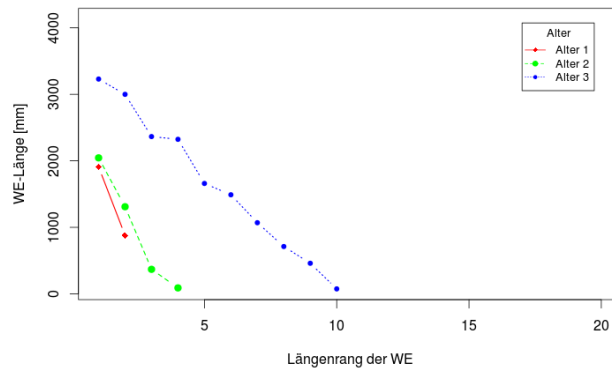


Abb. 54: Darstellung der WE-Längen der unterschiedlichen WE-Alter im Baum 34.175 und Ordnung 0 nach Längenrang einer WE für die Untersuchung des Wachstumsverhaltens des Stockausschlags innerhalb einer Pflanze.

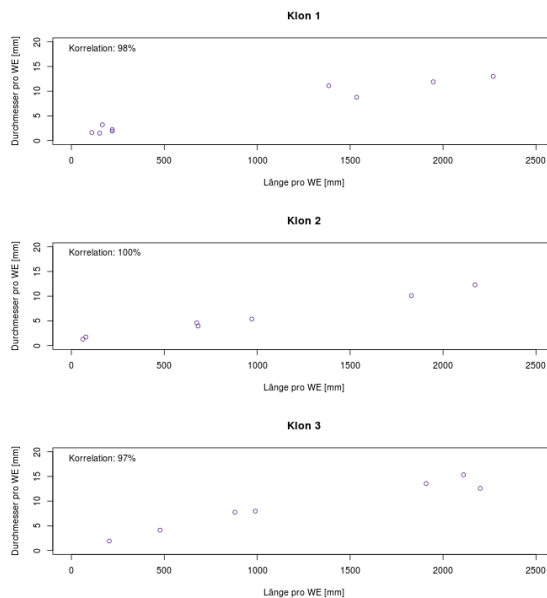


Abb. 55: Korrelation zwischen Länge und Durchmesser einer WE für Alter 1 und Verzweigungsordnung 0.

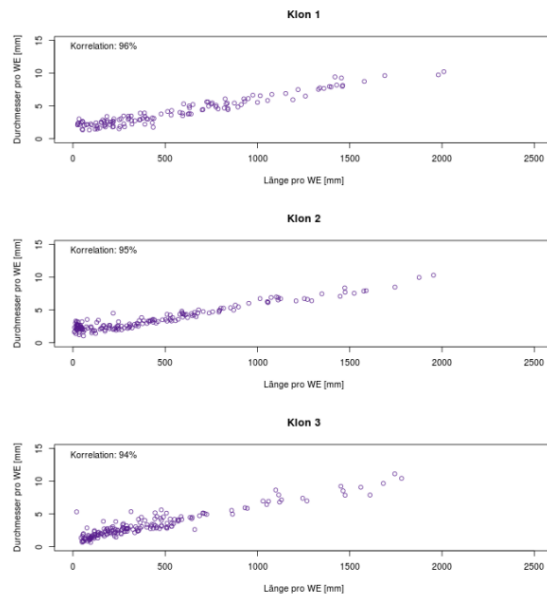


Abb. 56: Korrelation zwischen Länge und Durchmesser einer WE für Alter 1 und Verzweigungsordnung 1.

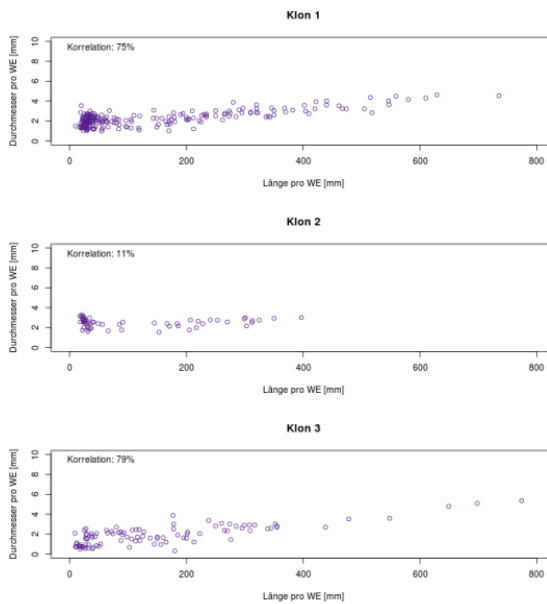


Abb. 57: Korrelation zwischen Länge und Durchmesser einer WE für Alter 1 und Verzweigungsordnung 2.

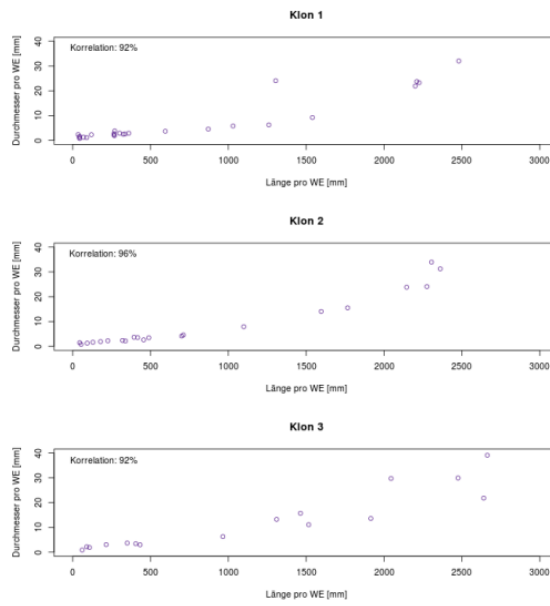


Abb. 58: Korrelation zwischen Länge und Durchmesser einer WE für Alter 2 und Verzweigungsordnung 0.

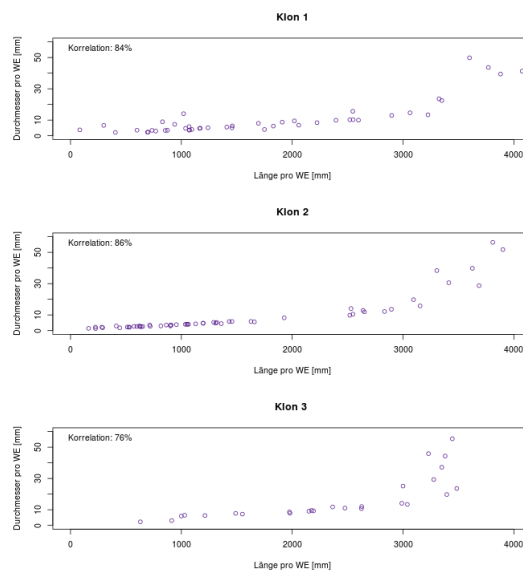


Abb. 59: Korrelation zwischen Länge und Durchmesser einer WE für Alter 3 und Verzweigungsordnung 0.

6. Literaturverzeichnis

- Amthauer Gallardo, D. (2014). Standortbasierte Ertragsmodellierung von Pappel- und Weidenklonen in Kurzumtriebsplantagen. Dissertation. Technische Universität Dresden.
- Bartels, H. (1987). Die Gattung *Populus* in dendrologischer Sicht. *Die Holzzucht*. Mitteilungsblatt des Forschungsinstitutes für schnellwachsende Baumarten in Hann. Münden. Postverlagsort Kassel. 41. Jahrgang. Heft 1/2, Seiten 1-6.
- Broeckx, L. S., Verlinden, M. S., Vangronsveld, J., & Ceulemans, R. (2012). Importance of crown architecture for leaf area index of different *Populus* genotypes in a high-density plantation. *Tree Physiology* 32, 1214–1226.
- Buck-Sorlin, G., Kniemeyer, O., & Kurth, W. (2006). Physiologie und Morphologie der Pappel (*Populus* sp.) modelliert mit Relationalen Wachstumsgrammatiken. DVFFA Sektion Forstliche Biometrie und Informatik, 17. Tagung, Freiburg, 26.-28. 9. 2005 (Hg.: Uwe Wunn). Die Grüne Reihe (ISSN 1860-4064), pp. 1-11.
- Caraglio, Y., Elguero, E., Mialet, I., & Rey, H. (1990). *Le peuplier: modelisation et simulation de son architecture* (Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement, Vol. 008). Centre de Recherches de Montpellier.
- Ceulemans, R. (1990). Genetic Variation in Functional and Structural Productivity Determinants In Poplar (pp. 1–95). Amsterdam: Thesis Publishers.-111
- Heilman, P. E., Hinckley, T. M., Roberts, D. A., & Ceulemans, R. (1996). Chapter 18: Production physiology. In *Biology of Populus and its Implications for Management and Conservation* (pp. 459– 489). NCR Research Press, Ottawa, Ontario, Canada, 539 p.
- Kurth, W. (2007). Specification of morphological models with L-systems and relational growth grammars. *Journal of Interdisciplinary Image Science*, 5.

- Kurth, W. (2013). *Presentation on the International Summer School "Modelling of Ecosystems by Tools from Computer Science."* Czech University of Life Sciences, Prague, Sept. 16, 2013
- Lanwert, D., Buck-Sorlin, G., Pfuhl, D., Dzierzon, H. (n.d.). Methodik und Handling der Erstellung von ökologischen Modellen mittels Lindenmayer-Systemen und der Modellschale GROGRA. <http://elan.forst.uni-goettingen.de/grogracd/index.htm>
- Lu, M., Nygren, P., Perttunen, J., Pallardy, S. G., & Larsen, D.R. (2011). Application of the Functional-Structural Tree Model LIGNUM to Growth Simulation of Short-Rotation Eastern Cottonwood. *Silva Fennica*, 45(3), 431–474.
- Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt. (2012). *Boniturschema Projekt ProLoc*.
- Nuske, R. S., Nikolas von Lüpke, & Almuth Marx. (2011). Einführung in die Statistik mit R. Universität Göttingen, Abteilung Ökoinformatik, Biometrie und Waldwachstum.
- Stiehm, C. (2014, June 6). Hintergrundinformationen zur ProLoc Versuchsfläche "Unterrieden." Unveröffentlicht.
- Zeileis, A., Kleiber, C. & Jackman, S. (2008). Regression Models for Count Data in R. *JSS Journal of Statistical Software* 8, 27. Retrieved from <http://www.jstatsoft.org/>

Hiermit versichere ich gemäß §6 Abs. 5 der Bachelor-Prüfungsordnung vom 13.09.2007, dass ich die vorliegende Arbeit selbständig verfasst und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt habe.

Mittwoch, 22. Oktober 2014