

Forstgenetik und Naturschutz

5. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung am 15./16. Juni 2016 in Chorin

Tagungsband

Mirko Liesebach (ed)

Thünen Report 45



Forstgenetik und Naturschutz

5. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung am 15./16. Juni 2016 in Chorin

Tagungsband

Mirko Liesebach (ed)

Thünen Report 45

Bibliografische Information:
Die Deutsche Nationalbibliothek
verzeichnet diese Publikationen
in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte
bibliografische Daten sind im
Internet unter
www.dnb.de abrufbar.

Bibliographic information:
The Deutsche Nationalbibliothek
(German National Library) lists
this publication in the German
National Bibliography; detailed
bibliographic data is available on
the Internet at www.dnb.de

Bereits in dieser Reihe erschienene Bände finden Sie im Internet unter www.thuenen.de

Volumes already published in this series are available on the Internet at www.thuenen.de

Zitationsvorschlag – Suggested source citation:

Liesebach M (ed) (2016) Forstgenetik und Naturschutz: 5. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung am 15./16. Juni 2016 in Chorin; Tagungsband. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, 95 p, Thünen Rep 45, DOI:10.3220/REP1481033372000

Die Verantwortung für die Inhalte liegt bei den jeweiligen Verfassern bzw. Verfasserinnen.

The respective authors are responsible for the content of their publications.



Thünen Report 45

Herausgeber/Redaktionsanschrift – *Editor/address* Johann Heinrich von Thünen-Institut Bundesallee 50

38116 Braunschweig Germany

thuenen-report@thuenen.de www.thuenen.de

ISSN 2196-2324 ISBN 978-3-86576-164-4 DOI:10.3220/REP1481033372000 urn:nbn:de:gbv:253-201612-dn057763-4

Die Berücksichtigung kleinräumiger Standortsunterschiede verbessert die Evaluation von Nachkommenschaftsprüfungen

KATHARINA J. LIEPE, MIRKO LIESEBACH Thünen-Institut für Forstgenetik

Zusammenfassung

Kleinräumige Standortsunterschiede sind auf forstlichen Nachkommenschaftsprüfungen selbst bei gründlicher Akquise nicht zu vermeiden. Boden-, Grundwasser- und Reliefunterschiede nehmen Einfluss auf das Wachstum. So weisen viele in Vergangenheit angelegte Flächen, die heute ausgewertet werden, um für die Forstpflanzenzüchtung geeignete Familien und Individuen auszuwählen, standortbedingte Wachstumsunterschiede auf. Dem klassischen Anlagedesign der vollständig randomisierten Blockanlage entsprechend werden diese durch die Berücksichtigung eines Blockeffektes nivelliert. Allerdings deutet vieles darauf hin, dass dabei häufig die tatsächliche räumliche Varianzkomponente unterschätzt wird und ein relativ großer Anteil im Restfehler verbleibt.

Im Rahmen des Projektes Trees4Future wurde ein neues Softwaretool (Muñoz und Sanchez 2015) zur Berechnung von Gemischten Modellen entwickelt, welche neben genetischen Effekten (additiv genetische Varianz), unterschiedliche räumliche Effekte und Konkurrenzeffekte berücksichtigen. Anhand des Beispiels einer Nachkommenschaftsprüfung der Fichte (*Picea abies*) mit insgesamt 320 Einzelbaumabsaaten wird hier der Effekt unterschiedlicher räumlicher Modellannahmen (Block vs. Spline), welche die Baumposititon berücksichtigen, exemplarisch vorgestellt. Mit steigender Komplexität der räumlichen Struktur steigt die Modelgüte, die Residualvarianz wird verringert, die additiv genetische Varianz erhöht. Im vorliegenden Versuch liegt der deutlichste Unterschied bei der Höhe im Alter 21, das Spline Model mit einer Heritabilität von 0.33 ist dem Block-Model mit 0.27 überlegen. Die Präzision der Zuchtwerte wird dadurch verbessert und der Zuchtfortschritt kann bei entsprechender Selektion gesteigert werden.

Schlüsselworte: additiv genetische Varianz, breedR, Fichte, gemischte Modelle, Heritabilität, räumlicher Effekt

Abstract

The consideration of small scale spatial differences improves the evaluation of progeny trials

Small scale spatial differences are an inevitable feature of progeny tests with forest tree species. Soil, ground water and topography are affecting tree growth. As a result microsite dependent differences in growth are present on most long term trial sites that are currently under evaluation to select families and individuals suitable for forest tree breeding. According to the most common experimental design, the completely randomized block design, these differences are accounted for by considering a block effect in the statistic model. However, the remaining, often relatively high residual error indicates that the actual spatial component is underestimated when using this approach.

As part of the EU project Trees4Future Muñoz and Sanchez (2015) developed the statistical R package breedR for genetic evaluation of trees. It provides a toolbox to build highly variable mixed

models that account for genetic effects (additive genetic variance), different spatial effects as well as competition effects. Here, we exemplarily present the impact of different spatial model effects (block vs. spline effect) based on a Norway spruce (*Picea abies*) progeny trial with a total of 320 half sib families. With increasing complexity of the spatial structure model fit improves, the residual variance decreases, and the additive genetic variance increases. Here, height at age 21 shows highest differences in heritability, the spline model results in a higher value of 0.33 in comparison to the block model with 0.27. As a result estimated breeding values for parental trees are of higher precision and the overall breeding progress increases when selecting appropriately.

Keywords: additive genetic variance, breedR, heritability, mixed models, Norway spruce, spatial effect

Einleitung

Die Anlage von Nachkommenschaftsprüfungen ist ein allgemein übliches Mittel zur Beurteilung von Herkünften, Familien und einzelnen Individuen (WILLIAMS et al. 2002). Auf diesen Flächen wird über Jahre (bis Jahrzehnte) hinweg eine Vielzahl quantitativer Merkmale zur Beurteilung einzelner Genotypen aufgenommen. Dabei ist seit langem bekannt, dass die im Einzelversuch beobachtete phänotypische Variation (z.B. Unterschiede in Wachstum, Form, Holzstruktur) nicht allein genotypischen Ursprungs ist (Costa e Silva et al. 2001). Der Standort hat maßgeblichen Einfluss auf die Ausprägung des Phänotyps und variiert auf forstlichen Feldversuchen sehr häufig kontinuierlich (Mikroklima, Topographie, Exposition, Bodenart, Bodentyp), diskontinuierlich (Bestandesbehandlung, Merkmalserhebung), oder auch zufällig (punktuelle Standortsunterschiede) (DUTKOWSKI et al. 2002). Als Resultat des Standorteinflusses ähneln sich benachbarte Individuen, unabhängig von ihrem genetischen Ursprung, häufig mehr, als weiter entfernte Individuen, wodurch eine sichere Evaluation der genetischen Veranlagung einzelner Prüfglieder erschwert wird (Fu et al. 1999). Dieses Phänomen wird als räumliche Autokorrelation (spatial autocorrelation) bezeichnet. Um sie zu berücksichtigen werden Feldversuche traditionell mit mehreren Wiederholungen (Blöcke) angelegt, die einzelnen Prüfglieder werden in möglichst homogenen Parzellen angeordnet (THOMAS 2006). Die Effektivität dieser sogenannten vollständig randomisierten Block Designs (RCB) hängt davon ab, dass die einzelnen Wiederholungen in sich gleichmäßige Wuchsbedingungen aufweisen, und die Variation zwischen einzelnen Wiederholungen die Variabilität der Fläche systematisch wiederspiegelt. Im Gegensatz zu landwirtschaftlichen Sortenversuchen bestehen forstliche Versuchsflächen jedoch aus einer Vielzahl genetischer Einheiten, die einzelnen Wiederholungen fallen entsprechend großflächig aus, was es äußerst schwierig gestaltet innerhalb den Wiederholungen homogene Bedingungen zu schaffen.

Eine Vielzahl analytischer Ansätze wurde vorgeschlagen, um die vorliegende Standortsvariation besser zu erfassen und die Schätzung der Behandlungseffekte zu verbessern, in denen die Einzelbaumposition explizit berücksichtigt wird. Zur Erfassung kontinuierlicher Standortsänderungen wurden unter anderem geostatistische Interpolationen mittels *Kriging* (HAMANN et al. 2002), polynomische Funktionen in x-, y-Richtung räumlicher Koordinaten der Einzelbäume (FEDERER 1998), oder sogenannte *Splines* (CAPPA und CANTET 2007, CAPPA et al. 2011) verwendet. *Splines* sind nach CAPPA und CANTET (2007) die effektivste der drei Varianten, da sie mit ihrem Aufbau in Form von segmentierten Polynomen "n"-ten Grades in der Lage sind eine mehrdimensional unruhige Struktur, welche auf forstlichen Versuchsflächen häufig präsent ist, abzubilden.

In der vorliegenden Arbeit wird die Auswirkung unterschiedlicher räumlicher Modellkomponenten auf die Schätzung des genetischen Wertes am Beispiel einer Einzelbaumnachkommenschaftsprüfung der Fichte vorgestellt. Es wird gezeigt, wie sich die der Fläche zugrunde liegende Standortsvariation in den Wachstumsparametern Höhe und Durchmesser wiederspiegelt. Der Grad der Modellanpassung, die genetische Varianzkomponente und die Genauigkeit der Zuchtwerte werden zwischen drei räumlichen Modellannahmen verglichen: (1) Vernachlässigung jeglicher räumlichen Struktur, (2) Annahme des bei Flächenanlage festgelegten vollständig randomisierten Blockdesigns

(RCB) und (3) Anpassung eines mehrdimensionalen *Splines*. Die einzelnen Modelle werden mit der im EU Projekt Trees4Future entwickelten R-Anwendung *breedR* (Muñoz und Sanchez 2015) angepasst, welche ein breites statistisches Toolset für die Anpassung komplexer gemischter Modelle bereitstellt. Familienstrukturen werden dabei in Form des Pedigree berücksichtigt (≙ "Animal Model"), welcher die Grundlage für die Schätzung der additiven genetischen Varianz darstellt. Ziel ist es, die Schätzung des individuellen genetischen Wertes zu maximieren.

Material und Methoden

Versuchsbeschreibung

Zur Vorstellung der Auswirkung unterschiedlicher räumlicher Effekte auf die Modelgüte dient im Folgenden eine Nachkommenschaftsprüfung der Fichte. Die 2,8 ha große Versuchsfläche Fi 88 bei Attendorn wurde 1974 als vollständig randomisierter Blockversuch (RCB) in fünf Wiederholungen angelegt. Das auf der Fläche ausgebrachte Material entspricht jeweils 20 frei abgeblühten Einzelbaumabsaaten aus 16 vermeintlich autochthonen Beständen aus Rumänien und der Slowakei (zum Zeitpunkt der Ernte noch CSSR, Tabelle 1, Abb. 1). Insgesamt wurden 320 Halbgeschwisterfamilien mit einem Pflanzenabstand von 2x2 m in Vierbaumparzellen gepflanzt. Pro Mutterbaum waren bei Anlage somit 20 Nachkommen auf der Fläche. Versuchsziel der für einen mittel- bis langfristigen Beobachtungszeitraum angelegten Fläche, war die Erfolgsbeurteilung der Massenauslese bei Fichte sowie die Ermittlung von Schätzwerten für die additive genetische Varianz.

Tabelle 1: Liste der Herkünfte, von denen jeweils 20 Mutterbäume einzelbaumweise beerntet, ausgesät und auf der Fläche Fi 88 angepflanzt wurden.

	PG	Herkunft	Mutterbäume	Breite [°]	Länge [°]	Höhe [m]
Rumänien	1	Toplita 78a	1 - 20	46,95	25,50	1130
	2	Galu 82	21 - 40	47,10	25,91	650
	3	Borca 16	41 - 60	47,20	25,83	725
	4	Brosteni 9b	61 - 80	47,12	25,67	940
	5	Cosna 4a	81 - 100	47,41	25,25	1025
	6	Dorna Cindreni	101 - 120	47,30	25,08	975
	7	Moldovita	121 - 140	47,69	25,50	855
	8	Frasin 4a	141 - 160	47,50	25,75	700
	9	Cierny Vah 34c	161 - 180	48,90	20,74	800
	10	Cierny Vah 86b	181 - 200	48,90	20,77	950
	11	Smolnicka Huta 8c/1	201 - 220	48,79	20,82	700
Slowakei	12	Habovka 208a	221 - 240	49,31	19,79	900
	13	Habovka 49b	241 - 260	49,25	19,69	1000
	14	Cervena Skala 60c4	261 - 280	48,86	20,22	1000
	15	Tanap 219 f3	281 - 300	49,29	20,19	920
	16	Cervena Skala 102d	301 - 320	48,82	20,08	920

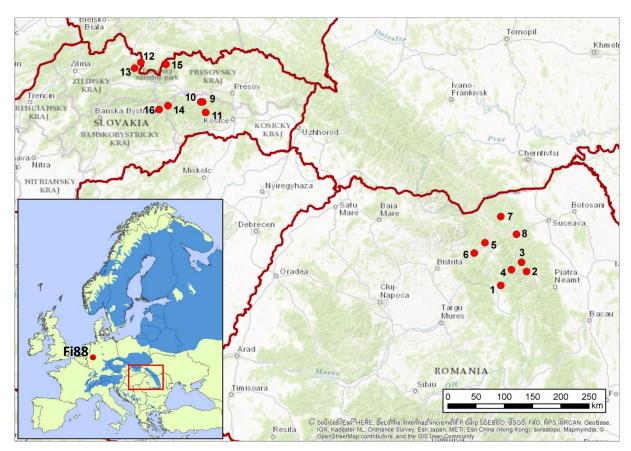


Abb. 1: Geographische Lage der Herkünfte in Rumänien und der Slowakei. Die den Nummern entsprechenden Herkunftsbezeichnungen sind in Tabelle 1 aufgeführt. Die Europakarte zeigt das Ausmaß des Kartenausschnittes (rotes Rechteck), sowie die geographische Lage der Nachkommenschaftsprüfung Fi88 in Deutschland (roter Punkt). Das natürliche Verbreitungsgebiet der Fichte ist in dunkelblau dargestellt (EUFORGEN 2009).

Einzelbaumhöhen und Durchmesser wurden zu unterschiedlichen Zeitpunkten gemessen (Tabelle 2). Diese Arbeit konzentriert auf die Messungen von 1981 bis 1994. Die Höhen von 1974 entsprechen dem Wachstum ein Jahr nach der Pflanzung und wurden deshalb von der Analyse ausgeschlossen. Modellrechnungen ergaben kein deutliches räumliches Bild. Es ist anzunehmen, dass Effekte unterschiedlicher Mikrostandorte durch andere Einflüsse, wie den Pflanzschock überlagert werden. Nach 1994 wurden erste forstliche Eingriffe (Durchforstung) durchgeführt, welche die Komposition der Fläche verändert haben, und damit das Einzelbaumwachstum beeinflussen.

Jeder Einzelbaum wurde seiner Position auf der Fläche entsprechend mit x- und y-Koordinaten innerhalb eines Rechtecks abgebildet. Da die Fläche mit ihren fünf Wiederholungen keine rechteckige Form aufweist, wurden der fehlenden Versuchsecke (vgl. Abb. 2b, links unten) nicht gemessene Positionen zugeordnet (Dutkowski et al. 2006).

Der statistischen Modellbildung vorangestellt wurde die Bildung der Parzellenmittel durch Berechnung des arithmetischen Mittels je Parzelle. Jeder Parzelle wurde in x-, y-Richtung die Position des linken unteren Baumes zugeordnet, um eine konsistente räumliche Verteilung zu erhalten. Positiver Nebeneffekt dieser Vorbehandlung ist, dass die folgende Analyse für alle vier Merkmale auf je 1600 Parzellenmitteln basiert (320 Parzellen x 5 Wiederholungen), da keine vollständige Vierbaumparzelle ausgefallen war.

Tabelle 2: Erhobene Wachstumsparameter.

Merkmal	Jahr der Messung	Baumalter	Abkürzung
Höhe [m]	1974	6	
Höhe [m]	1981	13	H13
Höhe [m]	1989	21	H21
BHD [cm]	1989	21	D21
BHD [cm]	1994	26	D26
BHD [cm]	2001	34	
BHD [cm]	2014	46	

Statistische Analyse

Jede Messung wurde einzeln mit einem gemischten Modell entsprechend der Prozedur *Restricted Maximum-Likelihood* (REML) analysiert. Das verwendete Modell ist bekannt als *Animal Model* in dem jedes Individuum, hier Parzellenmittel, in seine Bestandteile fixierter und zufälliger Effekt herunter gebrochen wird, wobei der genetische Wert letzteren zugeordnet wird:

$$y = Xb + Zu + e$$

darin ist y ein Vektor der phänotypischen Ausprägung des jeweiligen Merkmals; b ist ein Vektor der fixierten Effekte mit dem Mittelwert der Nachkommenschaft als erstes Element; u ist ein Vektor der zufälligen Effekte inklusive der Herkunft und der additiv genetischen Werte; e ist ein Vektor des Restfehlers (residuale Abweichung); x und z sind die Inzidenzmatrizen welche einen gegebene phänotypische Beobachtung den zugehörigen fixierten und zufälligen Effekten zuordnet. Der additiv genetische Wert (Zuchtwert) wurde als zufälliger Effekt angepasst, wobei die Kovarianzstruktur durch den Pedigree (Verwandtschaftsbeziehungen definiert durch Stammbauminformation) bestimmt wird. Genetische und räumliche Effekte werden in Anlehnung an COSTA E SILVA et al. (2001) durchgehend als zufällige Modellkomponenten in u berücksichtigt.

Für jedes Merkmal wurden drei räumliche Modelle angepasst: (1) ein einfaches Modell ohne räumliche Struktur, bei dem die Residuen als voneinander unabhängig angenommen werden und die Kovarianzmatrix für den Vektor e von der Form $\mathbf{R} = \sigma_e^2 \mathbf{I}$ ist; (2) ein Block-Modell, welches die bei Begründung der Fläche festgelegte Wiederholungsstruktur berücksichtigt; und (3) ein mehrdimensionales Spline-Modell nach Cappa und Cantet (2007).

Zum Vergleich des Grads der Modellanpassung (*Model Fit*) wurde das *Akaike Information Criterion* (AIC) verwendet (AKAIKE 1974).

$$AIC = -2\log L + 2d$$

wobei d der Anzahl geschätzter Parameter entspricht, und logL der REML log-likelihood für das Modell. Ein kleiner Wert des AIC bedeutet eine bessere Modellanpassung.

Die Heritabilität als Maß für die Erblichkeit von Eigenschaften wurde für jedes Modell anhand folgender Formel berechnet:

$$h^2 = \frac{V(A)}{V(P)}$$

wobei V(A) die additive genetische Varianz, welche die Varianz bedingt durch den durchschnittlichen Effekt (additiver Effekt) der Allele ist, und V(P) die phänotypische Varianz, die sich definiert als Summe der genetischen und umweltbasierten Varianzkomponenten.

Zuchtwerte (breeding values) der Mutterbäume wurden auf Basis der geschätzten Varianzkomponenten der einzelnen Modelle extrahiert. Die statistische Analyse wurde mit dem Statistik Programm R (R CORE TEAM 2015) durchgeführt. Gemischte Modelle wurden mit dem von Muñoz und Sanchez (2015) entwickelten R-Paket *breedR* angepasst, Abbildungen wurden mit dem Paket *ggplot2* (WICKHAM 2009) erstellt.

Ergebnisse und Diskussion

Die Implementation räumlicher Modelleffekte zur Berücksichtigung auf der Fläche vorhandenen kleinräumlicher Standortsunterschiede führt zu einer deutlichen Verbesserung der Modelgüte. Der AIC sinkt bei allen vier gemessenen Merkmalen mit steigender Komplexität der räumlichen Komponente (Tabelle 3). In den Abbildungen 2-4 ist die Verbesserung der Modelgüte grafisch für die Höhe im Alter 21 beispielhaft dargestellt. Im reinen "Animal Model", ohne jegliche Berücksichtigung räumlicher Strukturen, weichen gemessene und modellierte Höhen im Alter 21 stark voneinander ab (Abb. 2a). Die dem Versuchsaufbau angelehnte räumliche Darstellung der Residuen (△ Unterschied zwischen gemessenem und modelliertem Wert), zeigt eine klare Struktur und damit nicht erfasste Variation in den gemessenen Höhen (Abb. 2b). Die Integration der im Design festgelegten Blöcke als räumliche Modelkomponente verbessert die Modelgüte. Die Farbgebung in Abbildung 3a zeigt das Ausmaß des im Modell angenommen Blockeffektes, eine rötliche Färbung impliziert eine positiven Effekt auf das Wachstum in der entsprechenden Wiederholung, eine blaue Färbung einen negativen Effekt. Gemessene und modellierte Höhenwerte näheren sich an (Abb. 3b). Die geklumpte Struktur der Residuen impliziert jedoch nach wie vor, dass die vorhandene Standortvariation nur ungenügend erfasst wird (3c). Die Modellierung eines Spline-Effektes (CAPPA und CANTET 2007) bricht die Blöcke auf und simuliert weiche, kontinuierliche Übergänge (Abb. 4a). Gemessene und modellierte Höhen korrelieren stark miteinander (Abb. 4b, r = 0.98). Die Residuen nähern sich dem Idealbild eines möglichst "gleichmäßigen Rauschens" (Abb. 4c).

Tabelle 3: Änderungen in Akaike Information Criterion (AIC), Heritabilität (h^2) und des entsprechenden Standardfehlers (S.E.) unter Berücksichtigung verschiedener räumlicher Modellannahmen

Räumliches	Statistischer	Höhe		Durchn	Durchmesser	
Modell	Parameter	H13	H21	D21	D26	
ohne	AIC	16863	18913	12793	13297	
	h²	<0,001	0,04	0,30	0,27	
	S.E. (h²)	<0,001	0,07	0,08	0,08	
Block	AIC	16305	18399	12637	13235	
	h²	0,20	0,28	0,38	0,31	
	S.E. (h²)	0,09	0,09	0,09	0,08	
Spline	AIC	15799	18072	12531	13147	
	h²	0,22	0,33	0,39	0,32	
	S.E. (h²)	0,04	0,05	0,05	0,05	

Die in Abbildung 3a und 3b graphisch dargestellten Ausmaße der jeweils im Modell angenommenen räumlichen Effekte spiegeln sich im Relief der Fläche vor Ort wieder. Die Fläche befindet sich an einem Hang, der Hangfuß ist im linken Bereich der beiden Abbildungen anzusiedeln, nach rechts steigt das Relief leicht an. Die Farbgebung ist hier kontraintuitiv, am Hangfuß sind die Bäume tendenziell höher (rot), weiter oben tendenziell kleiner (blau).

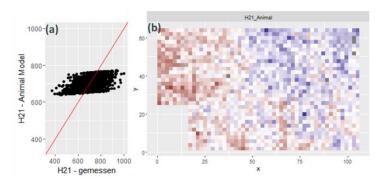


Abb. 2: "Animal model" ohne räumliche Modellkomponente: (a) gemessene vs. modellierte Werte zeigen hohe Diskrepanz, (b) Residuen, die vernachlässigte Umweltvariation zeigt sich deutlich an der lokalen farblichen Ballung

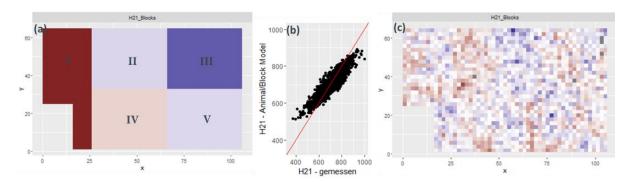


Abb. 3: "Animal model" kombiniert mit Block-Effekt: (a) Ausmaß des angenommenen Block-Effekts, (b) gemessene vs. modellierte Werte nähern sich, (c) Residuen zeigen zwar größere Streuung, eine geklumpte Struktur ist jedoch weiterhin erkennbar

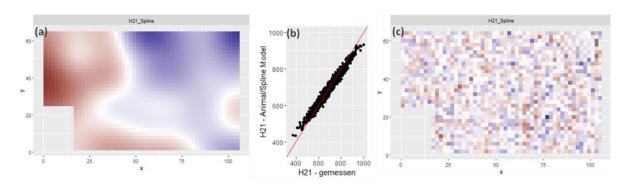


Abb. 4: "Animal model" kombiniert mit Spline-Effekt: (a) Ausmaß des angenommenen Spline-Effekts mit kontinuierlichen Übergängen, (b) stark korrelierende Verteilung der gemessenen vs. modellierten Werte, (c) Residuen nähern sich dem Ideal eines "möglichst gleichmäßigen Rauschen"

Die Verbesserung des statistischen Models durch die Berücksichtigung realitätsnäherer räumlicher Strukturen wirkt sich positiv auf die Zielgrößen der Versuchsauswertung aus. Die genetische Varianzkomponente, welche von primärem Interesse für den Züchter ist, wird dadurch erhöht. Die Heritabilität (h^2) , als Maß für die Erblichkeit phänotypischer Eigenschaften, wird gesteigert (Tabelle 3). Im Vergleich zum Modell ohne jegliche räumliche Komponente trägt die Implementation eines Block-Effektes bereits deutlich zur Erhöhung der Heritabilität bei, womit grundsätzlich die Überlegenheit eines RCB Designs im Vergleich zu einem komplett randomisierten Design (CR) belegt wird. Allerdings kann das Spline-Modell die räumliche Struktur im vorliegenden Fichtenversuch noch besser abbilden, die Heritabilität ist höher, der Standardfehler geringer als im Block-Modell. Für die Höhe im Alter 21 ist der Unterschied in der Heritabilität zwischen den einzelnen räumlichen

Modellen am deutlichsten (Tabelle 3). Sie steigt von einer geringen Heritabilität (h^2 -Bereich von 0.01 bis 0.2) von 0.04 bei Vernachlässigung jeglicher räumlicher Struktur auf eine mittlere Heritabilität (h^2 0.21 bis 0.4) mit 0.28 unter Modellierung des Blockeffektes bis auf 0.33 bei Modellierung eines Spline-Effektes. Im Falle der beiden Durchmesser D21 und D26 ist der positive Effekt auf die Zielgröße Heritabilität geringer. Bereits im reinen "Animal Model" wird für beide Merkmale eine mittlere Heritabilität festgestellt.

Insgesamt führt die Modellierung des räumlichen Effektes als Spline zu einer präziseren Schätzung der Effekte einzelner Herkünfte sowie der Zuchtwerte für die insgesamt 320 Mutterbäume. Abbildung 5 zeigt den standardisierten Zufallseffekt der 16 Herkünfte für die gemessenen vier Wachstumsmerkmale. Merkmalsübergreifend weißt Herkunft 1, Topolita 78a eine hohe Wuchsleistung auf (nach Standardisierung > 0.9). Im Höhenwachstum wird sie von Herkunft 4 Brosteni 9b noch deutlich übertroffen, allerdings liegt diese Herkunft im Durchmesserwachstum zurück, im Alter von 21 Jahren sogar unter dem Flächenmittel, welches durch die Nulllinie repräsentiert wird (Abb. 5). Absoluter Spitzenreiter im Durchmesserwachstum ist Herkunft 11, Smolnicka Huta 8c/1, ihre Höhenleistung liegt im Alter 13 etwas unter der Herkunft Topolita, im Alter 21 leicht darüber. Prinzipiell wird das Durchmesserwachstum durch den verfügbaren Standraum, und damit mit zunehmendem Alter durch die Konkurrenzwirkung der Nachbarbäume oder Bestandesbehandlung in Form von Durchforstungen beeinflusst. Allerdings wurden bis zum Alter 26 keine forstlichen Eingriffe auf der Fläche vorgenommen. Herkunftsbedingte Unterschiede bei der Mortalität waren gering, alle Herkünfte wiesen zu diesem Zeitpunkt noch ein Überleben von über 75% auf. Da der Effekt Standort durch die räumliche Komponente im Modell abgedeckt wird, kann die Überlegenheit im Durchmesser somit im vorliegenden Fall primär als herkunftsbedingt angesehen werden.

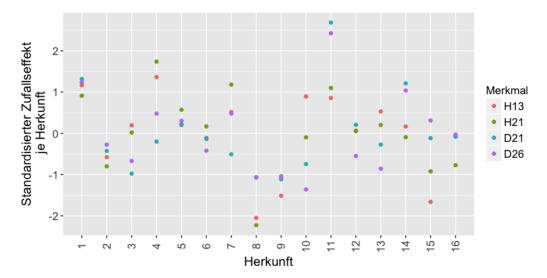


Abb. 5: Zufallseffekte der einzelnen Herkünfte für die vier erhobenen Wachstumsmerkmale jeweils extrahiert aus dem Spline-Modell. Um den Vergleich zwischen den Merkmalen zu ermöglichen, wurden die Zufallseffekte für die grafische Darstellung standardisiert (*z-scores*)

Die Betrachtung der Zuchtwerte für die 20 Mutterbäume der einzelnen Herkünfte, wird deutlich, dass die unterschiedlichen Halbgeschwisterfamilien sich nicht alle gleich verhalten. Um die Zuchtwerte der unterschiedlichen Merkmale vergleichen zu können, wurden sie zur grafischen Darstellung zunächst standardisiert (*z-scores*). Ein positiver Wert entspricht einer positiven Abweichung vom mittleren Zuchtwert über alle Mutterbäume, ein negativer Wert einem schlechteren Zuchtwert als das Mittel, welches von der Nulllinie repräsentiert wird. Innerhalb der gut wachsenden Herkunft Toplita 78a (Abb. 5) schneiden beispielsweise die Nachkommen der Mutter-

bäume 12, 13 und 14 in allen vier Merkmalen besonders gut ab, wohingegen die der Mutterbäume 18, 19 und 20 sowohl im Höhenwachstum als auch dem Durchmesser unterdurchschnittlich sind (Abb. 6). Innerhalb der Herkunft Smolnicka Huta 8c/1 ergibt sich ein ähnliches Bild, während die Mutterbäume 203 und 210 merkmalsübergreifend besonders gut abschneiden, gibt es mehrere Mutterbäume mit unterdurchschnittlichen Zuchtwerten (Abb. 6). Eine positive Massenauslese, das heißt eine Selektion innerhalb der Halbgeschwisterfamilien mit besonders positiven Zuchtwerten des Mutterbaumes, für die Anlage neuer Zuchtpopulationen sollte das Wuchspotential bei erfolgreicher Befruchtung im Vergleich zum Durchschnitt auf der Fläche erhöhen.

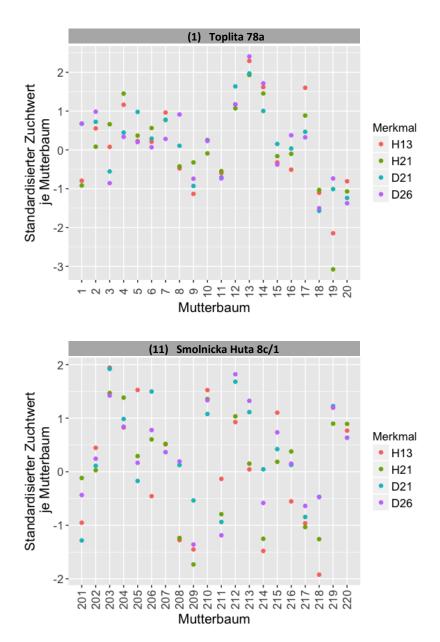


Abb. 6: Standardisierte Zuchtwerte der Mutterbäume der wuchskräftigen Herkünfte Toplita 78a und Smolnicka Huta 8c/1 für die vier erhobenen Wachstumsmerkmale jeweils extrahiert aus dem Spline Modell. Um den Vergleich zwischen den Merkmalen zu ermöglichen, wurden die Zuchtwerte der 320 Mutterbäume standardisiert (*z-scores*).

Schlussfolgerung

Die Implementation räumlicher Strukturen bei der Modellbildung zeigt einen positiven Effekt auf die Modelgüte, wodurch die Präzision der Zuchtwerte gesteigert, und somit die Aussagekraft von Nachkommenschaftsprüfungen gesteigert werden kann. Bei entsprechender Selektion von Bäumen auf Basis der vorliegenden Ergebnisse zum Aufbau zukünftiger Generationen ist eine Steigerung des Zuchtfortschritts zu erwarten.

Danksagung

Unser Dank gilt Dr. ARMIN KÖNIG für die Anlage und langjährige Betreuung der Versuchsfläche, sowie allen technischen Mitarbeitern des Thünen-Instituts die im Laufe der Jahre eine Vielzahl an Daten auf der Fläche erhoben haben.

Literatur

- AKAIKE H, 1974: A new look at the statistical model identification. IEEE transactions on automatic control 19 (6): 716-723
- CAPPA EP, CANTET RJ, 2007: Bayesian estimation of a surface to account for a spatial trend using penalized splines in an individual-tree mixed model. Canadian Journal of Forest Research 37 (12): 2677-2688
- CAPPA, E.P.; LSTIBUREK, M.; YANCHUK, A.D, EL-KASSABY YA, 2011: Two-dimensional penalized splines via Gibbs sampling to account for spatial variability in forest genetic trials with small amount of information available. Silvae Genetica 60 (1): 25
- COSTA E SILVA, J.; DUTKOWSKI, G.W. u. GILMOUR, A.R. (2001): Analysis of early tree height in forest genetic trials is enhanced by including a spatially correlated residual. Canadian Journal of Forest Research 31 (11): 1887-1893
- DUTKOWSKI, G.W.; COSTA E SILVA, J.; GILMOUR, A.R. u. LOPEZ, G.A. (2002): Spatial analysis methods for forest genetic trials. Canadian Journal of Forest Research-Revue Canadienne De Recherche Forestiere 32 (12): 2201-2214
- DUTKOWSKI, G.W.; COSTA E SILVA, J.; GILMOUR, A.R.; WELLENDORF, H. u. AGUIAR, A. (2006): Spatial analysis enhances modelling of a wide variety of traits in forest genetic trials. Canadian Journal of Forest Research 36 (7): 1851-1870
- EUFORGEN (2016): Distribution map of Norway spruce (Picea abies) http://www.euforgen.org/species/picea-abies/ (abgerufen 2016)
- FEDERER, W.T. (1998): Recovery of interblock, intergradient, and intervariety information in incomplete block and lattice rectangle designed experiments. Biometrics:471-481
- Fu, Y.-B.; YANCHUK, A.D. u. NAMKOONG, G. (1999): Spatial patterns of tree height variations in a series of Douglasfir progeny trials: implications for genetic testing. Canadian Journal of Forest Research 29 (6):714-723
- HAMANN, A.; NAMKOONG, G. u. KOSHY, M. (2002): Improving precision of breeding values by removing spatially autocorrelated variation in forestry field experiments. Silvae Genetica 51 (5-6):210-215
- Muñoz, F. u. Sanchez, L. (2015): breedR: Statistical Methods for Forest Genetic Resources Analysts. R package version 0.11. https://github.com/famuvie/breedR.
- R CORE TEAM (2015): R: A language and environment for statistical computing, R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL https://www.R-project.org/
- THOMAS, E. (2006): Feldversuchswesen. UTB GmbH, Stuttgart, 388 S.
- WICKHAM, H. (2009): ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis: Springer-Verlag New York.
- WILLIAMS, E.R.; MATHESON, A.C. u. HARWOOD, C.E. (2002): Experimental design and analysis for tree improvement. CSIRO Publishing, Collingwood, Australia

Anschrift der Autoren

KATHARINA J. LIEPE, Dr. MIRKO LIESEBACH Thünen-Institut für Forstgenetik Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf

E-Mail: katharina.liepe@thuenen.de