

# Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen

7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 12. bis 14. September 2022 in Ahrensburg

Tagungsband

Mirko Liesebach (ed.)

Thünen Report 105

**Bibliografische Information:**  
Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikationen in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet unter [www.dnb.de](http://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](http://www.dnb.de)*

Bereits in dieser Reihe erschienene Bände finden Sie im Internet unter [www.thuenen.de](http://www.thuenen.de)

*Volumes already published in this series are available on the Internet at [www.thuenen.de](http://www.thuenen.de)*

**Zitationsvorschlag – Suggested source citation:**

**Liesebach M (ed.)** (2023) Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen : 7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 12. bis 14. September 2022 in Ahrensburg : Tagungsband. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, 318 p, Thünen Rep 105, DOI:10.3220/REP1681451577000

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

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



THÜNEN

## Thünen Report 105

Herausgeber/Redaktionsanschrift – Editor/address

Johann Heinrich von Thünen-Institut  
Bundesallee 50  
38116 Braunschweig  
Germany

[thuenen-report@thuenen.de](mailto:thuenen-report@thuenen.de)  
[www.thuenen.de](http://www.thuenen.de)

ISSN 2196-2324

ISBN 978-3-86576-265-8

DOI:10.3220/REP1681451577000

urn:nbn:de:gbv:253-202304-dn066221-6

# **Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen**

**7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzen-  
züchtung vom 12. bis 14. September 2022 in Ahrensburg**

**Tagungsband**

**Mirko Liesebach (ed.)**

**Thünen Report 105**

Mirko Liesebach (ed.)  
Thünen-Institut für Forstgenetik  
Sieker Landstr. 2  
22927 Großhansdorf  
Tel.: +49 4102 696156  
E-Mail: [mirko.liesebach@thuenen.de](mailto:mirko.liesebach@thuenen.de)

**Thünen Report 105**

Braunschweig/Germany, April 2023

## Produktion von höherwertigem Saatgut in Buchenbeständen mit Hilfe von Genomanalysen

BERND DEGEN, NIELS MÜLLER

### Zusammenfassung

Die Buche ist die wichtigste heimische Laubbaumart und auch zukünftig ein wichtiges Element in klimastabilen Wäldern. Für den Waldumbau wird in großen Mengen Buchensaatgut benötigt. In Simulationsstudien mit dem Computerprogramm SNPscan verglichen wir den erwarteten genetischen Gewinn und die inzuchteffektive Populationsgröße ( $N_e$ ) von Nachkommen einer putativen Buchen-Samenplantage mit den Werten von Nachkommen eines Saatgutbestandes. Der Saatgutbestand umfasste hierbei 3000 reproduzierende Bäume. Bei der selektiven Saatguternte wurden nach verschiedenen Kriterien jeweils 30 Mutterbäume für die Saatgutgewinnung ausgewählt und alle 3000 Bäume beteiligten sich als Pollenspender an der Reproduktion. Die Samenplantage umfasste 150 Plusbäume, die in demselben Bestand ausgewählt wurden. Das Zielmerkmal hatte eine Heritabilität von 0,5 und wurde durch 200 variable Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNPs) kodiert. In verschiedenen Szenarien verglichen wir die Auswahl der Plusbäume bzw. der Saatgutmutterbäume nach a) dem Phänotyp, b) genomischer Selektion und c) markergestützter Selektion. Je nach Selektionskriterium variierte der genetische Gewinn bei der selektiven Saatguternte zwischen 16,4 % und 24,4 % und bei der Samenplantage zwischen 19,8 % und 32,7 %. Die markergestützte Selektion und die genomische Selektion lieferten höhere genetische Gewinne als die Auswahl nach dem Phänotyp. Für die effektiven Populationsgröße lagen die Werte bei den Nachkommen der Samenplantage mit 52 bis 107 deutlich niedriger als bei der selektiven Ernte im Saatgutbestand (572-1093). In der Diskussion betrachteten wir die Realitätsnähe der Annahmen in den Simulationen und die Relevanz der Ergebnisse für die Praxis.

### Abstract

#### Production of high value seeds in beech stands by use of genome analysis

Beech is the most important native broadleaf species in Germany and also a relevant element of future climate adapted forests. For the silvicultural transformation, large amounts of beech seeds are needed. Using the simulation program SNPscan we compared the expected genetic gain and the inbreeding effective population size ( $N_e$ ) between offspring from a seed orchard and offspring harvested from selected seed trees in a seed stand. The stand was comprised of 3000 reproductive trees, of which 150 were selected as plus trees for the seed orchard and 30 as mother trees (with all 3000 trees functioning as fathers) for selective seed sourcing. The target trait had a heritability of 0.5 and exhibited a moderately polygenic architecture with 200 causal single nucleotide polymorphisms (SNPs). In different scenarios we compared the selection of plus trees and seed trees by using a) the phenotype, b) genomic selection, and c) marker-assisted selection. The genetic gain in the offspring of selected seed trees varied between 16.4 % and 24.4 % depending on the selection criteria. In the offspring of the seed orchard genetic gain ranged from 19.8 % to 32.7 %. Marker-assisted selection and genomic selection led to higher genetic gains compared to the selection of phenotypes. The effective population size for the seed orchard was between 52 and 107 which was only a fraction compared to the values of the selective seed harvest in the seed stand ( $N_e=572-1093$ ). We discuss the applicability of our simulations and the relevance of the results for the forestry practise.

### 1 Einleitung

Die Buche ist mit einem Flächenanteil von knapp 20 % die wichtigste Laubbaumart in Deutschland (<https://bwi.info>). In den Waldumbauprogrammen spielt sie eine wichtige Rolle und ihr Anteil soll erhöht werden. Hierfür sind neben der Naturverjüngung in Beständen, die bereits einen Mindestanteil von Buchen haben, Kunstverjüngungen erforderlich. Bei der Buche wird der ganz überwiegende Teil des Saatguts für

Kunstverjüngungen in zugelassenen Saatgutbeständen gewonnen. Nur ein kleiner Teil des Saatguts wird bei der Buche in Samenplantagen gewonnen. Laut Statistik der Bundesanstalt für Ernährung und Landwirtschaft (BLE) gab es im Jahr 2013 in Deutschland 3864 zugelassene Buchenbestände der Kategorie „Ausgewählt“, 14 Bestände der höheren Kategorie „Geprüft“ und insgesamt 10 Samenplantagen der Kategorie „Qualifiziert“ (DEGEN 2020). Als Maßnahme zur Klimaanpassung wird auch für die Buche darüber nachgedacht, Plusbäume zu selektieren und damit Samenplantagen aufzubauen.

Die Anlage von Samenplantagen ist sehr zeit- und arbeitsaufwendig. Es müssen Reiser von Plusbäumen gewonnen und, soweit dies bei der Baumart gelingt, vegetativ vermehrt werden, dann erfolgt die Anlage der Samenplantage in der Regel mit 100 bis 300 verschiedenen Klonen (Eriksson und EKBERG 2001). Bei der Buche vergehen dann bis zur möglichen Ernte von Saatgut mindestens 20 Jahre. Eine interessante Alternative könnte die selektive Ernte von Saatgut in Saatgutbeständen sein.

Mit den rasanten Entwicklungen im Bereich der DNA-Sequenzierung und der steigenden Anzahl an Baumarten mit Referenzgenomen gewinnt auch im Forst der Einsatz von Genomanalysen etwa bei der Forstpflanzenzüchtung (GRATTAPAGLIA et al. 2018) oder bei der Identifizierung von Genen, die für die Ausprägung von Merkmalen verantwortlich sind (PFENNINGER et al. 2021), an Bedeutung. Wir haben inzwischen mit dem Simulationsprogramm SNPscan (DEGEN und MÜLLER 2023) ein Instrument, mit dem sich einige Potentiale dieser genomischen Ansätze besser abschätzen lassen. In der vorliegenden Simulationsstudie verglichen wir den erwarteten genetischen Gewinn und die genetische Diversität gemessen als inzuchteffektive Populationsgröße ( $N_e$ ) für Nachkommen einer Samenplantage mit der von Nachkommen einer selektiven Ernte von Saatgut in einem Buchensaatgutbestand.

## 2 Methoden

In den Simulationsstudien mit dem Programm SNPscan (DEGEN und MÜLLER 2023) galt die generelle Annahme, dass das Zielmerkmal eine Heritabilität von 0,5 haben sollte und von Allelen an 200 kausalen SNPs kodiert wird. Die Genome der einzelnen Individuen wurden anhand einer Stichprobe von 20.000 SNPs simuliert, die gleichmäßig auf 10 Chromosomen verteilt waren. Der Ausgangsbestand sowohl für die Selektion der Saatgutmutterbäume als auch der Plusbäume für die Samenplantage umfasste 3000 reproduzierende Bäume. Die Bäume des Ausgangsbestandes durchliefen zuvor 10 Generationen von Zufallspaarung mit eingeschränkter Anzahl an Mutterbäumen, um in Anlehnung an echte Bestände eine geringe Verwandtschaft der Individuen untereinander (mittlere Inzucht 1 %) zu erreichen.

Die Auswahl der Plusbäume bzw. Saatgutmutterbäume erfolgte nach den folgenden alternativen Kriterien:

1. Phänotyp
2. Genetisches Screening an den Top 100 SNPs, deren Alleleffekte auf das Zielmerkmal mit Hilfe einer genomweiten Assoziationsstudie an 10.000 Individuen geschätzt wurden (GWAS 10000)
3. Genetisches Screening an den Top 100 SNPs, deren Alleleffekte auf das Zielmerkmal mit Hilfe einer genomweiten Assoziationsstudie an 3000 Individuen geschätzt wurden (GWAS 3000)
4. Genetisches Screening an 5000 SNPs, die für genomische Selektion zur Bestimmung von Erbwerten genutzt wurden (gBLUP). In der Stichprobe der 5000 SNPs wurden die 200 kausalen SNPs explizit ausgeschlossen.

Für die GWAS wurden 3000 bzw. 10000 Individuen und deren Phänotypen mit SNPscan generiert und mit der Software TASSEL (BRADBURY et al. 2007) anhand des GLM-Algorithmus analysiert. Für die Berechnung der genomischen Zuchtwerte in der genomische Selektion nutzt SNPscan das R-Paket „rrBLUP“ und den gBLUP Algorithmus (ENDELMAN 2011).

Nach den oben genannten vier Kriterien wurden für das Szenario „Samenplantage“ die besten 150 Individuen von den 3000 Bäumen ausgewählt und Nachkommen als Zufallspaarung zwischen diesen 150 Bäumen generiert. Die Differenz der Mittelwerte der Phänotypen dieser Nachkommen zu den Mittelwerten der Phänotypen der 3000 Ausgangsindividuen wurde genutzt, um den genetischen Gewinn zu ermitteln. Bei dem Szenario „Saatguternte“ wurden nach den obigen Kriterien die besten 30 Mutterbäume für die Saatguternte ausgewählt. An der Reproduktion waren jedoch alle 3000 Individuen zufallsmäßig als Pollenspender beteiligt. Der genetische Gewinn errechnete sich dann aus der Differenz der Mittelwerte der Phänotypen der Nachkommen aus den 30 Saatgutbäumen und dem Mittelwert aller 3000 Ausgangsindividuen. Zur Berechnung der inzuchteffektiven Populationsgröße ( $N_e$ ) bekam jedes der 3000 Individuen der Gründerpopulation an 100 zusätzlichen Genorten individuelle Allele. Die durchschnittliche Häufigkeit der Homozygoten dieser Allele war ein Maß für individuelle Inzucht ( $I$ ). Die Steigerung der Inzucht von der Elterngeneration zur Generation der Nachkommen ( $\delta I$ ) ging dann in die Berechnung von  $N_e$  ein:  $N_e = 1 / (2 \times \delta I)$  (FALCONER und MACKAY 1996).

Jedes Szenarium wurde 10 Mal wiederholt.

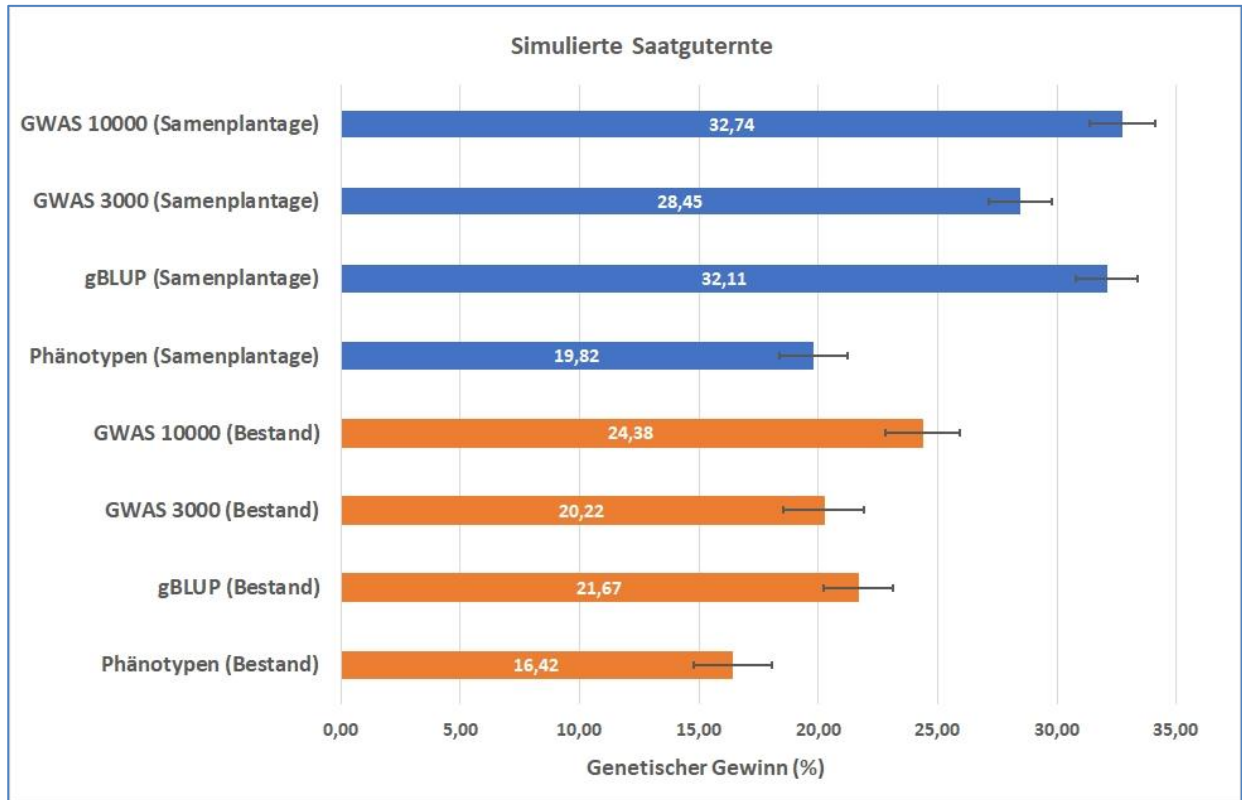
### 3 Ergebnisse und Diskussion

Der genetische Gewinn lag bei der selektiven Ernte von 30 Bäumen im Saatgutbestand zwischen 16,4 % und 24,4 % (Abb. 1). Die Auswahl der Samenbäume anhand eines genetischen Screenings lieferte bei den Kriterien GWAS 3000, GWAS 10000 und gBLUP höhere genetische Gewinne als die Auswahl nur anhand der Phänotypen. Die Nachkommen der Samenplantage hatten genetische Gewinne zwischen 19,8 % und 32,7 %. Auch hier schnitten die Subsznarien GWAS 3000, GWAS 10000 und gBLUP besser ab als die reine phänotypische Selektion der Plusbäume. Die inzuchteffektive Populationsgröße ( $N_e$ ) war bei der Ernte im Saatgutbestand (Abb. 2) mit mittleren Werten von 572-1093 fünf- bis zehnmal so hoch wie die Werte in der Samenplantage (52-107). Es fiel auf, dass die Selektion anhand genetischer Methoden (gBLUP, GWAS 3000, GWAS 10000) insbesondere bei der Plusbaumauswahl für die Samenplantage zu deutlich geringeren  $N_e$ -Werten führte. Es gab eine große Variation bei den  $N_e$ -Werten innerhalb jedes Szenarios bei den Simulationen zur Saatguternte. Das lag daran, dass Inzucht in diesen Fällen ein seltenes Ereignis war und daher besonders starken stochastischen Schwankungen unterlag.

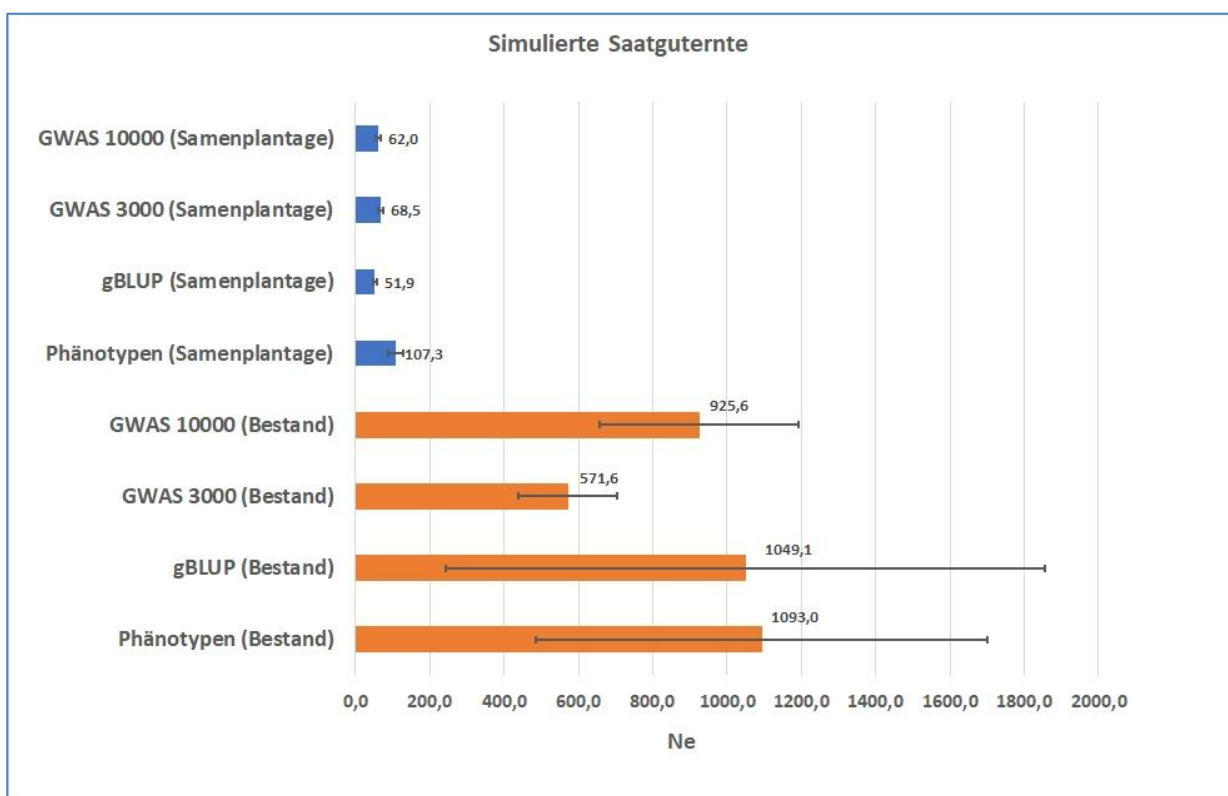
Die simulierten genetischen Gewinne in einer Samenplantage und dem Saatgut einzelner Familien bewegen sich in einem Bereich, der auch bei echten Samenplantagen erreicht wurde. In einem anderen Simulationsansatz kamen SERRANO-LEON et al. (2021) für *Pinus sylvestris* und *Pinus pinaster* beim Wachstum zu genetischen Gewinnen in Samenplantagen von 7 % bis 40 %.

Vergleichbar mit unserem Ansatz der selektiven Ernte von Mutterbäumen sind Studien zu Familiennachkommenschaften mit Halbgeschwistern. In einer solchen Untersuchung fanden (YANG et al. 2020) für die chinesische Kiefernart *Pinus massoniana* genetische Gewinne für das Merkmal Brusthöhendurchmesser (BHD) je nach Auswahl der Familien zwischen 1,2 % und 47 %. Die selektive Ernte von Saatgut der Japan-Lärche (*Larix kaempferi*) ergab in einer anderen langjährigen Untersuchung einen genetischen Gewinn beim Wachstum der besten Familien gegenüber dem Populationsmittel von 11 %-17 % (PAN et al. 2019).

Auffällig waren in unseren Simulationsstudien die guten Ergebnisse bei der Auswahl von Plusbäumen und Samenmutterbäumen mit einem genetischen Screening. Der Vorteil der genomischen Selektion wurde bereits vor über 10 Jahren durch deterministische Modellberechnungen ermittelt (GRATTAPAGLIA und RESENDE 2011), anschließend ist die genomische Selektion so wie im Agrarbereich in vielen forstlichen Zuchtprogrammen im Ausland ein fester Bestandteil geworden (GRATTAPAGLIA et al. 2018; GRATTAPAGLIA 2022; FREEMAN et al. 2022; LI und DUNGEY 2018). Bei der Marker-gestützten Selektion waren die Ergebnisse in der Praxis bisher nicht so vielversprechend. Hier ist sicherlich zunächst noch eine deutliche Erhöhung der Stichprobengrößen erforderlich, um eine gute Schätzung von Alleleffekten in den genom-weiten Assoziationen zu erreichen. In unseren



**Abb. 1:** Genetischer Gewinn der Nachkommen bei simulierten Szenarien zur Saatguternte in einer Samenplantage mit 150 Klonen und bei einer selektiven Beerntung von 30 Elternbäumen in einem Saatgutbestand mit 3000 reproduzierenden Buchen.



**Abb. 2:** Inzuchteffektive Populationsgröße  $N_e$  der Nachkommen bei simulierten Szenarien zur Saatguternte in einer Samenplantage mit 150 Klonen und bei einer selektiven Beerntung von 30 Elternbäumen in einem Saatgutbestand mit 3000 reproduzierenden Buchen.



Simulationen waren es 3000 bzw. 10000 Individuen. In der Praxis sind es jedoch bisher oft nur einige Hundert Individuen (PFENNINGER et al. 2021; ROCHA et al. 2022).

Ausland ein fester Bestandteil geworden (GRATTAPAGLIA et al. 2018; GRATTAPAGLIA 2022; FREEMAN et al. 2022; LI und DUNGEY 2018). Bei der Marker-gestützten Selektion waren die Ergebnisse in der Praxis bisher nicht so vielversprechend. Hier ist sicherlich zunächst noch eine deutliche Erhöhung der Stichprobengrößen erforderlich, um eine gute Schätzung von Alleleffekten in den genom-weiten Assoziationen zu erreichen. In unseren Simulationen waren es 3000 bzw. 10000 Individuen. In der Praxis sind es jedoch bisher oft nur einige Hundert Individuen (PFENNINGER et al. 2021; ROCHA et al. 2022).

Die starke Reduktion der effektiven Populationsgröße in Samenplantage wurde bereits mehrfach als wichtiger Kritikpunkt angeführt (SONSTEBO et al. 2018, HANSEN 2008). Eine niedrige effektive Populationsgröße führt zur verstärkten Verwandtschaft und geringeren genetischen Diversität bei den Nachkommen. Dies kann mit einer geringeren Anpassungsfähigkeit und höheren Empfindlichkeit gegenüber biotischen und abiotischen Schadfaktoren einhergehen. Die Konzentration auf Saatgutbestände anstatt Samenplantagen hätte neben der höheren genetischen Vielfalt zudem den Vorteil, dass die Auswahl der Samenbäume in jedem Jahr geändert und neueren Erkenntnissen insbesondere zu den kausalen Genorten verschiedener Merkmale angepasst werden kann.

## Referenzen

- BRADBURY PJ, ZHANG Z, KROON DE, CASSTEVENS TM, RAMDOSS Y, BUCKLER ES (2007): TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics* 23 (19): 2633-2635.
- DEGEN B (2020): Forstpflanzenzüchtung in Deutschland im internationalen Vergleich-Erreichtes, Potentiale, Grenzen. *Thünen Report* 76: 260-266
- DEGEN B, MÜLLER N (2023): SNPscan a genomic simulation program to optimize sampling and breeding strategies. <https://www.thuenen.de/en/institutes/forest-genetics/software/SNPscan> (26/01/2023, 2023).
- ENDELMAN JB (2011): Ridge regression and other kernels for genomic selection with R package rrBLUP. *Plant Genome* 4 (3): 250-255.
- ERIKSSON G, EKBERG I (2001): An introduction to forest genetics. Genetic Center Uppsala: Uppsala.
- FALCONER DS, MACKAY TF (1996): Introduction to quantitative genetics. Longman London, UK: London.
- FREEMAN JS, SLAVOV GT, BUTLER JB, FRICKEY T, GRAHAM NJ, KLAPESTE J et al. (2022): High density linkage maps, genetic architecture, and genomic prediction of growth and wood properties in *Pinus radiata*. *BMC Genomics* 23 (1): 16.
- GRATTAPAGLIA D (2022): Twelve Years into Genomic Selection in Forest Trees: Climbing the Slope of Enlightenment of Marker Assisted Tree Breeding. *Forests* 13 (10): 25.
- GRATTAPAGLIA D, RESENDE MDV (2011): Genomic selection in forest tree breeding. *Tree Genet. Genomes* 7 (2): 241-255.
- GRATTAPAGLIA D, SILVA-JUNIOR OB, RESENDE RT, CAPP A EP, MULLER BSF, TAN BY et al. (2018): Quantitative genetics and genomics converge to accelerate forest tree breeding. *Front. Plant Sci.* 9: 10.
- HANSEN OK (2008): Mating patterns, genetic composition and diversity levels in two seed orchards with few clones - Impact on planting crop. *Forest Ecology and Management* 256 (5): 1167-1177.
- LI YJ, DUNGEY HS (2018): Expected benefit of genomic selection over forward selection in conifer breeding and deployment. *PLoS One* 13 (12): 21.
- PAN YY, PEI XN, WANG FW, WANG CL, SHAO LL, DONG LH et al. (2019): Forward, backward selection and variation analysis of growth traits in half-sib *Larix kaempferi* families. *Silvae Genet.* 68 (1): 1-8.
- PFENNINGER M, REUSS F, KIEBLER A, SCHONNENBECK P, CALIENDO C, GERBER S et al. (2021): Genomic basis for drought resistance in European beech forests threatened by climate change. *eLife* 10: 17.
- ROCHA LF, BENATTI TR, DE SIQUEIRA L, DE SOUZA ICG, BIANCHIN I, DE SOUZA AJ et al. (2022): Quantitative trait loci related to growth and wood quality traits in *Eucalyptus grandis* W. Hill identified through single- and multi-trait genome-wide association studies. *Tree Genet. Genomes* 18 (6): 17.

SERRANO-LEON H, AHTIKOSKI A, SONESSON J, FADY B, LINDNER M, MEREDIEU C et al. (2021): From genetic gain to economic gain: simulated growth and financial performance of genetically improved *Pinus sylvestris* and *Pinus pinaster* planted stands in France, Finland and Sweden. *Forestry* 94 (4): 512-525.

SONSTEBØ JH, TOLLEFSRUD MM, MYKING T, STEFFENREM A, NILSEN AE, EDVARSDEN OM et al. (2018): Genetic diversity of Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) seed orchard crops: Effects of number of parents, seed year, and pollen contamination. *Forest Ecology and Management* 411: 132-141.

YANG ZQ, XIA H, TAN JH, FENG YH, HUANG YL (2020): Selection of superior families of *Pinus massoniana* in southern China for large-diameter construction timber. *J. For. Res.* 31 (2): 475-484.

## Autoren

BERND DEGEN, NIELS MÜLLER

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf

Kontakt: bernd.degen@thuenen.de