

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

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.) (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
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

Thünen Report 105

Braunschweig/Germany, April 2023

Nachkommenschaftsprüfungen bei der Wald-Kiefer (*Pinus sylvestris* L.)

VOLKER SCHNECK

Zusammenfassung

Nachkommenschaftsprüfungen sind ein zentrales Element der Forstpflanzenzüchtung. Sie können als Leistungsprüfungen der Nachkommen oder zur Analyse quantitativ genetischer Parameter (Heritabilität, Kombinationseignung, Zuchtwert) genutzt werden. Die Erzeugung des Versuchsmaterials kann dabei durch gelenkte Kreuzungen oder frei Abblühte der entsprechenden Ausleseebäume erfolgen. Gelenkte Kreuzungen lassen sich vor allem bei windbestäubenden, getrennt geschlechtlichen Arten (z. B. Koniferen) durchführen.

Wegen ihrer wirtschaftlichen Bedeutung und der leichten Durchführbarkeit von gelenkten Kreuzungen befindet sich die Wald-Kiefer besonders im Focus züchterischer Aktivitäten. Durch das Thünen-Institut für Forstgenetik und seine Vorgängerinstitutionen wurden mit dieser Baumart seit Ende der 1970er Jahre viele Nachkommenschaftsprüfungen angelegt. Diese werden überwiegend auch heute noch unterhalten und regelmäßig ausgewertet. Die Mehrzahl dieser Prüfungen sind Versuche mit Nachkommenschaften ausgelenkten Kreuzungen. So wurden seit den 1970'er Jahren sechs Kreuzungsserien realisiert. Aus den daraus resultierenden Nachkommenschaftsprüfungen existieren heute noch 12. Insgesamt werden auf diesen Flächen 340 Vollgeschwister-Familien (aus gelenkten Kreuzungen) geprüft. In der jüngeren Vergangenheit wurden im Rahmen der Projekte „FitForClim“ und „AdaptForClim“ sechs Nachkommenschaftsprüfungen mit 140 Halbgeschwister-Familien zur Ermittlung des Zuchtwerts der selektierten Plusbäume angelegt.

In einer 31-jährigen Nachkommenschaftsprüfung mit 81 Vollgeschwister-Familien und drei Versuchsflächen konnten Nachkommenschaften mit überdurchschnittlicher Wuchs- und Qualitätsleistung identifiziert werden. So übertrafen die besten Nachkommenschaften die Absaat einer Samenplantage um 7,5 - 13,3 % im Höhenwachstum. Ebenfalls konnten Elternbäume mit positiven Zuchtwerten für dieses Merkmal identifiziert werden. Die praktische Nutzung der Ergebnisse ist einerseits über die Reproduktion der Familien mit den besten Leistungen (gute spezielle Kombinationseignung) möglich. Dafür können mit Pfropflingen der jeweiligen Elternbäume Zweiklon-Samenplantagen aufgebaut werden. Um die Diversität bei der Verwendung von so produzierten Vermehrungsgut zu erhöhen, ist eine Mischung von Saat- bzw. Pflanzgut aus mehreren solcher Samenplantagen denkbar. Andererseits können Samenplantagen mit Pfropflingen der Plusbäume mit den besten Zuchtwerten angelegt werden.

Summary

Progeny testing of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.)

Progeny tests are a central element of forest tree breeding. They can be used as performance tests of the progenies or for the analysis of quantitative genetic parameters (heritability, combination ability, breeding value). The production of the test material can be done by controlled crosses or openpollination of the corresponding plus trees. Controlled crosses can be carried out especially with wind-pollinated, dioecious species (e.g. conifers).

Because of its economic importance and the ease with which controlled crosses can be carried out, Scots pine is a particular focus of breeding activities. The Thünen Institute of Forest Genetics and its predecessor institutions have established many progeny trials with this tree species since the end of the 1970s. Most of these are still maintained and regularly evaluated today. The majority of these trials are tests with progeny from controlled crosses. Thus, since the 1970's, six series of controlled crosses and progeny tests have been realised. From the resulting progeny trials, 12 still exist today. A total of 340 full-sib families (from controlled crosses) are tested. In

the recent past, six progeny trials with 140 half-sib families were set up as part of the projects "FitForClim" and "AdaptForClim" to determine the breeding value of the selected plus trees.

In a 31-year-old progeny test with 81 full-sib families and established at three sites, progenies with above-average growth and quality performance could be identified. Thus, the best progenies outperformed the offspring of a seed orchard by 7.5 - 13.3 % in height growth. Likewise, parent trees with positive breeding values for this trait could be identified. The practical use of the results is possible on the one hand by reproducing the families with the best performance (good special combining ability). For this purpose, two-clone seed orchards can be established with grafts of the respective parent trees. To increase diversity in the use of reproductive material produced in this way, a mixture of seed or planting material from several such seed plantations is conceivable. On the other hand, seed orchards can be established with grafts of the plus trees with the best breeding values.

1 Einleitung

Nachkommenschaftsprüfungen sind ein zentrales Element der Forstpflanzenzüchtung. Sie werden genutzt, um die genetische Veranlagung von ausgewählten Elternbäumen (Plusbäumen) zu bestimmen. Dabei können sie als Leistungsprüfungen der Nachkommen oder zur Analyse quantitativ genetischer Parameter (Heritabilität, Kombinationseignung, Zuchtwert) genutzt werden. Die Erzeugung des Versuchsmaterials erfolgt dabei durch gelenkte Kreuzungen oder frei Abblühte der entsprechenden Ausleseebäume. Gelenkte Kreuzungen lassen sich bei windbestäubenden, getrennt geschlechtlichen Arten (z. B. Koniferen) leicht durchführen.

Die Wald-Kiefer (*Pinus sylvestris* L.) ist eine bedeutende Wirtschaftsbaumart in Deutschland. Nach den Ergebnissen der dritten Bundeswaldinventur beträgt ihr Flächenanteil 22,3 % am gesamten Wald. Einen Verbreitungsschwerpunkt hat sie auf Sandstandorten in Osten Deutschlands (Anteil an der Waldfläche bis zu 70 %). Auch wenn es in den letzten Jahren auf besonders dürregefährdeten Standorten zu größeren Schädigungen von Kiefern gekommen ist, so wird die Kiefer auch zukünftig eine anbauwürdige Baumart bleiben. Wegen ihrer großen wirtschaftlichen Bedeutung und der leichten Durchführbarkeit von gelenkten Kreuzungen befindet sich die Wald-Kiefer bereits seit vielen Jahrzehnten im Focus züchterischer Aktivitäten. Als Ergebnis dieser Arbeiten existieren heute Klonarchive und viele Versuchsflächen mit dieser Baumart in Deutschland. Dadurch kann die Kiefer auch als Modellbaumart für die Klärung züchtungstheoretischer und genetischer Fragestellungen dienen.

Von der damaligen Zweigstelle für Forstpflanzenzüchtung Waldsiedersdorf des Instituts für Forstwissenschaften Eberswalde wurde ab 1970 ein Programm zur züchterischen Verbesserung der Kiefer mittels gelenkter Kreuzungen und nachfolgenden Nachkommenschaftsprüfungen realisiert. Diese Arbeiten wurden durch das Thünen-Institut für Forstgenetik fortgeführt. Zielsetzung war die Züchtung von sogenannten Hochzuchtsorten (vergleichbar mit geprüften Vermehrungsgut nach den heutigen Regelungen) mit hoher Wuchsleistung bei gleichzeitig guter Schaftform und Astqualität sowie erhöhter Stabilität. Dieses Material sollte für die Anlage von Holzzuchtplantagen geeignet sein. Es war geplant mit Pfropflingen der besten Kombinationen (hohe spezielle Kombinationseignung) Bi-Klonsamenplantagen anzulegen und auf diesem Wege die F1-Generation (intraspezifische Hybriden) immer wieder zu reproduzieren (KOHLSOCK und SCHNECK 1992). So können sowohl die additiven als auch die Dominanzeffekte bei der Vererbung der jeweiligen Merkmale genutzt werden.

Zwischen 1970 und 2002 wurden sechs Kreuzungsserien realisiert und 12 Nachkommenschaftsprüfungen angelegt (Tabelle 1). Der überwiegende Teil der Nachkommenschaften (340) stammte aus kontrollierten Kreuzungen. Als Kreuzungspartner fungierten vor allem Plusbäume aus dem Nordostdeutschen Tiefland und Polen. Zu einem geringeren Anteil auch aus dem Vogtland, Thüringen, Schweden, Finnland und Lettland. Ziel der Kreuzungen war es, die gute Wuchsleistung der Tieflandskiefer mit der guten Qualität der Kiefern ost- und nordeuropäischer Herkunft zu kombinieren. Außerdem sollten mögliche Heterosiseffekte, die bei der Kreuzung zwischen Individuen aus geografisch weit voneinander entfernten Populationen aufgrund der Kombination sehr verschiedener genetischer Konstitutionen auftreten können, genutzt werden. Zusätzlich befinden sich in den

Versuchen auch Einzelstammabsaaten freiabgeblühter Mutterbäume und einige Absaaten von Beständen und Samenplantagen. Die Versuche stocken auf typischen Kiefernstandorten (schwach bis mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch). Gepflanzt wurde überwiegend im Verband 2,0 x 0,5 m.

Tabelle 1: Nachkommenschaftsprüfungen mit Kiefer.

Jahr	Nachkommenschaften	Ort	Größe [ha]	Standort	Pflanzen
1979	78 aus Kreuzungen, 10 frei abgeblüht, 2 Herkünfte	Gablenz (BB)	2,3	M 2 - mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch	3 x 80
1985	72 aus Kreuzungen, 33 frei abgeblüht, 7 Herkünfte	Waldsiefersdorf (BB)	2,0	M 2- mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch	3 x 50
		Weißwasser (SN)	1,0	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	3 x 50
1990	81 aus Kreuzungen, 6 frei abgeblüht, 1 Herkunft	Neustrelitz (MV)	1,8	M 2 - mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch	3 x 60
		Eiserbude bei Eberswalde (BB)	1,8	M 2- mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch	3 x 60
		Spremberg (BB)	1,8	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	3 x 60
1991	31 aus Kreuzungen, 43 frei abgeblüht, 14 Herkünfte	Waldsiefersdorf (BB)	1,1	M 2 - mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch	3 x 60
1995	51 aus Kreuzungen, 4 Herkünfte	Peitz (BB)	1,2	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	3 x 64
1999	24 aus Kreuzungen, 1 Herkunft	Müncheberg (BB)	0,8	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	3 x 80
		Nochten (SN)	0,8	Kippsande	3 x 80
2002	35 aus Kreuzungen, 18 frei abgeblüht, 1 Herkunft	Briesen (BB)	1,0	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	3 x 80
		Hohenleipisch (BB)	1,5	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	3 x 80
2016	117 frei abgeblüht, 4 Herkünfte	Groß Breese (BB)	1,7	A 1 - arm, frisch: Z2g – ziemlich arm, schwach grundfrisch = 5: 1	4 x 32
		Heidhof (MV)	1,9	A 1 - arm, frisch: A 2 – arm, mittelfrisch = 3:7	4 x 32
		Müllrose (BB)	0,5	Z 1 – ziemlich arm, frisch	5 x 4
2019	57 frei abgeblüht, 2 Herkünfte	Berlin-Blankenfelde	1,5	ehemaliges Rieselfeld	4 x 52
		Buckow (BB)	1,1	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	4 x 52
		Treuenbrietzen (BB)	1,0	M 2 - mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch (Brandfläche)	4 x 52

Neben der bereits erwähnten Suche nach den besten Nachkommenschaften für eine wirtschaftliche Nutzung bilden die Versuche heute auch die Grundlage für die Klärung von züchtungstheoretischen Fragestellungen. So wird untersucht, inwieweit sich mittels Kreuzungszüchtung die Anpassungsfähigkeit der Kiefer steigern lässt, um so die Stabilität der Baumart auch in Hinblick auf mögliche Klimaänderungen verbessern zu können. In diesem Zusammenhang ist ebenfalls von Interesse, wie sich Kreuzungszüchtung auf die genetische Konstitution und die Diversität auswirkt. Weiterhin stehen heute die Anwendung von Methoden der quantitativen Genetik zur Schätzung von Heritabilitäten und Zuchtwerten sowie die Untersuchung der Vererbung von Merkmalen mit molekulargenetischen Marken im Focus der Forschung. Die umfangreichen Versuche und Erfahrungen sowie die vorhandenen Daten machen die Kiefer zu einem Modell für die Abschätzung von Chancen und Risiken der Anwendung von Kreuzungszüchtung in der Forstwirtschaft.

Nach einer längeren Pause wurden in den Jahren 2016 und 2019 wieder Nachkommenschaftsprüfung im Rahmen der Projekte „FitForClim“ und „AdaptForClim“ angelegt (Tabelle 1). Diesmal wurden ausschließlich Absaaten freiabgeblühter Mutterbäume aus zwei älteren Samenplantagen verwendet. Zielstellung dieser Versuche ist die Zuchtwertermittlung der geprüften Mutterbäume.

Im Folgenden sollen exemplarisch Ergebnisse der Nachkommenschaftsprüfung von 1990 vorgestellt werden, da dieser Versuch aus methodischer Sicht als besonders gelungen betrachtet werden kann. Es werden auf drei Versuchsflächen 88 gleiche Prüfglieder (vollständige Orthogonalität) geprüft und die Versuche konnten sich ohne größere zufällige Störungen über 31 Jahre entwickeln.

Tabelle 2: Nachkommenschaftsprüfung 1990 - Herkunft der Kreuzungspartner.

Auslesebaum	Herkunft
Gü 16	Güstrow (Mecklenburg-Vorpommern)
M 100/24, M 129, M 133, M 143	Rostocker Heide (Mecklenburg-Vorpommern)
Mi 7, Mi 18	Mirow (Mecklenburg-Vorpommern)
Pe 17, Pe 23, Pe 26	Perleberg (Mecklenburg-Vorpommern)
B 1100/25	Rathenow (Brandenburg)
B 2100/10, B 2100/15	Peitz (Brandenburg)
B 2500/3, B 2500/9, B 2514, B 2524, B 2527	Kolpin (Brandenburg)
B 400/5, B 400/29	Angermünde (Brandenburg)
B 724, B 729, B 731, Gr 6	Gransee (Brandenburg)
SA 200/1, SA 200/8	Colbitz (Sachsen-Anhalt)
Ni 17, Ni 19	Niesky (Sachsen)
Hi 4	Hildburghausen (Thüringen)
Be 11	Bad Berka (Thüringen)
Schl 15, Schl 24	Schleiz (Thüringen)
Bi 1, Bi 17	Starzyna (Nordost-Polen)
Pl 21	Plaska (Nordost-Polen)
Po 9, Po 17, Po 22, Po 24	Pokoj (Südwest-Polen)
Roz 5, Roz 6, Roz 15, Roz 16	Rozpuda (Nordost-Polen)
Ry 6	Rytel (Nord-Polen)
Ryt 10, Ryt 11, Ryt 13, Ryt 14, Ryt 17	Rychtal (Südwest-Polen)
Su 12, Su 24	Suprasl (Nordost-Polen)
Tab 6, Tab 9, Tab14	Taborz (Nordost-Polen)
Tar 9, Tar 10, Tar 48, Tar 49	Tarda (Nordost-Polen)

2 Material und Methode

Für diese Nachkommenschaftsprüfung wurden zwischen 1984 und 1987 entsprechende gelenkte Kreuzungen in einem Klonarchiv an Pfropflingen von Auslesebäumen aus Ostdeutschland und Polen durchgeführt (Tabelle 2). Im Frühjahr 1990 erfolgte die Anlage von drei Nachkommenschaftsprüfungen an den Versuchsorten Eiserbude (BB), Neustrelitz (MV) und Spremberg (BB) mit zweijährigen Sämlingen im Pflanzverband 2,0 x 0,5 m. Auf allen drei Flächen wurden dieselben 88 Prüfglieder in Parzellen mit je 60 Pflanzen in dreifacher Wiederholung ausgebracht. Dabei stammten 81 Nachkommenschaften aus gelenkten Kreuzungen. Sechs weitere waren Einzelstammabsaaten frei abgeblühter Plusbaumpfropflinge. Weiterhin wurde eine Absaat der Samenplantage Güstrow in Waldsiefersdorf in neunfacher Wiederholung als Kontrolle ausgepflanzt.

Die letzte Aufnahme erfolgte nach einer Standzeit von 31 Jahren. Gemessen wurden alle Durchmesser in 1,3 m Höhe und bei allen Bäumen wurde die Schaftform nach einer dreistufigen Skala bonitiert. Folgende Noten wurden vergeben: 9 – gerade, zweischnürig; 5 – leichte Krümmung(en), einschnürig (waldbaulich noch geeignet); 1 – krumm, nichtschnürig. Die Höhe wurde bei zehn Bäumen je Parzelle gemessen. Fehlende Höhen wurde mittels der lineare Regression Durchmesser zu gemessenen Höhen nachkommenschaftsspezifisch berechnet.

$$I_W = \sum_{i=1}^k a_i \frac{v_i - \bar{v}_i}{s_{v_i}}$$

Ebenfalls berechnet wurde das Einzelstammschaftholzvolumen. Für eine komplexe Beurteilung der Nachkommenschaften wurde ein Selektionsindex (I_W) nach der folgenden Formel berechnet:

Dabei ist k -Anzahl der Merkmale, a_i - Bewertungsfaktor, v_i -Merkmalsausprägung der Nachkommenschaft, \bar{v}_i - Versuchsmittelwert, s_{v_i} - Standardabweichung des Versuchsmittelwertes. Die Höhe ging mit dem Bewertungsfaktor 2, der Durchmesser in 1,3 m Höhe und die Schaftform mit dem Faktor 1 in den Index ein.

3 Ergebnisse

Zwischen den Versuchsflächen gab es deutliche Unterschiede in der Wuchseistung, die wegen der unterschiedlichen Standortgüte auch erwartet wurden (Tabelle 3). Das mittlere Höhenwachstum auf der Fläche Neustrelitz über trifft die beste Bonität (34 m im Alter 100) der Kiefern-Ertragstafel für ostdeutsche Kiefernbestände (LEMCKE et al. 1975) um mehr als eine Bonitätsstufe. Das mittlere Leistungsniveau der anderen beiden Flächen liegt zwischen den absoluten Mittelhöhenbonitäten 32 und 34 m. Die Absaat der Samenplantage Güstrow erreicht Mittelhöhen die knapp unter den jeweiligen Versuchsmittelwerten liegen. Die mittlere Höhe der 15 besten Nachkommenschaften liegt noch einmal eine Bonität über dem Versuchsmittel.

Tabelle 3: Flächenmittel, Mittelwerte der besten 15 Nachkommenschaften und Werte für die Absaat der Samenplantage Güstrow (Kontrolle) ausgewählter Merkmale für die einzelnen Versuchsflächen im Alter 31. (Nz= Neustrelitz, Eis= Eiserbude, Spb= Spremberg).

	Mittel			Güstrow			15 beste Nachkommenschaften		
	Nz	Eis	Spb	Nz	Eis	Spb	Nz	Eis	Spb
Höhe [m]	17,4	15,2	14,9	16,8	15,1	14,7	18,4	16,6	16,1
BHD [cm]	13,9	12,5	13,0	14,0	12,7	12,1	15,7	13,8	14,4
Einzelstammschaftholzvolumen [m³]	0,137	0,116	0,102	0,136	0,113	0,087	0,180	0,145	0,130
Form	6,9	5,9	6,0	5,4	4,9	5,2	7,9	7,2	7,2

Auf allen drei Flächen waren die Unterschiede im Wachstum und der Stammform zwischen den Nachkommenschaften und den Versuchsorten signifikant. Signifikante Wechselwirkungen zwischen den Nachkommenschaften und den Versuchsflächen konnten nicht nachgewiesen werden. Deshalb war eine gemeinsame varianzanalytische Auswertung mit Mittelwertvergleich (Dunnnett-Test gegen Samenplantage Güstrow als Kontrolle, $\alpha=5\%$) über alle drei Versuchsflächen möglich. Im Mittel über alle Flächen übertrafen elf Nachkommenschaften die Kontrolle im Höhenwachstum im Alter 31 signifikant um 7,5 – 13,3 % (Abb. 1). Im

Durchmesserwachstum waren fünf Nachkommenschaften signifikant besser als die Kontrolle (13,1 – 19,4 %) und beim Einzelstammeschaftsholzvolumen waren es sechs (32,2 – 53,5 %).

Betrachtet man die Vaterbäume der in Abbildung 1 aufgeführten Nachkommenschaften, so fällt auf, dass gehäuft M 133 und B 731 bei den wüchsigsten Familien die Pollenspender waren. Bei den Familien mit geringem Wachstum treten B 2524 und B 724 häufig auf. Hier kann schon auf die gute bzw. schlechte Kombinationseignung der jeweiligen Plusbäume geschlossen werden.

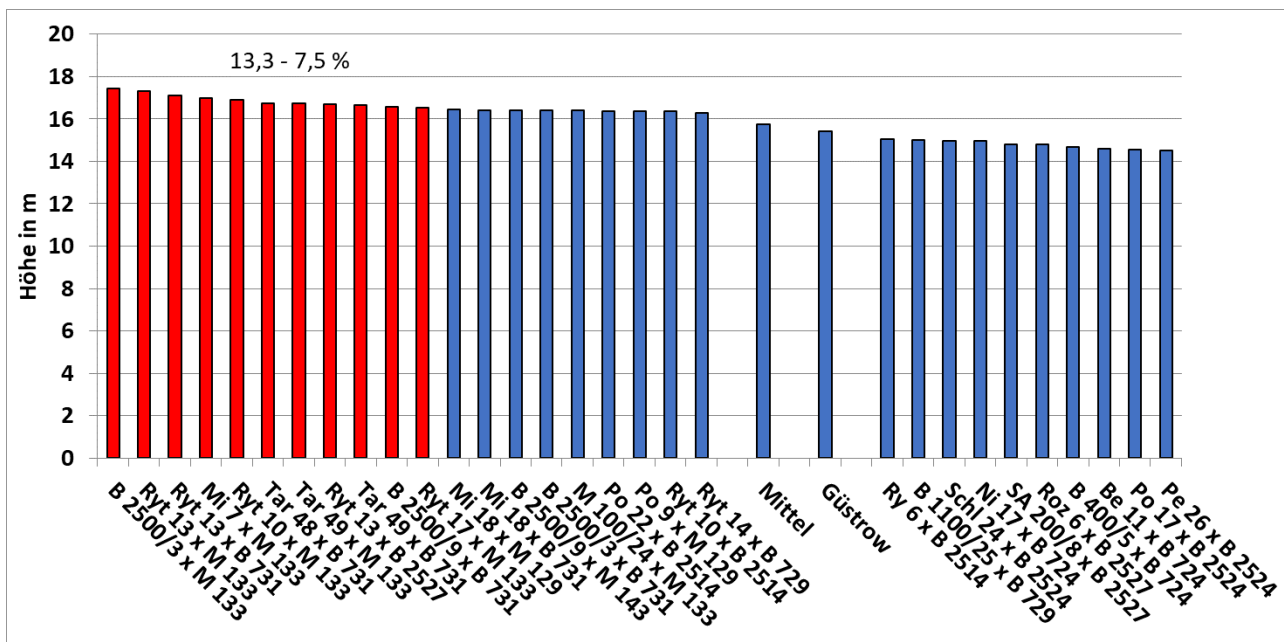


Abb. 1: Höhenwachstum ausgewählter Nachkommenschaften im Alter 31 (Mittel über alle drei Flächen) (rote Säulen= signifikante Überlegenheit gegenüber der Kontrolle Samenplantage Güstrow)

Ein Zusammenhang zwischen der Schaftform und der Wuchsleistung konnte nicht nachgewiesen werden. Das heißt, dass die Ausprägung dieser beiden Merkmale in den hier geprüften Nachkommenschaften unabhängig voneinander ist. Das führt dazu, dass von den 20 Familien mit den besten durchschnittlichen Formnoten nur zwei zur Gruppe der im Höhenzuwachs signifikant über der Kontrolle liegenden Nachkommenschaften gehören (Abb. 2). Andererseits befinden sich drei aus dieser Gruppe im hinteren Bereich der Rangfolge bei der Stammform. Fast alle Kreuzungsnachkommenschaften zeigen eine bessere Schaftform als die Kontrolle Samenplantage Güstrow. Bei mehr als der Hälfte der Familien (46) ist die Form signifikant besser. Es kann davon ausgegangen werden, dass die Kombination von auch aufgrund ihrer guten Stammform ausgelesenen Plusbäumen gut geformte Nachkommenschaften hervorbringt. Auffällig ist, dass die Nachkommenschaften mit der besten Form oft polnische Kiefern als Mütter haben. In diesem Kollektiv sind auch B 2524 und B 2514 häufig als Väter vertreten.

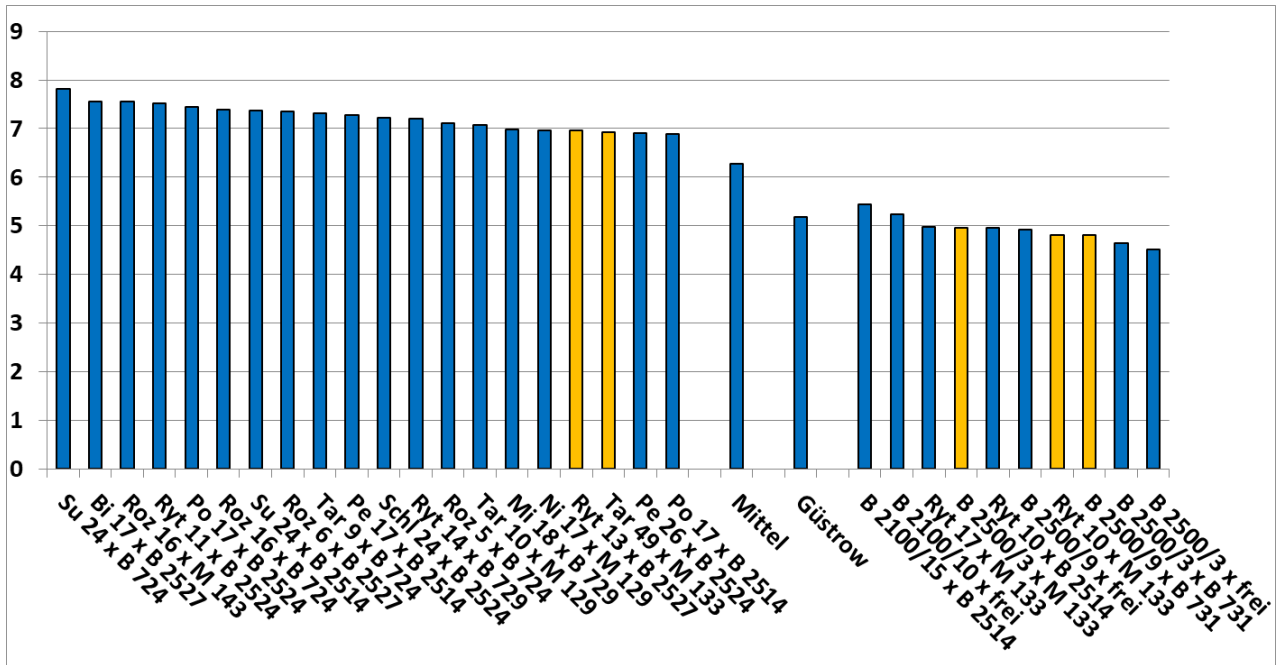


Abb. 2: Durchschnittliche Formnote ausgewählter Nachkommenschaften im Alter 31 (Mittel über alle drei Flächen) (gelbe Säulen= signifikante Überlegenheit beim Höhenwachstum gegenüber der Kontrolle).

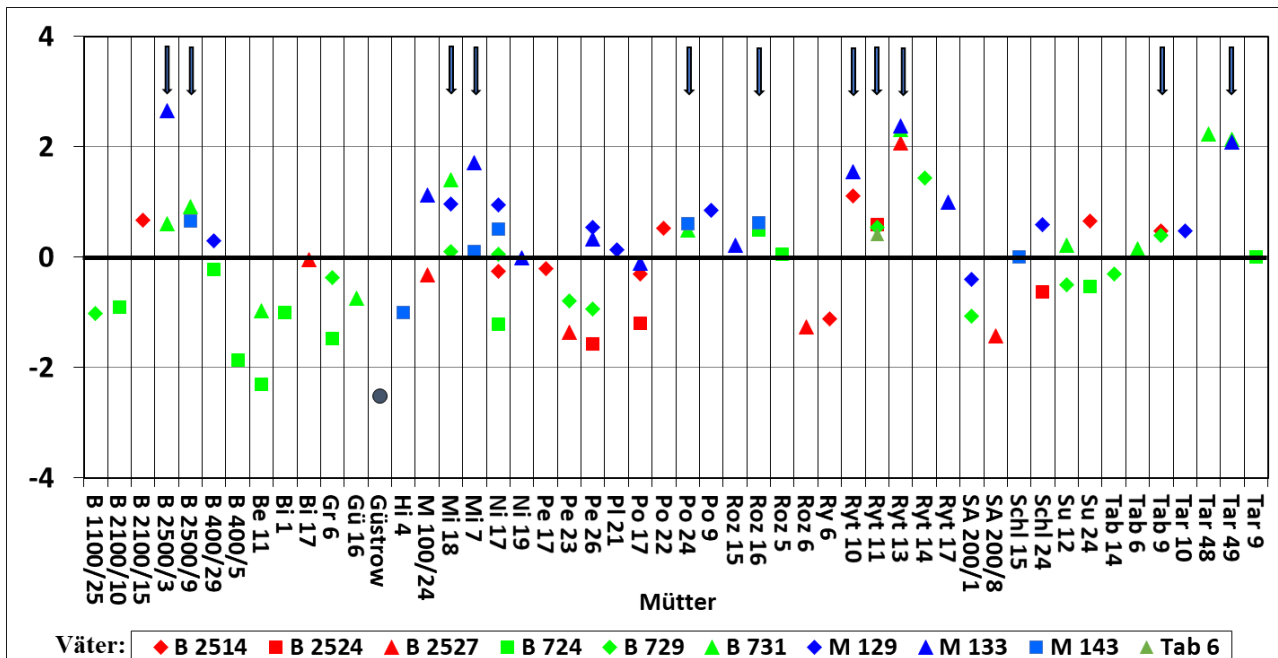


Abb. 3: Selektionsindizes im Alter 31 (2 x Höhe, 1 x Durchmesser, 1 x Form; Pfeile markieren Mutterbäume mit ausschließlich positiven Selektionsindizes in allen Familien).

Die Berechnung eines Selektionsindizes erlaubt eine Bewertung der einzelnen Nachkommenschaften und ihrer Elternbäume unter Berücksichtigung mehrerer Merkmale (Abb. 3). Es lassen sich Mutterbäume identifizieren, die immer Nachkommenschaften mit positivem Selektionsindex hervorbringen. Von Interesse sind hier vor allem solche Bäume, die in mehreren Kombinationen vertreten sind. In der Abbildung 3 sind solche Bäume mit einem Pfeil markiert. Bei den als Pollenspender verwendeten Bäumen ist das Bild nicht so eindeutig. Hier erreichen

abgesehen von wenigen Ausnahmen die Familien der Väter M 129, M 133, M 143 und B 731 überwiegend positive Werte. Für diese Plusbäume kann eine gute allgemeine Kombinationseignung angenommen werden.

4 Zuchtwertschätzung für die Baumhöhe im Alter 31

Die Durchführung dialleler Kreuzungen mit anschließender Nachkommenschaftsprüfung ermöglicht die Schätzung von Heritabilitäten und Zuchtwerten. Diese Schätzungen sind umso genauer je vollständiger die Diallele sind. Im Idealfall hat man ein vollständiges Diallel, das heißt jeder Baum ist mit jedem gekreuzt. Nachteilig ist dabei, dass die Anzahl der durchzuführenden Kreuzungen schnell sehr groß wird (2 x Anzahl der Eltern). Deshalb werden meist unvollständige Diallele als Kreuzungspläne verwendet. Im hier vorliegenden Fall wurden 49 Mutterbäume mit zehn Vätern gekreuzt. Dabei wurden je Mutter eine bis fünf Kreuzungen durchgeführt. Die verschiedenen Väter wurden in einer bis zwölf Kombinationen verwendet. Aufgrund der heute vorhandenen rechentechnischen Möglichkeiten lassen sich auch mit solchen unregelmäßigen Kreuzungsplänen Schätzungen von Heritabilitäten und Zuchtwerten mittels gemischter linearer Modelle vornehmen. Bei der hier vorgenommenen Auswertung wurden die Zuchtwerte als BLUP-Werte (best linear unbiased predictor) im Rahmen einer Varianzanalyse für gemischte lineare Modelle (Proc mixed SAS®) ermittelt (Isik 2009). Einige wichtige Formel, die verwendet wurden, sind Abbildung 4 dargestellt.

Modell Varianzanalyse unvollständiges Diallel

$$Y_{ijkl} = \mu + B_i + G_j + G_k + S_{jk} + E_{ijkl}$$

Y_{ijkl} - l-te Beobachtung des i-ten Blocks der jk-ten Kreuzung, μ - Gesamtmittel, B_i - Feste Effekt des i-ten Blocks, G_j oder G_k - Zufälliger Effekt der allgemeinen Kombinationseignung der j-ten Mutter oder des k-ten Vaters, S_{jk} - Zufälliger Effekt der speziellen Kombinationseignung der j-ten Mutter oder des k-ten Vaters, E_{ijkl} - Zufälliger Fehler innerhalb der Parzelle

Heritabilität im engeren Sinne

$$h_i^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} = \frac{4\sigma_G^2}{(2\sigma_G^2 + \sigma_S^2 + \sigma_E^2)}$$

σ_A^2 – additive genetische Varianz, σ_P^2 – phänotypische Varianz, σ_G^2 – Varianz der allgemeinen Kombinationseignung, σ_S^2 – Varianz der speziellen Kombinationseignung, σ_E^2 – Restvarianz

Zuchtwert Elternbaum

BV=2 x GCA

GCA – allgemeine Kombinationseignung (Faktor 2 weil ein Elter nur 50 % zur Genetik seiner Nachkommenschaft beiträgt)

Genetischer Wert der Vollgeschwister-Nachkommenschaft

GV=GCA_m + GCA_v + SCA

GCA_m und GCA_v – allgemeine Kombinationseignung der Mutter und des Vaters, SCA – spezielle Kombinationseignung der Familie

Abb. 4: Für die Zuchtwertschätzung verwendete Formel (Isik 2009).

Die Werte für die einzelbaumbezogene Heritabilität im engeren Sinne (h_i^2) für die Höhe unterscheiden sich zwischen den verschiedenen Aufnahmealtern und den Versuchsflächen (Tabelle 4). Bis zum Alter 20 sind die Werte kontinuierlich gestiegen. Die Werte im Alter 31 sind dann im Vergleich zum Alter 20 wieder gefallen, aber mit durchschnittlich 0,4 immer noch hoch. Dieser Wert spricht für eine signifikante genetische Determination des Höhenwachstums bei den hier geprüften Elternbäumen und Nachkommenschaften. Der Abfall der Heritabilitätswerte kann mit der mit zunehmendem Alter immer stärker werdenden Konkurrenz zwischen den Bäumen innerhalb und zwischen den Parzellen in Zusammenhang stehen. Aufgrund der höchsten Heritabilitätswerte erscheint das Alter 20 als am geeignetsten für die Zuchtwertschätzung. Trotzdem werden hier die Daten der letzten Aufnahme im Alter 31 verwendet, da Aussagen zur Entwicklung der Wuchsleistung mit zunehmendem Alter besser zu treffen sind.

Bei der Zuchtwertschätzung über alle Versuchsorte gemeinsam ergeben sich positive Werte für 28 Plusbäume (bezogen auf das Versuchsmittel). 24 dieser Bäume erreichen jeweils auf allen drei Versuchsflächen positive Werte. Werden die Zuchtwerte ins Verhältnis zum Höhenwachstum der Absaat der Samenplantage Güstrow (Kontrolle) gesetzt, ergeben sich für 15 Plusbäume der Spitzengruppe Mehrleistungen von 5-15 % (Abb. 5). Bezogen auf die einzelnen Versuchsflächen ist die Differenzierung der Zuchtwerte in Eiserbude am stärksten und in Spremberg am geringsten.

Tabelle 4: Einzelbaumbezogene Heritabilität im engeren Sinne (h_i^2) für die Baumhöhe in verschiedenen Altern.

	Alter 5	Alter 10	Alter 20	Alter 31
Neustrelitz	0,173	0,294	0,579	0,444
Eiserbude	0,149	0,333	0,462	0,407
Spremberg	0,029	0,160	0,494	0,365

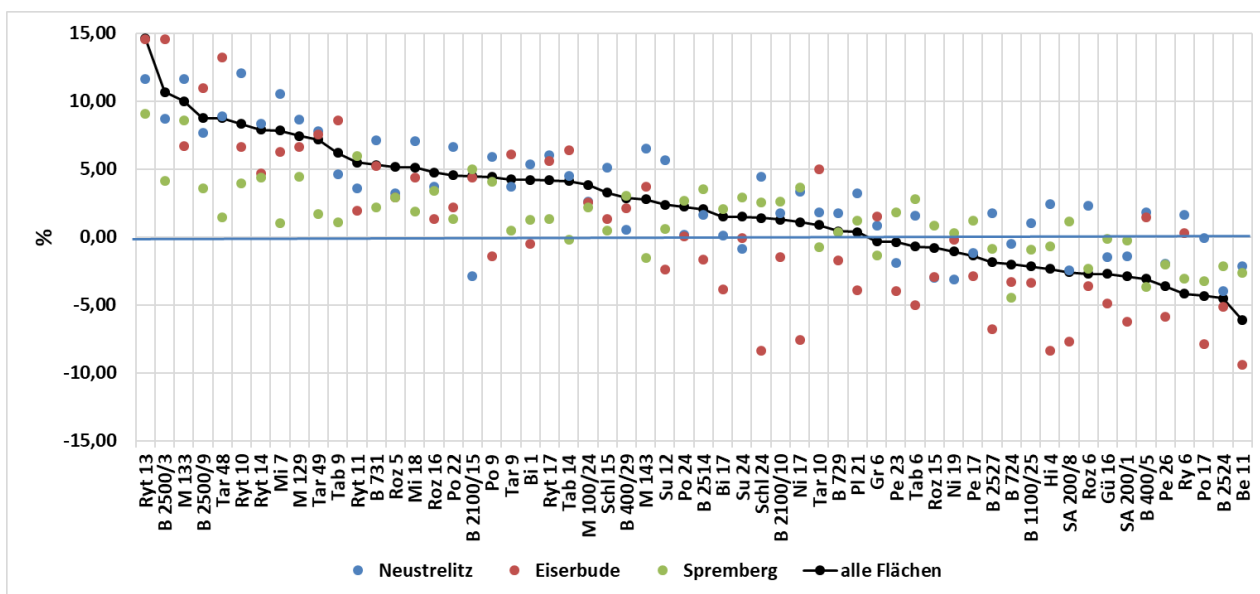


Abb. 5: Zuchtwerte der Elternbäume relativ zur Kontrolle (Samenplantage Güstrow) für die Baumhöhe im Alter 31.

Plusbäume mit positiven Zuchtwerten stammen sowohl aus Polen als auch aus dem Nordostdeutschen Tiefland. Allerdings gibt es Bestände aus denen sowohl Plusbäume mit guten Zuchtwerten als auch solche mit negativen Werten stammen. Beispiele sind B 2500/3 und B 2500/9 mit positiven und B 2524 und B 2527 mit negativen Werten, die alle aus dem Bestand Kolpin stammen. Ähnlich liegt der Fall beim Bestand Rozpuda (Roz 5 und Roz 16 positiv, Roz 6 und Roz 15 negativ). Im Gegensatz dazu steht Rychtal, wo alle fünf Plusbäume dieses Bestandes positive Zuchtwerte haben.

5 Schlussfolgerungen

Die Ergebnisse dieser Nachkommenschaftsprüfung belegen das große Potential der Nutzung gelenkter Kreuzungen für die züchterische Verbesserung der Kiefer. So konnten Nachkommenschaften mit sehr guter Wuchsleistung, die auch eine ausreichend gute Qualität aufweisen, identifiziert werden. Dabei hat sich gezeigt, dass der Ansatz, Bäume aus Populationen mit deutlich unterschiedlichem genetischem Hintergrund (hier Nordostdeutschland und Polen) zu kreuzen, richtig war. Dieses Vorgehen hatte sich auch schon bei einer älteren Kreuzungsserie bewährt. Hier waren sehr gute Nachkommenschaften aus der Kombination von Tieflands- mit Hügellandskiefern entstanden (SCHNECK 2007). Allerdings gibt es auch den umgekehrten Fall. Insbesondere, wenn die Kreuzungspartner aus klimatisch sehr unterschiedlichen Gebieten kommen, entstehen oft Nachkommenschaften mit unterdurchschnittlicher Leistung. Zu beobachten war dieser Fall in Nachkommenschaftsprüfungen mit Familien aus Kreuzungen zwischen Kiefern nordostdeutscher und skandinavischer Herkunft.

Die Elternbäume der elf Nachkommenschaften, die im Höhenwachstum der als Kontrolle verwendeten Absaat der Samenplantage Güstrow signifikant überlegen sind, können als Ausgangsmaterial (Familieneltern) in der Kategorie „Geprüft“ nach Forstvermehrungsgutgesetz zugelassen werden. Die Saatgutproduktion kann in kleinen Zwei-Klonplantagen erfolgen, wobei zu empfehlen ist, dass Saatgut aus mehreren solchen Plantagen vor der Aussaat zu mischen.

Neben der Vergleichsprüfung sieht das Forstvermehrungsgutgesetz auch die Schätzung des genetischen Werts von Ausgangsmaterial (Komponentenprüfung) als mögliche Prüfungsform für die Zulassung von Ausgangsmaterial in der Kategorie „Geprüft“ vor. Deshalb können auch die Plusbäume mit den besten Zuchtwerten als Familieneltern zugelassen werden. Ebenfalls wäre eine Samenplantage mit Pflanzlingen dieser Plusbäume zulassungsfähig. Von den 58 geprüften Plusbäumen haben 24 auf allen Flächen positive Zuchtwerte beim Merkmale Höhe erreicht. Würde man eine Samenplantage mit den 15 Plusbäumen mit den höchsten mittleren Zuchtwerten errichten, könnte mit einer Mehrleistung im Höhenwachstum von 7,9 % bezogen auf die Absaat der Samenplantage Güstrow im Alter 31 gerechnet werden. Bei der Auswahl der 20 besten Plusbäume wären das 7,1 %. Damit würde die Mehrleistung rund eine Bonität ausmachen.

Das hier dargestellte Beispiel zeigt die Eignung von Nachkommenschaftsprüfungen mit Familien aus gelenkten Kreuzungen für die Ermittlung von Zuchtwerten im Rahmen von Zuchtprogrammen auch wenn kein vollständiges Diallel realisiert wurde. Zukünftig sollte dieses Instrument viel stärker bei der Anlage neuer Samenplantagen genutzt werden. Die Verwendung von Zuchtbäumen mit bekannten positiven Zuchtwerten bietet die Gewissheit dafür, dass das in solchen Samenplantagen gewonnene Vermehrungsgut Mehrerträge erbringen wird. Voraussetzung dafür ist es, dass wieder verstärkt Nachkommenschaftsprüfungen entweder mit Pflanzenmaterial aus gelenkten Kreuzungen oder freier Abblühte durchgeführt werden.

Zuchtwerte können auch für die Plusbaumklone in bestehenden Samenplantagen geschätzt werden. Voraussetzung dafür sind entsprechende Nachkommenschaftsprüfungen. Liegen Zuchtwerte vor, ist es möglich, diese Samenplantagen so zu durchforsten und damit aufzuwerten, dass die Klone mit den schlechtesten Zuchtwerten entnommen werden („genetische Durchforstung“). Entsprechende Versuche mit dieser Zielstellung

wurden mit Einzelbaumabsaaten zweier Kiefern Samenplantagen im Rahmen der Projekte „FitForClim“ und „AdaptForClim“ angelegt.

Zuchtbäume für den Aufbau neuer Zuchtpopulationen können auch direkt in Nachkommenschaftsprüfungen selektiert werden. So ist über eine kontinuierliche Züchtungsarbeit eine fortlaufende und generationenübergreifende Verbesserung von forstlichem Vermehrungsgut erreichbar. Weiterhin kann durch die Nutzung gelenkter Kreuzungen und entsprechender Nachkommenschaftsprüfungen im Zusammenhang mit den sich ständig weiterentwickelnden Möglichkeiten der Molekulargenetik ein wichtiger Beitrag zur Aufklärung der Vererbung von Merkmalen und für die Markerentwicklung geleistet werden.

Bei Betrachtung der großen Möglichkeiten den der Einsatz von Methoden der Kreuzungszüchtung bzw. die Nutzung von Nachkommenschaftsprüfungen für eine Leistungs-, Qualitäts- und Resistenzsteigerung von forstlichen Vermehrungsgut und daraus resultierenden Waldbeständen bietet, ist es unverständlich, warum diese Methoden derzeit in Deutschland kaum eingesetzt werden. Vor dem Hintergrund einer Verknappung der Ressource Holz durch die Kalamitäten der letzten Jahre und die zunehmende Flächenstilllegung im Wald bei gleichbleibend hohem Holzbedarf wird es zukünftig notwendig sein, die Produktivität der Holzerzeugung auf der verbleibenden Fläche deutlich zu erhöhen. Hierzu kann mit Verfahren der Forstpflanzenzüchtung ein wichtiger Beitrag geleistet werden.

Referenzen

- ISIK F (2009): Analysis of diallel mating designs. Script, North Carolina State University, Raleigh, USA. 34 S.
<https://faculty.cnr.ncsu.edu/fikretisik/wp-content/uploads/sites/3/2015/06/Analysis-of-Diallel-Progeny-Test-with-SAS.pdf> (aufgerufen 23.12.2022).
- KOHLSTOCK N, SCHNECK H (1992): Scots pine breeding (*Pinus sylvestris* L.) at Waldsiedersdorf and its impact on pine management in the Northeastern German Lowland. *Silvae Genetica* 41 (3): 174-180.
- LEMBCKE G, KNAPP E, DITTMAR O (1975): DDR-Kiefern-Ertragstafel 1975. Institut für Forstwissenschaften Eberswalde, 82 S.
- SCHNECK V (2007) Ergebnisse und Perspektiven der Kreuzungszüchtung bei der Kiefer im nordostdeutschen Tiefland. In: Landesforstanstalt Eberswalde (Hrsg.): Die Kiefer im nordostdeutschen Tiefland - Ökologie und Bewirtschaftung. Eberswalder Forstliche Schriftenreihe Band XXXII, 2007: 407-413.

Autor

VOLKER SCHNECK

Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, 15377 Waldsiedersdorf

Kontakt: volker.schneck@thuenen.de