Forstgenetische Ressourcen der Vogel-Kirsche

Forest genetic resources of wild cherry

Alwin Janßen, Andreas Meier-Dinkel, Wilfried Steiner, Bernd Degen

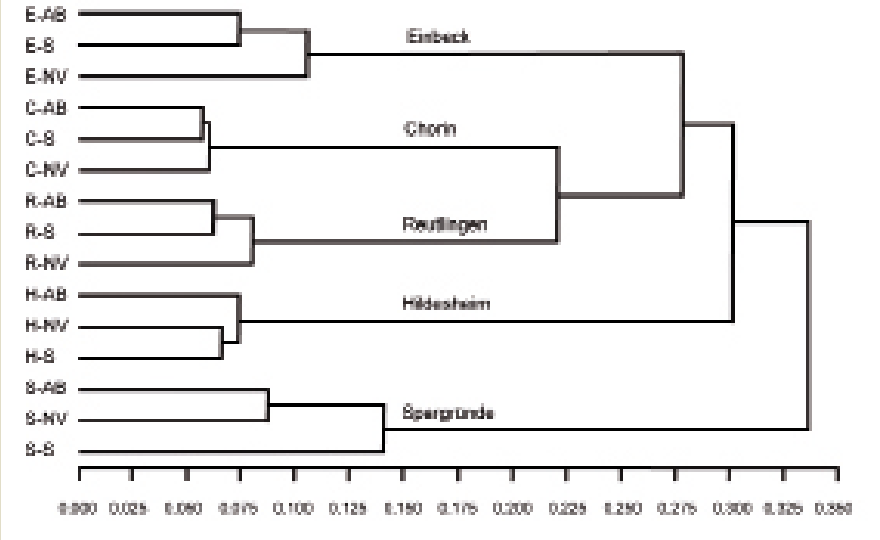

ABBILDUNG 1: *Genetischer Abstand zwischen Stichproben (4 SSR-Loci). [Stichprobenbezeichnungen kennzeichnen Bestände (E: Einhaus, C: Chorin, R: Reutlingen, H: Hildesheim, S: Spargründe) und Bestandeskollektive (AB: Altbäume, NV: Naturverjüngung, S: Saatgut)].*

FIGURE 1: *Genetic distance between samples (4 SSR-loci). [Denotation of collectives indicate stands (E: Einhaus, C: Chorin, R: Reutlingen, H: Hildesheim, S: Spargründe) and developmental stage (AB: adult trees, NV: natural regeneration; S: seeds)].*

Die Vogel-Kirsche (*Prunus avium* L.) ist eine Baumart, die in unseren Wäldern ein breites Spektrum an Funktionen erfüllt. Ihr Holz ist dabei genauso geschätzt wie ihre Blüten im Frühjahr und ihre Laubfärbung im Herbst. Die Vogel-Kirsche dient als Bienenweide und im Sommer sind ihre Früchte unter den Tieren heiß begehrt. Die Züchtung von Süßkirschen mit immer größeren, wohlschmeckenden Früchten und deren Anbau in den Gärten und in der Landschaft haben aber leider auch dazu geführt, dass eine zunehmende Einkreuzung der „Haus"-Kirschen in die „Wild"-Kirsche stattfindet. Aus forstgenetischer Sicht muss daher die ursprüngliche Vogel-Kirsche erhalten werden. Entscheidende Kriterien für die Produktion von Kirschbaum-Wertholz mit Furnier- und Schnittholzqualität sind neben einer guten Wuchsleistung vor allem die Qualitätsmerkmale „gerader Stamm" und „Wipfelschäftigkeit". In Pflanzungen aus herkömmlichem Handelssaatgut ist der Anteil an Bäumen mit diesen Eigenschaften oftmals äußerst gering. Kirschenbestände zeichnen sich nicht selten durch hohe Anteile an krummen oder gezwieselten Stämmen und Bäumen mit vielen Steilästen oder sich schon früh auflösenden Kronen aus. In manchen Beständen lohnt es wegen schlechter Qualität des Pflanzgutes kaum, die Investitionen für die bei Kirsche anfangs nötigen Ästungen und das frühzeitige Freistellen zu tätigen. Deshalb werden neben der Ausweisung von Erhaltungsobjekten auch für den Wald Vogel-Kirschen gezüchtet, die gute Wuchsleistungen mit überragenden qualitativen Merkmalen verbinden, um wertvolles Kirschenholz zu erzeugen.

Erhalt der genetischen Vielfalt

Im Jahr 1985 wurde in beiden deutschen Staaten die Erhaltung forstlicher Genressourcen als Grundlage zur Sicherung der Anpassungsfähigkeit etabliert. In erster Linie ist dabei die Sicherung in situ (vor Ort) anzustreben. Sollte dieses bei einigen Arten nicht möglich sein, werden auch Sicherungen ex situ (an anderen Orten) durchgeführt (PAUL et al., 2000). Die Vogel-Kirsche bildet nur in einigen Fällen Reinbestände aus. In Mischbeständen ist sie in unterschiedlichen Anteilen zu finden. Daher konnten nur 47 In-situ-Bestände mit 15,6 ha reduzierter Fläche ausgewählt und als In-situ-Erhaltungsbestände gesichert werden. Es überwiegen bei der Vogel-Kirsche die Ex-situ-Maßnahmen durch vegetative Vermehrung, durch Anlage von Samenplantagen sowie durch Saatguternte und anschließender Aussaat (ANONYMUS, 2009). Daneben sind immerhin 121 Bestände mit rund 130 ha reduzierter Fläche zur Beerntung von ausgewähltem Vermehrungsgut zugelassen. 11 Samenplantagen mit 22 ha Fläche wurden zur Erzeugung von qualifiziertem Vermehrungsgut angelegt. Zudem komplettieren 31 mikrovegetativ vermehrte Kirschen-Klone, die als geprüftes Vermehrungsgut zugelassen sind, das Angebot.

Genetisches Monitoring

Die Vogel-Kirsche gehört neben der Buche zu den beiden Modellbaumarten, für die Pilotstudien zum genetischen Monitoring durchgeführt wurden (DEGEN et al., 2008; MAURER et al., 2008). Das Konzept für ein genetisches Monitoring wurde von KÄTZEL et al. (2005) vorgestellt. Es basiert auf dem „Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland" (PAUL et al., 2000) und strebt eine Ergänzung etablierter forstlicher Monitoringsysteme um eine genetische Komponente an.

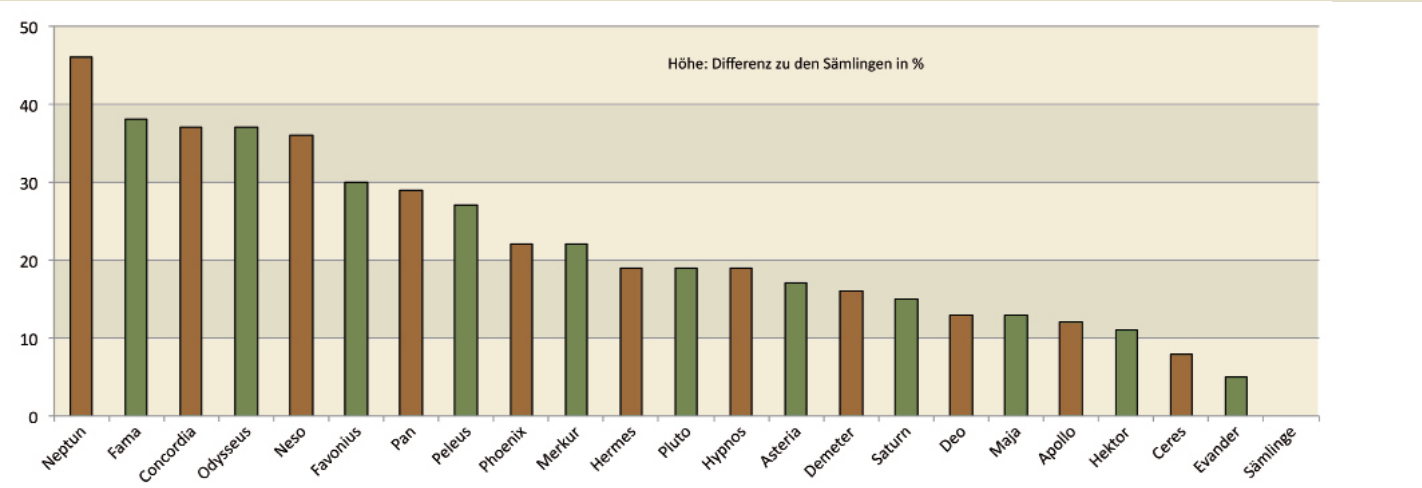

ABBILDUNG 2: *Relative Wuchsüberlegenheit von 22 zugelassenen silvaSELECT-Vogel-Kirschenklonen im Vergleich zu Sämlingen als Standard.*

FIGURE 2: *Relative growth superiority of 22 registered silvaSELECT wild cherry clones compared to seedlings.*

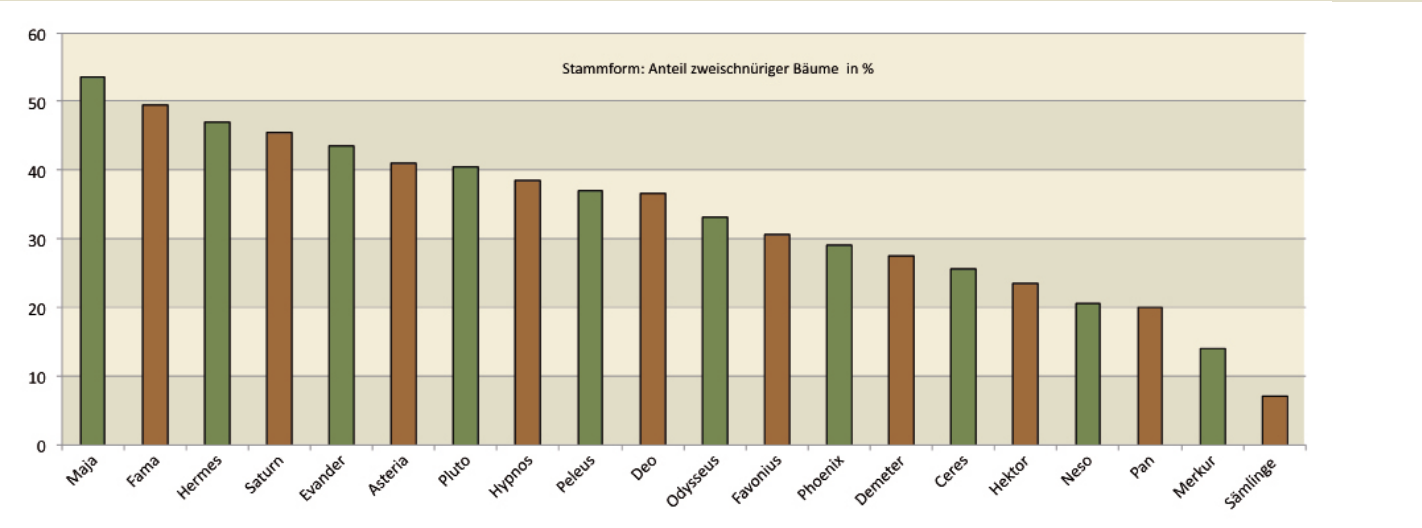

ABBILDUNG 3: *Prozentualer Anteil zweischnüriger (ganz gerader) Stämme von 19 zugelassenen silvaSELECT-Vogel-Kirschenklonen im Vergleich zu Sämlingen als Standard.*

FIGURE 3: *Percentage of strictly straight growing wild cherry trees of 19 registered silvaSELECT clones compared to seedlings.*

Fünf Vorkommen aus allen vier Herkunftsgebieten der Vogel-Kirsche wurden für die Einrichtung von Monitoringflächen ausgewählt. Basis der Arbeiten sind genetische Untersuchungen, die an Altbäumen, der Naturverjüngung sowie am Saatgut durchgeführt wurden.

Neben der genetischen Charakterisierung wurden auch andere Merkmale erhoben: Das Saatgut wurde nach den ISTA-Regeln untersucht (ISTA, 2003). Brusthöhendurchmesser, Baumhöhe, Kronenansatzhöhe, Kraftsche Klasse und Blühphänologie wurden bei den Altbäumen erfasst. In allen Beständen überlappten die Blühphasen aller beobachteten Individuen zumindest für einige Tage, so dass grundsätzlich reproduktiver Kontakt zwischen allen Individuen möglich war. Durch ein funktionierendes Inkompatibilitätssystem wird sowohl Selbstbefruchtung als auch Verwandtenpaarung effizient verhindert (KOWNATZKI, 2002).

Deutliche Unterschiede zeigten sich beim Saatgut. Das Tausendkorngewicht zwischen Bestandesmischproben unterschied sich zwar nur relativ gering (maximal um 21 %), bei den Zahlen keimfähiger Samen je kg Saatgut war die Ausbeute in Hildesheim jedoch 2,5 al so hoch wie in Chorin. Auch innerhalb von Beständen fielen deutliche Unterschiede im Reifeverhalten sowie der Fruchtmorphologie auf.

An genetischen Markern wurden SSRs, AFLPs und der S-Locus verwendet. Als Maßfaktoren der genetischen Vielfalt wurden die Vielfalt als absolute Anzahl Allele (A), die Diversität als effektive Anzahl Allele (Ae), welche die relativen Häufigkeiten der Allele berücksichtigt sowie die Gametische Diversität (v_{gam}) als Maß für die genetische Variabilität der produzierbaren Pollen- und Eizellen berechnet. Nähere Angaben zu genetischen Methoden und Ergebnissen finden sich bei DEGEN et al. (2008) und STEINER et al. (2010). An den in Tabelle 1 dargestellten Ergebnissen

TABELLE 1: *Genetische Variabilität in fünf Wildkirschen-Monitoringbeständen.*

TABLE 1: *Genetic variability in five monitoring stands of wild cherry.*

	SSR 1. Gruppe		SSR 2. Gruppe		S-Locus		AFLP		SSR 8 Marker
Bestand	A	A_e	A	A_e	A	A_e	A	A_e	v_{gam}
Einhaus	37	3,85	24	3,10	15	9,94	82	1,31	14335
Chorin	30	3,65	21	2,55	11	6,33	82	1,35	6692
Spargründe	26	3,00	19	2,45	15	7,20	82	1,29	5078
Hildesheim	36	3,72	22	3,62	19	8,27	85	1,34	26476
Reutlingen	--	--	22	3,50	15	9,67	79	1,26	--

SSR: single sequence repeats (Mikrosatelliten); AFLP: amplifizierter Fragmentlängen-Polymorphismus); A: absolute Anzahl Allele; Ae: effektive Anzahl Allele (Diversität); v_{gam}: gametische Diversität. Die SSR-Marker wurden in zwei Gruppen von je vier Genorten untersucht und teilweise getrennt ausgewertet, da für den Bestand Reutlingen nur vier Marker zur Verfügung standen.

ABBILDUNG 5: *Zugelassener silvaSELECT-Klon ‚Janus', Alter 15 Jahre, BHD 19,1 cm (mittlere Höhe des Klons 13,1 m, mittlerer BHD 17,0 cm).* Fotos (2): NW-FVA

FIGURE 5: *Registered silvaSELECT clone ‚Janus', 15 years old, dbh 19.1 cm (mean height of the clone 13.1 m, mean dbh 17.0 cm).*

ABBILDUNG 4: *EU-weit geschütztes, eingetragenes Warenzeichen „silvaSELECT".*

FIGURE 4: *EU-wide protected registered trademark "silvaSELECT".*

erkennt man die hohen Diversitätswerte der Bestände Hildesheim und Einhaus, während Chorin und Spargründe ziemlich geringe Werte aufweisen.

Betrachtet man die paarweisen genetischen Abstände zwischen allen Stichproben, so unterscheiden sich fast alle hochsignifikant. Dies gilt auch für die verschiedenen Stichproben (Altbäume, Verjüngung, Samen) innerhalb eines Bestandes. Die Unterschiede zwischen Stichproben aus verschiedenen Beständen sind allerdings noch deutlich ausgeprägter (siehe Dendrogramm in Abbildung 1).

Die hochvariablen SSR-Genorte erlauben das Erkennen von Individuen mit identischem Genotyp (Klonen). Der Anteil an Klonen ist insgesamt relativ hoch (im Mittel der Altbäume 26 %) und variiert erheblich zwischen den Beständen: von 6 % in Chorin bis 65 % in Spargründe. Vegetativvermehrung, vor allem aus Wurzelbrut, scheint ein wesentlicher Aspekt der Reproduktionsstrategie der Vogel-Kirsche zu sein. Die Klone treten erwartungsgemäß räumlich geklumpt auf, wobei auch andere Genotypen dazwischen vorkommen. Solche Strukturen können weit über zehn genetisch identische Bäume enthalten und über 50 Meter Durchmesser aufweisen.

Auch in der Naturverjüngung besteht etwa die Hälfte der Pflanzen aus Klonen. Die Spanne reicht hier von 24 % in Chorin bis 81 % in Spargründe. Der Zusammenhang zwischen Klonanteilen im Altbestand und in der Verjüngung ist allerdings schwach, denn ein Bestand wie z.B. Reutlingen mit geringem Klonanteil unter den Altbäumen (17 %) kann trotzdem einen sehr hohen Anteil vegetativ entstandener Verjüngung (78 %) aufweisen.

Diese erste Bestandsaufnahme erlaubt noch weitergehende Analysen zu Paarungssystem, Migration und räumlicher Struktur. Besonders interessant werden zukünftige Folgeaufnahmen im Abstand von 10 bzw. 20 Jahren sein, um die Fortentwicklung vor allem der Verjüngung zu beobachten und zu prüfen, ob sich die genetische Struktur über den genannten Zeitraum verändert hat. Erkenntnisse über mögliche Änderungen der genetischen Strukturen und des genetischen Systems bilden die Grundlage für ein gezieltes Genressourcen-Management als Teil einer auch aus genetischer Sicht nachhaltigen Wirtschaftsweise.

Züchterische Arbeiten

Die einleitend geschilderten Probleme mit der unzureichenden Qualität vieler Kirschenbestände führten zur Anlage von Plusbaum-Samenplantagen. Die Qualitätsmerkmale von Samenplantagen-Nachkommen sind zwar besser als von Bestandesabsaaten, aber immer noch unbefriedigend. Erst die Verwendung von selektierten und auf Qualitätsmerkmale geprüften Klonen der Vogel-Kirsche und deren vegetative Vermehrung führten zu einer wesentlichen Verbesserung von damit angelegten Kulturen. Die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) bzw. deren Vorgängerorganisationen arbeiten seit den 1980er Jahren an Programmen zur Selektion und Zulassung von geprüften Vogel-Kirschenklonen. Die Vogel-Kirsche fällt seit 2003 unter das neue Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG), nach dem vegetativ vermehrtes Material nur in der Kategorie ‚geprüft' vermarktet werden darf.

Bei der Selektion von erfolgversprechenden Kandidaten für eine Leistungsprüfung von Klonen im Feldversuch (Klonprüfung) kann auf unterschiedliche Weise verfahren werden. Eine Möglichkeit besteht darin, in Beständen gesunde, gut gewachsene sogenannte Plusbäume nach phänotypischen Merkmalen auszuwählen. Diese Plusbäume werden durch vegetative Mikrovermehrung (Gewebekultur) erbgleich vermehrt (MEIER-DINKEL, 1985) und direkt für die Prüfung ihrer Qualitäts- und Leistungsmerkmale in Klonprüfungen verwendet. Der Vorteil dieser Vorgehensweise liegt darin, dass die für eine Zulassung nötigen Daten der Klonprüfung etwa 12 bis 15 Jahre nach der Auswahl der Plusbäume vorliegen kön-

ABBILDUNG 6: *Zugelassener silvaSELECT-Klon 'Neptun', Alter 10 Jahre (mittlere Höhe des Klons 13,8 m, mittlerer BHD 14,8 cm).*

FIGURE 6: *Registered silvaSELECT clone 'Neptun', 10 years old (mean height of the clone 13.8 m, mean dbh 14.8 cm).*

nen. Ein Nachteil liegt darin, dass außer dem Ursprung und dem äußeren Erscheinungsbild des ausgewählten Plusbaumes keine weiteren Informationen über diesen vorliegen.

Die zweite Vorgehensweise besteht darin, dass von den ausgewählten Plusbäumen zunächst Saatgut aus freier Abblüte geerntet wird, aus dem baumweise getrennt Sämlingsnachkommen angezogen werden. Die Nachkommen eines Plusbaumes bilden eine Halbgeschwisterfamilie einer Mutter mit vielen Vätern. Die Sämlinge aller Plusbäume werden in einer Nachkommenschaftsprüfung (NKP) im Feldversuch geprüft. Die NKP wird nach Leistungs- und Qualitätsmerkmalen mit dem Ziel ausgewertet, Halbgeschwisterfamilien mit einem hohen Anteil qualitativ hochwertiger Bäume mit guter Wuchsleistung und den so genannten Erbwert der Mutter zu ermitteln. Bei diesen Familien kann davon ausgegangen werden, dass die guten Merkmale zu einem hohen Grad genetisch bedingt sind und damit vererbt werden. Als Kandidaten für die Klonprüfung werden in den besten Familien die besten Einzelbäume nach dem Phänotyp selektiert. Diese Elitebäume werden mikrovegetativ vermehrt und einer Klonprüfung unterzogen. Der Vorteil dieser Methode ist darin zu sehen, dass durch drei Selektionsschritte (Plusbaum; überlegene Familie, Elitebaum) am Ende Klone vorliegen, deren gute Eigenschaften mit einer höheren Wahrscheinlichkeit genetisch bedingt sind als die eines im Bestand ausgewählten Plusbaumes. Nachteilig ist die längere Versuchsdauer bedingt durch zwei aufeinander folgende Prüfungen, so dass die Ergebnisse der Klonprüfung erst etwa 25 Jahre nach Auswahl der Plusbäume vorliegen.

Zulassungsrelevante Merkmale der geprüften Klone sind ihre Geradschaftigkeit (Stammform) sowie ihre Wuchsleistung im Vergleich zu Sämlingen als Standards. Die Klone müssen den Standards in mindestens einem dieser Merkmale signifikant überlegen sein. Zudem dürfen keine Unterlegenheiten in weiteren wichtigen Merkmalen wie Wipfelschäftigkeit, Zwieselbildung und Ästigkeit vorkommen.

Die Ergebnisse von Klonprüfungen der NW-FVA zeigen beispielsweise, dass 22 Klone aus zwei Versuchsserien den Sämlingen in der Höhenwuchsleistung im Mittel über zwei Prüfstandorte zwischen 5 % und 46 % überlegen sind (Abbildung 2). Bei Pflanzung aller 22 Klone ergäbe sich eine mittlere Leistungssteigerung im Höhenwachstum von 22 %.

Die Verbesserung der Stammform von 19 zugelassenen Klonen einer Versuchsserie gegenüber den Sämlingen ist erheblich. Während der Anteil an zweischnürigen, d.h. ganz geraden Bäumen bei den Sämlingen bei 7 % liegt, weisen die 19 Klone Anteile zwischen 14 % und 54 % auf (Abbildung 3). Im Mittel dieser Klone erhöht sich der Anteil ganz gerader Bäume auf 35 %. Eine Pflanzung mit diesen Klonen enthält dementsprechend fünfmal so viele zweischnürige Bäume wie die Sämlinge. Der Anteil gerader und ganz gerader Bäume liegt bei den Klonen im Mittel bei 88 %.

Genetische Untersuchungen ergaben, dass die genetische Diversität der Mehrklonsorten genauso hoch oder höher war als die von Bestandesabsaaten (GEBHARDT, JANSSEN, 2003; MEIER-DINKEL et al., 2007). Eine Verminderung der Anpassungsfähigkeit bei späterer Naturverjüngung wird daher nicht gesehen. Dennoch sollte maximal die Hälfte aller Kirschenanbauten mit geprüften Klonen erfolgen. Die andere Hälfte sollte aus Nachkommen von Samenplantagen bestehen. Auch hier ist die genetische Diversität ähnlich hoch wie in Beständen (KOWNATZKI, 2002). Mit den silvaSELECT-Klonen soll in der nächsten Zeit eine Samenplantage auf schwachwachsenden Unterlagen angelegt werden, die während der Blüte übernetzt werden kann, um unerwünschten Polleneintrag von außen zu verhindern.

Für die Vermarktung der zugelassenen Vogel-Kirschenklone aus dem Züchtungsprogramm der NW-FVA wurde 2004 das Markenzeichen und Logo silvaSELECT (Abbildung 4) entwickelt und auf nationaler Ebene als Wort-/Bildmarke geschützt. 2009 wurde eine EU-Gemeinschaftsmarke des gleichen Inhalts eingetragen, so dass das Warenzeichen in allen EU-Mitgliedsstaaten geschützt ist.

Die Vermehrung und Vermarktung der zugelassenen silvaSELECT-Vogel-Kirschenklone der NW-FVA wird in Lizenz von der silvaSELECT-Gehölze GmbH durchgeführt. Zurzeit sind 31 geprüfte Klone im Angebot, deren Ursprünge überwiegend in Niedersachsen, Schleswig-Holstein und Nordrhein-Westfalen liegen. Zwei Beispiele für die Wuchsleistung und die Stammqualität der zugelassenen silvaSELECT-Klone sind Klon Janus auf einer Klonprüfung im Niedersächsischen Forstamt Grünenplan (Abbildung 5) und Klon Neptun auf einer Demonstrationsfläche im Niedersächsischen Forstamt Reinhausen (Abbildung 6). Die ersten Bäume

FREEWORKER

mit einem BHD von 35 bis 40 cm können auf einen guten Standort voraussichtlich nach 25 bis 30 Jahren geerntet werden. Nach etwa 40 Jahren können Stärken von 50 cm und mehr erreicht sein.

Literatur

ANONYMUS (2009): Fortschrittsbericht 2005 – 2008 der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“, http://blag.fgr.genres.de/ber-0508/bericht-0508.pdf.

DEGEN, B.; JOLIVET, C.; LIESEBACH, H.; HOELTKEN, A.; DOUNAVI, A.; FLADUNG, M.; NAUJOKS, G.; SCHNECK, V.; STAUBER, T.; STEINER, W.; KÖHL, M. (2008): Erfassung der genetischen Struktur der Vogel-Kirsche (*Prunus avium*) als Grundlage für ein genetisches Monitoring wichtiger Waldbaumarten in Deutschland, Projektbericht 05/BE003/2 (Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung).

GEBHARDT, K.; JANSSEN, A. (2003): Aufbau einer Mehrklonsorte Vogelkirsche (*Prunus avium* L.) für Hessen, In: Tagungsbericht 25, Int. Tagung der AG Forstgenetik u. Forstpflanzenzüchtung vom 23.-25.10.2002, Teisendorf, S. 137–148.

ISTA – International Seed Testing Association (ed.) (2003): The International Rules for Seed Testing. Single paper collection with amendments 2004, 2005, 2006, Bassersdorf, Switzerland.

KÄTZEL, R.; MAURER, W.D.; KONNERT, M.; SCHOLZ, F. (2005): Genetisches Monitoring in Wäldern, FORST und HOLZ 60, S.179–183.

KOWNATZKI, D. (2002): Asexuelle und sexuelle Reproduktion bei der Vogelkirsche (*Prunus avium* L.) [Asexual and sexual reproduction in populations of wild cherry (*Prunus avium* L.)] Forstwissenschaftliche Dissertation, Universität Göttingen, Niedersächsische Staats- und Universitätsbibliothek Göttingen, 2002, http://webdoc.sub.gwdg.de/diss/2002/kownatzki.

MAURER, W.; CREMER, E.; DEGEN, B.; KONNERT, M.; TRÖBER, U.; JOLIVET, C.; LIESEBACH, H.; FLADUNG, M.; SCHNECK, V.; SCHOLZ, F.; KÖHL, M.; BRANDT, R.; JENNER, R.; NAUJOKS, G.; STAUBER, T.; WECKFORT, G.; MÜNCH, E. (2008): Erfassung der genetischen Struktur der Rotbuche (*Fagus sylvatica*) als Grundlage für ein genetisches Monitoring wichtiger Waldbaumarten in Deutschland, Projektbericht 05/BE003/1 (Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung).

MEIER-DINKEL, A. (1985): In vitro Vermehrung ausgewählter Genotypen der Vogelkirsche (*Prunus avium* L.). Allg. Forst- u. J.-Ztg. 157, S.139–144.

MEIER-DINKEL, A.; STEINER, W.; ARTES, O.; HOSIUS, B. u. LEINEMANN, L. (2007): Genetisch geprüfte Qualität und Identität – Die silvaSELECT-Vogelkirschen-Klonmischung „Escherode I“, AFZ-Der Wald 5: S.246–247.

PAUL, M.; HINRICHS, T.; JANSSEN, A.; SCHMIDT, H. P.; SOPPA, B.; STEPHAN, B. R.; DÖRFLINGER, H. (2000): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland, Sächsische Landesanstalt für Forsten, Pirna, 66 Seiten.

STEINER, W.; JOLIVET, C.; DEGEN, B. (2010): Genetisches Monitoring am Beispiel der Wildkirsche (*Prunus avium*), Forstarchiv, eingereicht.

Zusammenfassung

Die Vogelkirsche erfüllt in unseren Wäldern vielfältige Funktionen: unter anderem Wertholzerzeugung, Frühjahrsblüte, Laubfärbung, Bienenweide und Tiernahrung. Durch den weitverbreiteten Anbau von Süß-Kirschen ist die genetische Identität der Vogel-Kirsche durch Einkreuzung gefährdet. Zur Sicherung der genetischen Anpassungsfähigkeit werden umfangreiche Erhaltungsmaßnahmen sowohl vor Ort als auch ex situ durchgeführt.

In einem genetischen Monitoringprojekt wurde festgestellt, dass die genetische Diversität zwischen Altbäumen, Saatgut und Naturverjüngung eines Bestandes sehr groß ist. Noch viel grösser sind die Unterschiede zwischen den fünf untersuchten Beständen. Der Anteil der Klone innerhalb der Kirschenbestände ist mit 4 % bis 65 % relativ hoch. In der Naturverjüngung schwankt der Klonanteil zwischen 24 % und 81 %. Die Ergebnisse des Monitoring und Folgeaufnahmen bilden die Basis für ein gezieltes Genressourcen-Management.

Zur Erzeugung von Kirschen-Wertholz sind inzwischen 31 geprüfte silvaSELECT-Klone auf dem Markt, die den Sämlingen sowohl in den Wuchsleistungen als auch in den Qualitätsmerkmalen deutlich überlegen sind.

Abstract

Wild cherries fulfil multiple purposes in our forests: they produce high-grade wood, flower in the spring, leaf colouring, serve as bee pastures, and fodder. Due to widespread cultivation of sweet cherries, the genetic identity of wild cherry is endangered by introgression. In order to protect genetic adaptability, extensive conservation measures in situ and ex situ have been carried out. It was observed in a project on genetic monitoring that genetic diversity between trees, seed and natural regeneration within stands is huge, but the differences between the five investigated stands are even much higher. The proportion of clones within the wild cherry stands is relatively large, with values ranging from 4 % to 65 %. Among the natural regenerations, the proportion of clones range from 24 % to 81 %. The results of this monitoring and of subsequent inventories will provide a basis for specific management of genetic resources.

For the production of high-grade wild cherry wood, 31 tested and registered silvaSELECT clones have been commercialized. These clones are significantly superior to seedlings in growth and quality performance.

DR. ALWIN JANSSEN
DR. ANDREAS MEIER-DINKEL
DR. WILFRIED STEINER
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen
E-Mail: alwin.janssen@nw-fva.de

DR. HABIL. BERND DEGEN
Johann Heinrich von Thünen-Institut, Institut für Forstgenetik Großhansdorf