

Umwandlung einer Nachkommenschaftsprüfung in eine Samenplantage am Beispiel der Vogel-Kirsche

HELMUT GROTEHUSMANN

Zusammenfassung

Nachkommenschaftsprüfungen von Einzelbaumabsaaten bei Vogel-Kirsche sollten Auskunft über Phänologie, Wuchsleistung und Wuchsform der unterschiedlichen Erntevorkommen liefern. Weiterhin sollten in Familien mit guten Ergebnissen in einer Versuchsserie ausgewählt werden. In einem geeigneten Einzelversuch werden aus diesen Familien Elitebäume für spätere Beerntungen selektiert. In einer abgeschlossenen Versuchsserie mit Vogel-Kirsche werden die Ergebnisse der letzten Aufnahme im Alter 22 dazu verwendet, um eine Fläche aus dieser Serie in eine Samenplantage zu überführen.

Schlüsselworte: Samenplantage, Nachkommenschaftsprüfung, Sämlingssamenplantage, Selektion, *Prunus avium*

Abstract

Conversion of a progeny test into a seedling seed orchard exemplified on wild cherry

Progeny tests of individual tree seedlings in wild cherry trees should provide information about the phenology, growth performance and growth form of the different crops. Furthermore, families with good results are selected in a test series. In a suitable single site experiment, elite trees are selected from these families for later harvesting. In a terminated progeny test series with wild cherry, the results of the last assessment at age 22 are used to convert one trial in this series to a seed orchard.

Keywords: seed orchard, progeny test, seedling seed orchard, selection, *Prunus avium*

Einleitung

Vogel-Kirsche ist eine der wirtschaftlich sehr interessanten, selteneren Laubbaumarten. Der Anbau ist in den letzten eineinhalb Jahrzehnten kontinuierlich gestiegen, denn die Vogel-Kirsche erfüllt durch ihre Blüte im Frühjahr sowie durch die Früchte im Herbst auch vielfältige ökologische Funktionen. Darüber hinaus sollte die Vogel-Kirsche als wärmeliebende Art von der prognostizierten Klimaerwärmung profitieren. Sie liebt tiefgründige, mäßig frische bis frische Standorte. Durch den hohen Holzpreis, der Eichenfurnierholz vergleichbar ist, und die relativ kurze Umtriebszeit ist auf Standorten mit guter bis sehr guter Nährstoffversorgung eine hohe Wertholzerwartung gegeben. Von einem Anbau auf landwirtschaftlichen Grenzertragsböden ist eher abzusehen.

Herkunftsversuche und Nachkommenschaftsprüfungen von Vogel-Kirsche gab es anfangs der 1990er Jahre nur in begrenztem Umfang. Zur Erweiterung der Kenntnis über die Variabilität von Vogel-Kirsche wurden Ende der 1980er Jahre Einzelbaumabsaaten von verschiedenen deutschen Vogel-Kirschenvorkommen eingesammelt. Nachkommenschaftsprüfungen dieser Einzelbaumabsaaten sollten Auskunft über Phänologie, Wuchsleistung und Wuchsform der unterschiedlichen Erntevorkommen liefern und gleichzeitig Aufschluss über die Variabilität innerhalb von Herkünften geben. Wenn es die Ergebnisse gerechtfertigt erscheinen lassen, könnten einzelne diese Nachkommenschaftsprüfungen nach Ende der Versuchsdauer in „Sämlings-Samenplantagen“ umgewandelt werden. Die von definierten Plusbäumen

geernteten geernteten Nachkommenschaften sind Halbgeschwisterfamilien mit bekannter Mutter, die von unbekanntem Pollenspendern in freier Abblüte bestäubt wurden. In Halbgeschwisterfamilien mit guten Ergebnissen im Versuch bzw. in der Versuchsserie könnten Einzelbäume zur späteren Beerntung selektiert werden.

Mit Einzelstammabsaaten wurden mehrere Versuche in einer Serie angelegt und mehrfach aufgenommen. Die gesamte Serie wurde zwischenzeitlich abgeschlossen. Am Beispiel der größten Fläche dieser Serie in Hochstift wird ein Weg vorgeschlagen, wie die Umwandlung in eine Saatgutquelle erfolgen könnte.

Material und Methode

Der Großteil der Einzelbaumabsaaten stammt aus Norddeutschland. In Niedersachsen wurden neun Vorkommen ausgewählt, drei in Schleswig-Holstein und fünf aus der übrigen Bundesrepublik. Daneben wurden noch je ein Vorkommen in Belgien, Ungarn und in Italien beerntet. Innerhalb dieser Vorkommen wurde eine unterschiedliche Anzahl an Einzelbäumen beerntet. Die Auswahl der Einzelbäume geschah unter Berücksichtigung von Vitalität, Leistung und Qualität, d. h. es wurden Plusbaumkriterien zugrunde gelegt.

Tabelle 1: Standortbeschreibung der Versuchsflächen und Versuchsdesign

Forstamt	Hochstift	Kusel	Münden	Nienburg	Ankum
Revier	Mindenerwald	Glan	Goseplack	Erdmannshausen	Helfern
Abt.	118	49 2a	2095 j 3	2027	2050 j 2
Wuchsgebiet	Mittelwestnieder-sächsisches Tiefland	Saar-Nahe Bergland	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	Mittelwestnieder-sächsisches Tiefland	Weserbergland
Wuchsbezirk	Geest-Mitte	Westricher Bergland	Solling-Vorland	Geest-Mitte	Osnabrück-Ravensberger Berg- und Hügelland
Größe (ha)	2.4	1.2	0.7	0.7	0.5
Höhe ü.NN	56	360	220	60	160
Niederschlag (mm)					
Jahr	600	769	677	700	800
Vegetationszeit	300	325	340	331	350
Temperatur (° C)					
Jahr	8.5	8.0	7.0	8.6	10.0
Vegetationszeit	14.5	14.1	13.0	14.7	14.7
Pflanzung	Frühj '91	Frühj '91	Frühj '91	Frühj '92	Frühj '92
Prüfglieder	160	100	100	52	23
Verband	2*2	2*2	2*2	2*2	2*2
Wiederholungen	3	3	3	3	3
Pflanzen/Parz	12	12	12	16	16

Im Frühjahr 1989 erfolgte die Aussaat von insgesamt 178 Einzelstammabsaaten. Im Frühjahr 1991 wurden 5 Versuchsflächen mit 1 + 1 jährigen Sämlingen in fünf Forstämtern angelegt. 160 Nachkommenschaften

wurden in Hochstift gepflanzt. Ein Teil des Saatgutes hat übergelegen, ist ein Jahr später aufgelaufen und wurde im Frühjahr 1992 zur Anlage von Versuche in drei weiteren Forstämtern verwendet. Drei Versuche wurden bereits 2006 abgeschlossen. Die Standortsangaben und das Versuchslayout der fünf verbliebenen Versuche ist in Tabelle 1 angegeben. Die Flächengröße variiert erheblich und dadurch wird auch die Anzahl der geprüften Nachkommenschaften je Fläche beeinflusst. In Hochstift werden auf 2,4 ha Fläche 160 Prüfglieder getestet, während in Ankum nur 23 Prüfglieder auf 0,5 ha Fläche untersucht werden.

In der Tabelle 2 werden Angaben zu den Erntequellen und der Anzahl der Einzelbaumnachkommenschaften je Vorkommen gegeben. Der überwiegende Teil der Nachkommenschaften wird nicht nur in Hochstift, sondern auch auf anderen Flächen geprüft. Es handelt sich überwiegend um Halbgeschwisterfamilien (Einzelstammabsaaten von Plusbäumen). Lediglich eine der beiden Absaaten aus Ungarn stammt von einem Bestand, ebenso wie das Prüfglied aus dem Odenwald und aus Breisach wurde eine Absaat der Samenplantage Liliental in den Versuch mit einbezogen. Die Verteilung der der Nachkommenschaften auf die fünf Versuche ist aus der Tabelle2 ersichtlich.

Tabelle 2: Beerntete Vorkommen; Bundesland / Herkunft (Einzelbaumabsaaten je Vorkommen, Prüfgliedbezeichnungen) und Verteilung auf fünf Versuche

Land / Bundesland	Herkunft	Fläche					
		Hochstift	Kusel	Münden	Nienburg	Ankum	
Deutschland	BW	<i>Breisach</i> (1, SP_Liliental)	1	1	1		
	HE	<i>Odenwald</i> (1, Bestand)	1				
	NI	<i>Ankum</i> (5, Pal_xx)	5	1	1	1	1
	NI	<i>Braunschweig</i> (3, Bschw_xx)	3				
	NI	<i>Dassel</i> (9, Ein_xx)	9	5	3	2	
	NI	<i>Grünenplan</i> (8, Stauff_xx)	8	3			
	NI	<i>Liebenburg</i> (21, Diek_xx, Lieb_xx)	20	14	8	3	3
	NI	<i>Osnabrück(LWK)</i> (4, OsnaSch_xx)	4	2	1	1	1
	NI	<i>Saupark</i> (7, Sau_xx)	6	2	1	1	
	NI	<i>Wolfenbüttel</i> (12, Schoe_xx)	12	7	6	9	4
	NW	<i>Hürtgenwald</i> (2, Huert_xx)	1			1	1
	NW	<i>Ville</i> (12, Vi_xx)	12	4			
	NW	<i>Wesel</i> (7, Wes_xx)	7	5	2		
	NW	<i>Xanten</i> (9, Xant_xx)	9	4		1	
	RP	<i>Zweibrücken</i> (8, Zwei_xx)	5				
	SH	<i>Farchau (LWK)</i> (2, Far_xx)	2	1		1	
	SH	<i>Lensahn</i> (29, Len_xx)	29	20	19	6	
	SH	<i>SHLF Süd</i> (24, Eut_xx, Reif_xx)	16	5		5	5
Belgien		<i>Bois d'Yves</i> (10, Bois_xx)	7	3	1	5	5
Ungarn		<i>Unbekannt</i> (1 Bestand, 1 NK, Ung_xx)	2	1			
Italien		<i>Unbekannt</i> (1, Ita_xx)	1				
<i>gesamt</i>			160	78	43	36	20

In 2010 erfolgte eine Läuterung auf den Flächen und in 2011 wurden die fünf verbliebenen Versuche

letztmalig aufgenommen. An sämtlichen noch lebenden Pflanzen wurde der BHD ermittelt. Die Höhe wurde an einem Drittel der zumindest mitherrschenden Pflanzen jeder Parzelle (max. 4 Pflanzen) gemessen. Fehlende Höhenwerte wurden über eine Höhenkurve nach (Rau et al. 2015) ermittelt. Die Stammzahl je Hektar wurde aus Parzellengröße, Verband und Anzahl voll vitalen Pflanzen separat für jede Parzelle ermittelt. Die Qualitätsmerkmale wurden nach den in Tabelle 3 wiedergegebenen Schemata bonitiert.

Tabelle 3: Boniturschemata für die Qualitätsmerkmale

Merkmal	Bonitur	Beschreibung
Status am Pflanzplatz	1	Baum vorhanden, voll vital
	2	Baum vorhanden, Überleben fraglich
	3	Baum tot oder fehlt
	4	Baum entnommen
	5	andere Baumart anstelle Versuchspflanze
Stammform	5	zweischnürig, ganz gerade
	4	einschnürig, geringe Bögen
	3	unschnürig, geringe bis mittlere Bögen
	2	unschnürig, mittlere bis starke Bögen
	1	Stamm krumm oder knickig
Wipfelschäftigkeit	5	durchgehend wipfelschäftig
	4	Stammauflösung in $\frac{3}{4}$ der Baumhöhe
	3	Stammauflösung in $\frac{1}{2}$ der Baumhöhe
	2	Stammauflösung in $\frac{1}{4}$ der Baumhöhe
	1	Stammauflösung von Basis her
Gesamtqualität (waldbauliche Eignung)	5	sehr gut
	4	gut
	3	bedingt
	2	weniger geeignet
	1	ungeeignet

Bei Bäumen, die angeschoben, unterständig oder einen Kronenbruch aufwiesen, wurde auf eine Bonitur der Qualitätsmerkmale verzichtet und nur eine BHD-Messung vorgenommen. Für die Datenanalyse wurden mit Einzelpflanzendaten die Parzellenmittelwerte für jedes Merkmal berechnet. Alle Versuche wurden als unvollständige Blockanlage mit 3 Wiederholungen (Dreisatzgitter) angelegt. Die varianzanalytische Auswertung für den Einzelversuch erfolgte zunächst prüfgliedweise auf Basis von Parzellenmittelwerten nach folgendem Modell:

$$x_{ijk} = \mu + \gamma_i + \beta_j + \rho_{jk} + \varepsilon_{ijk}$$

Dabei ist x_{ijk} der beobachtete phänotypische Wert von Prüfglied i in Wiederholung j im Block k , μ das Gesamtmittel, γ_i der Effekt von Prüfglied i , β_j der Effekt von Wiederholung j , ρ_{jk} der Effekt des Blocks k innerhalb Wiederholung j und ε_{ijk} der Versuchsfehler. Dabei wurde das gemischte Modell zugrunde gelegt und die Prüfglieder als fixe, Wiederholungen und Blöcke innerhalb Wiederholungen als zufällige Faktoren betrachtet. Die Verrechnung erfolgte mit der Prozedur Proc Mixed des Programmpaketes SAS.

Die fünf Flächen unterscheiden sich stark hinsichtlich Anzahl an Prüfgliedern und deren Aufteilung. Nur drei Prüfglieder sind auf allen fünf Flächen vertreten. Es handelt sich um zwei Absaaten aus Wolfenbüttel (Schoe_141-2 und Schoe_141-8) und die Nachkommenschaft OsnaSch-22 aus Osnabrück. Diese Nachkommenschaften werden als Vergleichsgruppe zur Bewertung der übrigen Prüfglieder herangezogen. Merkmalsweise wurde zunächst eine Varianzanalyse der Einzelversuche durchgeführt. Die um die Blockeffekte bereinigten Prüfgliedmittelwerte je Ort wurden danach in Relation zu dieser Vergleichsgruppe (=100 %) ausgedrückt. Dies ist eine leicht verständliche Maßzahl, da Werte über 100 % eine Überlegenheit gegenüber dem Vergleich ausdrücken.

Für eine zweite Maßzahl wurden die adjustierten Prüfgliedmittelwerte je Ort einer z-Transformation unterzogen. Die Differenz der einzelnen Prüfgliedwerte je Merkmal mit dem Vergleichsgruppenmittel dividiert durch die Standardabweichung ergibt einen maßstabsunabhängigen Wert je Prüfglied, den z-score.

Zur Beurteilung der Nachkommenschaften wurden die Merkmale Höhe (gewichtet mit 0.15), BHD (0.15), Anzahl Pflanzen (0.1), Gesamtqualität (0.3), Stammform (0.1), Kronenform/Wipfelschäftigkeit (0.1) und Anteil Steilläste (0.1) und zu einem Bewertungsindex zusammengefasst. Die stärkere Betonung der Qualitätsmerkmale mit 60 % im Index erscheint bei Vogel-Kirsche im Hinblick auf die Verwendung zur Wertholzproduktion gerechtfertigt.

Für die beiden Maßzahlen „Relativwerte“ und „z-score“ wurden Indizes berechnet, wobei im ersten Fall die Versuchsgenauigkeit unberücksichtigt bleibt, während der aus den z-transformierten Prüfgliedwerten berechnete Index diese beachtet. Die Indexwerte je Prüfglied und Versuch wurden gemittelt und die Indizes für die Einzelversuche ermittelt. Aus den Einzelversuchsindizes resultieren die Serienindizes je Prüfglied. Diese wurden nach ihrem Rang sortiert und in Quartile (Gruppen, die jeweils 25 % der Prüfglieder mit absteigenden Rängen enthalten) unterteilt.

Ergebnisse

Die an den einzelnen Versuchen ermittelten Merkmalsausprägungen sind in Abbildung 1 abgebildet. Ein blauer Punkt innerhalb der Boxen symbolisiert das Versuchsmittel, ein rotes Dreieck das Mittel der Vergleichsgruppe. Bei den drei Qualitätsmerkmalen handelt es sich um durchschnittliche Boniturnoten, bei denen hohe Werte eine bessere Qualität verschlüsseln.

Bei vier der dargestellten Merkmale stimmen das Serienmittel und das Versuchsmittel in Hochstift fast überein. In Hochstift gibt es deutlich weniger Pflanzen je Hektar und die Kronenform (Wipfelschäftigkeit) ist schlechter als in der Serie. Die Mittelwerte der übrigen Versuche weichen mehr oder weniger stark vom Serienmittel ab.

Die zur Prüfgliedbewertung herangezogene Vergleichsgruppe unterscheidet sich je nach Versuch und Prüfgliedaufteilung (Abbildung 1). In Hochstift, wo 160 von 178 Nachkommenschaften geprüft werden, ist deren Leistung bei Höhe, BHD und Stammzahl/ha besser als die mittlere Leistung aller Prüfglieder dieses Versuchs, bei den Qualitätsmerkmalen reagiert die Vergleichsgruppe in Hochstift vergleichbar dem Versuchsmittel.

Abbildung 1: Merkmalsausprägung an einzelnen Orten ; Mittelwerte (●) und Spannweiten sowie Vergleichsgruppe (▼) und Serienmittel (---)

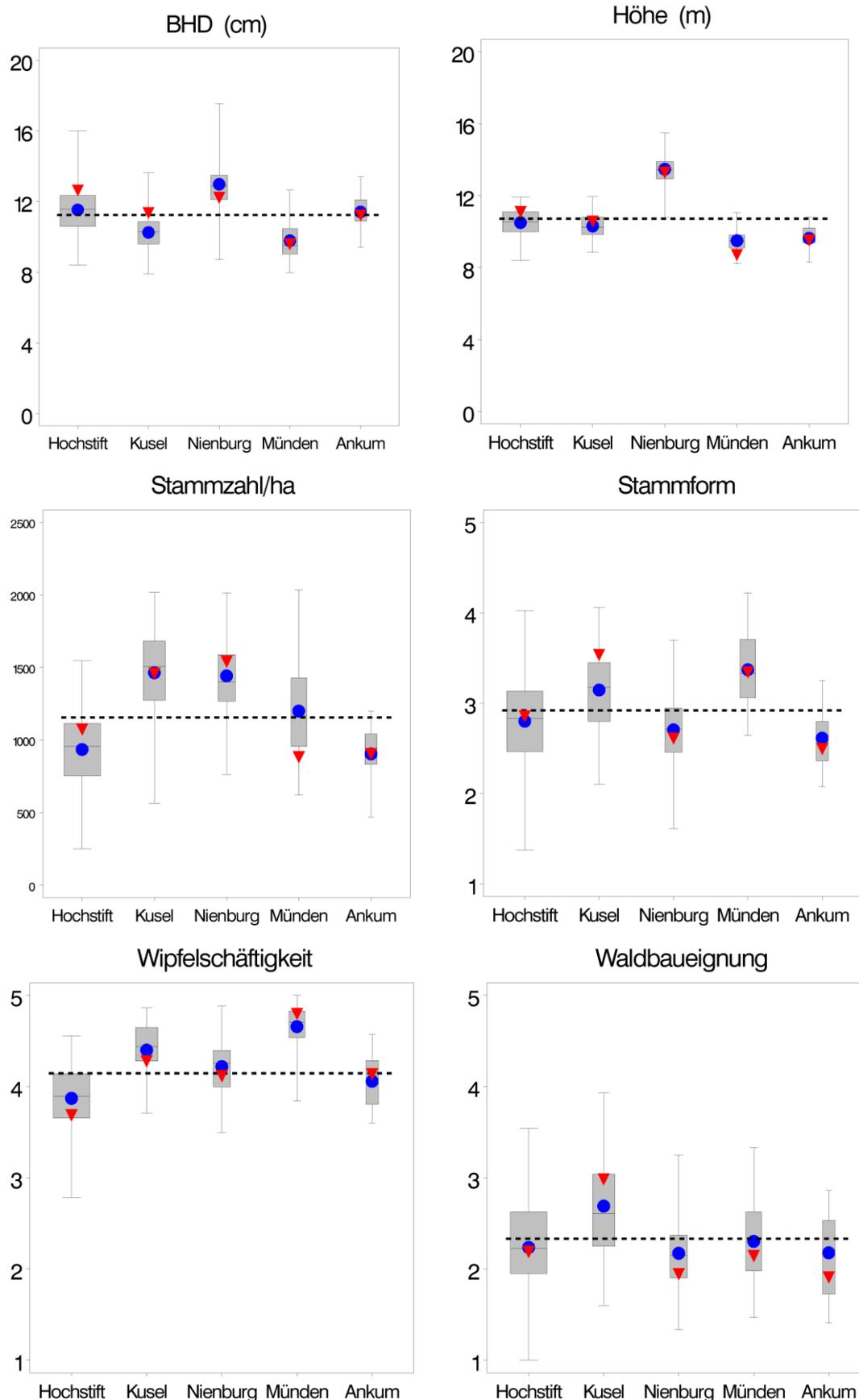
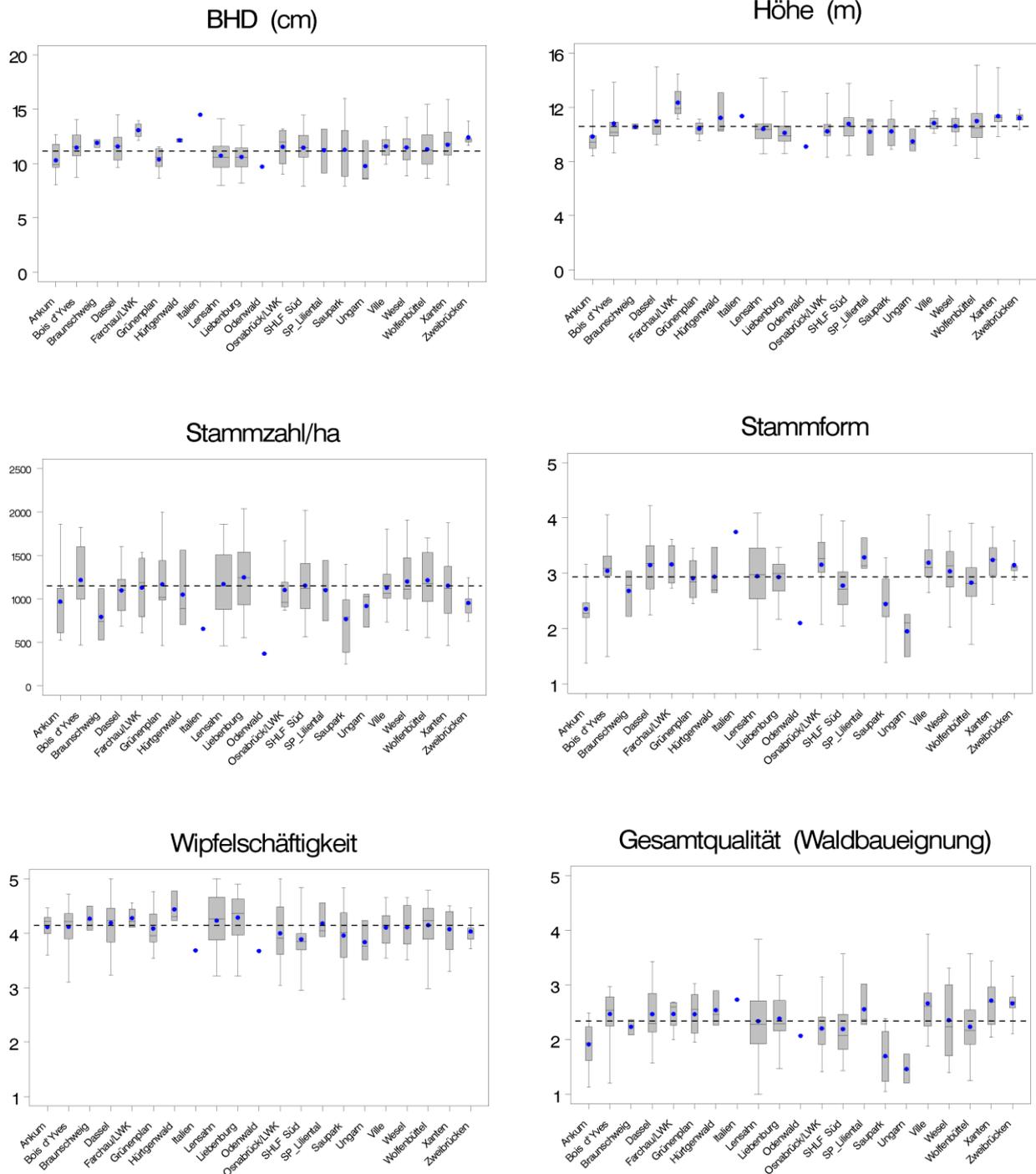


Abbildung 2: Merkmalsausprägung bei Saatgutquellen in Serie; Mittelwerte (●) und Spannweiten (--- : Serienmittel)

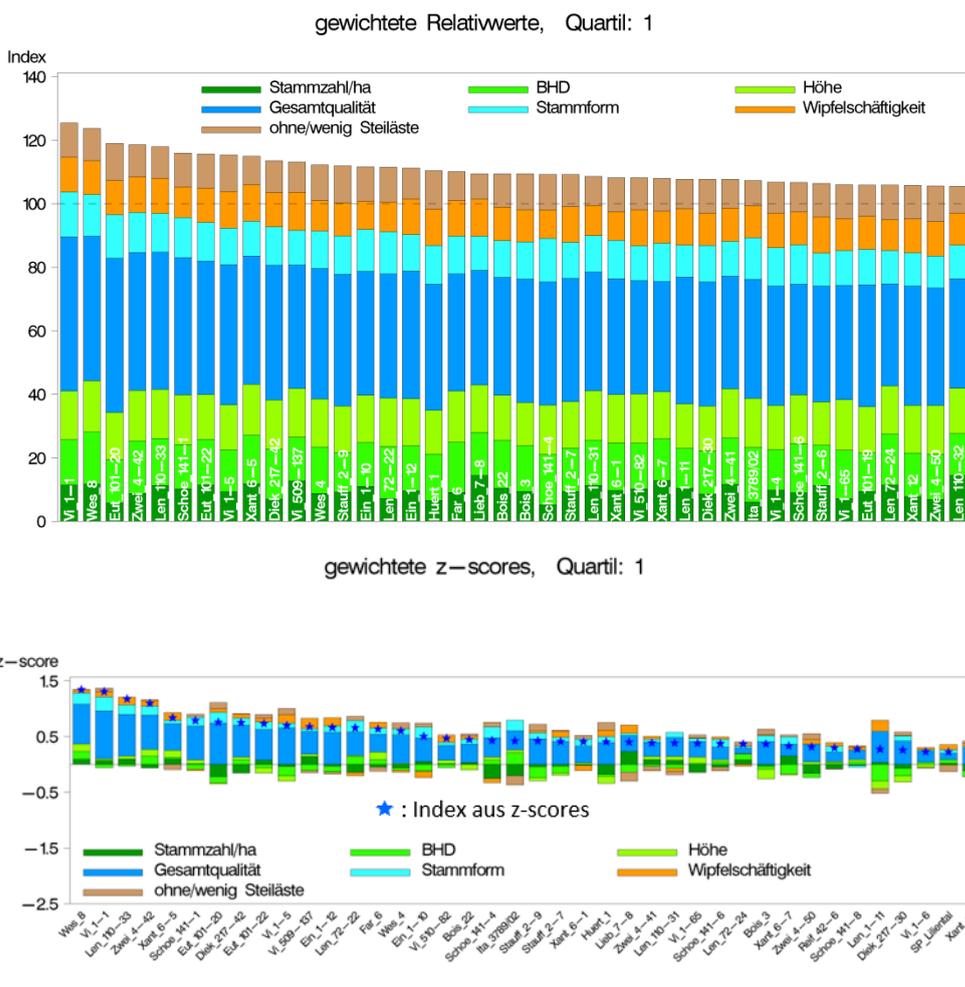


Die Merkmalsausprägungen der verschiedenen Nachkommenschaften in der Serie sind in Abbildung 2 dargestellt. Wegen der Vielzahl an Prüfgliedern sind deren Ergebnisse zu Herkünften bzw. Ernteorten (Saatgutquellen) zusammengefasst. Die Breite der Boxen schwankt in Abhängigkeit von der Anzahl Einzelstammabsaaten einer Saatgutquelle. Die beiden Herkünfte Odenwald und Italien sind nur mit einer Nachkommenschaft in der gesamten Serie vertreten (Tabelle 2) und weisen daher keine Boxen sondern nur einen durch den Punkt dargestellten (Mittel)wert auf. Die gestrichelte waagerechte Linie repräsentiert

das Serienmittel und dient als Anhalt zur Beurteilung der Herkünfte. Weniger geeignete Herkünfte, wie z.B. Ankum weisen Mittelwerte auf, die bei allen Merkmalen unterhalb des Serienmittels liegen. Auf der anderen Seite stehen Herkünfte wie Xanten und besonders Zweibrücken mit Merkmalswerten oberhalb des Serienmittels.

Herkünfte mit einer größeren Zahl an Nachkommenschaften (Lensahn, Liebenburg, SHLF Süd) besitzen Mittelwerte nahe dem Serienmittel, verbunden mit einer hohen Spannweite bei den Einzelwerten. Herkünfte aus Schleswig-Holstein (Lensahn, SHLF Süd) zeigen eine hohe Variation, während beispielsweise Nachkommenschaften aus Liebenburg (Niedersachsen) zumindest bei den Qualitätsmerkmalen deutlich stabiler sind. Die beiden ungarischen Nachkommenschaften sind an den geprüften Standorten ungeeignet, die Absaat aus Italien ist in allen Fällen besser als das Serienmittel.

Abbildung 3: Einzelstammsabsaaten in Hochstift; Rangfolge der geprüften Familien im besten Viertel bei zwei Indizes



Zur Bewertung der Prüfglieder in Einzelversuchen und in der Serie werden die Merkmale zu einem Bewertungsmaßstab zusammengefasst. Dazu werden bei sieben Merkmalen die relativen Abweichungen der Prüfglieder von der Kontrollgruppe ermittelt, gewichtet und zu einem Index kombiniert. Für den Versuch in Hochstift ist das Ergebnis dieser Indexberechnung aus den Relativabweichungen in Abbildung 3 dargestellt. Daneben wird auch aus den Werten nach z-Transformation (z-scores) ein Index gebildet, der die unterschiedliche Genauigkeit der bei der Merkmalserfassung berücksichtigt. Beide Indizes wurden gewichtet, wobei die Merkmale Höhe, BHD und Anzahl Pflanzen zu 40 %, die Qualitätsmerkmale zu 60 %

im Index Berücksichtigung fanden. Von den insgesamt 160 Nachkommenschaften an diesem Standort ist in beiden Fällen nur das beste Viertel (Quartil) aufgeführt.

Zwischen beiden Indizes variiert die Rangfolge der Familien geringfügig und 35 von 40 Nachkommenschaften des 1. Quartils sind gemeinsam in beiden Indizes enthalten. Unter den nur im z-score Index enthaltenen Nachkommenschaften des 1. Quartils ist auch die Plantagenabsaat Liliental.

Wenn der Versuch in Hochstift in eine Saatgutquelle umgewandelt werden soll, ist die Leistung der Saateltern auch an anderen Standorten interessant und sollte zur Auswahl der Plusbäume herangezogen werden. Hierfür wurde der aus den z-scores ermittelte gewichtete Index verwendet. Für die in Hochstift vorhandenen Nachkommenschaften wurden, wenn deren Prüfung auch an anderen Standorten erfolgte, auch die dortigen z-score Indizes berechnet. Aus dem Mittel der Einzelversuchsindizes ergibt sich der Serienindex je Nachkommenschaft. Die Ergebnisse dieser Berechnungen sind in Abbildung 4 dargestellt. Die Standortsindizes werden durch blaue Sternchen dargestellt, in deren Mitte der Anfangsbuchstabe des betreffenden Versuchs steht. Die einzelnen Standortsindizes werden gemittelt und symbolisieren als rote Punkte den Serienindex der einzelnen Prüfglieder. Die Absaaten wurden anhand des Serienindex in 4 Quartile unterteilt.

In 1. Quartil gibt es einige wenige herausragende Familien, denn am Anfang dieser Gruppe unterscheiden sich die einzelnen Indizes deutlicher als an deren Ende. Umgekehrt gibt es am Ende des letzten Viertels Familien mit stark abfallenden Indexwerten. Die Unterteilung in 4 Quartile erleichtert die Auswahl der Familien mit Eltern, die zur Saatgutproduktion auf der Fläche verbleiben sollen. Die besten Bäume aus Nachkommenschaften des 1. Quartils gehören dazu, während Familien aus dem 4. Quartil unerwünschte Saateelterne sind und komplett entfernt werden sollten. Bäume von Nachkommenschaften aus den beiden anderen Quartilen können zum Plantagenaufbau herangezogen werden und je nach Verteilung auf der Fläche verbleiben bzw. entnommen werden.

Die Zuordnung der einzelnen Bäume zu den Parzellen ist sehr gut möglich. Die Fläche in Hochstift entstand nach einer Ackeraufforstung und der Verband konnte exakt eingehalten werden. Die Parzellenmarkierung ist ebenfalls noch intakt. In Abbildung 5 ist die Baumverteilung auf der Fläche in Hochstift vor der Umwandlung in eine Samenplantage zu sehen und die Situation nach der ersten Durchforstung. Die Parzellen mit Nachkommenschaften des 4. Quartils sind entnommen und in den verbleibenden Parzellen sollen die besten Bäume in den ersten beiden Quartilen nach und nach freigestellt werden.

Abbildung 4: Einzelstammabsaaten in Versuchsserie: Serienindex (●) und Merkmalsindizes in den Versuchflächen Hochstift, Ankom, Münden, Kusel und Niendorf

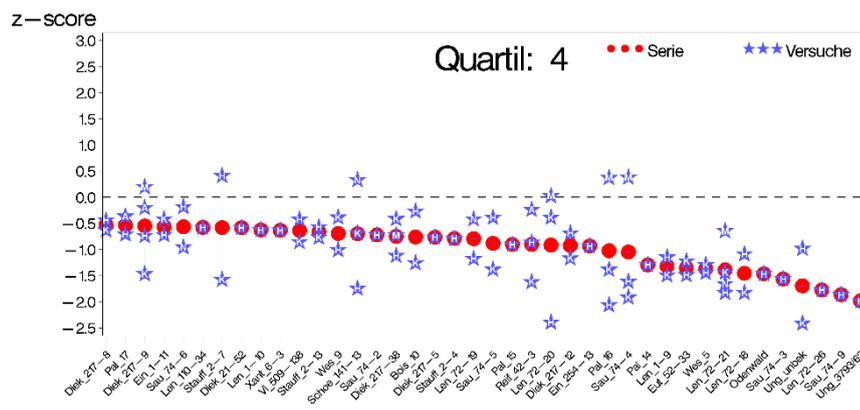
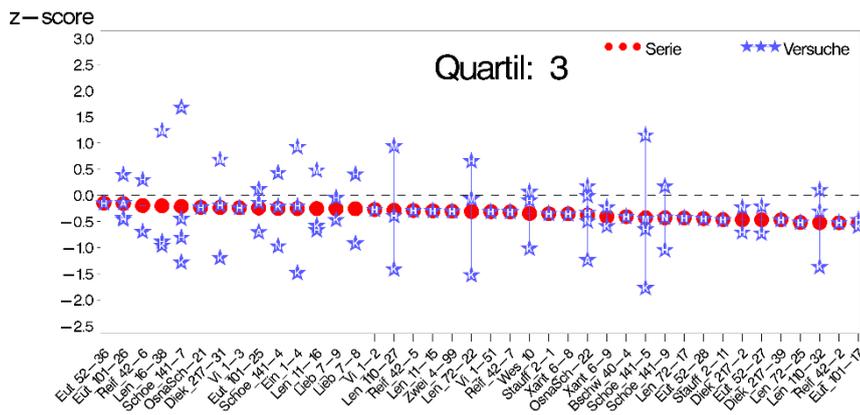
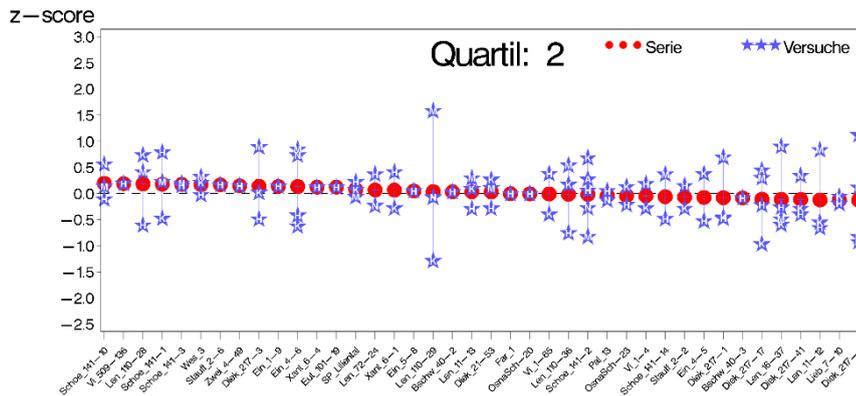
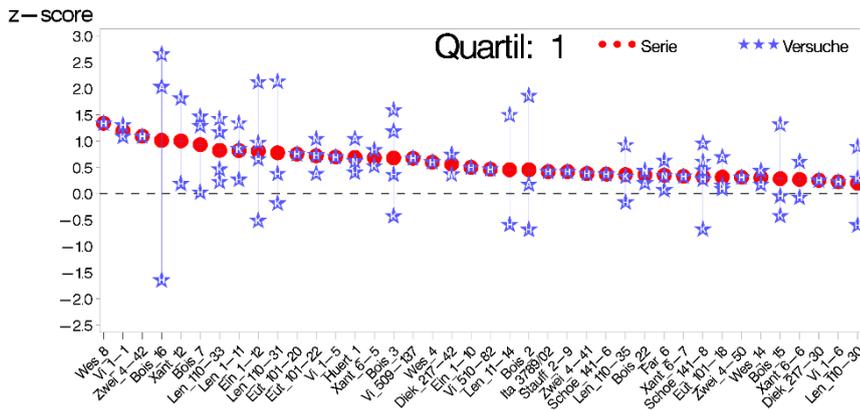
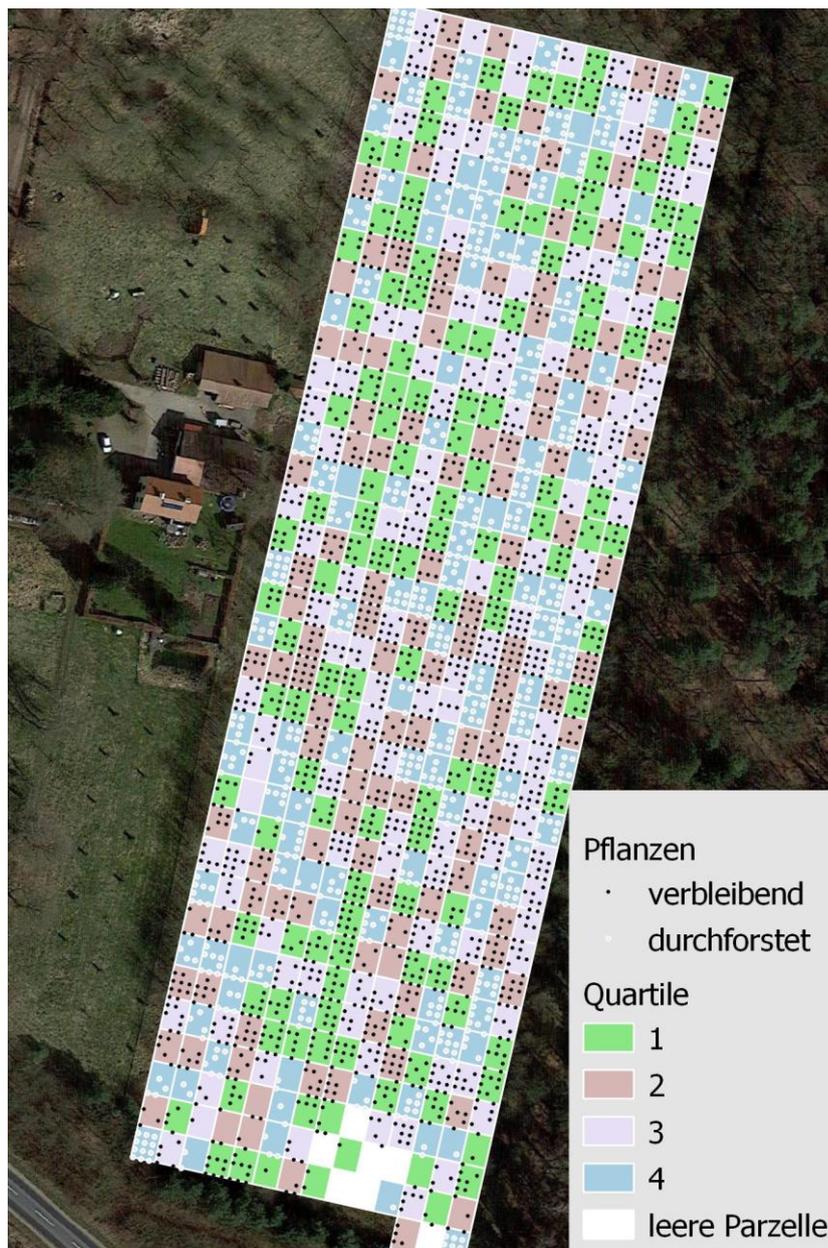


Abbildung 5: Versuchsplan mit Nachkommenschaften in 4 Quartilen und nach beginnender Durchforstung



Diskussion

Die Nutzung der in natürlichen Beständen vorkommenden Variabilität ist die Basis für Züchtungsarbeiten. Bäume mit erwünschten Eigenschaften (Plusbäume) werden selektiert, das von ihnen geerntete Saatgut wird gemischt und in der folgenden Generation als verbesserte Population angebaut. Diese als Massenauslese bezeichnete Vorgehensweise ist bei fremdbefruchtenden Arten die einfachste Zuchtmethod (BECKER 1993). Wenn die ausgewählten Plusbäumen zur Anlage einer Samenplantage verwendet werden, ist der genetische Gewinn doppelt so hoch, als wenn das von ihnen im Bestand geerntete Saatgut aus freier Abblüte verwendet würde (ERIKSSON et al. 2013).

FABRICIUS (1922) schlug vor, ausgewählte Plusbäume einer „Individualauslese mit Beurteilung der Nachkommenschaft“ zu unterziehen. Ein früher Hinweis auf eine Sämlingssamenplantage findet sich bei SCHRÖCK (1949). Plusbäume sollten nach Saat bereits im Dickungsalter ausgewählt und beerntet werden.

Ihre Nachkommenschaften werden nebeneinander angebaut und liefern das Saatgut für die Bestände zur Holzproduktion. Noch in die 1950er Jahren hinein wurden Samenplantagen überwiegend als Produktionsstätte für Saatgut zur normalen forstlichen Bewirtschaftung angesehen (GRANHOF 1991).

Werden Samenplantagen als Quelle für weiterführende Züchtungsprogramme verwendet, müssen sie sorgfältig geprüft werden, um die genetische Qualität der ausgewählte Plusbäume oder Plusbaumfamilien zu bestimmen (LIBBY 1964; KANG 2001). In einer derartigen Nachkommenschaftsprüfung werden zwar Nachkommen untersucht, geprüft wird jedoch der Genotyp der Eltern (KRAUS 1984, ERIKSSON et al. 2013) und ein Rückschluss auf die Eltern wird als „backward selection“ bezeichnet. Die Ergebnisse aus Nachkommenschaftsprüfungen nutzt man, um eine Samenplantage nach der genetischen Qualität der Plusbaumklone zu durchforsten und erhält als Ergebnis eine Samenplantage 1.5 (FUNDA & EL-KASSABY 2012; ERIKSSON et al. 2013). Die langwierige Neuanlage einer Plantage mit den genetisch geprüften Plusbäumen und ohne Durchforstungslücken wird als Hochzuchtsamenplantage bezeichnet und entspricht im Wesentlichen einer Samenplantage 1.5.

Der Wunsch nach schnellerem Züchtungsfortschritt führte zu Überlegungen, Nachkommenschaftsprüfungen in eine Sämlingssamenplantage umzuwandeln und als Quelle für weiterführende Züchtungsprogramme zu nutzen (KRAUS 1984). Die Ergebnisse der Prüfung sollten dazu benutzt werden, ungeeignete Familien komplett von der Fläche zu entfernen. Diese nach vorn gerichtete Selektion wird als „forward selection“ bezeichnet. Verschiedene Konzepte mit Sämlingssamenplantagen wurden experimentell getestet (HAMILTON 1984; WOODS et al. 1995; HANSEN et al. 2005; KANG et al. 2005; NA et al. 2015). Die vorwärts gerichtete Familienselektion beruhte dabei auf Ergebnissen aus einer Versuchsserie oder allein auf den auf der Sämlingsplantage gewonnenen Daten.

Je nachdem ob die Saatguterzeugung im Vordergrund steht, oder ob Samenplantagen Teil eines Züchtungsprogramms sind, werden Sämlingssamenplantagen in verschiedene Typen unterteilt (GRANHOF 1991; BARNES 1995). Bei vorwärts gerichteter Selektion ist die Identifizierung der besten Einzelbäume in den besten Familien das primäre Ziel (ERIKSSON et al. 2013). Die dazu erforderlichen Nachkommenschaftsprüfungen werden normalerweise im forstüblichen Verband angelegt, während die Saatgutproduktion einen Weitverband erfordert (SCHMIDT 1993). Der Konflikt kann durch unterschiedliche Versuchsdesigns gelöst werden (CANNON & SHELBORNE 1993).

Eine weitere Schwierigkeit bei der vorwärts gerichteten Selektion besteht darin, dass die Zuchtwertschätzung eines Plusbaums beträchtliche Variation aufweist, da die Auswahl des besten Baums innerhalb der besten Familie wegen der geringen Heritabilität (0.15 – 0.20) relativ unpräzise ist (Johnson und Jayawickrama 2003). Es besteht dann das Risiko, dass die Vorwärtsauswahl fehlerhaft ist und einzelne Prüfglieder mit Zuchtwerten weit unter dem erwarteten genetischen Niveau enthalten könnte (Burdon und Kumar 2004). Eine Selektion der besten Familien unter Berücksichtigung mehrerer Standorte wie in der vorliegenden Versuchsserie schränkt dieses Risiko jedoch ein.

Nicht alle in Hochstift geprüften Familien sind auf weiteren Standorten vertreten. Bei Nachkommenschaften, die nur in Hochstift geprüft werden, kann zwangsläufig nur der dort bestimmte Index zur Bewertung und Auswahl der Familien herangezogen werden. Beim überwiegenden Teil der in Hochstift geprüften Familien beruht die Familienselektion auf der verlässlicheren Serienleistung. In einigen Fällen unterscheiden sich Indexränge am Auswahlort Hochstift von denen der Serie. Im 1. Quartil haben die Familien Bois_16, Bois_2 und Len_11-14 die schlechtesten Bewertungen am Auswahlort und damit große Differenzen zum Serienindex. Umgekehrt haben im 3. und 4. Quartil drei Absaaten (Len_72-22, Len_110-32, Stauff_2-7) eine niedrige Serienbewertung aber einen hohen Standortindex in Hochstift. Da der Serienindex die Leistung an mehreren Standorten berücksichtigt, ist er das bessere Auswahlkriterium.

Die Vor- und Nachteile von Sämlingssamenplantagen im Vergleich zu Klonsamenplantagen wurden vielfach diskutiert (BARBER & DORMAN 1964; GODDARD 1964; JOHNSSON 1964; GRANHOF 1991; ERIKSSON et al. 2013). Hauptprobleme sind das spätere Blühverhalten, die schwierigere Einschätzung der genetischen Qualität, das für Nachkommenschaftsprüfungen nötige Versuchsdesign und das dem entgegenstehende

optimale Plantagendesign, sowie die Tatsache, dass ein zur Saatgutproduktion optimaler Standort - und damit ein optimaler Ort für eine Samenplantage - nicht zwangsläufig auch der typische Standort einer Population zur Holzproduktion ist.

Wegen der relativ kleinen Parzellen sind die in Hochstift entstandenen Lücken nach Entnahme von Parzellen des 4. Quartils nicht sehr groß. Um sie dennoch zu füllen, bietet sich eine Nachbesserung mit Pflanzlingen aus gut bewerteten Familien an. Dadurch wird zum einen die Dauer der Saatgutproduktion verlängert und andererseits auch die Stabilität des Bestandes erhöht. Bäume aus den besten Familien der Serienbewertung sollten zur Pflanzfreierwerbung auf der Sämlingssamenplantage herangezogen werden. Die Bäume auf der Fläche beginnen bereits zu fruktifizieren, so dass die Pflanzlinge ebenfalls bald zum Saatgutertrag beitragen können.

Mit dem hier vorgeschlagenen Verfahren wird die Verfügbarkeit von genetisch verbessertem Material beschleunigt. In Deutschland gibt es allenfalls bei Pappeln für Kurzumtriebsplantagen ein Züchtungsprogramm mit mehreren aufeinanderfolgenden Selektionsschritten (HOFMANN et al. 2019). Bei den übrigen Bauarten (ohne Hybridlärche) sind deutschlandweit in den beiden Kategorien „Qualifiziertes Ausgangsmaterial“ und „Geprüftes Ausgangsmaterial“ 301 Samenplantagen mit insgesamt 759 ha vorhanden (BLE 2019). Es handelt sich hier zum überwiegenden Teil um Samenplantagen der Generation 1.0. Lediglich drei der geprüften Plantagen sind nach Einzelklonselektion aufgrund von Nachkommenschaftsprüfungen (Generation 1.5) entstanden. Es gibt viele Versuche mit Plusbaumabsaaten aber nicht immer sind die Voraussetzungen für eine Umwandlung in Sämlingssamenplantagen so günstig wie in Hochstift. Die aus der Sämlingssamenplantage (und auch aus allen Klonsamenplantagen) entstehenden Bestände sollten dokumentiert werden, um aus ihnen Plusbäume für weitere Selektionszyklen auszuwählen.

Literatur

- BARBER JC, DORMAN KW (1964) Clonal or Seedling Seed Orchards? *Silvae Genet.* 13(1–2):11–17.
- BARNES RD (1995) The Breeding Seedling Orchard in the Multiple Population Breeding Strategy. *Silvae Genet.* 44(2–3): 81–88.
- BECKER H (1993) Pflanzenzüchtung. Stuttgart: Ulmer.
- BLE (2019) BLE - Forstliches Vermehrungsgut - Zusammenstellung über zugelassenes Ausgangsmaterial für forstliches Vermehrungsgut in der Bundesrepublik Deutschland (Stand: 01.07.2019) [Internet]. [accessed 2020 Feb 9]. http://www.ble.de/SharedDocs/Downloads/02_Kontrolle/07_SaatUndPflanzgut/Ausgangsmaterial_Zusfassg.html?nn=2307366
- BURDON RD, KUMAR S (2004) Forwards versus backwards selection: trade-offs between expected genetic gain and risk avoidance. *NZ J Sci.* 34 (1): 3–21.
- CANNON PG, SHELBOURNE CJA (1993) Forward selection plots in breeding programmes with insect-pollinated tree species. *N Z J For Sci.* 23 (1): 3–9.
- ERIKSSON G, EKBERG I, CLAPHAM D (2013) Genetics Applied to Forestry - An Introduction [Internet]. 3. [place unknown]; [accessed 2014 Jul 7]. http://forest-genetic-resources-training-guide.biodiversityinternational.org/fileadmin/biodiversityDocs/Training/FGR_TG/additional_materials/Forest_Genetics.pdf
- FABRICIUS L (1922) Holzartenzüchtung. *Forstwissenschaftliches Cent.* 44: 86–103.
- FUNDA T, EL-KASSABY YA (2012) Seed orchard genetics. *CAB Rev Perspect Agric Vet Sci Nutr Nat Resour* [Internet]. [accessed 2020 Jan 3] 7(013). <http://www.cabi.org/cabreviews/review/20123176284>
- GODDARD RE (1964) Tree Distribution in a Seedling Seed Orchard Following Between and Within Family Selection. *Silvae Genet* 13 (1–2): 17–21.
- GRANHOF J (1991) Mass production of improved material (2) Seed Orchards: Concepts, Design and Role in Tree Improvement. In: Lecture Note d-8: Danida Forest Seed Centre.
- HAMILTON RC (1984) Converting a progeny test to a seed orchard--An example to live by? In: Progeny Test. Charleston, SC.; 5-9. Dezember 1983; p. 177–185.

- HANSEN JK, WELLENDORF H, KJAER ED, KONGEVEJ H (2005) Low Cost Improvement of Coastal Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* var. *menziesii* (Mirb.) Franco) by Application of the Breeding Seed Orchard Approach in Denmark. *Silvae Genet.* 54 (4–5): 218–227.
- HOFMANN M, STIEHM C, FEHRENS S, FEY C (2019) Aspekte der Sortenprüfung bei Pappeln mit unterschiedlichen Produktionszielen. In: *Schnellwachs Baumarten –Erntetechniken –verfahren Logist* [Internet]. Erfurt; [accessed 2020 Jan 6]; p. 79–86. https://www.nw-fva.de/fileadmin/user_upload/Verwaltung/Publikationen/2019/Hofmann_et_al_2019_Sortenpruefung_Seite79ff_in_TagungsbandSWB2019.pdf
- JOHNSON R, JAYAWICKRAMA K (2003) Forward vs. backwards selection for seed orchards and cooperative second-generation breeding in the US Pacific Northwest. In: *Northwest Tree Improv Coop Annu Rep Jan-Dec 2002* [Internet]. Corvallis, OR: Oregon State University; [accessed 2016 Nov 22]; p. 17–23. <http://www.treearch.fs.fed.us/pubs/6056>
- JOHNSON H (1964) Forest Tree Breeding by Selection. *Silvae Genet.* 13 (1–2): 41–49.
- KANG K-S (2001) Genetic gain and gene diversity of seed orchard crops. Uppsala: Acta Universitatis Agriculturae Sueciae.
- KANG K-S, EL-KASSABY YA, HAN S-U, KIM C-S (2005) Genetic gain and diversity under different thinning scenarios in a breeding seed orchard of *Quercus acutissima*. *For Ecol Manag.* 212 (1–3): 405–410.
- KRAUS JF (1984) The objective of progeny testing. In: *Progeny Test.* Charleston, SC.; 5-9. Dezember 1983; p. 99–102.
- LIBBY WJ (1964) Clonal Selection, and an Alternative Seed Orchard Scheme. *Silvae Genet.*: 32–40.
- NA S-J, WOO K-S, KANG K-S, PARK J-M, HAN S-U (2015) Estimation of genetic gain and diversity under various genetic thinning scenarios in a breeding seed orchard of *Quercus acutissima*. *Scand J For Res.* 30 (5): 377–381.
- RAU H-M, RUMPF H, SCHÖNFELDER E (2015) Neue Ergebnisse aus den Buchen-Herkunftsversuchen von Krahl-Urban. *Forstarchiv.* 86: 27–41.
- SCHMIDT L (1993) Guidelines on Establishment and Management Practices. *Seed Orchards* [Internet]. <http://www.fao.org/3/ad223e/AD223E05.htm>
- SCHRÖCK O (1949) Beitrag zur Forstpflanzenzüchtung. *Forstwissenschaftliches Cent.* 68:240–254.
- WOODS JH, KOLOTELO D, YANCHUK AD (1995) Early selection of Coastal Douglas-fir in a Farm-Field Test Experiment. *Silvae Genet.* 44 (4): 178–186.

Autor

Dr. HELMUT GROTEHUSMANN
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen, Prof. Ölkers Str. 6, 34346 Hann.
Münden
helmut.grotehusmann@nw-fva.de