

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 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

Neue Samenplantagen für Deutschland – Empfehlungen auf Basis internationaler Erkenntnisse

HEIKE LIESEBACH, KATHARINA J. LIEPE, CORNELIA BÄUCKER

Zusammenfassung

Zur Umsetzung der Ziele der Forstpflanzenzüchtung in Deutschland werden für einige heimische Baumarten (*Pinus sylvestris*, *Picea abies*, *Larix decidua*, *Acer pseudoplatanus*, *Quercus* sp.) neue Samenplantagen aufgebaut. Fünf Hauptpunkte fassen zusammen, wie der aktuelle wissenschaftliche Kenntnisstand praktisch umgesetzt werden kann.

Nr.	Ziel	Was ist zu tun?
1	Angepasstheit sichern, „Outbreeding depression“ vermeiden	3 – 4 artspezifische Zuchtzonen berücksichtigen
2	Mindestmaß an genetischer Diversität sichern, Handlungsoptionen offenhalten	Mindestens 60 – 80 Klone je Samenplantage bei heimischen Baumarten verwenden
3	Heterosiseffekt nutzen, „Inbreeding depression“ vermeiden	Nur 1 selektierten Plusbaum pro Population bzw. pro Versuchsprüfglied als Klon je Samenplantage verwenden
4	Optimierung der Zufallspaarung	Gleiche Rametzahlen je Klon und passendes räumliches Design (Software ONA)
5	Zukünftige Arbeiten	Zuchtwerte ermitteln, Nachkommenschaftsprüfungen nach FoVG

Abstract

To implement the objectives of forest tree breeding in Germany, new seed orchards will be established for some native tree species (*Pinus sylvestris*, *Picea abies*, *Larix decidua*, *Acer pseudoplatanus*, *Quercus* sp.). Five main points summarize how the current scientific knowledge can be implemented practically.

No.	Objective	What to do?
1	Ensure adaptedness, avoid "Outbreeding depression"	Consider 3 – 4 species-specific breeding zones
2	Ensure minimum genetic diversity, keep options for action open	Use at least 60 – 80 clones per seed orchard for native tree species
3	Utilize heterosis effect and avoid „Inbreeding depression“	Use only 1 selected plus tree per population or per test unit as clone per seed orchard
4	Optimization of random mating	Equal numbers of ramets per clone and suitable spatial design (Software ONA)
5	Future work	Determine breeding values, progeny testing according to FoVG

1 Forstpflanzenzüchtung in Deutschland

"Wichtiges Ziel der Züchtung ist die Bereitstellung von Vermehrungsgut, das anpassungsfähig und leistungsstark genug ist, um den erwarteten Umweltänderungen bei der Erfüllung aller Waldfunktionen gerecht zu werden." Diese Aussage muss als der Kernsatz aus der Züchtungsstrategie für Deutschland (LIESEBACH M et al. 2013) angesehen werden. In diesem Satz ist auch klar ausgedrückt, dass die an erster Stelle genannte Anpassungsfähigkeit als Voraussetzung für das Zuchtziel Wuchsleistung und generell für alle Waldfunktionen betrachtet wird.

Die Züchtungsstrategie beinhaltet sechs spezifische Programme für Douglasie, Lärche, Bergahorn, Fichte, Kiefer und Eiche. Ihre Realisierung wurde mit großen deutschlandweit organisierten Verbundprojekten FitForClim (2014 – 2019) und AdaptForClim (2017 – 2021) begonnen, die vom Waldklimafonds gefördert wurden. Die Plusbaumselektion erfolgte erstmalig deutschlandweit im Projektverbund und nach abgestimmten Kriterien, wobei man sich primär auf Versuchsflächen konzentrierte. Bundesweit wurden dazu ca. 1500 Flächen erfasst und deren Daten gemeinsam aufbereitet. Reiser wurden geerntet, veredelt und Klonarchive mit Pfropflingen aufgebaut. Konsequenter Folgeschritt ist nun der Aufbau von Samenplantagen, mit dessen Umsetzung im Projekt OptiSaat (2021 – 2025, ebenfalls Waldklimafonds) bereits begonnen wird. Der in der Züchtungsstrategie angestrebte „... **erzielbare Volumenmehrertrag [von] im Mittel zwischen 10 % und 30 %** ...“ soll, zumindest bei einigen Baumarten, mit „**Hochleistungssamenplantagen**“ erreicht werden. Im folgenden Beitrag soll es nun um den genetischen und räumlichen Aufbau dieser neuen Samenplantagen gehen, die der Produktion von Saatgut für vielseitig einsetzbare, angepasste, qualitativ hochwertige und leistungsstarke Forstpflanzen dienen sollen. Andere Samenplantagen, z. B. zur Erhaltung genetischer Ressourcen bei seltenen Baum- und Straucharten, sind hier nicht Gegenstand.

In Deutschland existieren bereits seit vielen Jahrzehnten Samenplantagen, aktuell mehr als 300. Darunter befinden sich 54 für *Pinus sylvestris*, 49 für *Larix* sp., 44 für *Picea abies*, je 23 für *Pseudotsuga menziesii* und *Alnus glutinosa* und je 20 für *Prunus avium* und *Tilia cordata*. Sie sind sehr unterschiedlich in ihrer genetischen Zusammensetzung, der Anzahl der Klone, ihrem räumlichen Design und ihrer Größe. Zahlreiche Nachkommenschaften von Samenplantagen wurden bereits in Feldversuchen nach FoVG getestet. Erfolgreich waren dabei ca. 50 dieser Samenplantagen, welchen anschließend der Kategorie „Geprüft“ zugesprochen wurde. Die übrigen basieren bisher auf der zugrundeliegenden phänotypischen Auslese und sind in der Kategorie „Qualifiziert“ zugelassen.

2 Motivation

Absaaten dieser deutschen Samenplantagen zeigten in Nachkommenschaftsprüfungen teilweise bessere Qualitätseigenschaften im Vergleich zu den Standards oder zu anderen Prüfgliedern aus Bestandesabsaaten. Genauso konnten überlegene Wuchsleistungen festgestellt werden, aber bei weitem nicht bei allen Plantagenabsaaten. Stattdessen wurden viele als mehr oder weniger vergleichbar mit dem Durchschnitt der Nachkommen aus zugelassenen Saatgutbeständen eingestuft. Es stellt sich die Frage, woher die doch beträchtlichen genetischen Gewinne in der Wuchsleistung bei Nachkommenschaften aus forstlichen Samenplantagen kommen, von denen auf internationaler Ebene so häufig berichtet wird. Wie können wir die jetzt neu anzulegenden Samenplantagen optimieren, um den in der Forstpflanzenzüchtung angestrebten Zielen näher zu kommen? Der große Aufwand für die Realisierung der Züchtungsstrategie ist aus unserer Sicht nur gerechtfertigt, wenn nach der Plusbaumselektion und der Anlage von Klonarchiven nun auch das Bestmögliche für die Anlage der neuen Samenplantagen getan wird. Mit dieser Motivation wurde eine umfassende Literaturstudie zum internationalen Kenntnisstand in Bezug auf forstliche Samenplantagen, einschließlich zu Fragen der sexuellen Reproduktionsprozesse in Populationen, zu sog. Zuchtwerten (breeding values) in fortgesetzten Züchtungszyklen, zur Klonanzahl und zum räumlichem Design durchgeführt. Im Folgenden werden die Kernaussagen dieser Studie vorgestellt.

Die Originalarbeit, veröffentlicht in einer internationalen Fachzeitschrift (LIESEBACH H et al. 2021), geht ausführlich auf die gestellten Fragen ein, enthält zahlreiche Beispiele aus der Literatur und entsprechende Schlussfolgerungen bezogen auf Deutschland. Eine Übersetzung ins Deutsche befindet sich im Schlussbericht AdaptForClim (LIESEBACH M et al. 2020).

3 Populationsgenetischer Hintergrund

Ziel der Forstpflanzenzüchtung ist die Steigerung des Wachstums und die Verbesserung von Holzqualität und Resistenzen bei den Nachkommen durch die Kombination nicht miteinander verwandter Eltern mit gewünschten Eigenschaften. Ein Heterosis-Effekt als Maximum der in Abbildung 1 dargestellten Kurve kann durch die Paarung zwischen Herkünften erreicht werden. Als Fremdbefruchter haben unsere Waldbaumarten eine mehr oder weniger ausgeprägte Inzuchtdepression (inbreeding depression), die sich nicht nur bei Selbstungen, sondern auch bei der Paarung von Verwandten negativ auf Fitnessmerkmale und Wachstum auswirken kann. Zusätzlich existiert eine sog. „outbreeding depression“, die eintreten kann, wenn Nachkommen durch Kreuzung einer lokalen und einer schlecht angepassten, ökologisch weit entfernten, Population entstehen (Abb. 1).

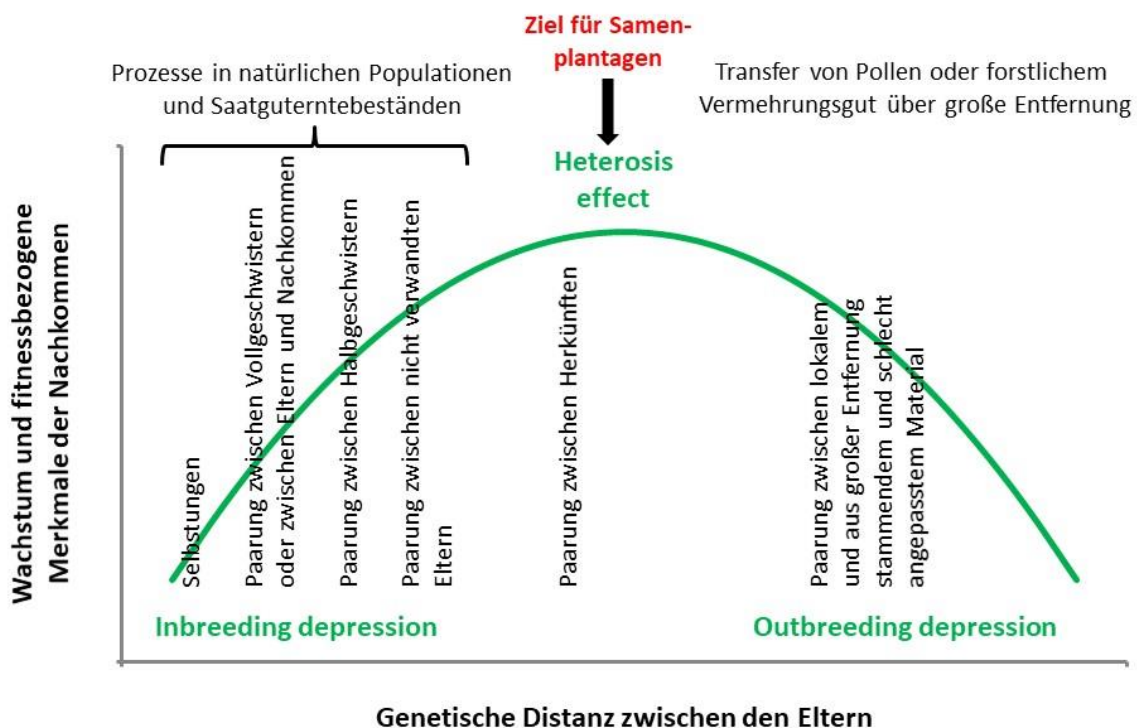


Abb. 1: Schematische Darstellung von Wachstum und fitnessbezogenen Merkmalen in Abhängigkeit von der genetischen Distanz zwischen Elternbäumen, adaptiert aus LIESEBACH H et al. (2021).

Zahlreiche experimentelle Befunde aus umfangreichen Kreuzungsprogrammen, teilweise über mehrere Generationen hinweg, belegen die Inzuchtdepression (siehe Originalarbeit). Hier soll nur auf ein ausgewähltes Beispiel eingegangen werden. In Kanada wurden 1987 Kreuzungen zur Erzeugung verschiedener Inzuchtgrade

bei Douglasie durchgeführt (WOODS und HEAMAN 1989; WOODS et al. 2002; STOEHR et al. 2015). Die Daten in Tabelle 1 zeigen die zunehmende Depression hinsichtlich Überlebensrate und Wuchsleistung bei steigendem Inzuchtgrad bei 26-jährigen Douglasien.

Tabelle 1: Inzuchtdepression bei Douglasie im Alter von 26 Jahren, Daten aus STOEHR et al. (2015).

Land	Inzuchtgrad F	Anzahl Familien	Inzuchtdepression Survival	Inzuchtdepression Volumen
Paarung zwischen nicht verwandten Eltern	0	20	0	0
Paarung zwischen Halbgeschwistern	0,125	66	– 20 %	– 25 %
Paarung zwischen Vollgeschwistern	0,25	36	– 40 %	– 40 %
Paarung zwischen Eltern und Nachkommen	0,25	17	– 40 %	– 40 %
Selbstungen	0,50	9	– 80 %	– 40 %

Wenn mehrere Plusbäume aus einer Population oder einem Versuchsprüfglied selektiert werden, ist die Wahrscheinlichkeit nicht gering, dass darunter Halbgeschwister sein können. Wie im gezeigten Beispiel der Douglasie muss dann für die Nachkommenschaft mit einer Inzuchtdepression von ca. 20 % bei der Überlebensrate und ca. 25 % beim Volumenertrag gerechnet werden. Diese Größenordnungen sind nicht als Einzelfall bei einer vielleicht schlechten Kombinationseignung zu verstehen, sondern waren das Mittelwtergebnis von 66 verschiedenen Kreuzungsfamilien (STOEHR et al. 2015).

Die bekannten gegenläufigen Effekte in fortgesetzten Züchtungszyklen zwischen einer Anreicherung erwünschter wachstumsfördernder Allele einerseits und der Inzuchtdepression andererseits haben im internationalen Rahmen dazu geführt, dass die Zuchtpopulationen und (Produktions-) Samenplantagen voneinander getrennt gehalten werden. Ferner existieren zumeist mehrere Zuchtpopulationen, die untereinander nicht verwandt sind. Neuere Modelle versuchen, den genetischen Gewinn in Plantagensaatgut auch bei Beteiligung von verwandten Klonen zu maximieren, indem mit einer höheren Anzahl an Klonen gearbeitet wird (z. B. MULLIN 2017).

4 Praxisempfehlungen für neue Samenplantagen

4.1 Artspezifische Zuchtzonen

Die geographische Lage von Deutschland und die damit einhergehende Variation des Klimas bedingen eine Unterteilung in sog. Zuchtzonen, um beispielsweise die unterschiedlichen Spätfrosthäufigkeiten zwischen Bereichen atlantischer und kontinentaler Klimaprägung angemessenen zu berücksichtigen. Die Ausweisung von baumartspezifischen Zuchtzonen orientierte sich dabei primär an klimatischen Unterschieden sowie der praktischen Realisierbarkeit und Wirtschaftlichkeit, die am besten mit drei bis maximal vier Zonen gewährleistet werden kann. Damit sind sie deutlich größer als die bereits bestehenden Einteilungen in Herkunftsgebiete oder auch Bundesländer. Die zur Validierung herangezogene Auswertung vorhandener Versuchsdaten bestätigte die Sinnhaftigkeit der Aggregation zu größeren Zonen auch hinsichtlich der genetischen Anpassung. Exemplarisch sind die Zuchtzonen für drei Baumarten in Abbildung 2 dargestellt. Basierend auf diesen Zuchtzonen sind die einzelnen Klone für die anzulegenden Samenplantagen auszuwählen und zu zonenspezifischen Kollektiven

zusammenzustellen. Nähere Erläuterungen dazu befinden sich in den FitForClim-Abschlussberichten (LIESEBACH M et al. 2020; MEIBNER et al. 2020).

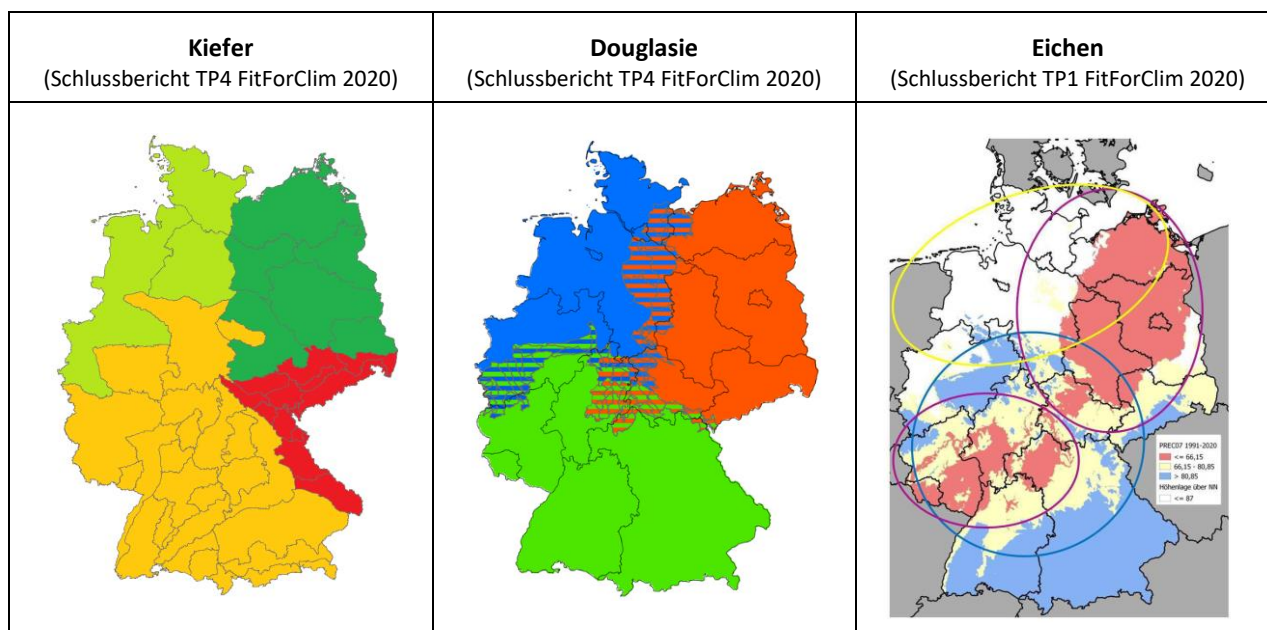


Abb. 2: Beispiele für Zuchtzonen für Kiefer (*Pinus sylvestris*), Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) und Eichen (*Quercus* sp.), aus (LIESEBACH M et al. 2020; MEIBNER et al. 2020).

4.2 Anzahl der Klone

Grundsätzlich gibt es keine allgemeingültigen Regeln für die Anzahl von Klonen in forstlichen Samenplantagen. Im Sinne der klassischen Forstpflanzenzüchtung lautet die Empfehlung in der internationalen Literatur 20-40 nicht verwandte Klone zu verwenden. Diese Zahl folgt dem ökonomisch orientierten Ziel der Maximierung des „Genetic gains“, erhält aber ein Mindestmaß an genetischer Diversität. Dabei muss jedoch ausdrücklich betont werden, dass sich diese Zahlen auf fortgeschrittene Züchtungszyklen beziehen, d. h. schon bekannte Zuchtwerte (breeding values) vorliegen und die Nachkommen dieser Plantagen eine begrenzte Zeit verwendet werden, also bereits parallel zu ihrer Beerntung Plantagen neuer Klonkomposition aufgebaut werden. Nur unter dieser Voraussetzung kann eine hohe und kontinuierliche Leistungssteigerung in der Nachkommenschaft durch strenge Selektion und Kombination weniger Klone erwartet werden.

Bei Samenplantagen der 1. Generation sind diese Zuchtwerte in der Regel nicht bekannt, da sie aus phänotypisch ausgewählten Plusbäumen zusammengestellt werden. Es existieren nur wenige aussagekräftige Arbeiten zur Klonzahl, einzig KANG et al. (2001) gibt eine übersichtliche Zusammenstellung zu insgesamt 255 Samenplantagen von verschiedenen Koniferenarten aus drei Ländern (Tabelle 2). Mit Ausnahme von Plantagen mit *Pinus sylvestris* in Finnland mit fast 140 Klonen lag die mittlere Klonzahl je Plantage laut KANG et al. (2001) zwischen 70 – 94 Klonen.

Für die neuen Samenplantagen in Deutschland werden bei den heimischen Baumarten (*Pinus sylvestris*, *Picea abies*, *Larix decidua*, *Acer pseudoplatanus*, *Quercus* sp.) je Zuchtzone mindestens 60 – 80 Klone empfohlen. Diese Zahl erhält (1) die Option für eine gezielte genetische Durchforstung der Samenplantage nach Zuchtwerten offen. Darüber hinaus gewährleistet sie (2) ein Mindestmaß an genetischer Diversität für eine spätere Anpassungsfähigkeit der Nachkommenschaft und (3) eine spätere Überführung der Nachkommenschaften in natürliche Verjüngung, ohne dabei einen zu starken genetischen Flaschenhalseffekt auszulösen. Die Zahl von 60 – 80 Klonen stellt einen Kompromiss dar zwischen populationsgenetischen Aspekten einerseits, die eine

höhere Klonzahl unterstützen und der praktischen Realisierbarkeit andererseits, die möglichst geringe Zahlen präferiert.

Für die Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) als eingeführte Nadelbaumart und für Hybridlärchen (*Larix decidua* × *L. kaempferi*) können geringere Klonzahlen berücksichtigt werden (siehe Originalarbeit LIESEBACH H et al. 2021).

Tabelle 2: Klonzahl und Größe von Samenplantagen der 1. Generation, Daten aus KANG et al. (2001).

Land	Baumart	Samenplantagen Anzahl	Mittlere Klonzahl	Mittlere Größe [ha]	Mittlere Rametzahl
Finnland	<i>Pinus sylvestris</i>	176	139	15,5	4137
	<i>Picea abies</i>	25	75	10,9	3182
Korea	<i>Pinus koraiensis</i>	13	70	7,0	2689
	<i>Pinus densiflora</i>	8	94	13,6	5454
Schweden	<i>Pinus sylvestris</i>	22	80	14,5	4614
	<i>Picea abies</i>	11	71	11,2	2713

4.3 Verwandtschaftsgrad der Klone

Wenn die angestrebte Leistungssteigerung in den Nachkommenschaften von neuen Samenplantagen in Deutschland erreicht werden soll, kann man den Verwandtschaftsgrad der Klone nicht außer Acht lassen und muss eine potentielle Inzuchtdepression gezielt vermeiden. Dies bedeutet, dass jeweils nur ein Klon aus einer Population oder aus einem Prüfglied für die Klonzusammenstellung einer Samenplantage zu verwenden ist. Damit wird nicht nur die Verwandtenpaarung vermieden, sondern auch die Heterosis im Sinne von Kreuzungen zwischen Populationen gefördert.

Selbstungen innerhalb eines Baums oder zwischen Ramets eines Klons können natürlich nie ganz ausgeschlossen werden. Sie sind jedoch, zumindest bei Koniferen, praktisch weniger relevant, da Hohlkörner entstehen können oder bei Polyembryonie eine Selektion schon vor der Samenreife stattfinden kann (LINDGREN 1975; SORENSEN 1982; KANAZASHI et al. 1990). Auch bei keimfähigen Samen aus Selbstungen sterben solche Sämlinge mit hoher Wahrscheinlichkeit frühzeitig ab oder können im Wachstum nicht mithalten.

4.4 Räumliche Anordnung der Klone

Wenn sich alle Klone einer Samenplantage mit allen anderen Klonen gleich häufig paaren, entsteht eine maximale Anzahl unterschiedlicher Kombinationen im Saatgut. Diese sog. Zufallspaarung sorgt für ausgewogene genetische Beiträge der einzelnen Klone. Der Schwerpunkt bei den neu anzulegenden Samenplantagen der 1. bzw. 1,5. Generation soll deswegen auf der Zufallspaarung liegen. Dies bedeutet, gleiche Rametzahlen der Klone anzustreben, und die räumliche Anordnung der Klone so zu gestalten, dass alle Kombinationen etwa gleich häufig benachbart stehen. Die Software ONA „Optimum Neighbourhood Algorithm“ (CHALOUPKOVÁ et al. 2016, 2019) ist geeignet, um solche optimalen räumlichen Layouts für die Samenplantagen zu erstellen. Praktisch entstehen natürlich immer Abweichungen von der Zufallspaarung, da die Blühintensität der einzelnen Klone nicht identisch ist und die Blühzeitpunkte nicht optimal überlappen.

Für das Design von Samenplantagen ab der 2. Generation können bei bekannten Zuchtwerten der Klone auch Rametzahlen nach Zuchtwerten gewichtet oder bei teilweiser Verwendung verwandter Klone die Inzuchtdepression durch bestimmte räumliche Anordnungen minimiert werden. Eine ausführlichere

Beschreibung weiterer Software-Programme zur Erstellung von Pflanzplänen für forstliche Samenplantagen befindet sich in der Originalarbeit (LIESEBACH H et al. 2021).

5 Zukünftige Arbeiten

Zukünftige Arbeiten im Zusammenhang mit forstlichen Samenplantagen zur Umsetzung von Züchtungszielen wird es in zwei Richtungen geben. Generell sollen Plantagenabsaaten nach den Richtlinien des FoVG geprüft werden, um später die Kategorie "Geprüft" für überlegene Samenplantagen zu erreichen. Darüber hinaus und um weitere Züchtungsfortschritte zu erzielen, ist es wichtig, Zuchtwerte für einzelne Klone zu ermitteln. Sie sind die Voraussetzung für eine sog. genetische Durchforstung der bestehenden Samenplantagen, um mit verringerter Klonzahl eine Leistungssteigerung erreichen zu können und die Zusammensetzung künftiger Generation von Samenplantagen weiter zu optimieren.

Die konventionelle Methode zur Ermittlung von Zuchtwerten besteht dabei in der Anlage von Versuchsflächen zur Nachkommenschaftsprüfung für die einzelnen Klone. Dazu können sowohl Kreuzungsnachkommen als auch Nachkommen aus freier Abblüte verwendet werden. Eine neue Methode zur Ermittlung von Zuchtwerten kann über moderne DNA-Marker die Verwandtschaft von schon bestehenden gemischten Nachkommenschaften ermitteln, Abstammungen rekonstruieren und so ohne eine klonweise Beerntung, Pflanzenanzucht und Neuanlage von Flächen auskommen. Dieses Konzept, genannt „Breeding without breeding“, ist 2006 im internationalen Rahmen zum ersten Mal vorgestellt worden (EL-KASSABY et al. 2006) und wurde seitdem ständig weiterentwickelt. Es soll geprüft werden, inwieweit von betreffenden Plusbäumen schon Nachkommenschaften existieren, die sich für einen solchen Ansatz eignen, um dann Aufwand und Potential der neuen Methode, auch im Vergleich zur konventionellen Verfahrensweise, abzuschätzen.

Referenzen

- CHALOUPOKOVÁ K, STEJSKAL J, EL-KASSABY YA, FRAMPTON J, LSTIBŮREK M (2019): Current advances in seed orchard layouts: Two Case Studies in Conifers. *Forests* 10 (2): 1-6. <https://dx.doi.org/10.3390/f10020093>
- CHALOUPOKOVÁ K, STEJSKAL J, EL-KASSABY YA, LSTIBŮREK M (2016): Optimum neighborhood seed orchard design. *Tree Genetics & Genomes* 12 (6): 105. <https://dx.doi.org/10.1007/s11295-016-1067-y>
- EL-KASSABY YA, LSTIBUREK M, LIEWLAKSANEYANAWIN C, SLAVOV GT, HOWE GT (2006): Breeding Without Breeding: Approach, Example, and Proof of Concept. *Proceedings of the IUFRO Division2 Joint Conference, 19-23 October 2006, Antalya Turkey*: 43-54.
- KANAZASHI A, KANAZASHI T, YOKOYAMA T (1990): The relationship between the proportion of self-pollination and that of selfed filled seeds in consideration of polyembryony and zygotic lethals in *Pinus densiflora*. *Journal of the Japanese Forestry Society* 72 (4): 277-285.
- KANG KS, HARJU AM, LINDGREN D, NIKKANEN T, ALMQVIST C, SUH GU (2001): Variation in effective number of clones in seed orchards. *New Forests* 21 (1): 17-33. <https://dx.doi.org/10.1023/A:1010785222169>
- LIESEBACH H, LIEPE K, BÄUCKER C (2021): Towards new seed orchard designs in Germany – A review. *Silvae Genetica* 70 (1): 84-98. <https://dx.doi.org/10.2478/sg-2021-0007>
- LIESEBACH M, DEGEN B, GROTEHUSMANN H, JANSEN A, KONNERT M, RAU H-M, SCHIRMER R, SCHNECK D, SCHNECK V, STEINER W, WOLF H (2013): Strategie zur mittel- und langfristigen Versorgung mit hochwertigem forstlichem Vermehrungsgut durch Züchtung in Deutschland. *Thünen Rep 7*. ISBN 978-3-86576-107-1
- LIESEBACH M, LIESEBACH H, SCHNECK V, BÄUCKER C, EUSEMANN P, HEIMPOLD C, LIEPE KJ, PAKULL B, RIECKMANN C, SCHRÖDER J, WOJACKI J (2020): Bereitstellung von leistungsfähigem und hochwertigem Forstvermehrungsgut für den klima- und standortgerechten Wald der Zukunft (FitForClim) –Teilprojekt 4. Großhansdorf, Germany, 66 p.
- LINDGREN D (1975): The relationship between self-fertilization, empty seeds and seeds originating from selfing as a consequence of polyembryony. ISBN 9138022885

- MEIßNER M, VOLMER K, HARDTKE A, STIEHM C, STEINER W (2020): Bereitstellung von leistungsfähigem und hochwertigem Forstvermehrungsgut für den klima- und standortgerechten Wald der Zukunft (FitForClim) – Teilprojekt 1 –. Hann. Münden, Germany, 66 p.
- MULLIN TJ (2017): OPSEL 2.0: a computer program for optimal selection in tree breeding. Report No: ISSN 1404-305X, 24 p.
- SORENSEN FC (1982): The roles of polyembryony and embryo viability in the genetic system of conifers. *Evolution*: 725-733.
- STOEHR MU, OTT P, WOODS JH (2015): Inbreeding in mid-rotation coastal Douglas-fir: implications for breeding. *Annals of Forest Science* 72 (2): 195-204. <https://dx.doi.org/10.1007/s13595-014-0414-0>
- WOODS JH, HEAMAN JC (1989): Effect of different inbreeding levels on filled seed production in Douglas-fir. *Canadian Journal of Forest Research* 19 (1): 54-59. <https://dx.doi.org/10.1139/x89-007>
- WOODS JH, WANG T, AITKEN SN (2002): Effects of inbreeding on coastal Douglas-fir: nursery performance. *Silvae Genetica* 51 (4): 163-170.

Autorinnen

HEIKE LIESEBACH, KATHARINA J. LIEPE,
Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
Kontakt: heike.liesebach@thuenen.de

CORNELIA BÄUCKER
Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3A, 15377 Waldsiedersdorf