

# Methoden zur Charakterisierung von Fichtenklonen (*Picea abies* Karst.)

Von A. SAUER-STECMANN<sup>\*)</sup>, J. KLEINSCHMIT<sup>\*)</sup> und J. LUNDERSTÄDT<sup>\*\*)</sup>

(Eingegangen März / Juni 1978)

## Zusammenfassung

Zur Klärung der Möglichkeiten der Klonidentifikation bei Fichte werden an je 50 4jährigen Fichtenklonen aus 10 Herkünften morphologische, physiologische, chemische und biochemische Merkmale untersucht. Von jedem Klon standen 3 Pflanzen zur Verfügung.

Hier werden die Ergebnisse der Merkmalsvariation in dem Untersuchungsmaterial besprochen. Sehr starker genetischer Kontrolle unterliegen die physiologischen und die biochemischen (Polyphenole und Sesquiterpene) Merkmale sowie der Gehalt an Hauptnährstoffen. Deutlich stärker durch die Umwelt werden morphologische Merkmale beeinflusst.

Für alle untersuchten Merkmale übereinstimmend zeigt sich eine sehr viel weitere Variation zwischen den Klonmittelwerten als zwischen den Herkunftsmitteln. Daraus ergeben sich für die Züchtung sehr viel größere Möglichkeiten für genetischen Gewinn aus einer Klonauslese als aus der Herkunftsauslese.

Die strenge genetische Kontrolle läßt besonders physiologische und biochemische Merkmale für eine Identifikation der Klone geeignet erscheinen.

Schlagworte: Stecklinge, Variation, Identifikation, morphologische Merkmale, physiologische Merkmale, biochemische Merkmale.

## Summary

The aim of this project was to clear up the possibilities of clone identification in Norway spruce by means of morphological, physiological, chemical, and biochemical characteristics.

3 plants of each 50 4 years old clones of 10 provenances (= 1 500 plants) have been analysed.

In this paper the variation of the different characters within the material is discussed.

Physiological characters (flushing time, bud set, lamma shoot formation, length of growing season) and biochemical characters (polyphenols and sesquiterpenes) seem to have strict genetic control. For the content of nutrients about 70% of total variation can be explained by clonal differences. Most morphological characters show much environmental influenced variation. In all characters variation between clonal means is much more expressed than variation between provenance means. This fact demonstrates the possibility for realising genetic gain by individual selection within provenances of Norway spruce. Since physiological and biochemical characteristics seem to be strictly controlled, these characters are suited best for clone-identification.

Key words: Cuttings, variation, identification, morphological traits, physiological characters, biochemical characters.

## 1. Einführung

In einer früheren Veröffentlichung wurde von SAUER et al. (1973) über die Ergebnisse einer ersten Untersuchung an Fichtenstecklingsklonen berichtet, die zum Ziel hatte, Methoden zu deren Charakterisierung zu entwickeln. Die Ergebnisse waren so erfolgversprechend, daß es sinnvoll

<sup>\*)</sup> Niedersächsische Forstliche Versuchsanstalt — Abt. Forstpflanzenzüchtung — 3513 Escherode.

<sup>\*\*) Institut für Forstzoologie der Universität Göttingen, 3400 Göttingen, Büsgenweg.</sup>

erschien, an einer größeren Stichprobe physiologische, morphologische, chemische und biochemische Merkmale zu untersuchen, um Schätzwerte für die genetische Varianz zu erhalten und Möglichkeiten der Klonidentifikation zu prüfen. Die Problemstellung ist die gleiche wie in der ersten Untersuchung: es sollten diejenigen Eigenschaften herausgearbeitet werden, die eine Identifizierung von Klonen ermöglichen, die es aber auch gestatten, Klonmischungen so zusammenzusetzen, daß sie den jeweiligen Anbauorten am besten angepaßt sind und ein möglichst hohes Selbstregulationsvermögen behalten. Da auch hier wieder vor allem solche Merkmale untersucht wurden, die mit möglichst geringem Zeitaufwand und mit der geringsten Schädigung der Pflanze erfassbar sind, kamen Holzuntersuchungen und Wurzeluntersuchungen bei diesem jungen Klonmaterial nicht in Betracht. Die zeitaufwendigen Nadelquerschnittsmessungen wurden nicht wiederholt, da der Informationsgehalt sich als zu gering herausgestellt hatte. Dagegen erschien es sehr erfolgversprechend, weitere biochemische Merkmale näher zu untersuchen (BERNARD-DACAN und BARADAT, 1977).

## 2. Material und Methoden

Von 4jährigen Sämlingen aus den verschiedensten Herkunftsgebieten wurden 1971 Stecklinge geworben, die für die vorliegende Untersuchung als Ausgangsmaterial dienten. Die Pflanzen wurden im Kamp der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt angezogen. Aus 10 Beständen deutscher Herkunftsgebiete wurden je 50 Klone zufallsmäßig ausgewählt. Tabelle 1 gibt eine Übersicht über das Untersuchungsmaterial. Je Klon wurden im Jahre 1973 je 3 Pflanzen markiert und numeriert, so daß alle Untersuchungen an diesen Pflanzen vorgenommen werden konnten. Es wurden neben Höhenmessungen und Wurzelhalsdurchmessserbestimmungen physiologische, morphologische, chemische und biochemische Merkmale untersucht.

Tabelle 1. — Übersicht über das Untersuchungsmaterial

Bestand	Herkunftsbezeichnung der Gebiete, aus denen die Bestände stammen	Anzahl Klone	Anzahl Pflanzen
1	hiederdeutsches Tiefland	50	150
2	Westdeutsches Bergland, 300-600 m	50	150
3	Harzvorland Westerhof	50	150
4	Öberharz über 600 m	50	150
6	Schwarzwald, 300 - 1 000 m	50	150
9	Jura, 300-1 000 m	53	150
10	Frankenwald	50	150
12	Bayerischer Wald, unter 1 100 m	50	150
14	Bayerische Moränen- und Molasselandschaft, unter 900 m	50	150
	Süddeutschland, 300-700 m	50	150

### 2.1 Physiologische Merkmale

Der *Austriebsbeginn* (Stadium 1 nach VOLKERT und SCHNELLE, 1966) wurde einmal wöchentlich bonitiert. Jeder Klon erhielt eine Note, da im Klon keine beobachtbare Streuung auftrat. Hatte nach einer Woche ein bisher noch nicht ausgetriebener Klon bereits Stadium 2 erreicht, wurden für den Austriebstermin 3,5 Tage zurückgerechnet. Unter den hiesigen Klimabedingungen traten innerhalb einer Woche keine größeren Austriebsdifferenzen auf.

Für das Ende der Vegetationszeit wurde nach dem Schema in Tabelle 2 der Zeitpunkt bestimmt, an dem der Ter-

minaltrieb und die Endknospe braun verfärbt sind (Einlagerung von Lignin). Dies gibt sicher nicht exakt den Eintritt des physiologischen Ruhezustandes wieder, ist jedoch ein gut zu beobachtendes und ohne Beschädigung der Pflanze zu beschreibendes Maß. Diese Bonitur wurde ebenfalls einmal wöchentlich durchgeführt. Der Vegetationsabschluß wurde umgerechnet auf die Zeit seit Vegetationsbeginn der frühesten Klonen in Tagen.

Tabelle 2. — Boniturschemata

1. Vegetationsabschluß

Note	Trieb	Knospen
1	grün	grün
2	zur Hälfte leicht gebräunt	an der Spitze bräunlich
3	drei Viertel leicht gebräunt	leicht gebräunt
4	fast durchgefärbi	fast durchgefärbi
5	Trieb und Knospe braun wie übriger Stamm	

2. Baumform-Bonitur

Note	Merkmal
1	Zweignatur, Steckling liegt ± am Boden
2	Zweignatur, strauchartig, ohne Haupttrieb. Bis 45° aufgerichtet
3	Seitenzweige gleich oder fast gleich entwickelt Zwiesel Steckling aufgerichtet
4	Ein Zweig übernimmt die Führung zum Haupttrieb. Noch keine Quirlbildung.
5	Beginnende Quirlbildung. 1 - 2 Zweige im Quirl. Zweignatur verschwindet, aber am Basalteil noch Zweigcharakter.
6	Beginnende Quirlbildung, 1 - 2 Zweige im Quirl. Zweige am Basalteil + quirlig um den Stamm gestellt.
7	Oberster Quirl mit 3 und mehr Zweigen, die quirlig oder sternförmig um den Stamm gestellt sind. Am Basalteil noch Zweigcharakter.
8	Oberster Quirl mit 3 und mehr Zweigen, die spiralförmig oder sternförmig um den Stamm gestellt sind. Zweige am Basalteil ebenfalls ± quirlig um den Stamm gestellt.
9	Zwei unvollständige Quirle (1 - 2 Zweige im Quirl) ausgebildet. Steckling erscheint ungleichmäßig bestastet.
10	Zwei vollständige Quirle (mit 3 und mehr Zweigen) ausgebildet. Normale Baumform.

3. Nadelspitze

Note	Merkmal	Nadelspitze	Widerhaken
1	stumpf	ohne	
2	spitz	auf Nadeloberkante	
3	zugespitzt	aus Nadelunterkante	
4	stachelspitz	auf Nadelober- und unterkante	

Die verschiedenen Möglichkeiten zur Bildung von Johannistrieben wurden nach folgendem Boniturschema erfaßt:

Note	Merkmal
1	ohne
2	Johannistrieb an Seitenzweigen
3	Johannistrieb am Haupttrieb
4	Johannistrieb an Haupttrieb und Seitenzweigen.

Die Aufnahme erfolgte einmal zu einem Zeitpunkt, an dem die frischen Triebe gut sichtbar waren.

Wie bei der Austriebsbonitur konnte für Johannistriebbildung wie auch für die Beendigung der Vegetationszeit im Klon keine sichtbare Variation beobachtet werden, so daß die Klone für die physiologischen Merkmale nur je eine Note erhielten.

2.2 Morphologische Merkmale

Es wurden die Höhen 1972 und 1973 gemessen, der Wurzelhalsdurchmesser ca. 1 cm über dem Erdboden ermittelt und die Zweiglänge von zwei Zweigen jeder Pflanze aus dem obersten Quirl (= 1973) gemessen.

Eine 10stufige Boniturskala (Tab. 2) erfaßte die Baumform jedes Stecklings, wobei Note 1 einen zweigähnlichen, mehr oder weniger am Boden liegenden Steckling beschrieb, während Note 10 bedeutete, daß zwei vollständige Quirle mit 3 und mehr Zweigen ausgebildet waren und ein gerade gewachsener Baum zu erkennen war. Parallel zur Baumformbonitur wurde zusätzlich der Tropismus, d. h. die Umstellung auf orthotropen Wuchs, ermittelt, wobei Note 1 = aufgerichtet, Note 5 = am Boden liegend bezeichnet, 3 und 4 entsprechen wieder Zwischenstellungen in den Winkelbereichen von 55—75°, 35—55° und 15—35°.

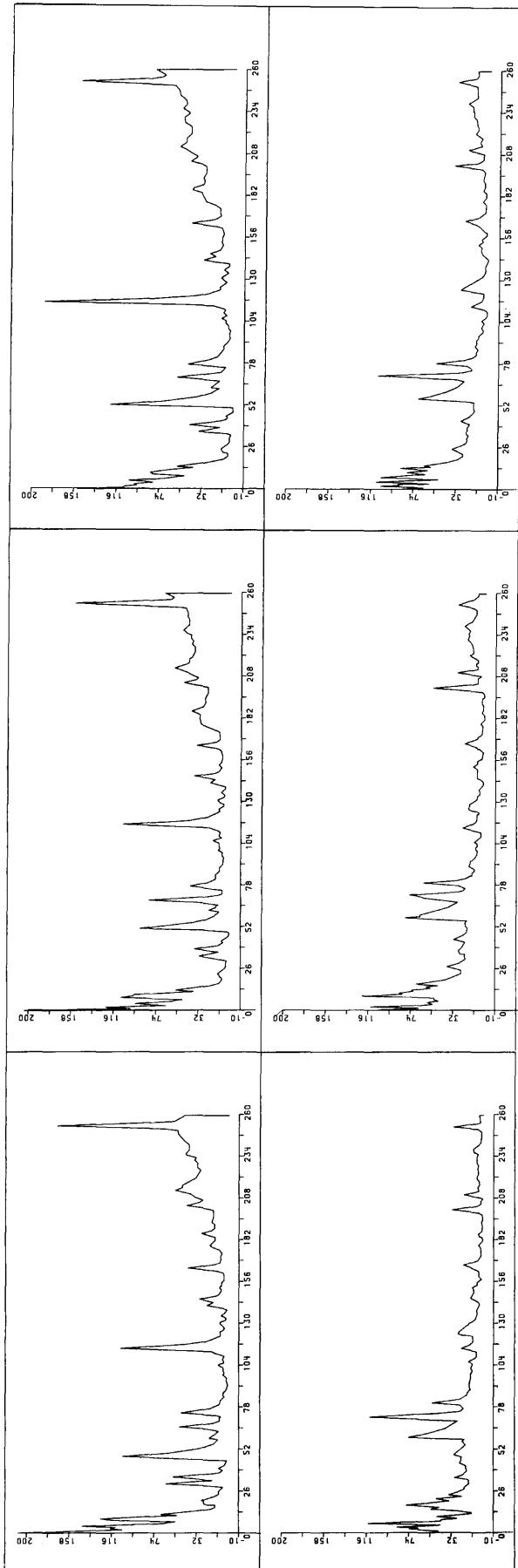


Abbildung 4. — Chromatogramme von jeweils 3 Pflanzen für 2 Klone.  
Chromatograms of 3 single plants of 2 clones.

Der Winkel der Zweige des obersten Quirls zum Terminaltrieb, der *Zweigwinkel*, wurde ebenfalls in Form einer Bonitur ermittelt. An älteren Fichtenkronen ist dies ein gut zu beobachtendes Merkmal. Die Noten reichen von 1 = eng anliegend, bis Note 5 = weit abgespreizt. Die Noten 2, 3 und 4 entsprechen wieder Zwischenstellungen in den Winkelbereichen von 15—35°, 35—55° und 55—75°.

Um eine größere Anzahl von Nadelmerkmalen auf ihre Eignung zur Klonidentifizierung untersuchen zu können und zugleich auch die Möglichkeit zu haben, Pflanzennähr- und Inhaltsstoffe erheben zu können, wurden am 30. und 31. 10. 1973 von jeder Pflanze Zweige I. Ordnung aus den beiden obersten Quirlen entnommen und entsprechend den Aufgabenstellungen behandelt.

An einem 5 cm langen Zweigstück wurden die *Nadelstellung* (von eng anliegend = Note 1, bis weit gespreizt = Note 5, Winkelbereich wie Zweigwinkel) und die *Nadelanzahl* ermittelt. Zur Erhebung weiterer Merkmale wurden die Nadeln bei —2° bis —4° C in einem Mantelkühlhaus gelagert. An je 30 Nadeln einer Pflanze, die zufällig aus der Gesamtnadelzahl entnommen worden waren, wurden das Auftreten von *Widerhaken*, die Form der *Nadelspitze* (Tab. 2), *Nadellänge* in mm und *Nadelbreite* (letztere gemessen mit Meßokular: 20 Teilstreiche = 1 mm) ermittelt. Nach Farbtafeln aus dem Pflanzenfarbenatlas von BIESALSKI (1957) wurde die *Nadelfarbe* für jede Pflanze bestimmt. Die in diesem Atlas genannten Farbbezeichnungen wurden, um die statistische Auswertung zu erleichtern, verschlüsselt, so daß die Skala von blaugrün (22 : 5,5 : 3 = Note 10) bis goldlaubgrün (24 : 5,5 : 3 = Note 30) reichte.

### 2.3 Chemische Analysen der Nährstoffe\*

Zur Bestimmung der Hauptnährstoffe: Stickstoff, Phosphor, Kalium, Calcium und Magnesium wurden die am 30./31. 10. 1973 geworbenen Zweige (ca. 15 cm lang) getrocknet, die Nadeln bei 500 bis 600° C verascht und mit Salzsäure aufgenommen. Die Analysen von K, Ca und Mg wurden mit einem Perkin-Elmer-Atomabsorptions-Spektrometer durchgeführt, die Bestimmung von Phosphor kolorimetrisch mit der Molybdänblau-Methode. Die Stickstoffgehalte wurden mit dem Auto-Analyser von Technikon aus einem Schwefelsäure-Selen-Aufschluß nach Kjeldal ermittelt. Für die Auswertungen wurden die Anteile der Elemente in Prozent der organischen Substanzen herangezogen, um bessere Vergleichsmöglichkeiten zu haben.

### 2.4 Biochemische Merkmale

Als biochemische Merkmale wurden untersucht Phenole bzw. Sesquiterpene, die infolge ihres niedrigeren Dampfdruckes und damit der geringeren Flüchtigkeit gegenüber den einfachen Terpenen leichter zu handhaben sind. Für die gaschromatographischen Analysen wurden 2—5 Nadeln, einschließlich Nadelkissen, vom letztjährigen Jahrgang entnommen und unmittelbar nach der Ernte (30./

31. 10. 1973) so lange in flüssigen Stickstoff getaut, bis sich keine Blasen mehr bildeten. Bis zur Aufarbeitung wurden die tiefgefrorenen Nadeln in Röhrchen baumweise getrennt bei —30° C gelagert. Für jede Analyse wurde eine Nadel in 2 mm lange Stücke geschnitten und diese unmittelbar danach in einer Aluminiumkapsel kalt verschweißt. Die Kapsel wurde mit dem manuellen Dosiersystem MS 41 (Fa. Perkin-Elmer) in den Gaschromatographen (Perkin-Elmer, Fraktometer F 20) eingegeben. Die Trennung erfolgte auf einer 2 m Glassäule mit den folgenden Trennbedingungen: Stationäre Phase 2.5 Gew. % Silikongummi SE 52, Träger: Chromosorb G, AW — DMCS, 80—100 mesh. Die Injektorblocktemperatur betrug 330° C, die Ofentemperatur 100° C isotherm für 2 min., nachfolgend 100 bis 230° C mit einem Anstieg von 5° C pro Minute. Das Trägergas war N<sub>2</sub> mit 60 ml min<sup>-1</sup>, Brenngas H<sub>2</sub> mit 40 ml min<sup>-1</sup> und synthetische Luft mit 320 ml min<sup>-1</sup>.

Nach etwa 20 Analysen wurde der Injektorblock von den im Trägergas mitgeführten Verkohlungsprodukten der Nadeln gereinigt.

Die 1500 Chromatogramme wurden durch die Abt. für Biophotogrammetrie an der Landwirtschaftlichen Fakultät der Universität Göttingen digitalisiert. Es wurden der Startpunkt (a) eines Chromatogramms unter isothermen Bedingungen, der Startpunkt (b) und der Endpunkt (c) des Temperaturprogramms, sowie alle zwischen diesen Punkten liegenden, für die Form des Chromatogramms relevanten, Punkte vermessen. Die Gesamtfläche des Chromatogramms wurde durch schrittweises Aufsummieren der zwischen zwei Punkten liegenden Trapezflächen ermittelt. Ein Punkt n wurde dann als Spitze eines Peaks identifiziert, wenn der senkrechte Abstand auf einer Geraden, die durch die Punkte n<sub>1</sub> und n<sub>2</sub> läuft, positiv ist. Ein Abstand von 1 mm wurde festgesetzt, um Meßungsgenauigkeiten oder extrem kleine Peaks zu eliminieren. Peaks, die außerhalb des Anzeigenbereichs lagen, wurden in erster Näherung durch lineare Interpolation erhalten. Dies geschieht dadurch, daß man durch die vorhandenen Flanken des zu bestimmenden Peaks zwei Geraden legt und diese rechnerisch zum Schnitt bringt. Es ist hierbei sehr wahrscheinlich, daß der errechnete Wert größer als der tatsächlich zu erwartende ist.

Die so gewonnenen Daten wurden einer x-Achsen- und einer Flächentransformation unterworfen, um die Effekte der Probengröße und evtl. Säulenverschmutzung auszuschalten und die Chromatogramme vergleichbar zu machen. Die Flächen wurden auf eine mittlere Flächengröße transformiert. Für die x-Achsentransformation wurde der Abstand von zwei typischen Peaks, die weit voneinander entfernt lagen und in allen Chromatogrammen auftraten, als Bezugsgröße genommen. Alle Einzelwerte wurden entsprechend umgerechnet. Ausgewertet wurden solche Peaks, die im Bereich 18 bis 260 auf der x-Achse lagen. Der Rf-Bereich von 18—260 entspricht einer Laufzeit des Temperaturprogramms von 1,8—26 Minuten.

a)	26	52	78	104	130	156	182	208	234	260
b)	106,5	113	119,5	126	132,5	139	145,5	152	158,5	165
c)	1.3	2.6	3.9	5.2	6.5	7.8	9.1	10.4	11.7	13.0

Abbildung 4

a = Plotterausdruck gemäß Abbildung 4

b = T[°C]

c = t[min]

\* ) Die chemischen Analysen wurden im Institut für Bodenkunde und Waldernährung der Universität Göttingen durchgeführt, wofür wir hier danken möchten.

Über alle Klone wurden insgesamt bis zu 82 Peaks gefunden und statistisch bearbeitet. Eine Identifizierung der Einzelparks konnte wegen des hohen Zeit- und Arbeitsaufwandes nicht vorgenommen werden. Unter dem Gesichtspunkt der „Klonidentifizierung“ wurden die Muster wie „Fingerabdrücke“ miteinander verglichen, so wie sie sich nach der gaschromatographischen Trennung ergaben.

### 3. Auswertungsmethoden

Die Rechenarbeiten wurden auf der UNIVAC 1108 der Gesellschaft für wissenschaftliche Datenverarbeitung in Göttingen ausgeführt.

Für alle Merkmale wurden zweistufige hierarchische Varianzanalysen mit dem Programm BMD 08V gerechnet und die Varianzkomponenten geschätzt (Modell zufällige Effekte). Um die mehrstufigen Merkmale (Bonituren) auch varianzanalytisch berechnen zu können, wurden die Daten transformiert ( $V \times$ ) und dann wie quantitative Merkmale ausgewertet. Im Chi<sup>2</sup>-Test ( $k \times 2$ -Felder-Tafeln (BRANDT-SNEDECOR)) wurden die Herkunftsgebiete aus den Häufigkeitsverteilungen der Einzelwerte der physiologischen und einiger morphologischen Merkmale getestet. Für die Signifikanzniveaus gelten: 5% = \*, 1% = \*\*, 0,1% = \*\*\*.

### 4. Ergebnisse

In Tabelle 3 sind die Ergebnisse der Varianzanalysen aufgeführt. Für die physiologischen Merkmale Austriebsbeginn und Ende der Vegetationszeit unterscheiden sich die Herkünfte im F-Test signifikant, nicht jedoch in der Johannistriebbildung. Der Varianzanteil „Klone“ ist bei allen drei Merkmalen mit 86 bis 98% sehr hoch. In Abbildung 1 sind die 500 Klone, getrennt nach ihren Herkunftsgebieten, im Austriebsbeginn und Vegetationsabschluß aufgezeichnet. Es fällt hierbei auf, daß auf dem Individualniveau alle Kombinationen auftreten: Frühreibende Klone mit frühem Abschluß, mittlerem und spätem Abschluß, spätreibende Klone mit frühem, mittlerem und spätem Abschluß usw. Vergleicht man die Klone der Herkunft 3 mit denen der anderen Herkünften, so sieht man, daß hier die Mehrzahl der Klone bereits 7 Tage nach Beobachtungsbeginn ausgetrieben haben, während bei Herkunft 14 die meisten Klone erst nach 21 Tagen auszutreiben anfangen. Herkunft 3 hat im Vergleich zu Herkunft 14 eine sehr viel längere Vegetationszeit — und damit auch die Möglichkeit, im gleichen Jahr einen größeren Höhenzuwachs zu haben (s. Tab. 6).

Tabelle 3. — Zweifache hierarchische Varianzanalyse, orthogonal, Modell zufällige Effekte

MERKMAL	F-WERTE HERKÜNTFE	KLONE	EMO-RELATIV HERKÜNTFE	KLONE	REST
AUSTRIEB	6,88****	0	13,9	86,2	0
VEGETATIONSABSCHLUSS	7,99****	0	12,2	87,8	0
JOHANNISTRIEB	1,81 N.S.	0	1,6	98,4	0
HÖHE 1972	12,17****	4,71****	13,7	45,2	41,1
HÖHE 1973	15,09****	5,08****	16,9	48,6	34,5
STAMMDURCHMESSER	8,22****	2,00****	7,85	32,6	59,6
ZWEIGLÄNGE	15,42****	5,43****	17,4	47,3	35,3
NADELLÄNGE	3,29****	4,02****	3,5	49,7	46,8
NADELBREITE	12,79****	6,25****	14,7	55,4	29,9
ZWEIGWINKEL	4,34****	8,31****	5,8	66,7	27,5
TROPISMUS	1,70 N.S.	2,66****	0,3	32,6	67,1
BALMFORM	2,24*	2,16****	1,8	25,3	72,9
NADELANZAHL	10,22****	4,95****	11,5	48,3	40,2
NADELFARBE	2,26*	4,44****	2,6	51,3	46,1
NADELSTELLUNG	1,28 N.S.	3,72****	0,7	40,9	59,4
NADELSPITZE	1,89*	7,12****	0,2	67,7	32,1
WIDERHAKEN	3,15****	5,20****	3,1	57,3	39,6
STICKSTOFF	11,05****	9,72****	14,1	62,6	23,3
PHOSPHOR	5,83****	11,77****	6,5	72,8	20,7
KALIUM	5,61****	10,32****	6,4	71,8	21,8
CALCIUM	3,76****	11,33****	4,1	74,5	21,4
MAGNESIUM	17,96****	17,21****	22,3	65,4	12,3

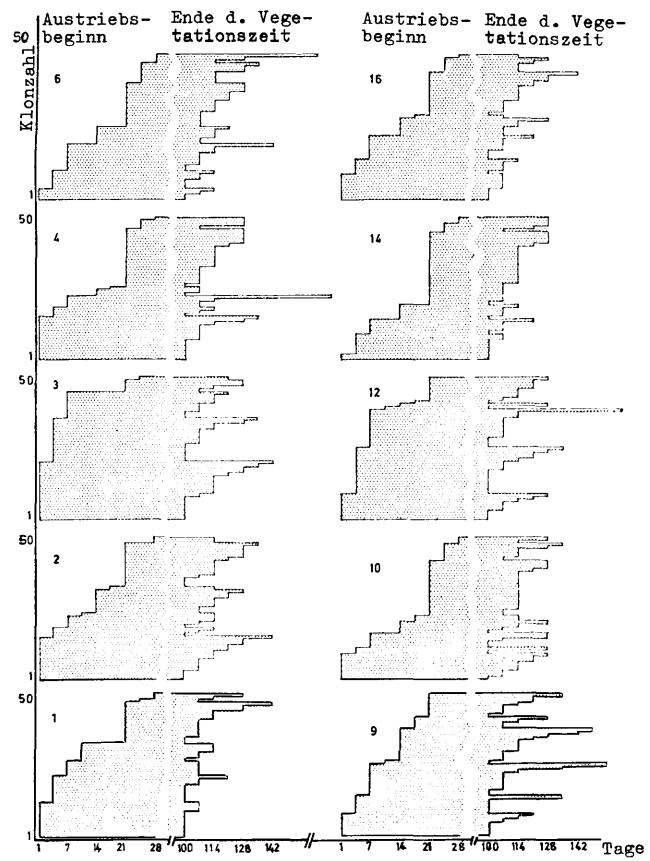


Abbildung 1. — Austrieb, Vegetationsabschluß und Länge der Vegetationszeit von je 50 Klonen in 10 Herkünften.

Flushing, bud set and length of growing season of each 50 clones within 10 provenances.

Die Variation zwischen Herkunftsmittern und zwischen Klonmitteln ist in Abbildung 2 dargestellt, sie gibt zugleich einen Einblick in die Auslesemöglichkeiten auf dem Herkunfts niveau und auf dem Klonniveau. Es zeigt sich überraschend klar, wie viel größer die Möglichkeiten für genetischen Gewinn auf dem Klonniveau als auf dem Herkunfts niveau sind (s. auch Tab. 4).

Die Unterschiede zwischen Herkunftsgebieten wie auch zwischen Klonen in den Herkunftsgebieten sind für die Höhen mit 0,1% Wahrscheinlichkeit gesichert. Die Reststreuung (= Streuung in Klonen) nimmt bei der Höhe von 1972 auf 1973 ab. Auch beim Wurzelhalsdurchmesser sind Unterschiede zwischen Herkünften wie zwischen Klonen auf dem 0,1%-Niveau statistisch gesichert, doch ist der Anteil der Reststreuung mit 60% sehr hoch. Abbildung 3 zeigt für die wichtigsten quantitativen Merkmale die Streuung zwischen Herkunftsmittern, Klonmitteln und Einzelpflanzen. Auch hier bestätigen sich die deutlich besseren Auslesemöglichkeiten auf dem Klonniveau als auf dem Herkunfts niveau, die sich in einem rd. 3fach so großen genetischen Gewinn bei gleicher Ausleseintensität niederschlagen (Tab. 4). Für die anderen Merkmale ergeben sich ganz ähnliche Bilder, auf deren Wiedergabe hier aber aus Platzgründen verzichtet wird.

Für die Merkmale Zweiglänge, Nadellänge und Nadelbreite sind Herkunfts- und Klonunterschiede hochsignifikant gesichert.

Sehr viel geringer ist der Varianzanteil „Zwischen Herkünften“ für die transformierten qualitativen Merkmalswerte. Zwischen den Klonmittelwerten bestehen jedoch für

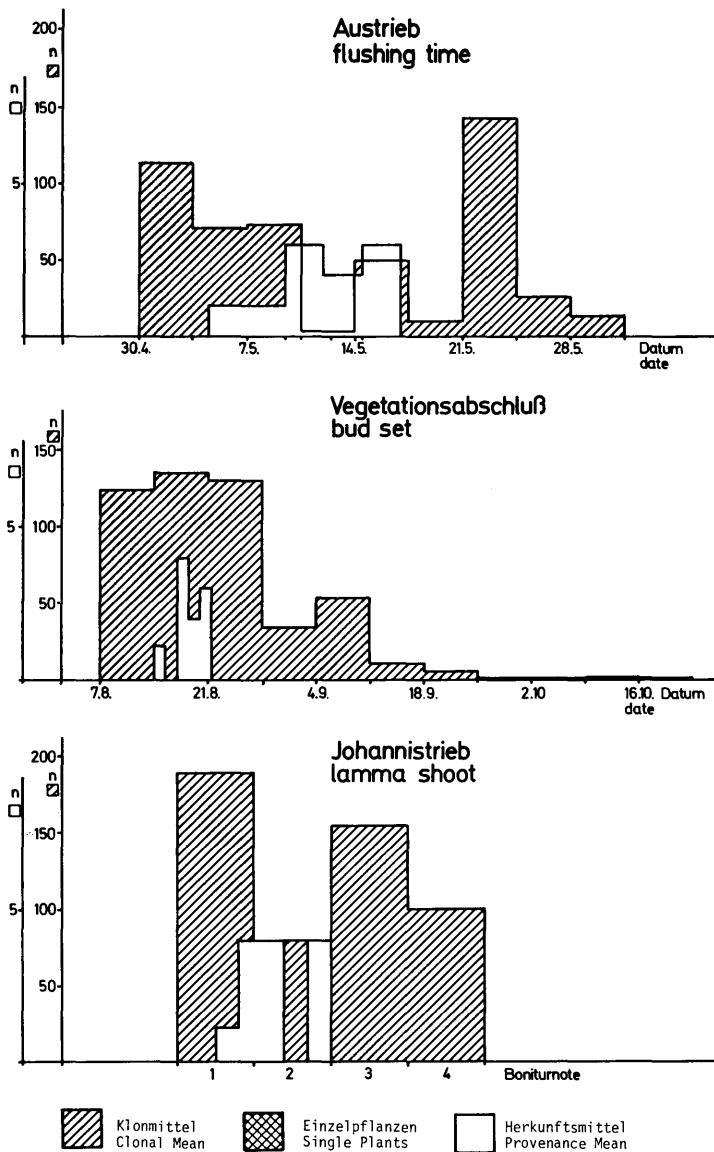


Abbildung 2. — Häufigkeitsverteilung der physiologischen Merkmale für Herkunfts- und Klonmittelwerte. Maßstab für Herkünfte und Klone verschieden.

Frequency Distribution of the Physiological Characters for Provenance and Clonal Means. Skale for provenances and clones differ.

Tabelle 4. — Genetischer Gewinn in % von  $\bar{x}$  für Herkunftsauslese und Klonauslese bei unterschiedlichen Ausleseintensitäten

Merkmal	$(\Delta G \%) = \frac{i \cdot \sigma_p \cdot h^2}{\bar{x}} \cdot 100$			
	$1\sigma_p$ (= 15,9 % der Population)	$2\sigma_p$ (= 2,3 % der Population)	$3\sigma_p$ (= 0,14 % der Population)	
	Herkunft	Klon	Herkunft	Klon
Austrieb	10 %	67,4 %	20 %	134,8 %
Vegetationsabschluß	-	93,0 %	-	186 %
Johannistrieb	7 %	44 %	14 %	82 %
Höhe 1972	3,3 %	10,6 %	6,6 %	21,2 %
Höhe 1973	3,6 %	10,3 %	7,1 %	20,5 %
Wurzelhalsdurchmesser	1,6 %	6,4 %	3,1 %	12,8 %
Zweigwinkel	1,0 %	11,8 %	2,1 %	23,5 %
Zweiglänge	4,2 %	11,5 %	8,5 %	23,0 %
Nadelänge	0,6 %	9,2 %	1,2 %	18,3 %
Nadelbreite	2,1 %	8,0 %	4,2 %	15,9 %
Stickstoff	1,7 %	7,8 %	3,5 %	15,6 %
Phosphor	0,8 %	10,2 %	1,7 %	20,3 %
Kalium	0,9 %	10,5 %	1,8 %	20,9 %
Calzium	0,9 %	16,8 %	1,8 %	33,6 %
Magnesium	4,8 %	16,8 %	9,6 %	33,7 %
				14,4 %
				50,5 %

alle hochsignifikante Unterschiede. Die Herkunftsunterschiede sind für *Zweigwinkel*, *Widerhaken* und *Nadelanzahl* mit 0,1% gesichert. Für den Zweigwinkel konnten wir an älteren Fichtenklonen, die versuchsmäßig auf extrem verschiedenen Standorten angebaut worden waren, eben-

falls hochgesicherte Unterschiede finden. Keine gesicherten Unterschiede auf der Herkunftsebene gibt es für *Tropismus* und *Nadelstellung*; Klonmittelwerte sind aber auch hier hochsignifikant voneinander verschieden. Die Reststreuung ist bei diesen Merkmalen jedoch mit 60 bis über 70% sehr hoch. Für die *Nadelfarbe* bestätigt der Varianzanteil „Zwischen Klonen“ die im Freiland gemachte Beobachtung, daß direkt nebeneinander stehende Klone in der Farbe stark voneinander abweichen können. Für die *Baumform* zeigen sich statistisch eindeutig gesicherte Unterschiede zwischen den Klonen, aber die Reststreuung ist mit 73% sehr hoch. Ähnliche Ergebnisse bringen die Beobachtungen über die Form der Nadelspitze.

In Tabelle 5 wurde Herkunft 3 gegen jeden anderen Bestand in den physiologischen und einigen morphologischen Merkmalen mit dem  $\chi^2$ -Test ( $2 \times s$  — Felder — Tafel) getestet. Die Übersicht zeigt, daß sich Klone aus den Beständen 3 und 12 ähnlich verhalten, wie die geringe Zahl signifikanter Unterschiede beim Vergleich zeigt. Der Vergleich mit den übrigen 8 Herkünften ergibt, daß sich hier die Häufigkeitsverteilungen der Merkmale statistisch gut unterscheiden lassen.

In Tabelle 6 sind Herkunftsmitittelwerte physiologischer und einiger morphologischer Merkmale aufgeführt, um einen Einblick in die Variation der Merkmale auf dem Herkunfts niveau zu geben.

Tabelle 5. — Vergleich der Herkunft 3 mit den übrigen im  $\chi^2$ -Test  
 $2 \times s$  — Felder-Tafel, aus Häufigkeitsverteilungen der Einzelwerte)

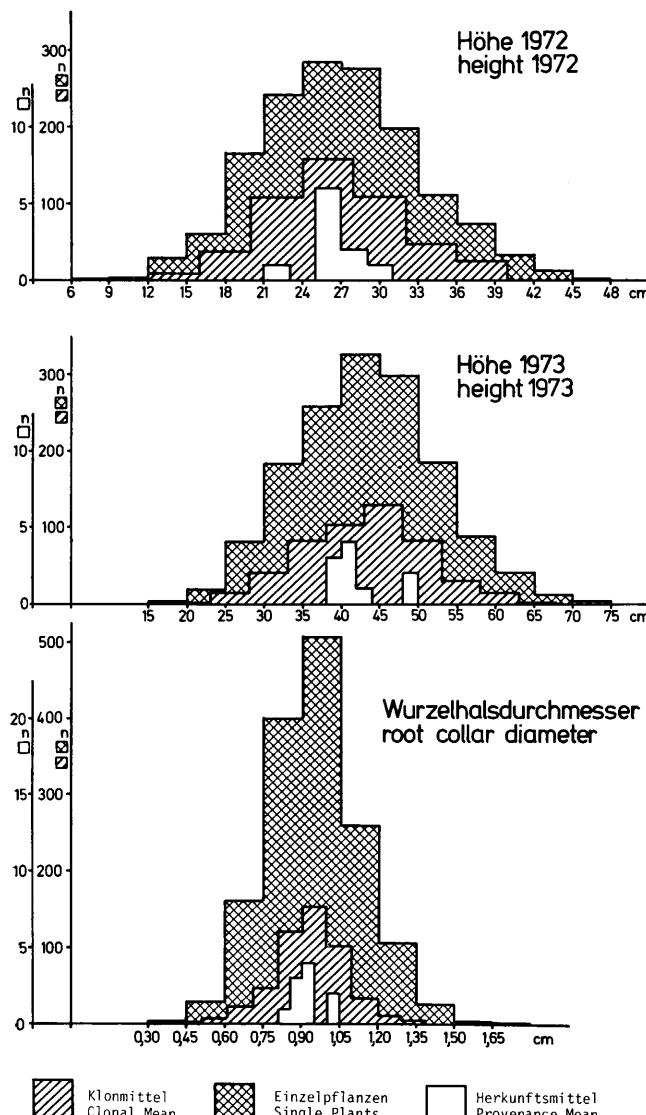


Abbildung 3. — Häufigkeitsverteilung von Höhe und Wurzelhalsdurchmesser für Herkunfts- und Klonmittelwerte, sowie für Einzelpflanzen. Maßstab für Herkünfte anders als für Klone und Einzelpflanzen.

Frequency Distribution of Height and Root Collar Diameter for Provenance- and Clonal Means and for Single Plants. Skale for provenances differs from clones and single plants.

(xxx = Signifikanzniveau 0,1 %,  
xx = " 1,0 %,  
x = " 5,0 %;  
Fehlstellen bedeuten nicht signifikant)

Tabelle 6. — Herkunftsmitittelwerte der physiologischen und einiger morphologischer Merkmale

Merkmal	1	2	3	4	6	9	10	12	14	14	Gesamt
Austrieb	10,76	11,31	4,9	12,43	14,85	10,19	14,9	7,34	15,74	12,99	11,54
Vegetationsabschluß	107,56	113,86	111,06	112,74	114,28	112,18	114,42	111,48	111,20	110,92	111,97
Johannistrieb	1,58	2,34	2,94	2,08	2,22	2,70	2,26	2,98	1,88	1,84	2,28
Höhe 1972	25,98	25,91	28,25	26,95	25,87	21,49	30,62	28,16	25,08	25,50	26,38
Höhe 1973	41,12	41,34	49,58	41,62	41,78	38,86	45,26	48,73	38,46	39,74	42,65
Stammdurchmesser	8,93	9,24	10,26	9,20	8,97	8,40	9,15	10,07	9,20	8,98	9,24
Zweiglänge	9,94	10,13	12,49	9,62	10,17	10,84	9,91	12,10	9,45	9,60	10,42
Nadellänge	12,70	12,94	12,25	13,07	12,46	12,07	13,48	12,55	12,86	12,52	12,68
Nadelbreite	16,85	15,71	17,61	15,35	16,53	16,97	15,55	17,50	15,93	16,29	16,42

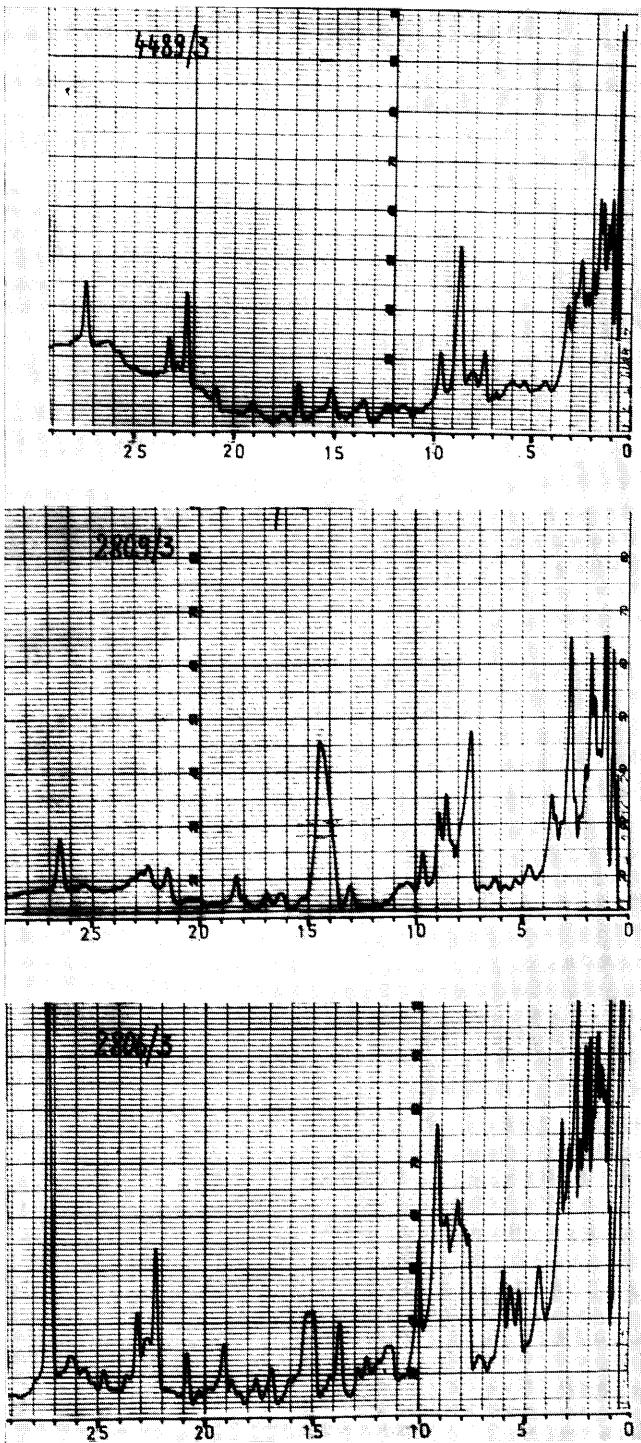


Abbildung 5. — Chromatogramme von 3 Einzelpflanzen von 3 verschiedenen Klonen.

Chromatograms of 3 single plants of 3 different clones.

Die Ergebnisse der Nährstoffanalysen zeigen, daß sich die Konzentration aller Hauptnährstoffe sowohl auf Herkunfts- wie auch auf Klonebene hochsignifikant voneinander unterscheiden. Der Varianzanteil „Klone“ ist hier mit 60 bis über 75% im Vergleich zu einigen morphologischen Merkmalen recht hoch. Das heißt, daß die Fähigkeit, Nährstoffe aufzunehmen und zu verarbeiten stark genetisch kontrolliert wird. Dies bestätigt die Ergebnisse, die EVER (1973) an einem begrenzteren Material gefunden hat. Es muß hier besonders darauf hingewiesen werden, daß die Pflanzen unter vergleichsweise homogenen Bedingungen aufgewach-

sen sind. Bei stärker unterschiedlichen Klima- und Bodenverhältnissen wird die Reststreuung sicherlich höher sein als hier mit 12 bis 23%.

Für die 82 Peaks aus den gaschromatographischen Analysen wurden zunächst für alle Klone und Herkünfte Mittelwerte errechnet. In Abbildung 4 sind die Chromatogramme von jeweils 3 Einzelpflanzen am Beispiel von 2 Klonen und in Abbildung 5 die Chromatogramme von je einer Einzelpflanze von 3 sehr unterschiedlichen Klonen dargestellt.

Für die 82 Peaks wurden ebenfalls Varianzanalysen gerechnet. Hierbei waren nur für die Peaks 11, 28, 31, 32 und 80 die Anteile genetischer Varianz sehr gering, diese Peaks wurden aus den weiteren Berechnungen herausgelassen, weil sie für die Unterscheidung von Klonen zu wenig Information liefern. Für alle anderen Peaks waren Klonmittelwerte statistisch hochsignifikant verschieden. Der Varianzanteil „Zwischen Herkünften“ betrug bei den Peaks 13, 22, 68, 76 und 81 über 20% der Gesamtvarianz, die Reststreuung für die Peaks 29 und 79 betrug 46,8 bzw. 41,9%. Zusammenfassend läßt sich aus dieser großen Zahlenmenge folgern, daß bis auf die oben erwähnten 5 Peaks bei allen übrigen die Anteile genetischer Varianz sehr hoch sind und diese biochemischen Merkmale daher gut für Identifikationszwecke geeignet sind. In Abbildung 6 sind die Anteile der Varianz zwischen Herkünften und Klonen im Verhältnis zur Gesamtvarianz graphisch dargestellt. Diese Abbildung verdeutlicht, wie stark die genetisch bedingten Streuungsursachen gegenüber der Reststreuung überwiegen. In Abbildung 7 wurden die Häufigkeiten der Peaks für eine norddeutsche (Herkunft 1 = Niederdeutsches Tiefland), eine Herkunft aus dem niedersächsischen Bergland (Herkunft 3 = Westerhof) und eine süddeutsche Herkunft (Herkunft 16 = Süddeutschland) aufgetragen. Für den Bereich einiger Peaks (z. B. Nr. 7 oder Nr. 14) scheint ein Gradient von Nord nach Süd aufzutreten. Da über die Autochthonie der Herkünfte aber keine absolute Gewißheit besteht, können hieraus keine so weitreichenden Folgerungen gezogen werden, wie sie SQUILLACE (1976, 1977) bei den geographischen Variationsmustern von *Pinus elliottii* möglich waren.

## 5. Diskussion

Alle diejenigen Merkmale, die besonders stark genetisch kontrolliert werden, d. h. einen hohen Anteil genetischer Varianz haben, sind für Identifikationszwecke sehr gut geeignet. Das bedeutet, daß sich vor allem die physiologischen Merkmale für diese Zwecke eignen. Es folgen die biochemischen Merkmale, bei denen allein 20 Peaks Varianzanteile zwischen Herkünften und Klonen von über 90% haben, die Nährstoffgehalte liegen als Merkmale hier noch vor den morphologischen, bei denen vor allem die Bonituren den größten Anteil an umweltbedingter Reststreuung aufweisen. Diese Ergebnisse sind insofern von Bedeutung, weil die physiologischen Eigenschaften der Pflanzen gut zu beobachten sind, schnell erfaßt werden können und ohne jegliche Schädigung der Pflanzen bestimmt werden. Für die Beurteilung biochemischer Merkmale genügt es, ein paar Nadeln zu entnehmen und mit standardisierten Methoden zu untersuchen. Es erscheint nach den hier vorliegenden Ergebnissen nicht nötig, Nadelmerkmale zu Identifikationszwecken mit heranzuziehen, sie erbringen den geringsten Informationsgehalt und sind am zeitaufwendigsten zu erfassen.

Aus der Sicht der Populationsgenetik ist es besonders bemerkenswert, wie weitgehend sich auf dem Individualniveau die verschiedenen Populationen in allen Merkmalen

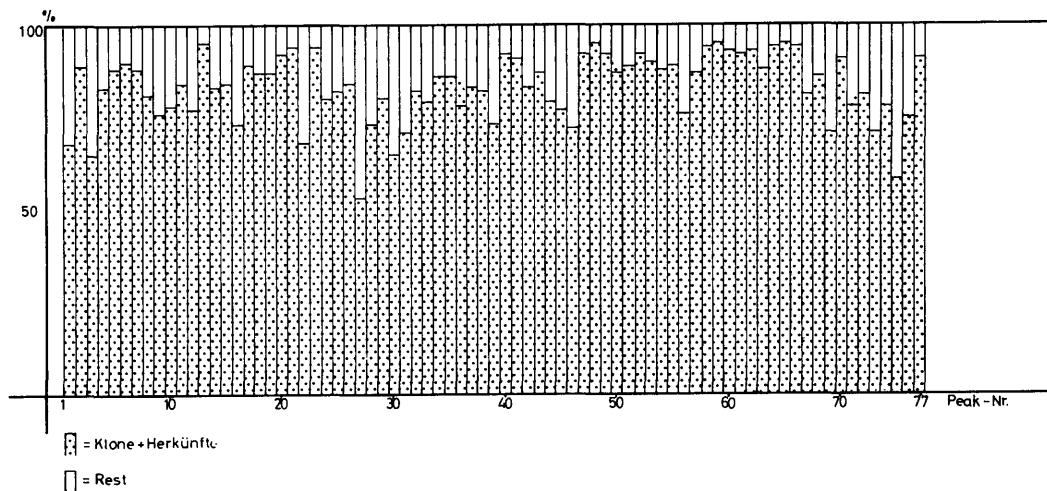


Abbildung 6. — Anteile genetischer Varianz an der Gesamtvarianz dargestellt für 77 Peaks aus den Gas-chromatogrammen

Percentage of genetic variation for 77 peaks from gaschromatograms

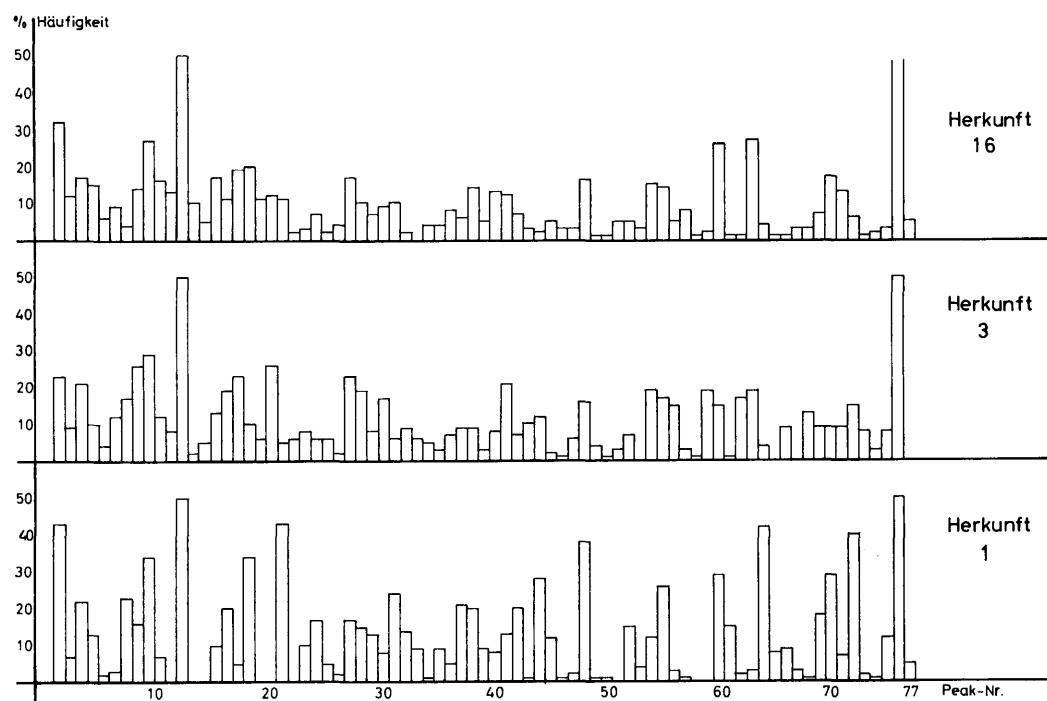


Abbildung 7. — Häufigkeitsverteilung der Peaks in 3 verschiedenen Herkünften.  
Frequency distribution of peaks within 3 different provenances.

überlappen und wie außerordentlich groß die Formen-mannigfaltigkeit innerhalb der weitgehend als natürlich (= vom Menschen unverändert) anzusehenden Populationen ist. Allein in den Unterschieden der Häufigkeit bei den Ausprägungsstufen der verschiedenen Merkmale zeigen sich Herkunftsdifferenzen. Dagegen sind die Klonunter-schiede innerhalb der Populationen zum Teil drastisch. Dies stellt eine große Reaktionsreserve für die Populatio-nen beim Aufwachsen in heterogener Umwelt dar und si-chert damit das Überleben auch bei einschneidenden Um-weltveränderungen. Diese Zusammensetzung ermöglicht aber zugleich dem Züchter durch Individualauslese einen weit größeren Gewinn zu erzielen als durch Auslese ganzer Populationen. In Tabelle 4 wurde der mögliche genetische Gewinn bei Auslese für jeweils nur ein einzelnes Merkmal errechnet. Die hier ermittelten Gewinne stellen zweifellos Übergrenzen dar, die in der Praxis aus verschiedenen

Gründen nicht realisiert werden können:

1. Die Auslese wird meist mehrere Merkmale einschließen, was den Gewinn für das einzelne Merkmal reduziert.
2. Genotyp-Standort Interaktionen treten auf, die auf dem Individualniveau größer sind als auf dem Populations-niveau.
3. In Klongemischen wird man bewußt genetische Varia-tion erhalten, um eine Risikominderung zu erreichen.

Die Zahlen in Tabelle 4 sollen nur der Klärung der gro-ßen Unterschiede in den Auslesemöglichkeiten bei Her-künften und Klonen dienen.

Die Zusammenhänge zwischen den Einzelmerkmalen und die Zuordnungsmöglichkeiten von Einzelpflanzen zu Klo-nen und von Klonen zu Herkünften werden in 2 weiteren Arbeiten dargestellt werden.

Die Untersuchung wurde aus Mitteln der Deutschen For-

schungsgemeinschaft gefördert, wofür auch hier gedankt wird.

## 6. Literatur

BERNARD-DAGAN, C., und BARADAT, TH.: Anwendung der Terpene als Hilfsmittel in der Forstgenetik. EEC Symposium on Forest Tree Biochemistry, Brüssel, S. 109—132 (1977). — BIESALSKI, E.: Pflanzenfarbenatlas für Gartenbau, Landwirtschaft und Forstwesen. Musterschmidt-Verlag, Göttingen, Berlin, Frankfurt (1957). — EVERE, F. H.: Genetische Unterschiede im Mineralstoffgehalt der Nadeln junger Fichten (*Picea abies* L. KARST.). Mitt. Verein Forstl. Standortskunde und Forstpflanzenzüchtung 23, 67—71 (1973). — SAUER, A.,

KLEINSCHMIT, J., und LUNDERSTÄDT, J.: Charakterisierung von Fichtenklonen (*Picea abies* KARST.) mit Hilfe morphologischer, physiologischer und biochemischer Methoden. Silv. Gen. 22, 173—182 (1973) (hier auch ausführliche Literaturangaben). — SQUILLACE, A. E.: Analyse of Monoterpene of Conifers by Gas-Liquid Chromatography. In: MIKSCH, J. P., and RHINLANER, J. P.: Modern Methods in Forest Genetics, S. 120—157 (1976). — SQUILLACE, A. E.: Monoterpenzusammensetzung des Harzes kortikalens Gewebes bei *Pinus elliottii* und die Anwendbarkeit in der genetischen Forschung. EEC Symposium on Forest Tree Biochemistry, Session I, Brüssel, S. 39—54 (1977). — VOLKERT, E., und SCHNELLE, F.: Arboreta Phaenologica. Mitt. d. Arbeitsgemeinschaft Internat. Phaen. Göttingen (1966).

# Versuche mit Fichtenpropflingen zur Blühinduktion durch Wirkstoffbehandlung

Von H. BLEYMÜLLER

Institut für Forstpflanzenzüchtung, Samenkunde und Immissionsforschung, Amalienstr. 52, D-8000 München 40

(Eingegangen Dezember 1977 / Januar 1978)

## Zusammenfassung

Beschrieben werden zwei Versuche mit Wirkstoffkombinationen in einer Fichtensamenplantage (Anwendung der Wuchsstoffe kurz vor dem Austreiben und der Hemmstoffe kurz vor und nach dem Abschluß des vegetativen Wachstums).

1974 wurde die Bildung weiblicher Blüten gefördert durch GA + CCC, IES + CCC und KI + MH, die Bildung männlicher Blüten dagegen ausnahmslos gehemmt. Der Kronenbereich des Blütenansatzes entsprach den bisherigen Kenntnissen (unten männlich, Mitte und oben weiblich), die Himmelsrichtung dagegen wurde durch die Behandlungen signifikant beeinflußt, und zwar förderte GA + CCC nur auf den lichtreicherem Baumseiten (Westen und Süden), KI + MH auch im Norden und Osten. Die Wiederholungen des Versuches 1976/77 brachten im wesentlichen eine Bestätigung der Ergebnisse von 1973/74, wenn auch hier keine Topophysische Effekte nachweisbar waren.

## Summary

Two trials with some combinations of growth regulators (GA + CCC, GA + MH, IES + CCC, IES + MH, KI + CCC, KI + MH, control) in a spruce seed orchard are described (application of growth stimulators shortly before sprouting, of growth inhibitors shortly before and immediately after the termination of the vegetative growth). In 1974 the induction of female flowers was promoted by GA + CCC, IES + CCC and KI + MH, male flowering was inhibited by all combinations. The location of flowers at the crown corresponded to the existing knowledge (i.e. male below, female middle and above). The position with regard to compass points, however, was significantly influenced by the treatments in such a way that GA + CCC promoted flowering only on the tree sides more exposed to light, i.e. west and south, KI + MH also on the northern and southern sides. The repetition of the trials 1976/77 confirmed essentially the results of 1973/74, despite the fact that effects of topophysis could not be proved.

**Key words:** Norway spruce, flowering, hormones, topophysis.

## 1. Einleitung

Blühstimulationsversuche an Coniferen zur Verbesserung der Züchtungsmethodik gibt es seit langem (z. B. HASHIZUME 1968, LONGMAN u. WAREING 1957, MATTHEWS 1963, MELCHIOR

1961, PHARIS 1976 a, b, WAREING u. LONGMAN 1960). Meist sollte dabei, aufbauend auf Erfahrungen an krautigen Pflanzenarten und Obstgehölzen, die Blütenbildung vor allem durch Veränderung der Ernährungsverhältnisse (Düngung und mechanische Verfahren wie z. B. Schnitte oder Strangulation) gefördert werden, weil eine Veränderung der Photo- oder Thermoperiode wegen der Unhandlichkeit des Versuchsmaterials außerordentlich schwierig war. Parallel zu diesen relativ wenig erfolgreichen Untersuchungen wurde auch immer wieder versucht, hypothetische Stoffwechselvorgänge bei der Blütenbildung durch möglichst direkte Beeinflussung des genetischen Materials zu steuern, und zwar durch wachstumsregulierende Substanzen (native Phytohormone und synthetische Wirkstoffe) oder durch Nukleinsäuren (WARDELL 1976 an TABAK). Behandlungen mit derartigen Substanzen hatten auch an Pinaceen teilweise überraschend positive Ergebnisse (DUNBERG 1974, MELCHIOR u. KNAPP 1962, PHARIS 1976, PHARIS et al. 1976, ROSS u. PHARIS 1976, TOMPSETT 1976) leider aber bisher nicht bei *Picea abies*. Auch bei anderen Pinaceen konnte bis vor kurzem mehr oder weniger nur die Blühstärke adulter Pflanzen modifiziert werden, ohne daß eine denovo-Blühinduktion adulter oder gar juveniler Pflanzen erreichbar war.

Bei diesem Stand des Wissens erschien es zu Beginn der hier beschriebenen Untersuchungen sinnvoll, auf die Grundlagen der Kenntnis oder Theorien über die Blütenbildung bei Pflanzen zurückzugreifen.

Es gibt im wesentlichen zwei Haupttheorien über die Voraussetzungen zur Induktion von Blütenknospen (= Blühinduktion). Die eine (CHAILACHIAN 1936, 1968 a, b, 1970, 1977, CARR 1967) vermutet als Ursache den Einfluß blühfördernd wirkender Stoff (Blühhormone, Anthesine, Vernalin), die andere (v. DENFFER 1950, BAXTER 1970) baut auf der morphologischen Erklärung der Blütenontogenese auf (= Blüten entstehen durch Wachshemmung von Internodien) und nimmt deshalb an, daß Blüten gewissermaßen Nebenprodukte einer Hemmung des vegetativen Wachstums seien. In den letzten Jahren (BLEYMÜLLER 1973, 1977, SAURE pers. Mitt. 1972, THORNLEY 1972) wurde versucht, durch die Synthese beider Theorien eine Fülle bisher schwer erkläbarer Beobachtungen zu interpretieren. Die Frage, ob diese fördernden oder hemmenden Stoffe denovo gebildet werden oder ob sich nur ihre intrazelluläre Relation ändert, kann hier nicht geklärt werden. Beiden theoretischen Möglichkeiten widerspricht aber nicht die Annahme, daß