



FORÆDLING I DANSK STILKEG AF HOLLANDSK OPRINDELSE

Et studie i scoringsmetode til præcisering
af avlsudvalg i frøplantage

" Breeding in Danish pedunculate oak from
Dutch origin – A study of scoring method for
more precise selection of breeding stand in seed
orchard."

Marie Gro Pay

Bachelorprojekt

Skov- og landskabsingeniør årgang 2023

Skovskolen Nødebo, Københavns Universitet

Kurstittel: LSL10063U Bachelorprojekt for Skov- og landskabsingeniører årgang 2023

Projektittel: "Forædling i dansk stilkeg af hollandsk oprindelse - Et studie i scoringsmetode til præcisering af avlsudvalg i frøplantage"

Project title in English; "Breeding in Danish pedunculate oak from Dutch origin – A study of scoring method for more precise selection of breeding stand in seed orchard."

Bachelorvejleder: Kirsten Carlsen, Skovskolen Nødebo, Københavns Universitet

Projektvejleder: Gunnar Friis Proschowsky, Planteavlsstationen, Naturstyrelsen Nordsjælland

Vejleder kvantitative dataanalyse: Jon Kehlet Hansen, Institut for Geovidenskab og Naturforvaltning, Københavns Universitet

Studerende: Marie Gro Pay (M.G. Pay)

Studienummer: tdv765

Digital eksamen ved Københavns Universitet.

Dato for aflevering: 23.08.2023.

Mundtlig forsvar ved Københavns Universitet, Skovskolen Nødebo.

Dato for eksamen: 06.09.2023

Forsidefotos af M.G. Pay, 2023.

Fra toppen:

- Hunblomster og hanrakler på stilkeg i udspring, 25. maj på Ostrupgård, Naturstyrelsen Nordsjælland.

- Et snart hugstmodent egetræ der har bidraget til mange afkom i de danske skove, 6. juli i Grevindeskoven på Bregentved

ABSTRACT

The main aim of this bachelor thesis has been to study the use of a differentiated scoring system for stem form. More knowledge of how phenotype variations and genotype variations, for different traits affecting stem form, are correlated, is needed. The study should result in a more precise genetic selection in a seed seedling orchard (SSO) of Danish pedunculate oak (*Quercus robur L.*) of Dutch origin. There is at the time of writing, only one such seed source available on the market, but there is a need for more.

Due to an increasing interest in pedunculate oak within the silviculture/forestry sector in Denmark, there has been an increase in different breeding schemes supported by the Danish government, re-search institutions and the private sector. It started in the 1990's after a series of big storms that affected a lot of monoculture conifer plantations, the type of forestry standard at the time. The aim is to improve quality and growth properties, as well as securing a Danish seed bank with control over genetic properties such as diversity and climatic adaptability. This would both make it a better economical investment for forest owners (private and public owned), increase the amount of available material for replacing CO₂-negative sources, as well as risk management due to speeding climate changes. The regulation of seed breeding follows Danish regulations built on a standard set by the European Union, but the benefits of seed breeding go beyond silviculture use. The investment in seed orchards with a broader aim can help secure the existence of native tree- and bush species important to landscape management and biodiversity unique to the Danish cultural landscapes.

To control and document the genetic gain in a seed orchard, it is important to keep record of the material in use and conditions that could affect the result. Origin of the material, site assessment, planting systems and interventions as well as the methods for collecting and analyzing data used for selecting the best breeding material in the orchard. The criterias for the selection depends on the aim of the breeding scheme, but for all tree breeding, it is true that the genetic gain depends on the genetic variation within the material and the intensity of the selection (how many trees will be involved in the contribution to the genetic heritability). This determines not only how much the selected trait(s) can be improved (and effect on correlated traits), but also the genetic diversity within the selection (how many of the involved trees are genetically related).

There exist manuals aiming to define a coherent European methodology for scoring traits in the breeding of forest trees. The presented methods for scoring stem form consists of a mix of traits, probably because the phenotype of trees is often due to the interaction between many genes (a quantitative trait). One score for multiple traits is also more convenient when scoring a large number of trees.

The main issue with the mixed score for stem form is that it is built up around the assumption that traits such as forking and stem straightness, are genetically related and affect each other in a positive way for stem quality.

By assessing the use of differentiated score, where stem straightness, forking and ramicorn were individually scored, the following was found; straightness and forking are not correlated traits in a significant way, meaning that a straighter stem is not a guarantee for less forking: also, tendency for ramicorn was not related to genotype but rather to environment.

The data analysis indeed showed a better mean score on the families compared to the standards on straightness and forking. However, there was only a significant genetic breeding value found for straightness.

Due to the magnitude of the course (15ECTS,) this study has been limited to one test site, the SSO FP.283 in Tuse Næs, Holbæk. There was also a time restriction on assessment to a few phenological traits involved; stem straightness, forking and ramicorn tendency. The SSO contains offsprings (families) from a selection of the best mother trees from the finest Danish populations of Dutch pedunculate oak. The material in the SSO is therefore likely, already without a selection, better than the Danish standard material available on the market.

To make the final selection for thinning, and to meet the aim for the breeding program, the studied SSO would have to be assessed on growth as well. The methods and results from this thesis are, therefore, not sufficient, and a genetic selection cannot be determined on them alone.

The thesis has contributed to understanding methodology for assessing oak for breeding purposes, and the results can be used in the final selection for thinning in the studied SSO. Considering the time consumption of collecting and analyzing data, the work put into this thesis has helped to bring the SSO closer to being an approved seed source for forestry in Europe.

'Denne opgave er dedikeret til alle, der er modige nok til at kaste sig ud i at lære noget om skovtræsforædling'.

FORORD

Stilkeg har en lang historie i Danmark. Den har beboet landet siden sin indvandring efter istiden. Der findes spor af den anvendelse i levn fra vikingetidens både, fra jernalderens byggegrunde, og i sagn fra før dette. Det kan godt være den var næsten udryddet i 1700-tallets afskovede Danmark, men Georg von Langen fik sat nyt system i det danske skovbrug, (Møller, 2017) og derfor kan vi i dag se flere flotte bevoksninger med høje og rette 'flådege' klar til brug. Det synes som lidt af en evighed, når jeg tænker på stilkeg i det danske skovbrug. Den indtager for mig en lidt en mytisk plads som rygraden i de danske skove.

Da jeg begyndte med at læse mere om forædling i stilkeg, kom det lidt bag på mig at A. Bergstedt benævnte det som et 'nyt' fænomen i sin bog "Skovdyrkning i praksis" fra 2012. Det er én af grundene til at jeg sidder med denne opgave i dag.

Det ville dog heller ikke være sket uden en praksisnær opgave knyttet til forædling i stilkeg, igennem min praktik ved Frø- og Genetikafdelingen hos Naturstyrelsen Nordsjælland. Jeg er virkelig taknemmelig for at få lov til at arbejde med en reel problemstilling i samarbejde med dem, og ikke mindst den faglighed jeg har fået del af gennem min projektvejleder Gunnar Friis Proschowsky. Vi har brugt mange timer på at diskutere avlsarbejde med træer, både teoretisk og praktiske. At det er et komplekst arbejde, er der ingen tvivl om.

For at få et rigtig godt greb om arbejdet med skovtræsforædling, kræves stor indsigt i flere discipliner. Skovdyrkning, forædlingsmetodik, populationsgenetik, molekylærbiologi, statistisk og kodning er nogle hovedområder. Det er umuligt at oparbejde en grundig forståelse for disse ting i løbet af en bacheloropgave. Det er med god grund videnskaben omkring skovtræsforædling bliver opbygget gennem samarbejde mellem eksperter i de forskellige discipliner, og at det kræver en vis ressource af tid og penge.

I forbindelse med at fremskaffe resultater til brug i bachelorprojektet, har Jon Kehlet Hansen fra Institut for Geovidenskab & Naturforvaltning været en uundværlig ressource i forhold til det store arbejde, der lå i at analysere data. Uden hans tålmodige indsats var jeg ikke kommet langt.

Jeg vil også sende en stor tak til Bregentved Gods for deres imødekommenhed. Projektet har givet mig mulighed for at arbejde med/i krydsfeltet af stat og privat. Det har været en sand fornøjelse at opleve synergien heri.

For at få struktur og retning på opgaven, i for mig en svær tid med covid-senfølger og forlængelse af studietid, så har min bachelorvejleder Kirsten Carlsen ydet en vigtig indsats. Det ville heller ikke været gået uden studievejledere Britt Majgaard og studieleder Henning Uldal, der begge har udvist stor forståelse og hjulpet mig med at tilrettelægge sidste del af min uddannelse til Skov- og landskabsingeniør. Tak for at tro på mig.

Tak til underviser Christian Mørk Hansen (Skovskolen), der har hjulpet med faktatjek, og til min søster Laura, der har hjulpet med korrekturlæsning.

Sidst men ikke mindst, til min partner Paul og alle skønne kollegaer på NSJ, der alle på hver deres måde har fået min hverdag til at hænge sammen, være lidt sjovere og lidt mere energifyldt. Tak alle sammen!

Moré Gro Pay

18/8/2023, Fredensborg, Danmark

INDHOLDSFORTEGNELSE

Abstract	2
Forord	4
Kapitel 1 - Indledning	8
1.1 Hvorfor skal vi beskæftige os med forædling af stilkeg (<i>Quercus robur</i> L.)?	8
1.2 Problemanalyse.....	10
1.3 Problemformulering.....	11
1.4 Afgrænsning af problem	11
1.5 Afgrænsning af opgave	11
Kapitel 2 - Redegørelse teori	12
2.1 Introduktion til genetik	12
2.1.1 Ansvar ved genetisk udvalg.....	14
2.1.2 Naturlig genetisk variation.....	14
2.2 Introduktion til skovtræsforædling.....	15
2.2.1 Struktur i frøplantagen.....	15
2.2.2 Kåring	16
2.3 Gængse scoringssystemer	17
2.4 Anlægsrapport FP.283	20
2.5 Introduktion til FP.802	22
Kapitel 3 - Metode	25
3.1 Udvikling af differentieret scoringssystem	25
3.1.1 Rethed.....	25
3.1.2 Tveger.....	26
3.1.3 Ramicorn	26
3.2 Opmåling.....	27
3.3 Dataanalyse.....	28
3.3.1 Specifikationer	28
3.3.2 Statistik.....	29
3.3.3 Kvantitativ analyse	29
3.4 Resultatanalyse	31
Kapitel 4 - Resultater	32
4.1 Datamængde og scores i FP.283	32
4.2 Kvantitative dataanalyser	33
4.2.1 Mængden af variation inden for hver egenskab	33
4.2.2 Den genetiske kontrol af hver egenskab	34

4.2.3 Størrelse af 'genotype x miljø' -effekt i plantagen.....	36
4.2.4 Heritabilitet.....	36
4.2.5 Korrelation mellem egenskaber.....	37
4.3 Genetisk udvalg.....	37
4.4 Resultatanalyse.....	39
Kapitel 5 - Diskussion	40
5.1 Interessante udpluk fra resultaterne	40
5.2 Metode.....	41
5.2.1 Differentieret scoringssystem.....	41
5.2.2 Opmåling.....	42
5.3 Fremtiden for FP.283	43
7. Konklusion	44
Bibliografi	46
Bilag	49
1. Komponenter	49
2. Blokstruktur FP.283.....	50
3. Scoreboard fra Ducci et al.....	51
4. Avlsudvalg struktur: 1000 & 500.....	52

KAPITEL 1 - INDLEDNING

1.1 Hvorfor skal vi beskæftige os med forædling af stilkeg (*Quercus robur* L.)?

Helt overordnet så har danske skovbrug måske en ubetydelig markedsandel i Danmark.¹ Det kan dog komme til at ændre sig med den grønne omstilling og et grønt BNP-regnskab. (Birch et al., 2023) Skovbrug bærer en stor kulturarv med sig, ligesom den er med til at forme landskabet og en danskers forståelse af skov. (Møller, 2017) Skovbruget sikrer danske råvarer, har indflydelse på flora og fauna (biodiversitet), rent drikkevand, klimaregulering og muligheden for friluftsliv og rekreation, samt sikrer arbejdspladser. (Nord-Larsen, et al., 2021) Arbejdet med forædling er med til at fremme, at vi også i fremtiden har mulighed for at opretholde og forbedre de danske skove. (Naturstyrelsen, 2018) Hvordan forædling af træer til kommerciel skovdyrkning bidrager til dette, og hvilke metoder der benyttes ved udvalg af genetisk materiale, skal vi udforske i denne opgave.

Der er altid en vis usikkerhed forbundet med at opnå det ønskede resultat i arbejdet med træer. Usikkerheden kommer fra et bredt spektrum af forhold. Meget overordnet kan de henledes til enten arv (genotype) eller miljø, og kombinationen af disse. (Biotech Academy, 2023) Det observerede fænotypiske udtryk (altså træernes udseende) er et resultat af begge.

For at mindske risiko for en fejlslagen investering, har alle der arbejder med dyrkning af træer interessere i forebyggende og forbedrende tiltag. Der er en ganske lang dansk tradition for hvilke tiltag der skal til i kommerciel skovdyrkning, og der findes flere praksisorienterede håndbøger herom. Langt de fleste af disse tiltag er knyttet til miljøfaktorer, såsom bearbejdelse af jord, ukrudtsbekæmpelse, skadedyrskontrol, artssammensætning, stamtal (densitet af antal træer), træpleje, og hugstforløb. Tiltag der påvirker miljøfaktorer er almindelige, fordi træer er forholdsvist reaktionsdygtige planter, med en plasticitet der følger vækstkurven. (Bergstedt, 2018) En af de mest ekstreme eksempler på dette er dyrkning af bonsai (træer i miniature), hvilket er muligt på næsten alle træarter. (Sears, 2023) Træer er altså vældigt gode til at reagere på miljøfaktorer, hvorfor det kan være svært at fastslå den egentlige genetiske grund til observeret fænotype.

Skovdyrkeren lægger grunden til genotype i sin skov direkte gennem artsvalg og proveniensvalg.

Artsspecifikke genpuljer giver forudsætningerne for hvilken geografisk udbredelse en art af sig selv har mulighed for, og hvordan den fungerer i samspil med sine omgivelser. Genotypen lægger grunden til, om en art i grunden er i stand til at producere sundt og vækstkraftigt træ på en given lokalitet, hvilke egenskaber træet besidder og hvordan disse kommer til udtryk i fænotypen. (Biotech Academy, 2023) Alt dette påvirker, hvad den pågældende træart er egnet til, om det er ønskede egenskaber, om arten er nem at dyrke på den pågældende lokalitet, og altså hvilken værdi det har for det pågældende samfund.

Det interessante ved stilkeg (kendt som almindelig eg) ligger i dens store styrke i forhold til vægt, modstandsdygtighed overfor råd og insektangreb, god brændværdi, stabilitet som skovtræ (blandt andet på grund af dybe rødder), stor økologisk amplitude (kan gro under mange forskellige forhold), relativt nem at dyrke store træer af god kvalitet, og stabil høj værdi på markedet. (Bergstedt, 2018)

¹ Skovbrug inkl. træindustri og papirindustri udgjorde i 2021 knap 0,05 % af Danmarks bruttoværditilvækst. (Danmarks Statistik, 2023)

En proveniens er en frøkilde fra et begrænset geografisk område, med et acceptabelt antal ensartede træer, der altså udviser tendens til samme genotype. (White, Adams, & Neale, 2009) Det kan for eksempel være en afgrænset egebevoksning i Grevindeskoven på Bregentved med god sundhed, eller en allé med egetræer i byen Eindhoven i Holland med god stammeform.

Hver proveniens har tendens til nogle særskilte og anerkendte kendetegn, eller egenskaber. Det kan være alt fra exceptionel ret stamme til robusthed overfor frost. Det vurderer man ud fra hvordan den klarer sig i forhold til gennemsnittet på de målte egenskaber. Man kan forvente at frø, der er høstet fra vilkårlig proveniens, vil klare sig lige godt på lignende lokaliteter med samme forudsætning. (White, Adams, & Neale, 2009) Puljen af danske provenienser forventes ligeledes at være bedst tilpasset de danske forhold.

Det der er vigtigt med proveniensvalg, er altså at proveniensen skal passe til formål for skoven og til lokaliteten der skal tilplantes. Med det rigtige proveniensvalg er skovdyrkeren med til at mindske risikoen for at der investeres i et uegnet genetisk materiale, og dermed sandsynligheden for at investeringen fejler. En bedre proveniens kan desuden være med til at give investeringen et bedre afkast, og altså gøre det mere attraktivt at dyrke skov. (White, Adams, & Neale, 2009)

Ofte vil et bedre afkast være forbundet med højere kvalitet og større tilvækst. Fænotypiske egenskaber der er forbundet med dette, er for eg typisk stammereform, tvegedannelse, grensætning og vanris (udvækst af kviste på stammen som reaktion på stress), diameter og højde op til kronesætning. (Bergstedt, 2018) Udvalg ved skovdyrkning bliver derfor gjort på baggrund om den observeret fænotype har nået et bestemt mål her og nu, men ved avlsarbejde må man forholde sig til, i hvor stor grad de observerede egenskaber er arvelige, og derfor enkeltræets evne til at påvirke opnåelse af en ønsket egenskab i næste generation.

Risikoen ved fænotypisk udvalg er at det kan give ophav til, at træer med ringere genetiske værdier får større gennemslagskraft. Her er vi altså tilbage ved problemet med adskillelse af arv og miljø. En måde at teste arvelighed på, er at lave *forsøgsanlæg*, der går ud på at teste proveniensernes evne til at genskabe en egenskab under et ensartet miljø. (White, Adams, & Neale, 2009) På grund af forholdsvis lang omdriftstid (tid fra træet plantes til det er høstmoden), går der lang tid før resultatet kan erkendes og før arvelige egenskaber bliver synlige mellem generationerne. Omdriftstiden for stilkeg er i Danmark typisk 120-150 år.

Selv om der er en lang tradition for skovdyrkning i Danmark, så er moderne skovtræsforædling i stilkeg en nyere historie. Dels fordi videnskaben omkring genetik i sig selv er relativ ny, men også på grund af manglende interesse for forskning i arten. (Statsskovenes Planteavlsstation, 2000) Egen mistede sin magtposition i skovbruget allerede i det 20. århundrede, da andre materialer blev standard til opbygning af flåden. (Møller, 2017) Træarter med hurtigere omdrift (særlig rødgran) blev herefter favoriseret i skovbruget, da dette gav skovdyrkerne mulighed for oftere afkast på investeringen. Samtidigt kom der gang i kontrolleret forædlingsarbejde for disse træarter, for at sikre større arvelighed af ønskede egenskaber. (Statsskovenes Planteavlsstation, 2000)

I løbet af 1980'erne og 1990'erne kom klimaforandringerne på dagsordenen flere steder i samfundet. Inden for skovdyrkning blev behovet for nye dyrkningsstrategier tydelige, da flere kraftige stormfald påviste manglende spredning af risici ved monokulturer af gran. (Møller, 2017)

Disse ting bevirkede blandt andet, at stilkegen igen blev interessant for skovbruget og samfundet. Der blev skubbet til udvikling af flere sikre provenienser på markedet, gennem anlæg af nye frøplantager og avlsprogram i både statslig og privat regi. Forædlingsarbejde med stilkeg går i Danmark altså ikke længere tilbage end til starten af 1990, og meget genetisk viden mangler stadig at kortlægges. Blandt andet hvordan genotyper for forskellige fænotypiske egenskaber er koblet til hinanden og om egenskaberne kontrolleres mere af genotype eller miljø. (White, Adams, & Neale, 2009)

1.2 Problemanalyse

I skovtræsforædling baserer udvalget af avlstræer i en frøplantage sig på viden om; i hvor stort omfang de observerede egenskaber er arvelige, om de påvirker hinanden indbyrdes, om udvalget har genetisk effekt og om udvalget viderefører forsvarlig genetisk diversitet. Dette kaldes det genetiske udvalg. Et genetisk udvalg kræver at træernes herkomst og indbyrdes slægtskab er kendt, samt at træerne kan identificeres på enkeltræsniveau i frøplantagen.

Det genetiske udvalg kan være baseret på scoring af både morfologiske (fysiske udformning) og adaptive (udspring, afmodning etc.) egenskaber. De egenskaber, man er interesseret i at forbedre eller vide noget om, bliver målt op ved et fastsat scoringssystem. For at lave statistiske analyser med tilstrækkelig sikkerhed på den indsamlede data, kræves der selvsagt mange observationer.

I det mest gængse scoringssystem for egetræers stammeform, er stammens rethed, tendens til tveger og aksedannelse er sammensat i én helheds-score. Det vil sige, at der ikke differentieres for, hvilken genetisk indvirkning der er på disse egenskaber hver især. Det er baseret på en antagelse om at disse egenskaber påvirker hinanden indbyrdes i et fastsat forhold. Det betyder at man ved denne scoring får ud fra, at en mere ret stamme også indebærer en mere gennemgående akse og færre tveger. Det bevirker at et meget ret træ med tvege kan blive dårligere vurderet end et mindre ret træ uden tvege. Den sammensatte score gør det svært at undersøge, om og hvordan den genetiske vægtning ved udvalget vil påvirke disse egenskaber hver især. Får vi faktisk flere rette træer men også færre tveger?

Der foreligger ikke klar viden om, at det har betydning, at egenskaberne scores samlet eller adskilt. Hvis det viser sig at en differentieret score kan give ophav til et bedre genetisk udvalg, vil det mindske variabiliteten i, og forbedre kvaliteten af, det frømateriale der kommer på markedet.

Denne problemstilling har man ønsket at få belyst hos Planteavlsstationen ved Naturstyrelsen Nordsjælland (herefter benævnt NSJ).

Deres frøplantage FP.283 skal klargøres til kåring (godkendelse af proveniens til markedsføring af frø). Deres frøplantage er anlagt med planter fra frø af særligt udvalgte træer, og er derfor en 'seedling-seed orchard' (herefter benævnt SSO).²

Klargøring foregår ved at der foretages en første tynding af træer ud fra et genetisk udvalg. Det genetiske udvalg skal være baseret på en differentieret score, for at undersøge om der er genetisk

² Forskelle i type af plantager uddybes kapitel 2, afsnit 2.

sammenhæng eller ej i de valgte egenskaber, og om det har betydning for arveligheden af egenskaberne i udvalget.

1.3 Problemformulering

Opgaven bidrager til at afhjælpe det identificerede problem ved at undersøge, om det har betydning for udvælgelsen af bestandstræer i en SSO, at der laves en differentieret scoring af forskellige egenskaber der påvirker formen, frem for en helhedsvurdering af formen.

Undersøgelsen skal bidrage til viden herom gennem at;

- Udvikle og afprøve et differentieret scoringssystem
- Analysere data fra afprøvning for, om de fænotypiske observationer er genetisk betinget eller tilskrives tilfældigheder.
- Se på hvilken betydning det har for efterfølgende forædlingsarbejde (in den undersøgte SSO), at udvalget er baseret på differentieret metode frem for helhedsmetode.

1.4 Afgrænsning af problem

Der er afgrænset i forhold til den specifikke problemstilling for NSJ.

Problemet undersøges i forhold til arbejde med seed-seedling-orchards (SSO) i dansk kontekst.

Problemet er afgrænset til afprøvning i en enkelt frøplantage, FP.283 på Tuse Næs i Holbæk (ejet af NSJ).

Problemstillingen er tillige afgrænset til at undersøge de 3 mest almindelige egenskaber i en sammensat score.

Der findes kun ét parallelforsøg at sammenligne med, FP.802 i Grevindeskoven på Bregentved (ejet af Bregentved). Denne plantage er allerede tyndet og kåret. Data og resultater herfra er begrænset til tidspunkt for dataindsamling, komponenter i frøplantagen og den anvendte scoringmetode.

1.5 Afgrænsning af opgave

Der analyseres data ud fra tilgængelig metode og i det omfang der er ressourcer til, i samarbejde med Institut for Geovidenskab og Naturforvaltning (herefter IGN).

På grund af opgavens tidsbegrænsning i forhold til fremadrettede tiltag i FP.283, så vil det ikke være muligt at inkludere kåringsresultatet i denne opgave.

Opgaven er officielt afgrænset til 15 ECTS-points, hvilket svarer til en arbejdsbyrde på omkring 400 timer, modsvarende 10,7 ugers almindelig arbejdstid (37,5 timer).

KAPITEL 2 - REDEGØRELSE TEORI

2.1 Introduktion til genetik

Genetikken er grundlaget for det træ der vokser op af jorden, og frøet har en genetisk kombination fra moder- og fadertræ. Den genetiske sammensætning bestemmer de biologiske mekanismer træet har til at reagere på omverden med. Ved skovtræsforædling må viden om skovdrift forenes med viden om, hvordan vi arbejder med genetik. Heri ligger det at forstå, hvad genetik er, hvordan det fungerer og dermed hvordan det kan udnyttes.

Videnskaben omkring genetik udvikles ved forskning gennem praksisnære forsøg ude i virkeligheden og ved biomolekylært ingeniørarbejde på laboratorium. I et laboratorium undersøges strukturen og styringen af et gens gennemslagskraft. Her har man fundet ud af, at et gen består af en kodet DNA-streng (arvemasse), og at frekvenser af sammenkoblede DNA-streng udgør kromosomerne i cellekernen, mitokondrie og kloroplasten. Her har man også fundet ud af, at et gens placering i kromosomet, locus, er interessant i forhold til genets effekt på en egenskab, og, at der kan være mange varianter af et gen, alleler, koblet til et bestemt locus. (Eriksson & Ekberg, 1997) Disse variationer er medvirkende til de fænotypiske forskelle, vi ser hos træer, og udgør hvert individs genotype. Hver individs genotype bidrager til den samlede genetiske diversitet i en population.

Egetræet er en diploid organisme, hvilket vil sige at kromosomerne sidder parvis, og at hver locus i disse par kan have 2 alleler knyttet til. Hvis allelerne har samme variation af DNA-streng, er locus homozygot, og hvis allelerne har forskellige variationer i arvemassen, så er locus heterozygot. Dette påvirker en genotypes interne genetiske diversitet, men også andelen mulige udfald ved overkrydsning med et andet individ. (White, Adams, & Neale, 2009)

Frekvensen af en bestemt fænotype i udfaldet, afhænger grundlæggende af hvor dominante allelerne er på det tilhørende locus. Helt forenklet kalder vi det dominante eller recessive gener. Afkom med de samme forældre (helsøskende), hvor begge forældre har et enkelt dominant og et enkelt recessivt gen koblet til det samme locus (egenskab), har i udgangspunkt 4 mulige kombinationer. Det dominerende gen vil kontrollere egenskaberne i cirka et 3:1 forhold, og dets respektive fænotypiske egenskab vil have større gennemslagskraft i gruppen af helsøskende. Da der forekommer en vis andel tilfældigheder og gradienter ved dannelse af et nyt individs genotype, vil forholdet dog sjældent være så skarpt opridset. (White, Adams, & Neale, 2009)

Viden om hvordan alleler påvirker hinanden ved krydsning, gør at der kan beregnes en forventet krydsningsfrekvens for en egenskab. Herfra fås et mål på hvor godt den observerede frekvens af egenskaben stemmer med den forventede frekvens af denne egenskab, og altså er genetisk betinget, eller om det observerede, sandsynligvis er påvirket af tilfældige miljøfaktorer på lokaliteten. På den måde er der mulighed for at adskille arv fra miljø.

Ud over at alleler knyttet til et bestemt locus kan påvirke udfaldet af en egenskab mere eller mindre, så kan gener på flere loci påvirke den samme egenskab. Disse egenskaber benævnes som kvantitative egenskaber. Når to kvantitative egenskabers gener sidder tæt på hinanden i kromosomet, vil disse to egenskaber påvirke hinanden, de vil være, korrelerede Påvirkningen kan være additiv eller reduktiv, hvilket betyder at øget forekomst af den ene egenskab vil medføre enten større eller mindre forekomst af den anden. Graden af korrelation er vigtig for at kunne estimere

udfald ved forædling af flere egenskaber. Hvis to opmålte egenskaber har ringe eller slet ingen korrelation, kan vi ikke forudse hvordan udvalgte af den ene vil påvirke udfaldet af den anden.

Antallet mulige variationer i genotypen for en egenskab, øges med antal alleler koblet til samme egenskab, og kan altså forholdsvis hurtigt øges til et uendeligt antal kombinationer. Dette kaldes også genotypens varians. Jo færre variationer der er tilgængelige af en genotype (homogent materiale), jo dårligere udgangspunkt er der for at lave et udvalg der forbedrer egenskaben for denne genotype.

Mange af træets egenskaber er af kvantitativ art, hvilket gør at lokalisering og udvælgelse af genotyper, der vil bidrage til forbedret genotype for en eller flere egenskaber i næste generation, er relativt komplekst. For at have et grundlag til at verificere, hvordan forskellige genotyper nedarves, kræves der et stort antal afkom/målinger der kan påvise statistisk sikkerhed i flere generationer. (Eriksson & Ekberg, 1997, ss. 23-25)

Til kortlægning af genetik og kvalitative egenskabers arvelighed, kommer også viden om, hvornår forskellige markerede gener er aktive. Alle gener er nemlig ikke aktive samtidigt i løbet af et døgn, et år, eller gennem forskellige vækstfaser over træets liv. Derfor kan det være u hensigtsmæssigt at lave tidlige eller for kraftig selektion ved frøforædling, samtidig med at dette også påvirker, hvor tydeligt en udvalgt egenskab slår igennem. (Eriksson & Ekberg, 1997, s. 13) Derudover aktiveres nogle gener kun under særlige omstændigheder, ved for eksempel insektangreb eller tørke, hvorfor tid og omstændigheder også er vigtige parametre ved genetisk udvælgelse i en træbevoksning.

Variation mellem træernes fænotype er altså på grund af effekten fra flere genetisk betingede faktorer og en portion tilfældighed. På grund af nøje dokumentation af træer i en frøplantage, så kan de observerede forskelle (opmåling ved scoring) kobles til variansen af genotyper i materialet, og variationsmønstre mellem provenienser og familier kan undersøges for at adskille arv fra miljø. (Kehlet Hansen, et al., 2023, s. 3)

Estimat af de forskellige faktorer heder en kvantitativ analyse, og det giver en samlet værdi for effekten af genetik og miljø, heritabiliteten. Heritabilitet er et mål på sandsynlighed for at en egenskab videreføres til næste generation, og derfor også om der er potentiale for at avle videre på. Ved at sammenligne hver familie eller proveniens gennemsnitlige værdi i forhold til frøplantagens samlede gennemsnitlige værdi, får vi avlsværdier.

På denne måde hænger det praksisnære arbejde sammen med laboratorievidenskaben. Når resultater fra opmåling er koblet sammen med genetisk teori, kan den genetiske opbygning i frøplantagen defineres, og der kan foretages et genetiske udvalg. Under kapitel 3, 'Metode', vil den kvantitative dataanalyse blive beskrevet nærmere.

Enkeltræets genotype forbliver konstant livet igennem (medmindre der sker en mutation), men forskellige livsfaser og tilfældige miljøpåvirkninger, gør at forskellige gener i genotypen kommer til udtryk. (White, Adams, & Neale, 2009) Derfor vil en kvantitativ analyse altid være et øjeblikbillede af pågældende proveniens(er) på den pågældende lokalitet.

2.1.1 ANSVAR VED GENETISK UDVALG

Et genetiske udvalg, i forhold til udvalg baseret på enkeltræets fænotypiske ydeevne, giver en sikkerhed for egenskabernes arvelighed og den genetiske sammensætning fremadrettet. Fordi det tager så ualmindelig lang tid at kortlægge den genetiske sammenhæng, og fordi vi lever i en tid hvor klima i større omfang skaber usikkerhed, så må der tages nogle forbehold, der sørger for genetisk diversitet i arterne forbliver.

Hvis en art får en for snæver genetik, er der større risiko for at nye trusler kan slå en hel art ned, fordi der ikke er genetiske ressourcer til at tilpasse sig. Det samme gør sig gældende ved udvanding af specifikke genpuljer. En genpulje er en gruppe provenienser der udviser nogle fællestræk på grund af slægtskab i herkomst. Det kan være tale om dansk eller hollandsk pulje af stilkeg, eller en vestjysk pulje der har eksisteret isoleret i forhold til resten af dansk eg. (Svejgaard Jensen J., 1995)

En måde at sikre genetisk diversitet ved forædling er at arbejde med et stort antal forskellige frøkilder og store plantager, der giver plads til, at flere individer uden direkte slægtskab indgår i det endelige udvalg. Derfor arbejder man ved forædling med konceptet 'effektiv populationsstørrelse', også kaldet 'statusnummer'. Hvad der er et rimeligt nummer, kommer an på flere faktorer³, men i en frøplantage vil det være mest rimeligt at tage hensyn til risiko for indavl. Dette styres blandt andet ved at indhente materiale fra et minimum af 50 modertræer, og ved at strukturere frøplantagen på sådan en måde at bestøvning mellem halvsøskende ikke forekommer. (White, Adams, & Neale, 2009)

Bestemte efterspørgsler på markedet, og den økonomiske gevinst heri, har længe styret, hvilke arter der forædles på. Nu bliver der også forædlet ud fra bevaringsprincipper omkring danske tilpassede frøkilder med særlig genetisk værdi. Dette er selvfølgelig med til at sikre fremtidigt dansk skovbrug, men har også betydning for at sikre de danske kulturlandskaber, i læhegn og værn, for biodiversiteten, eller til forskning. Det betyder at også ikke-kommercielle, hjemmehørende træer og buske nu bliver sikret med danske frøplantager. (Kjær, Graudal, & Thomsen, 1997)

2.1.2 NATURLIG GENETISK VARIATION

Genetisk variation i en population kan opstå på flere måder, men den mest almindelige er ved tilførsel af gener igennem pollinering/bestøvning. (Eriksson & Ekberg, 1997)

Stilkegen har både hun-blomster og han-rangler på samme træ (monoecious). De sidder dog adskilt i forskellige grupper og har en mekanisme, der gør at et træ ikke reagerer på selvbestøvning (allogami/xenogami). Stilkegen bestøves ved at vinden fører pollen videre mellem træerne.

Et *modertræ* er det træ, hvor frøene samles fra. *Fadertræerne* er de som har fået deres pollen bragt over på modertræet. En stilkeg kan altså både være et moder- og fadertræ samtidig. Med mindre bestøvning er foregået kontrolleret ved håndbestøvning, vil egetræerne i en bevoksning være *frit bestøvet*, med en jævn ligevægtig fordeling af pollen, og man vil gå ud fra at alle afkom fra denne bevoksning er *halvsøskende*. I virkeligheden kan et egetræ sagtens have tendens til enten at producere pollen eller at producere frø. (White, Adams, & Neale, 2009)

³ For den interesserede, så kan man dykke ned i teorier om *Hardy-Weinberg ligevægt*.

Stilkegen producerer relativt store, tunge og meget næringsrige agern, som nogle dyr elsker at samle til deres forrådskamre, og som de derfor også hjælper til med at sprede. Derfor forflytter sig egen normalt ikke geografisk specielt langt imellem generationerne. (Møller & Staun, 2018)

Egen kan producere frø fra omkring 20-års alderen, over hvert 2.-5. år eller efter en presset vækstsæson. Et agern overvintrer i jorden til næste spiringssæson (med mindre det da bliver spist), eller kan opbevares på køl under kontrollerede forhold i op til 2 år. (Naturstyrelsen, 2023)

2.2 Introduktion til skovtræsforædling

Moderne skovtræsforædling i Danmark, det vil sige, kontrolleret forædling på baggrund af genetik, blev først sat i system ved oprettelsen af nuværende NSJ Planteavlsstation i 1947. Det skete i samarbejde med Arboretet i Hørsholm og forskningsinstituttet Skov & Land (tidligere Den Kgl. Veterinære og Landbohøjskole), og den private sektor gennem Hedeselskabet og enkelte større skovbrug. (Statsskovenes Planteavlsstation, 2000) Arboretet var på det tidspunkt i gang med forædling, men Planteavlsstationen fik det formål at videreudvikle dette arbejde, særligt med fokus på at omsætte forædlingen til praksis gennem fremavl. Planteavlsstationen er fortsat drevet af staten (NSJ) i tæt samarbejde med forskningsinstituttet IGN og den private sektor. Planteavlsstationen arbejder til stadighed med at opbygge frøplantager med forædlet materiale. Dette arbejde lægger også grunden for plantevalg.dk, som er en officiel vejledning til brug af godkendte frøkilder. (GFP, 2023)

Forædling af skovtræer er fundamentalt forskelligt fra andre planter, idet der arbejdes med meget en længere livscyklus, en enorm fysik og mere komplekst forhold mellem genomer, gener og miljø. (White, Adams, & Neale, 2009)

Skovtræsforædling handler dog, som i alt andet avlsarbejde, om genetisk at forstærke nogle ønskede egenskaber, så de bliver mere fremtrædende eller dominerende i afkommet og generationerne fremover. Hver generation af forædlet materiale skal altså give en forbedring for en eller flere egenskaber, og nogle gange sker det på bekostning af andre egenskaber. (Eriksson & Ekberg, 1997)

De egenskaber man arbejder med ved forædling, er både de morfologiske træk (den ydre form, træets fænotypiske egenskaber) og adaptive træk (funktioner der påvirker overlevelsessevne og reproduktion, for eksempel skudsætning, tidlig vækst, robusthed overfor frost- og tørkeskader).

Grundlæggende sker avlsarbejde i to typer frøplantager. Frøplantagen kan være anlagt som en SSO, en *'seedling-seed-orchard'*, eller på dansk, en *frø-frøplantage*. Det indebærer at den er anlagt med planter af frø fra modertræerne (generationsskifte). Hvis frøplantagen er anlagt med kloner, altså gennem stiklinger eller podning med kvist fra modertræerne, så kategoriseret det som en *'clonal-seed-orchard'* (CSO), klonfrøplantage. Dette har indflydelse på hvordan avlsarbejdet gennemføres.

Fordi opgaven er baseret på undersøgelser i FP.283, der er en SSO, vil teori og metode tage udgangspunkt i dette. (White, Adams, & Neale, 2009)

2.2.1 STRUKTUR I FRØPLANTAGEN

For at kunne udføre forædlingsarbejdet i en frøplantage, må en stor mængde informationer registreres nøje. En frøplantage adskiller sig fra andre typer af træbevoksninger ved, at den er anlagt

på baggrund af omfattende dokumentation for enkelttræernes herkomst og placering i plantagen. Det er altså ikke nok at arbejde med provenienser.

For de ønskede provenienser udvælges der et antal plustræer, som er de bedste eksemplarer ud fra vedtaget retningslinjer. Retningslinjerne skal afspejle formål for frøplantagen. Der samles agern fra disse træer, hvorfor de får status som *modertræer*. Gruppen af afkom fra et modertræ betegnes som en *familie*. Fordi fri bestøvning er langt det mest udbredte, så vil familierne i en frøplantage oftest være halvsøskende. (White, Adams, & Neale, 2009)

Placeringen af træerne forekommer i gentagne *blokstrukturer*. Hver blok indeholder et ofte randomiseret indhold af *parceller*, hvor hver parcel består af et bestemt antal træer fra samme familie på række. Dette system er med til at skabe mange gentagelser inden for plantagen og at give alle individer den samme mulighed for at udtrykke sit genetiske potentiale. Det efterstræbes at hver blok har et homogent miljø og bliver beskyttet med randbevoksning, så eventuel effekt af miljø kan minimeres og opfanges i de efterfølgende analyser. Med disse oplysninger er det muligt at måle på om genotypernes ydeevne er konstante i forhold til eventuelle miljøgradienter. (White, Adams, & Neale, 2009)

Desuden fremmes der i frøplantager en *stor og sund krone* frem for en høj bul (krone der ikke forgrener sig langt ned af stammen) så frøudbyttet maksimeres tidligt. (Statsskovenes Planteavlsstation, 2000) Træerne i en frøplantage vil derfor typisk være plantet på større afstand en i en andre forstlige sammenhæng. Til sammenligning var der i FP.802 efter første tynding i gennemsnit 25m³ plads til hvert egetræ, hvor der i en af Bregentveds egebevoksninger ved samme alder typisk er 2,9m³ plads til hvert træ. (Kehlet Hansen, Svejgaard Jensen, Kjær, Jensen, & Wellendorf, 2012, s. 3.3-55)

Ud over dette prøver man også ved anlæg af en ny frøplantage at hjælpe planterne godt fra start ved let jordbearbejdning, ukrudtsrensning og hegning for vildt.

Hovedformålet for en frøplantage er nemmere frøhøst og større frømængde, ikke vedmængde eller vedkvalitet. Derfor vil en frøplantage som udgangspunkt have en lidt anderledes fremtoning end en produktionsskov. Kommerciel frøhøst kan først påbegyndes, når resultaterne fra det genetiske udvalg er godkendt og kategoriseres ved en kåring. (Proschowsky, 2023)

2.2.2 KÅRING

Hvis frø fra en vilkårlig bevoksning skal bruges uden for ejers egen jord, det vil sige markedsføres, så skal frøkilden godkendes. Der er lovpligtige retningslinjer for hvordan indberetning, frøhøst, opbevaring, behandling, markedsføring med videre skal foretages. (BEK 654)

For at kategorisere og kontrollere avlsarbejdet i Danmark, findes et kåringsudvalg bestående af erhvervsaktive sagkyndige udnævnt af Landbrugsstyrelsen. Landbrugsstyrelsen står for at registrere bevoksninger der er (eller har været) godkendt til at komme på markedet. Landbrugsstyrelsen skal mindst efterleve regulering for det Europæiske marked. (Miljø- og fødevareministeriet, 2019)

Ofte vil det være ejer af en bevoksning, som indstiller den til kåring. Kåringsudvalget forholder sig til generelle krav for respektive frøkilde-kategori og særlige krav til hver formåls-kategori. Kategorierne

for frøkilde er lokalitetstilpasset, udvalgt, kvalificeret og afprøvet. Disse siger noget om hvor stor kontrol der er på genetikken i frøkilden, og dermed arvelighed. (Skov & Landskab, 2023) Kategorier for formål med frøkilde er; vedproduktion, værn- og læplantning, juletræer og klippegrønt, og allé- og parkplantning. (Ministeriet for Fødevarer, Landbrug og Fiskeri, 2023)

De mest anvendte kåringskategorier for frøkilder til vedproduktion kan ses i table 1.

Kategori	Materiale	Bevoksningstype og særlige krav
Udvalgt Tildeles F-nummer	Frø fra en uprøvet bevoksning bestående af minimum 50 modertræer med kvalitet over dansk gennemsnit.	Kan være tidligere produktionsbevoksning, en allé eller lignende med eller uden kendt herkomst.
Kvalificeret Tildeles FP-nummer	Frø der nedstammer direkte fra de bedste udvalg af afprøvet materiale (plustræer) til lokaliteten.	Skal være en frøplantage. Kan være klonet eller fra frø i halv- eller helfamilie. Plantagen skal være beskyttet mod fremmed pollen.
Afprøvet Rangerer højere på plantevalg.dk	Frø fra afkom af udvalgte modertræer, hvor denne generation også viser sig bedre end gennemsnittet på en given lokalitet til et givent formål.	Skal have kendt herkomst og være i direkte slægtskab med enten en udvalgt eller en kvalificeret frøkilde. Kan være både en frøplantage eller anden type bevoksning af vis størrelse.

Table 1 Oversigten kan beskrives som minimumskrav for frøkilder til vedproduktion (Landbrugsstyrelsen, 2023) ⁴ Udvidet beskrivelse på kåringskriterier findes under Bekendtgørelse om forstligt formeringsmateriale. ⁵

Andre generelle krav til materialet i en frøplantage, der kan være værd at nævne i forhold til opgaven her er; Populationens effektive størrelse, der omhandler antal og fordeling af individer for at forhindre indavl; Sundhed og modstandsdygtighed, der omhandler individernes robusthed overfor skader, klimatiske og lokale forhold; Form- og vækstmønstre, der omhandler veddets kvalitet.

”Træer i bevoksninger skal udvise særligt gode morfologiske karaktertræk, navnlig ret og cylindrisk stamme, gunstigt forgreningsmønster, grenenes finhed og god naturlig oprensning. Endvidere skal andelen af træer med tvegedannelse og snoet vækst være lav.” (Ministeriet for Fødevarer, Landbrug og Fiskeri, 2023, Bilag 3.B.3)

2.3 Gængse scoringssystemer

2.3.1 Kvalitetsbedømmning af træ

Bedømmelse af kvalitative egenskaber i skovtræsforædling er alt andet lige grundlagt på de kvaliteter der har været mest værdifulde i økonomisk forstand. Vi forædler på rethed, fordi mere rette træer giver ved, der er mere værd. Vi forædler på tilvækst, fordi en større volumen giver en større indtægt. Vi forædler på grensætning, fordi store grene og spidse grenvinkler giver en ringere

⁴ Også [Skovdyrkning - hvor kommer frøet fra? få svaret hos skovdyrkerne](#) (18/7/23) og noter fra samtale med GFP juni 2023.

⁵ Eller beskrevet overskueligt i ældre version BEK 1017 [Bekendtgørelse om skovfrø og planter \(retsinformation.dk\)](#)

vedkvalitet og derfor er mindre værd. Derfor vil det være et naturligt udgangspunkt at se på hvordan egetræ klassificeres og hvordan kvaliteten defineres ved salg, for at få en forståelse for, hvad der vil give mening at vurdere ved differentieret scoring i en frøplantage.

Egetræ af større dimensioner kaldes en kævle, og er, hvis de tillige er rette og uden større eller mange knaster eller ar, det mest værdifulde egetræ. De prissættes efter en klassificeringsstandard A til C, hvor A angiver den bedste kvalitet (se figur 1 for kvalitetskrav) men den kan også klasses finere med A++. Omkring halvdelen af volumen af dansk egetræ ender med at sælges som brænde, hvor den under energikriser har haft ekstra god værdi. (Bergstedt, 2018)

Kvalitetsklasse	A	B	C	D
Form	Mindre krumning i et plan		Større krumning i et plan	Ringere kævler anvendelige til gavntre, men ikke hjemmehørende i de øvrige kvalitetsklasser
Snoning	Kun ubetydelig - betydelig nedsætter en kvalitetsklasse			
Knaster, overgroning og større barkskader	Ingen betydende	En betydende pr. 2 meter kævlelængde	To betydende pr. 2 meter kævlelængde	
Vanris			Enkelte betydende pr. 2 meter kævlelængde	
Enderevner	Betydende betinger dekort			
Frostrevner	Klassen sættes én ned pr. frostrevne. En snoet frostrevne nedsætter 2 klasser.			
Ring-eller stjerneskrø	Der gives rimeligt fradrag på længden			
Længde	Mindst 3 meter, undtagelsesvis ned til 2,6 m			
Desuden findes "specielle bestemmelser" for de enkelte træarter, se bilag 5.5				

Figure 1 Oversigt økonomisk vurdering af en egekævle, viser de afgørende kvalitetskrav som skovdyrkeren skal stræbe efter for bedste indtjeningsvæne. (Bergstedt, 2018, s. 184)

Den danske markedsværdi for en kævle af A-kvalitet er ofte flere tusind kroner mere værd pr. m³ end en C-kævle, og normalt over 10 gange værdien af en rummeter egebrænde. Det viser med tydelighed, hvorfor der er interesse for forædlet materiale. (Dansk skovforening, 2021)

2.3.2 Udvalg af bestandstræer

Der er i løbet af denne opgaves tilblivelse ikke fundet nogen gældende standard for hvordan stilkeg i frøplantage skal scores for at finde frem til et genetisk udvalg. Hverken internationalt, inden for EU eller bare i Danmark.

Det betyder ikke at der ikke er lavet forsøg på at definere en standard. Ved afsøgning blev der fundet frem til to udgivelser med stort sammenfald;

1: Udgivelse fra Italienske CRA SEL - Forest genetic resource laboratory fra 2011 (i samarbejde med, den fremst europæiske, online database TreebreedEX): "Reference protocols for assessment of traits & Reference genotypes to be used as standards in international research projects" (herefter benævnt Ducci et al.)

2: Udgivelsen fra Trees4Future i 2015, transnationalt forum for forskning og dyrkning af skovtræer,

stærke bånd til EU: "D2.1 – Common protocols and reference standards for selected traits and species" (herefter benævnt de Cuyper et al.)

Begge arbejder under de samme principper om at streamline skala for scoring af forskellige egenskaber, både fænotypiske og adaptive (her udspring og afmodning). Dette for at støtte den transnationale vidensdeling inden for forskning og for at dermed hjælpe med at fremtidssikre udviklingen og dyrkning af skovtræer i hele Europa.

De har begge til fælles, at de præsenterer en model til at score træets opbygning i sin helhed. Det vil sige, at én karakter dækker over flere egenskaber, såsom rethed, aksefasthed, forekomst af tveger og grensætning. I begge tilfælde tilskrives 2/5 af scoren træer, der er uden egentlig forstlig værdi.

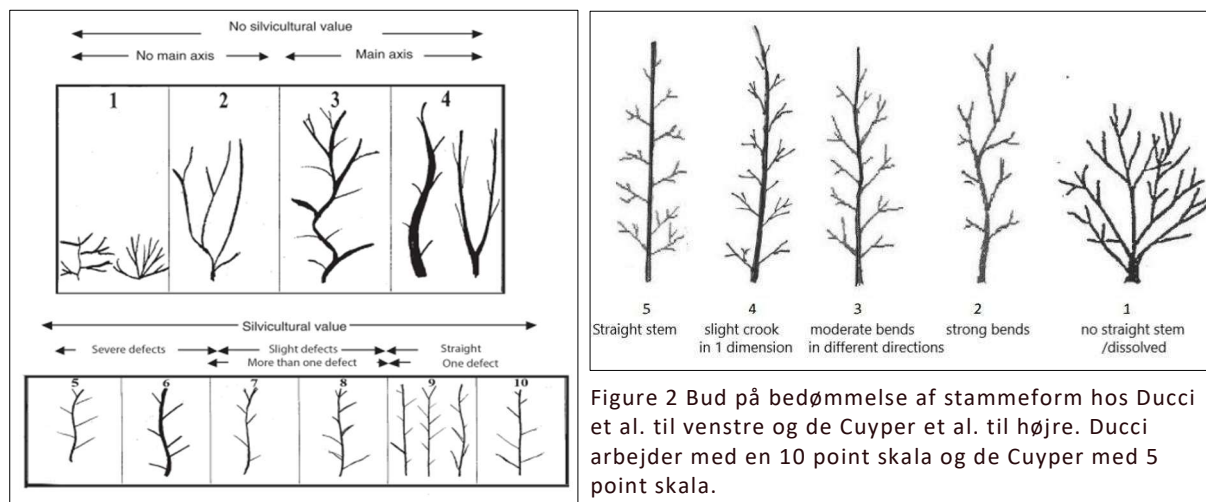


Figure 2 Bud på bedømmelse af stammeform hos Ducci et al. til venstre og de Cuyper et al. til højre. Ducci arbejder med en 10 point skala og de Cuyper med 5 point skala.

Begge rapporter præsenterer også mulighed for at score individuelt på tveger, grenvinkler, kronens opbygning og stammedeformering, men ikke en rendyrket rethedsscore. Der forekommer nogle afvigelser i definitioner og pointskala anvendt, og det er ikke kontinuerligt om den laveste score er den dårligste eller bedste.

I tillæg skal det siges, at selv om begge udgivelser er offentlige, så fandt jeg ved almindelig søgning på nettet (google og google scholar samt EU-database), kun udgivelsen fra Ducci et al. Den anden har jeg fået tilgang til ved tilsendelse fra GFP.

Af danske kilder er den mest prominente Jan Svejgaard Jensens afhandling fra 1993 "Provenienser af stilkeg (*Quercus robur* L.) og vintereg (*Quercus petraea* M.L.) i Danmark" udgivet af Forskningscentret for Skov & Landskab. (herefter benævnt JSJ)

Heri præsenterer forfatteren de vurderingsmetoder, der er brugt til kvalitative undersøgelser af proveniensforsøgene i afhandlingen. Scoringsmetoden er brugt på et stort antal udvalgte provenienser af stilkeg og vintereg af dansk og udenlandsk oprindelse, på 33 forskellige lokaliteter spredt over hele Danmark.

Rethedsvurdering afspejler forstlig udnyttelse af træet fra fod til kronehøjde (bulhøjde). Skalaen går fra 1, som er de tilnærmelsesvis rette i begge plan, 2 for træer med op til moderat bugtning i ét plan, og 3 for træer uden forstlig værdi (voldsom bugtning observeret). Metoden er valgt fordi den er hurtig at bruge, enkel at reproducere og sammenligning med ældre undersøgelser. 3-trins skala giver

dog ikke et nuanceret nok resultat og har tendens til skævfordeling ved statistisk beregning. (Svejgaard Jensen, 1993, s. 33-34)

Tvegedannelse vurderes ud fra om der er tendens eller ej. Definition for tvegetendens er, hvis tvegedannelsen sker under 2/3 af træets højde, og den mindste tvege minimalt er 2/3 diameter af den større. For at få tilstrækkelig varians og mulighed til et statistisk sikkert resultat for tvegetendens, må et stort antal træer indgå i vurderingen.

For tendens til aksedannelse er en subjektiv vurdering om stammen danner en gennemgående linje fra fod til top (må ikke opløses).

For tendens til spidse grenvinkler er der vurderet, om de generelle grenvinkler mellem hovedakse og grenakse er mindre end 30 grader, og derfor har spidse grenvinkler. (Svejgaard Jensen, 1993, s. 30)

JSJ beskriver her ud over en række andre målinger, som på grund af opgavens- og problemets omfang, ikke er undersøgelsen i denne opgave.

2.4 Anlægsrapport FP.283

2.4.1 Formål

Anlæg FP.283 er en del af et fremavls-program, der startede op i 1994-95 i samarbejde mellem stat, forskningsinstitution og private aktører indenfor skovdyrkning. Formålet med dette program var at fremtidssikre frøforsyning med danske frøkilder af stilkeg fra både dansk og hollandsk pulje. Fokus var på forbedret kvalitet og sundhed, med øget indtjeningssevne og sikkerhed som resultat. I forskningssammenhæng blev fokus sat på adaptive egenskaber såsom frost- og tørkeresistens og evnen til klimatisk tilpasning samt genetisk kortlægning af korrelation mellem egenskaber og arvelighed.

I stambogsbladet bliver formålet for frøplantagen beskrevet som *'produktion af frø fra velformet, højtydende eg ... til anvendelse i hele landet'*. (Planteavlsstationen, 1996-99)

2.4.2 Frøkildebeskrivelse

Den hollandske pulje er kendt for sin rethed og vækstkraft, med fast aksedannelse. Den har tendens til at udvikle lange dominerende grene med spidse grenvinkler (ramicorn), hvilket kan forringe kvaliteten. Hollandsk eg har i danmark også tendens til at udvikle ringskjøre (træet revne langs med årringene) og måneringe (lyse striber i egens kærneved) som følge af manglende klimatisk tilpasning, f.eks. tilpasning til frostudsathed i ungdommen.

Modertræerne er udvalgt fra de bedste danske bevoksninger af hollandsk stilkeg, og som de bedste eksemplarer i disse bevoksninger (plustræer). Størstedelen af disse bevoksninger er, eller har været, kåret efter kvalitet, og dermed er de i udgangspunkt allerede bedre end gennemsnittet i Danmark (og Holland). De er

Vitalitet:	Kronen skal være stor og sund. Blandt de bestandsdannende træer. Bladene må helst ikke sidde i "totter" med store lyshuller i kronen. Der må ikke være skader, defekter på stammen der kan tilbageføres til klimaskader - stammerevner, barkflod.
Grenbygning	Ikke tveger, helst udstående grene, ikke spidse grenvinkler
Stammeakse	Der skal være gennemgående akse - helst helt til toppen, dvs. at kronen ikke må opløses i en række opadstigende grene.
Vanris	Helst få vanris - aldrig mange vanris - træerne er muligvis

Figure 3 Modertræer er udvalgt og scoret efter følgende kriterier. (Svejgaard Jensen, 1994)

bygget videre på den hollandske pulje med strenge kåringskrav til sundhed, og er tilpasset det danske klima. (Svejgaard Jensen, 1994) Ved udvælgelse i bevoksningerne er potentielle modertræerne blevet scoret på kriterier for sundhed og kvalitet efter retningslinjerne vist i fig. 3. Mange af modertræerne blev bedømt til at være af A-kvalitet⁶ eller finere. (Svejgaard Jensen, 1994) Materialet i FP.283 kan siges at være det bedste af hollandsk stilkeg i Danmark.

Efter opformering af udvalgt materiale i planteskole, blev der selekteret 79 familier og 4 standarder til sammenligning. Kortoversigten i figur 4 på næste side, giver et overordnet billede på herkomst for disse.

I alt er der indsamlet frø fra modertræer på fra 20 lokaliteter, hvilket giver følgende 'provenienser' i FP.283;

Barrit Tykke (Berritsgård), Tåstrup skov (NST), Sonnerup byskov (Bregentved), Folehaven (NST), Fovslet skov (NST), Staksrode /Stagsrode skov (NST), Stenderup Midtskov (NST), Jægersborg dyrehave (NST), Jægersborg hegn (NST), Kværrede vænge (Bregentved), Holmeskov (NST), Sønderskov (NST), Sonnerup skov (NST), Snevret/Sneveret (NST), Freerslev hegn (NST), samt standarderne fra Bregentveds Grevindeskoven og Boholte skov, NSTs Tåstrup skov og Eindhoven i Holland. Se fuld oversigt af antal familier i hver proveniens under bilag 1.

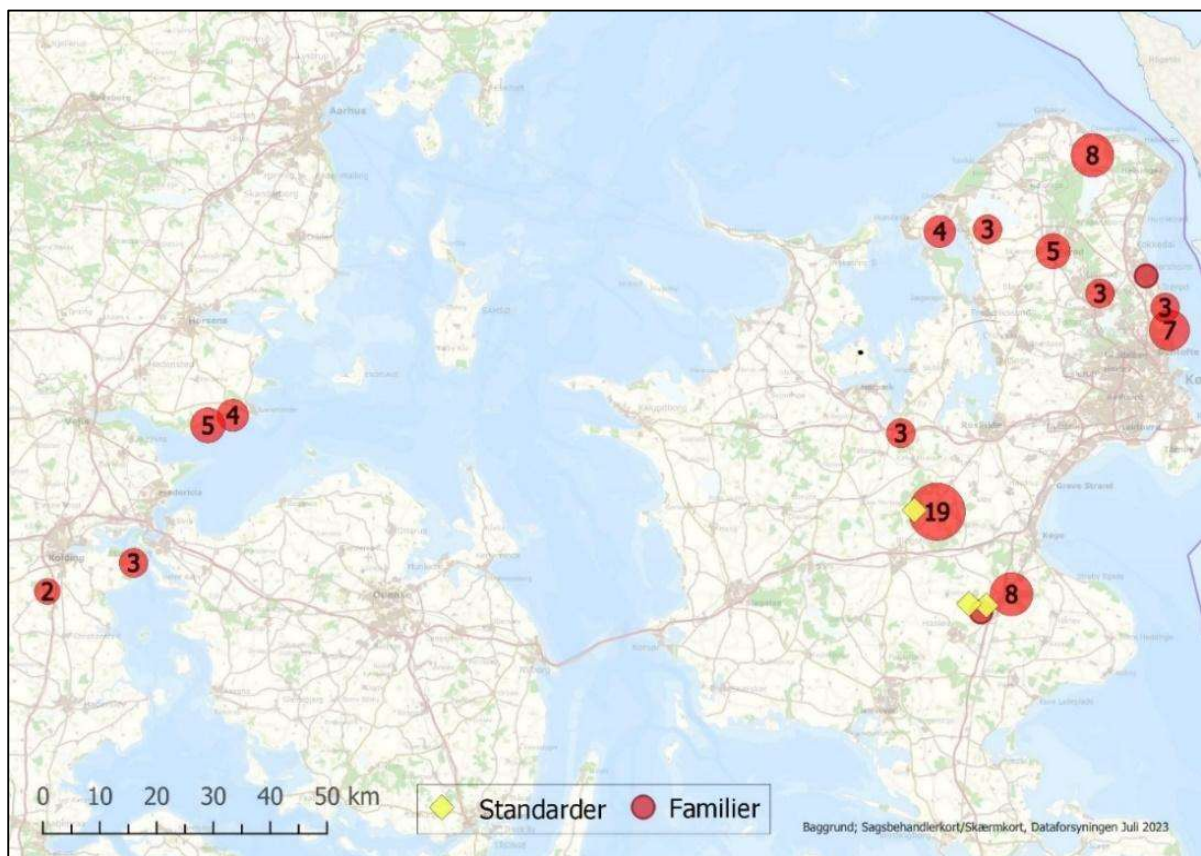


Figure 4 Oversigt for komponenternes herkomst. Tallet de røde prikker markerer antal familier fra denne proveniens. (M.G. Pay, 2023)

⁶ Efter kvalitetsbestemmelse af kævler, se side 13.

2.4.3 Anlægsoversigt

FP.283 ligger på Tuse Næs i Holbæk og udgør 5 ha i en samling af NST frøplantager på knap 54 ha. Området er let kuperet ned mod fjorden, og jordbunden er lerblandet sandjord. (Danmarks Arealinfo, 2023) Arealet for frøplantagen var tidligere landbrugsjord, og blev forud for tilplantningen pløjet og tilsået med en græs/kløver blanding. Årlig nedbørsmængde har i perioden 2011-2021 ligget mellem 770mm (2015) og 455mm (2018). (DMI, 2023)

Der blev indsamlet agern fra udvalgte plustræer i to omgange, for at få materiale fra flere lokaliteter med, da samtlige ikke bød på frøhøst i 1996. Der blev i alt indsamlet i omegnen af 256 kg agern til opformering.

Planterne opformeredes mellem 1996-1999. I efteråret 1999 blev der sat totalt 4.322 planter i gravede huller, med en planteafstand på 2,5 m og rækkeafstand på 4 m.

Plantagen er delt op i 7 sektioner på 37,7 m i bredden, der afgrænses af en række hasselbuske. Der er i alt 43 blokke/parceller fordelt i sektionerne, med varierende antal planter/familier i hver. Halvsøskende fra samme familie står altid sammen to og to på række.

Hele frøplantagen er beskyttet med læhegn mod vest-sydvest og pollenfang mod øst-sydøst. Plantagen blev ved plantning hegnet mod råvildt.

Der blev formodentlig ukrudtsrenset mellem rækkerne to gange om året i de første par år. Fra 2004 og i en årrække indtil træerne blev for store, blev der slettet hø mellem rækkerne af en lokal bonde.

I 2014 blev plantagen opdateret med nye plastic tags med familienummer samt plantageoversigten opdateret på grund af større afgang af planter. (Planteavlstationen, 1996-99) (NSJ FP.283, 2023)

I forbindelse med prøvescoring i plantagen i foråret 2023, blev der optalt til 2180 træer. Plantagen var på tidspunkt for måling 23 år, og træerne, der måltes, var 26-27 år.

Grundet anlæggets størrelse og blokstrukturens kompleksitet, henvises der til bilag 2 for et visuelt overblik.

2.5 Introduktion til FP.802

Søsterplantagen FP.802 i Ulstruplund på Bregentved Gods hører under samme fremavlsprogram som FP.283. Plantagen er tillige en SSO og anlagt i 1998. FP.802 er delvis bygget op af de samme frøkilder som i FP.283, som oversigten i figur 3 viser. Derfor kan det betragtes som et parallelforsøg.

Frøkilde	F-nummer	Oprindelse	Antal familier
Tåstrup Skov, NST Vestsjælland	F.148	Holsten eller Holland	9
Sonnerup Byskov, Bregentved	F.504	Holland	4
Folehaven, Kronborg, NST Nordsjælland		Holland	1
Fovslet, NST Trekantsområdet		Holland	1
Grønnæsse, NST Nordsjælland		Holland	1
Sonnerup, NST Nordsjælland		Holland	1
Snevret, NST Nordsjælland		Holland	5
Stagsrode, NST Trekantsområdet	F.641	Holland	1
Freerslev, NST Nordsjælland		Holland	1

Figure 5 Komponenterne i FP.802 er et udsnit af de provenienser og modertræer som indgår i FP.283. Bemærk hvor få familier der er i forhold til i FP.283.

Planteafstand var 2,5 x 2,5 meter, og parcellerne bestod af 4 træer fra samme familie på række. Parcellerne er anlagt i 28 blokke over 2,2 ha. FP.802 er altså en væsentligt mindre SSO end FP.283.

Til forskel fra FP.283 har hver blok været adskilt/omringet af en række rødgran på 1,25 m afstand.

Plantagen er anlagt på stiv lerjord, (Hvid Jørgensen, 2023) og de klimatiske påvirkninger må anses være anderledes end på Tuse Næs. Der har været hegnet. Anlægget er en del af Grevindeskoven, et større sammenhæng af frøplantager og bevoksninger til konventionelt skovbrug af primært stilkeg.

FP.802 blev i 2004 og 2011 målt op på nogle adaptive og fænotypiske egenskaber. Bedømmelse af stammeform blev foretaget ud fra en helhedsmodel for træets form (figur 4). Skalaen gik fra 1 (ringe aksedannelse og rethed i akse) til 9 (én helt ret akse). Tvegedannelser blev noteret som til stede eller ej. Tilvækst blev målt på enkeltræs-diameter i forhold til gennemsnit for bevoksningen. Derudover blev der målt og vurderet højdeudvikling, udspring og overlevelse. Vildtbid er ikke medregnet som påvirkende faktor, det er derimod nærhed til en rødgran (skyggetræ). (Kehlet Hansen, Svejgaard Jensen, Kjær, Jensen, & Wellendorf, 2012, s. 3.3-53)

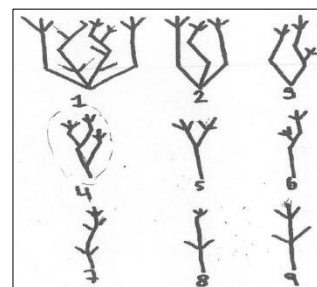


Figure 6 Sammensat score for form, der blev brugt ved opmåling i FP.802

Herefter blev der beregnet variation mellem familier, heritabilitet, genetisk korrelation mellem egenskaberne, avlsværdier, samt gevinster ved tyndingsudvalg.

Forskellen mellem familiernes stammeform var i 2011 ikke signifikant, heritabiliteten lav (0,11) og fænotypisk spredningen dårlig (0,98). Frekvensen af tveger var beregnet til 1 %. Det peger på en meget ensartet, og generelt god stammeform i frøplantagen. (Kehlet Hansen, Svejgaard Jensen, Kjær, Jensen, & Wellendorf, 2012, s. 3.3-54)

Derfor blev stammeform ikke vægtet som det vigtigste ved udvalget for genetisk tynding, da det ikke vil ændre meget på den gennemsnitlige kvalitet. I stedet blev der selekteret ud fra højde i forhold til volumen, for at skabe genetisk gevinst på tilvækst. Et statusnummer på 72 viser at den genetiske diversitet er acceptabel efter første tynding, hvor det bedste træ i hver parcel (1 ud af 4) bliver stående. (Kehlet Hansen, Svejgaard Jensen, Kjær, Jensen, & Wellendorf, 2012, s. 3.3-55)

Efter tynding blev plantagen kåret, og står nu som kvalificeret til vedproduktion på plantevalg.dk. FP.802 er 1 ud af kun 4 kvalificerede frøkilder for dansk stilkeg, og den eneste med hollandsk pulje. (Plantevalg.dk, 2023)

Ud fra antagelsen om at frøplantagen skal tyndes igen, ned til det afsatte mål i fremavlsprogrammet om 100 træer pr ha, (Svejgaard Jensen J., Fremavlsprogram/Forædling i eg: udkast, 1995) så blev der i 2011 også regnet på fremtidig genetisk gevinst, se fig 5.

Antal træer i frøplantagen	Højde 13 år (m)	Højde 13 år (%)	Diameter 13 år (%)	Volumen 13 år (%)	Stammeform 6 år	Udspring	** Status nummer
618 *	0.41	6	4	7	0.02	0.06	72
400	0.71	11	8	24	0.05	0.08	59
200	0.92	14	11	33	0.08	0.07	43

* Selektion indenfor parceller

Figur 5 Prædikteret genetisk gevinst under forudsætning om samme genetiske parametre som i 2011. Den genetiske diversitet svinder ind, jo hårdere selektion. Vidensblad 3.3-55, IGN

Ved besøg i frøplantagen i juni 2023, gav sammengroede trækroner tydelige tegn til, at der var behov for den næste tynding. Der er til dags dato heller ikke blevet høstet frø fra plantagen, hvilket mere plads til kronerne kunne være med til at afhjælpe. Der er altså et behov for en ny opmåling i FP.802, for at kunne foretage et nyt genetisk tyndingsudvalg. (Hvid Jørgensen, 2023)

KAPITEL 3 - METODE

3.1 Udvikling af differentieret scoringssystem

Det blev valgt at score på tre egenskaber; stammeform/rethed, tvegetendens og ramicorn. Tanken med at dele disse egenskaber op i hver sin score vi stedet for at bruge de mere gængse helhedsscore for træets kvalitet, var muligheden til at differentiere de genetiske træk. Et træ med tveger eller mange ramicorns kan også være ret.

Skalaen, der bruges til alle egenskaber, går fra 1, som er den laveste score. Jo højere score på en egenskab, des bedre kvalitet på træet. Ved rodnær tvege, eller tvegedannelser der sandsynligvis er opstået ved vildtbid, vælges en hovedstamme som der vurderes.

3.1.1 RETHED

Vurderes på laveste 2/3 af træets højde (stamme før kronesætning), se fig.7

- 1 = kraftig bugtning i begge plan
- 2 = kraftig bugtning i ét plan
- 3 = svagt bugtet i to plan
- 4 = svagt bugtet i ét plan
- 5 = ikke bugtet/ret

Rethedsscoren er inspireret af Jan Svejgaard Jensens (JSJ's) rethedsvurdering og den forstlige kvalitetsbedømmelse af egekævler. En svag bugtning defineres som en krumning under 12 cm over 3 meter stamme. En kævle med krumning der overstiger 24 cm over 3 meter stamme vil normalt have ringe værdi (Bergstedt, 2018, s. 206), medmindre det er specialetømmer til bådebygning. I stedet for det normale 3 scorer for rethed i ét plan, er der her valgt at opdele i 5 for at gøre det mere egnet til at lave statistiske beregninger på. (Svejgaard Jensen J., 1993, s. 28-29)

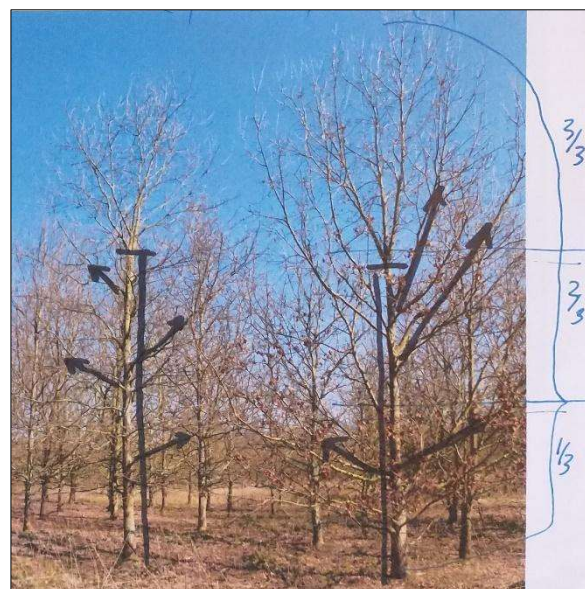


Figure 7 Estimat af rethed ud fra 1 dimension vil give egen til venstre 4 og egen til højre 5. Markering af grensætning og krone. Foto: GFP, 2023

3.1.2 TVEGER

- 1 = flere tveger på lavest 2/3 af træets højde
- 2 = én tvege på laveste 2/3 af træets højde
- 3 = spidstvege (under 90 graders vinkel mellem stammer) i øverste 1/3 af træet
- 4 = ingen tvege

Scoren er inspireret af JSJ's vurdering for tvegetendens (Svejgaard Jensen J., 1993, s. 29-30) og Ducci's system for scoring af tveger. Både antal af tveger og placering er iagttaget. Tveger defineres som stammedeling, hvor stammediameter er den samme eller den mindste tvege har minimum 2/3 diameter af den største.

Tvegedannelse i kronebul er kun taget med hvis det er en spidstvege, da dette kan være tegn på en underudviklet krone eller øge risikoen for senere flækskader. Tveger mindsker andelen kvalitetstømmer i en eg og øger risiko for skader i træet. En tveget sektion kan have værdi til bådebygning/historisk håndværk.

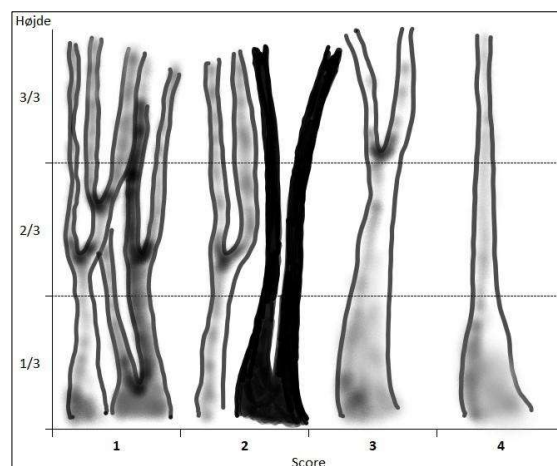


Figure 8 Inndeling score for tvegedannelse. Ducci's inddeling kan ses under bilag 3. Figur: Gro, 2023

3.1.3 RAMICORN

- 1 = flere dominante grene på lavest 2/3 af træets højde (tendens til spidse grenvinkler)
- 2 = én dominant gren på lavest 2/3 af træets højde
- 3 = ikke tendens til ramicorn



Figur 9 Estimeret ramicorns på to ege i bevoksningen. Foto: GFP, 2023

Ramicorn defineres som større dominerende grene der trækker op i kronelaget og ofte har en spids grenvinkel. Den er mindre end 2/3 diameter af hovedstammen, men der er en nogle gange en glidende overgang mellem ramicorn og tvege. Ramicorn forstyrrer træets aksefasthed ved at fokusere vækst på flere punkter frem for i hovedstammen, og forringer vedkvaliteten med sin kraftige grensætning. Scoren er inspireret af JSJ's kvalitetsvurdering omkring aksedannelse og tendens til spidse grenvinkler (Svejgaard Jensen J., 1993, s. 30), samt et studie i sammenhæng mellem tveger og ramicorn hos fyr. (Xiong, McKeand, Whetten, & Isik, 2013) Der mangler en specifik scoremetode for ramicorn hos både De Cuyper et al. og Ducci

et al., men deres scoring af grentykkelse, grenvinkler, og graden af apikal dominans har påvirket elementer af ramicorn-scoren.

3.2 Opmåling

Egenskaberne er bedømt ud fra skøn på baggrund af enkeltræet og nabotræernes udseende. Der er ikke brugt måleinstrument til at bedømme placering, grendiameter, stammekrumning eller grenvinkler. Der blev lavet en prøvescoring ud fra billeder fra plantagen før arbejde i felten gik i gang, eksempler kan ses i figur 7, 9, 11 og 12. Før opstart, er skala og scoremetode afprøvet in situ på en gruppe tilfældige træer i bevoksningen, og kalibreret noget. Alle involverede i processen for dataindsamling og dataanalyse deltog i denne kalibrering.

Scoring foregik over en periode på ca. 1,5 måned, fra april til juni 2023. Der blev i snit gennemgået 5 blokke/parceller per person under hver feltdag. Længden på en feltdag var i snit 7 timer (2x2 timers indsamling + 0,5 times pause + 2,5 timers kørsel, tur og retur). I alt blev der indsamlet data hen over 7 gange, i papirark, som vist i figur 10.

Figur 10 Blokoversigt til orientering og scoreboard. Data fra indsamling blev efterfølgende digitaliseret i excel-ark og organiseret til import og beregning i statistikprogrammet 'R'. Foto: Gro, 2023



For de opmålte træer er der noteret, hvis individerne er 'krukker' eller 'undermålere', se fig 11.

Fordi udgangsmaterialet i plantagen er så pas godt, så kan det antages at en krukke, eller et træ med opløst form, er blevet skadet og hæmmet under sin opvækst.

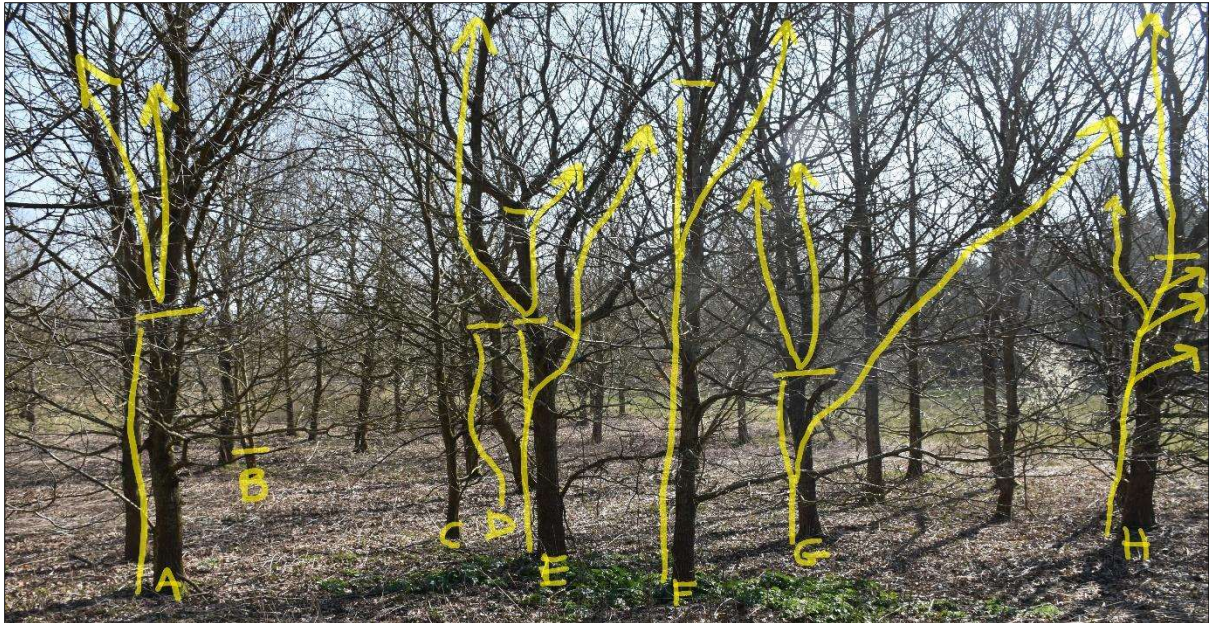
Sandsynligvis på grund af vildtbid, men det kan også tyde på skader fra forårsfrost.

Undermålere er vurderet væsentlig mindre end det gennemsnitlige træ i parcellen. Grunden til manglende tilvækst kan være mange, men individet har af en eller flere årsager ikke kunne følge med i vækstkapløbet opad. Da plantagen aldrig har været tyndet, står de voksende træer mange steder så tæt, at nogle individer får trykket sin krone af nabotræerne meget og ikke kan lægge på i stammediameter.



Figur 11 Krukkedannelse på træ med tydelig tendens til ret vækst. Foto: GFP, 2023

Vurderingen af krukker og undermålere er relativ til FP.283. (Ducci, De Cuyper, Påques, Proietti, & Wolf, 2012)



Figur 12 Prøvescoring ud fra billede fra bevoksningen; A-3,2,3, B-(u), C-4,3,3 (u), D-1,2,2, E-3,1,1 (k), F-5,3,2, G-3,2,2 (k), H-2,3,1 (k). U/K=undermåler/krukke, vertikale streger hentyder til tvegedannelse, og pile til dominerende grene. Rethed kan i billedet kun bedømmes i 1 plan, så 2. plan er et estimat i henhold til gængse score fra dataindsamling. Foto: GFP, 2023

3.3 Dataanalyse

3.3.1 SPECIFIKATIONER

Program til analyse

RGui (64-bit) version 4.1.3 (2022-03-10), Copyright © 2022 The R Foundation for Statistical Computing. Freeware. Herefter benævnt som 'R'.

Litteratur

'General management principles for breeding seed orchards (BSOs) – Part II: Data analysis'
Technical rapport, March 2023

Jon Kehlet Hansen, Edited by Fabio Pedercini

Udgivet i samarbejde med PAISPO, NICFI, CIFOR, World Agroforestry, og IGN/KU.

Datahåndtering

Opmålinger, pedigree (herkomst-fil) og position på enkeltræsniveau er arrangeret i Microsoft Excel, og importeret som csv-fil (semikolon-separeret i dansk version). Engelsksproget kodning af modeller i 'R'.

Datasæt (de importerede filer) bliver tjekket for uregelmæssigheder ved at kigge på plot og histogram over fordeling af udelte scores ved opmålingen. Dette gør at eventuelle tastefejl eller manglende oplysninger kan opfanges og rettes.

For hver af de målte egenskaber tjekkes på residualplot for at afgøre, hvordan værdierne ligger inden for programmets forudsete model (R-model). Derefter bliver der set på et histogram for at afgøre om normalfordelingen er symmetrisk, eller om den er skæv og om det derfor vil hjælpe at transformere data ved hjælp af kvadratrods eller logaritme, så data passer bedre til R-modellering.

Dette for at hjælpe programmet til at arbejde bedre med datasættet og give retvisende resultater.

3.3.2 STATISTIK

Der bliver opstillet en række *hypoteser* om datasættet undervejs, som en *sandsynlighedsberegning* kan hjælpe med at afklare. *Konfidensintervallet* (confidence level) er lagt på 0,95. Det giver rum til en *standard afvigelse* (standard deviation) på 0,05% fra gennemsnittet ved en *normalfordeling*. Jo mindre værdierne er spredt i forhold til den forventede fordeling omkring gennemsnittet, des større signifikans har resultatet. Derfor kaldes det også et mål for *spredning*.

For at vurdere resultatets sikkerhed ud fra repræsentation, beregnes en *SE-værdi* (standard error) mellem 0-1 på gennemsnitsværdien (*mean*). Jo større SE-værdi, des større andel af populationen skal deltage før man kan være sikker på at en stikprøve vil ligge indenfor forventet interval. Det vil være tilfældet for en måling med få individer med meget forskellige værdier. Dette gør resultatet mere usikkert.

Afhængig af hvordan hypotesen er sat op i forhold til programmets regnemodel, kan hypotesen forkastes eller bekræftes (ikke forkastes).

Signifikanskoderne i programmet er opdelt i 5 intervaller, hvor 3 stjerner '***' indikerer den største signifikans, og et punktum eller intet tegn markerer værdier der ligger over 0,05.

Der bliver også regnet på hvor godt R-modellen passer ved respektive analyse, en *logLik-værdi*. Jo større værdi, jo bedre model. Det kan bruges til at vurdere hvor gode de forskellige resultater er i forhold til hinanden.

3.3.3 KVANTITATIV ANALYSE

For at definere den genetiske struktur i det opmålte materiale bliver der foretaget dataanalyser der præciserer følgende fem ting i det opmålte materiale;

1. Mængden af variation inden for hver egenskab (spredning af genotype mellem proveniens og mellem familierne inden for hver proveniens).
2. Den genetiske kontrol af hver egenskab (hvor meget påvirker de observerede genotyper hver især udfaldet).
3. Størrelse af 'genotype x miljø' -effekt i plantagen (er der miljøforskelle, og i hvor høj grad påvirker de genotypernes performance)
4. Estimat af arvelighed for hver egenskab (den samlede effekt af genetisk kontrol, miljøinteraktion, og tilfældigheder)
5. Den genetiske korrelation mellem egenskaber (den indbyrdes effekt mellem egenskaber)

Hypoteserne der bliver testet for i hver af egenskaberne er; Provenienserne er ens (ikke forskellige), Familierne inden for hver proveniens er ens (ikke forskellige), Afkom af plustræerne og standarderne er ens (ikke forskellige). (Kehlet Hansen, 2023)

Ved signifikant *varians* i disse analyser betyder det at det er meget usandsynligt at de observerede forskelle er tilfældige, og derfor at der er stor sandsynlighed for at der er tale om genetiske

variationer i genotypen. Hvis der er genetiske forskelle, så vil der kunne laves et udvalg der skubber træernes genetik i en valgt retning. (White, Adams, & Neale, 2009)

Hvis der er fundet overordnede forskelle for en egenskab, vil der yderligere blive testet for standard afvigelse af gennemsnitsscore (emmean) mellem provenienserne. Ser man en overordnet tendens til afvigelser, bliver der testet for, om afvigelserne er signifikante, ved parvis sammenligning af familiernes værdier. Her får man en *p.value* som igen skal være under 0,05 for at vise til signifikant forskel. På den måde kan man identificere de familier som faktisk genetisk set er væsentlig dårligere end resten for den målte egenskab, i denne plantage og ved denne alder. (Kehlet Hansen, 2023)

For hver analyse bliver der også regnet på om der er blokeffekt. Hvis blokeffekten er signifikant, vil det sige at der er sandsynlighed for at blokkene i sig selv har haft et ensartet mikromiljø, men at der kan være forskel i miljøpåvirkning ud fra i hvilken blok træerne har stået. Der bliver taget højde for signifikant blokeffekt ved videre beregninger. (Kehlet Hansen, 2023)

For de egenskaber der er fundet signifikant varians i, kan der beregnes heritabilitet og avlsværdi.

Avlsværdien er et groft skøn på om en respektive families genotype vil bidrage positivt eller negativt til at rykke middelværdien for en egenskab. Her vil værdien 0 pege på at genotypen sandsynligvis ikke bidrager til nogen forandring af udgangspunktet. Værdierne ligger typisk mellem -1 til 1. (Eriksson & Ekberg, 1997)

Heritabilitet er et mål på graden af arvelighed, og altså sandsynligheden for at en observeret egenskab går igen i næste generation. I denne analyse bliver heritabilitets-værdien kun brugt til at vurdere, om der kan opnås gevinst ved en selektion. (Kehlet Hansen, 2023)

Det estimeres ved at sammenlægge de komponenter af varians der er udregnet, samt de variationer som R-modellen ikke kan forklare. Værdien for heritabilitet estimerer hvor stor del af den totale variation som er genetisk betinget. Værdien kan ligge mellem 0 og 1, hvor 0 er ikke genetisk og 1 er genetisk betinget variation (kan simuleres i et totalt homogent miljø). (Kehlet Hansen, 2023)

For at tilgodese eventuel påvirkning på grund af enkeltræets placering, udføres en rumlig analyse. Her sammenlignes både logLik og en AIC-værdi. Her gælder det, at hvis logLik er større, og AIC mindre, så giver rumlig analyse en bedre model for heritabilitet.

Jo større genetiske variation og heritabilitet, des bedre mulighed for genetisk gevinst ved selektion. (Kehlet Hansen, Svejgaard Jensen, Kjær, Jensen, & Wellendorf, 2012) Dette kaldes også for den estimerede avlsværdi (predicted breeding value, PBV).

Til sidst måles der korrelation mellem de signifikante egenskaber. Graden af korrelation viser til sammenhængen mellem egenskaberne, for at identificere, om de er uafhængige, forstærker eller undertrykker hinandens egenskaber. Korrelation udtrykkes ved værdier mellem -1 til 1, hvor negative værdier peger på sandsynlighed for at vægtning af den ene egenskab vil forværre den anden, og omvendt at positive værdier giver et bedre udfald af begge egenskaber. Jo tættere på 0, des større uafhængighed mellem egenskaberne. (Eriksson & Ekberg, 1997)

3.4 Resultatanalyse

Vurdering omkring brugen af differentieret scoringssystem vil basere sig på dataanalysen for korrelation mellem egenskaberne i bevoksningen. Hvis der påvises signifikant korrelation mellem nogle af egenskaberne, har den differentierede scoringsmetode haft indflydelse på et mere retvisende genetisk udvalg.

På baggrund af teori og dataanalysen vil der opstilles et anbefalet genetisk udvalg. Ved at angive et vægtningsforhold mellem de signifikante egenskaber, samt størrelsen af udvalg, estimeres en R-model. Denne viser ændringer i avlsværdi og oplyser et statusnummer. Statusnummer angiver antal træer i udvalget der er beslægtede, hvilket er vigtig for at forhindre indavl og tab af gener, der påvirker kombinationsmulighederne i fremtiden og derfor både påvirker mulighed for genetisk gevinst og tilpasning ved ændret klima. (White, Adams, & Neale, 2009)

Ved det genetiske udvalg kan genetisk gevinst også estimeres. Fordi forbedring i avlsværdierne kommer til udtryk ved en større andel af træer i bevoksningen med bedre fænotype, kan forbedringen regnes ud, ved at se på, hvordan fordelingen forandrer sig efter graden af tynding. Fordi opmåling er sket ved at kategorisere rethed fra 1-5, bliver værdien for plantagens gennemsnitlige score efter hver tynding, divideret med tallet for standardafvigelse (ved antagelse af normalfordeling). (Kehlet Hansen, 2023)

Modellen opstiller også et plot for det genetiske udvalg, der viser den rumlige fordeling af træer i plantagen efter de valgte tyndingsgrader. Resultatet for det genetiske udvalg vil blive sammenstillet med formål for bevoksningen.

Resultatet af det genetiske udvalg kan bruges til at vurdere, hvordan fremtidige indgreb vil påvirke avlsværdi og struktur i FP.283, samt kåringsmulighed. Vurdering af fejlkilder ved opmåling, samt resultatets mulighed for at sammenlignes nationalt og internationalt, kan ligeledes pege på praktikaliteten og derfor brugbarhed af et differentierede scoringssystem.

Fordi træerne fra de samme modertræer i FP.283 og FP.802 er beslægtede, og man vil forvente en gennemgående kvalitet i disse. Hvor det er muligt, vil tendenser i scoringsresultat, avlsværdier og genetisk gevinst blive sammenlignet. Data der er tilgængelig til sammenligning fra FP.802 er oversigt over avlsværdier for diameter og form (opmålt i 2011 og 2012), samt resultatpræsentation i vidensblade fra Skov & Land, nummer 3.3.52-55.

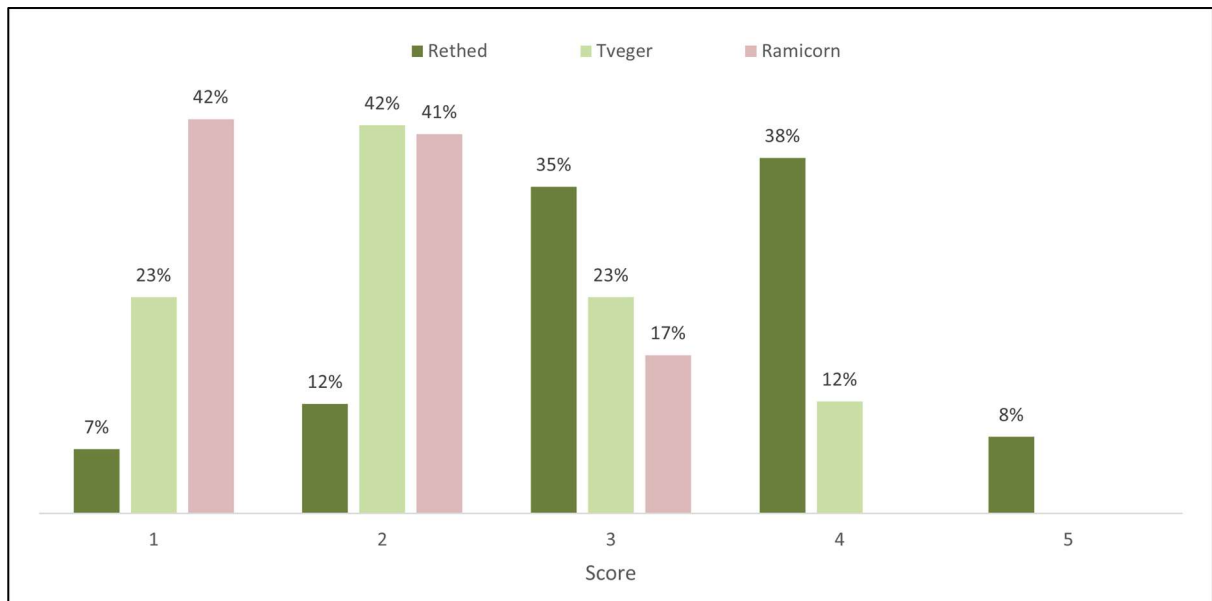
KAPITEL 4 - RESULTATER

4.1 Datamængde og scores i FP.283

Der er i alt blevet scoret 1929 træer i FP.283. Per dags dato står der 2.180 træer tilbage af de plantede 4.322, hvilket giver en afgang på 49,6%. Antal scorede individer fra hver proveniens kan ses i oversigten under. I løbet af dataanalyserne vil de forskellige provenienser benævnes med det nummer der er ud for i kolonnen helt til venstre.

Nr	Proveniens	Frøkilde ID	Antal familier	FP.283 - kode	Antal halv-søskende i data
1	Barrit Tykke, Barritsgård, Østjylland	F.491	4	1-4	110
2	Bidstrup Tåstrup skov, NST Midtsjælland*	F.148	14	5-18	293
3	Bidstrup Tåstrup skov, NST Midtsjælland*	F.693	5	19-23	97
4	Sonnerup byskov, Bregentved, S-Ø Sj.	F.504	8	24-31	230
6	Folehaven, NST Hovedstaden		1	33	24
7	Fovslet skov, NST Trekantsområdet	F.575	2	34-35	64
8	Grønnæsse skov, NST Nordsjælland	F.281	4	36-39	80
9	Staksrode (Stagsrode) skov, NST Trekantsområdet	F.641	5	40, 76, 73-75	136
10	Stenderup Midtskov, NST Trekantsområdet	F.286	3	41-43	43
11	Jægersborg dyrehave, NST Hovedstaden		7	44-50	114
12	Jægersborg hegn, NST Hovedstaden		3	51-53	78
13	Kværrede vænge, Bregentved, S-Ø Sj.	F.651	1	54	22
14	Holmeskov, NST Nordsjælland		3	55-56, 58	34
15	Sønderskov, NST Hovedstaden		3	59-61	98
16	Sonnerup skov, NST Nordsjælland	F.358	3	62-64	65
17	Snevret (Sneveret), NST Nordsjælland		8	65-72	264
18	Freerslev hegn, NST Nordsjælland		5	76-80	96
19	<i>Standard - Bidstrup Tåstrup skov, NST, Midtsj. *</i>	<i>F. 148</i>	-	81	25
20	<i>Standard - Grevindeskoven, Bregentved, S-Ø Sj.</i>	<i>F.631</i>	-	82	23
21	<i>Standard - Boholte skov, Bregentved, S-Ø Sj.</i>	<i>F. 662</i>	-	83	35
5	<i>Standard – Eindhoven 01, Select, Sydholland</i>	<i>B. 5823</i>	-	32	16

Fordeling af scores der blev uddelt ved opmåling med differentieret metode, kan ses i det tilhørende histogram nedenunder.



Figur 13 Fordeling af de uddelte scores for; rethed (1-5), tveger (1-4) og ramicorn (1-3). (M.G. Pay 2023)

Der kan gøres en formodning om kvaliteter i frøplantagen ud fra frekvensen af scores. Her kan vi antage at over 80% af træerne i plantagen har en fornuftig stammeform (scoret 3-5 points). Ligeledes at omkring 65% af træerne har tvegetendens på stammen (men kun 23% har to eller flere tveger), og at ramicorn er en generel tendens (under 23% bedømt uden denne tendens).

33

Ved opmåling blev 276 træer bedømt som krukker og 259 træer som undermålere, hvilket giver en procentdel på hver 14% og 13%.

Det siger ikke noget om hvor vidt disse observationer er betinget genetik, miljø eller tilfældigheder.

4.2 Kvantitative dataanalyser

Ved analyse af de opmålte scores, er følgende blevet kortlagt;

1. Mængden af genetisk variation inden for hver egenskab
2. Den genetiske kontrol af hver egenskab
3. Størrelse af 'genotype x miljø' -effekt i plantagen
4. Estimat af arvelighed for hver egenskab
5. Den genetiske korrelation mellem egenskaber

4.2.1 MÆNGDEN AF VARIATION INDEN FOR HVER EGENSKAB

A. Rethed

Residual er lineært og histogram er normalfordelt. Der moduleres ikke på data.

Hypotese 1: Provenienserne er ens i forhold til egenskaben rethed.

Hypotesen om at provenienserne er ens kan forkastes, fordi der er en meget lille sandsynlighed for

at de observerede forskelle er tilfældige. Sandsynligheden for at observere tilfældige forskelle er 0,1566 %. Variationen af genotype på proveniensniveau er altså betydelig.

Hypotese 2: Familierne er ens i forhold til egenskaben rethed.

Hypotesen om at familierne er ens kan forkastes, fordi R-modellen passer ringere når familievariationer ikke er taget med. Det kan vi se ved at *logLik* er blevet mindre (forringet med -30,8). Sandsynligheden for at variationen er lig nul mellem familierne inden for provenienserne, er meget lille ($4.27e-15$). Der er altså signifikant genetisk forskel mellem familierne inden for provenienserne for egenskaben rethed, hvorfor de observerede fænotypiske forskelle kan tilskrives forskelle i familiernes genotyper. Antal gentagelser på blokniveau og antal eksemplarer af hver familie er taget med i beregningen.

B. Tveger

Residual er lineært og histogram er nogenlunde normalfordelt. Der moduleres ikke på data.

Hypotese 1: Provenienserne er ens i forhold til egenskaben tveger

Hypotesen om at provenienserne er ens kan bekræftes, fordi der er en meget stor sandsynlighed for at de observerede forskelle er tilfældige. Sandsynligheden for at de observerede forskelle er tilfældige er 38.2 procent. Forskellen mellem provenienserne er derfor ikke signifikant.

Hypotese 2: Familierne er ens i forhold til egenskaben tveger

Hypotesen kan forkastes, da *logLik* bliver mindre når familieforskelle ikke tages i betragtning. Sandsynligheden for, at variationen mellem familierne inden for provenienserne er lig med nul, er 0.467 procent. Det peger på en betydelig forskel mellem familierne inden for provenienserne, eller at variation i genotype mellem familierne er en betydelig årsag til variationen i observeret fænotype.

C. Ramicorn

Residual er lineært men histogram er ujævnt, dog nogenlunde normalfordelt. Moduleret data med kvadratrods giver ikke den store forbedring i modellen, og derfor forkaster vi at bruge moduleret data.

Hypotese 1: Provens er ens i forhold til egenskaben ramicorn

Hypotesen om at provenienserne er ens kan bekræftes, da der er en meget stor sandsynlighed for at de observerede forskelle er tilfældige. Sandsynligheden for at de observerede forskelle er tilfældige er 69,7 procent. Forskellen mellem provenienserne kan derfor ikke tilskrives genetisk variation mellem provenienserne.

Hypotese 2: Familierne er ens i forhold til egenskaben ramicorn.

Med en *logLik* differens på under 1, passer modellen næsten lige godt uden familievariationerne, og hypotesen kan ikke forkastes. Sandsynligheden for, at variationen mellem familierne inden for provenienserne er lig med nul, er 23,2 %. Forskellen mellem familierne er ikke signifikant, og derfor foretages der ikke flere analyser, da flere analyser vil kunne henlede til ubetydelige forskelle.

4.2.2 DEN GENETISKE KONTROL AF HVER EGENSKAB

A. Rethed

Hypotese 3: Provenienserne præsterer lige godt i forhold til hinanden

Fordi der er fundet betydelig forskel mellem genotyperne indenfor hver proveniens, fortsætter vi med at analysere på rethed, ved at sammenligne provenienserens gennemsnitscore (emmean) og

standardafvigelser (SE). Værdierne er justeret for blokeffekt (miljøpåvirkning inden for hver blok).

Proveniens 12 (Jægersborg hegn) har det laveste gennemsnitsscore og proveniens 13 (Kværrede vænge) det højeste. Den statistiske sikkerhed omkring rethed for provenienserne 5, 6, 13, 19, 20, og 21 er ikke det bedste (høje værdier for SE) Afvigelse kan være fordi der er færre eksemplarer af disse provenienser, eller at de har flere ekstreme værdier i forhold til rethed.

Overordnet set er der altså forskelle, og der analyseres videre, for at tjekke om der har signifikante forskelle (fig 3). Provenienserne sammenlignes parvis på blokniveau. Her tyder det på at proveniens 12 skiller sig signifikant ud i forhold til provenienserne 3, 4, 8 og 15, 16, 18. Genotypen i familierne fra Jægersborg hegn giver altså væsentlig dårligere rethed, og hypotesen kan forkastes.

Hypotese 4: Afkom af plustræerne og standarderne er ens i forhold til egenskaben rethed. For at måle på dette lægger vi alle familier fra hver proveniens sammen i én pulje; prov1.1 Standarderne er som følger; prov1.2 = Holland, NL S, Eindhoven 01; prov1.3 = F.148 Bidstrup, Tåstrup; prov1.4 = F.662 Bregentved, Grevindeskoven; prov1.5 = F.631 Bregentved, Boholte

Både proveniensforskelle og blokforskelle har meget lille sandsynlighed for at være tilfældige. Derfor kan hypotesen om at standarderne er ens med afkom fra plustræerne, forkastes. Der er signifikant forskel mellem standarderne og gruppen af familier i forhold til rethed. For at finde frem til hvor denne forskel ligger, sammenlignes proveniensgrupperne parvist.

Gennemsnittet for familierne er bedre end de danske standarderne, men er forskellen statistisk sikker? Afkom af de udvalgte plustæer (prov1.1) er statistisk bedre end standard fra Boholte (prov1.5) med en p.value på 0,0093. Mellem familierne og de andre standarder kan der ikke påvises at bedre fænotype nedarves fra modertræerne, på trods af at de er udvalgt på baggrund af overlegen performance.

B. Tveger

Hypotese 3: Provenienserne præsterer lige godt i forhold til hinanden

Ved parvis sammenligning af gennemsnitsværdierne for hver proveniens, finder vi overordnet set ikke signifikante forskelle. Provenienserne udviser en ensartet tendens til tvegedannelse, og hypotesen kan ikke forkastes. Derfor giver det ikke mening at analysere videre på disse faktorer. Det vil kunne give ophav til fejl ved at der tolkes på tilfældige forskelligheder.

Hypotese 4: Afkom af plustræerne og standarderne er ens i forhold til egenskaben tveger. Der er 15,4 procent sandsynlighed for at observerede forskelle er tilfældige. Der er derfor ingen signifikant forskel på tvegedannelse mellem standarder og gruppen af familier, hvorfor den observerede tendens hos modertræerne kun er arvelig i mindre grad. Analysen stopper her, da der ikke grund til at se mere på sandsynligvis tilfældige forskelle.

C. Ramicorn

Afprøvning af hypotese 3 foretages ikke, da de observerede forskelle i forekomst af ramicorn ikke kunne tilskrives forskelle i familiernes genotype.

Hypotese 4: Afkom af plustræerne og standarderne er ens i forhold til egenskaben ramicorn. Hypotesen om af standarderne og afkom af plustræer er ens kan ikke forkastes. Der er 7,99 procent sandsynlighed for at forskelle skyldes en tilfældighed. Da forskellene kan skyldes tilfældigheder, så er fortsat sammenligning mellem provenienser ikke relevant (i dette materiale og forsøg kan der ikke

observeres forskel på tendens til ramicorn mellem standarder og gruppen af familier. Dette udelukker ikke, at der i et andet forsøg/større materiale kan findes genetisk betinget forskelle).

4.2.3 STØRRELSE AF 'GENOTYPE X MILJØ' -EFFEKT I PLANTAGEN

Hypotese 5: Blokkene har ensartet miljø

Blokeffekten er betydende for variation mellem gennemsnitscoren på blokniveau hos alle egenskaber, hvilket vil sige at familierne yder forskelligt ud fra hvilken blok de står i. Genotyperne har reageret på disse mikroklimatiske forskelle, hvorfor noget af den fænotypiske varians kan tilskrives interaktion mellem genotypiske forskelle på familieniveau og miljø på blokniveau.

Både ved tvege- og ramicorn-tendens var der ikke estimeret betydende forskel mellem proveniensernes indbyrdes ydeevne, hvorfor miljøpåvirkning må være desto større årsag til de observerede forskelle.

Det peger på, at blokstrukturen har været effektiv, idet den har opsnappet mikroklimatiske forskelle hen over frøplantagen.

Hypotese 6: Enkeltræets rumlige placering har et ensartet miljø

Denne analyse er den del af estimat for heritabilitet, hvorfor det præcise resultat præsenteres i afsnittet under. Generelt for alle egenskaber er, at der ved sammenligning på tværs af rækker og positioner, ikke er en betydelig forskel i afvigelse fra gennemsnitsscoren, hvorfor hypotesen ikke kan forkastes.

4.2.4 HERITABILITET

A. Rethed

```
Formula: stem ~ 0 + block + prov + female_block + pedigree
Data: templ
AIC BIC logLik
5001 5017 -2497

Variance components:
      Estimated variances      S.E.
female_block      0.1615 0.03679 (familie x blokeffekt)
genetic            0.3075 0.08883
Residual           0.4020 0.07675 (variation som modellen ikke kan forklare/tilfældig variation)

      Estimate      S.E.
Heritability      0.3512 0.09632
```

Figure 9 Udsnit fra programvindu i 'R' for analyse der estimerer hvor stor effekt der er på arveligheden for rethed fra miljø, genetik og tilfældigheder (variance components). (R-model, M.G. Pay, 2023)

Analysen viser variation i forsøget fordelt på forskellige effekter. Den totale varians er 0,871 = fænotypisk varians på stammeform (det vi kan se i felten). SE-værdi er 0,09 (kvadratrods på 0,871), hvilket tyder på at resultatet er et sikkert estimat, da der er stor sandsynlighed for at en stikprøve i bevoksningen vil udvise en forventelig rethed.

Den totale genetiske variation på baggrund af variation mellem familierne giver en heritabilitet på 0,35. Det peger på, at der er mulighed for at forbedre egenskaben ved genetisk udvalg.

Ved rumlig analyse er logLik blevet 8 mindre (-2497 til -2505) hvilket peger på ringere sammenhæng mellem avlsværdi og placering af træet. AIC er blevet 20 større (5001 til 5021), så begge værdier er forringet. Heritabilitetsestimatet er gået fra 0,35 til 0,31, hvilket er en ringere avlsværdi hvis træets placering får indflydelse på beregningen.

Avlsværdierne er forringet ved rumlig analyse og derfor går vi tilbage til analysen uden rumlig variation.

B. Tveger

På tveger heritabiliteten estimeret til 0,1, så det peger på en lav grad af arvelighed på enkelttræsniveau. Provenienser er ikke medregnet i modellen, da der ikke blev fundet signifikante forskelle i analyserne for varians.

Der blev fundet blokvariens, hvorfor det også er relevant at se på om træernes placering påvirker heritabiliteten. Beregningen bliver kørt igen med spatiel effekt medregnet. Minimal forbedring i både AIC (5006 til 5005, 1 mindre) og logLik (-2500 til -2498, 2 større), så den rumlige effekt påvirker ikke arvelighed af tveger signifikant! At foretage en udvidet rumlig analyse vil ikke give mening.

C. Ramicorn

Fordi der ikke er fundet signifikante forskelle mellem provenienser og mellem familier for egenskaben ramicorn, kan der ikke foretages en vurdering af arvelighed.

4.2.5 KORRELATION MELLEML EGENSKABER

En meget lille værdi på 0,035 for korrelation mellem rethed og tvegedannelse peger på at egenskaberne er positivt uafhængige. Der kan selektere for rethed uden at det giver mere tvegedannelse. Det er dog ikke signifikant genetisk sammenhæng mellem rethed og tvegedannelse.

Det at vi har et resultat der differentierer tveger og rethed peger på at differentiering i scoring af disse to egenskaber har gjort en forskel. Det at ramicorn ikke har differentieret sig kan det tyde på at denne fænotype ikke adskiller sig meget mellem træerne og at variation sandsynligvis er påvirket af miljø (tilfældigheder).

4.3 Genetisk udvalg

Fordi rethed har den bedste avlsværdi og tveger en meget lille, bliver vægtningsforholdet sat til 5:1. Første udvalg bliver ned til 1000 træer, da det svarer ca. til halvdelen af nuværende bestand. Der vægtes på krukker og undermålere bliver taget ud, samt at det ringeste træ i hver parcel (for at reducere risiko for bestøvning mellem to halvsøskende). Dette giver følgende værdier;

	a1	a2	nselect	mPBV1_init	mPBV2_init	mPBV1	mPBV2	avg_coanc	Nst
1	0	1	1000	0.01138885	-0.001195658	0.07338931	0.05635139	0.00222900	224.3158
2	1	1	1000	0.01138885	-0.001195658	0.23498686	0.02710692	0.00234075	213.6067
3	2	1	1000	0.01138885	-0.001195658	0.23732778	0.02405194	0.00234825	212.9245
4	3	1	1000	0.01138885	-0.001195658	0.23817845	0.02196701	0.00235175	212.6076
5	4	1	1000	0.01138885	-0.001195658	0.23846117	0.02101342	0.00235050	212.7207
6	5	1	1000	0.01138885	-0.001195658	0.23849932	0.02082756	0.00235225	212.5624

Der er en forbedring i PBV fra 0,011 til 0,238 ved denne selektion. Statusnummer ligger på 212,5.

For en selektion ned til 500 træer (svarende til målet om 100 træer per hektar) får vi følgende værdier;

	a1	a2	nselect	mPBV1_init	mPBV2_init	mPBV1	mPBV2	avg_coanc	Nst
1	0	1	500	0.01138885	-0.001195658	0.1339710	0.13775457	0.003823	130.7873
2	1	1	500	0.01138885	-0.001195658	0.4503002	0.07896016	0.003849	129.9039
3	2	1	500	0.01138885	-0.001195658	0.4597988	0.06666277	0.003805	131.4060
4	3	1	500	0.01138885	-0.001195658	0.4614675	0.06252228	0.003779	132.3101
5	4	1	500	0.01138885	-0.001195658	0.4623450	0.05943239	0.003769	132.6612
6	5	1	500	0.01138885	-0.001195658	0.4629511	0.05672522	0.003741	133.6541

Forbedring af PBV går nu fra 0,011 til 0,462. Statusnummer er gået ned til 133,6.

Statusnummer er beregnet ud fra antagelserne om at familiemedlemmer er halvsøskende, og at alle træer bidrager med lige meget pollen og frø, samt at avlsudvalget forbliver det samme.

De to udvalg munder ud i følgende rumlig fordeling i plantagen, hvor grønne prikker markerer de udvalgte bestandstræer med bedst avlsværdi, og grå er de individer der bliver taget væk;

Første tynding ned til 1000 bestandstræer.

Anden tynding ned til 500 bestandstræer.

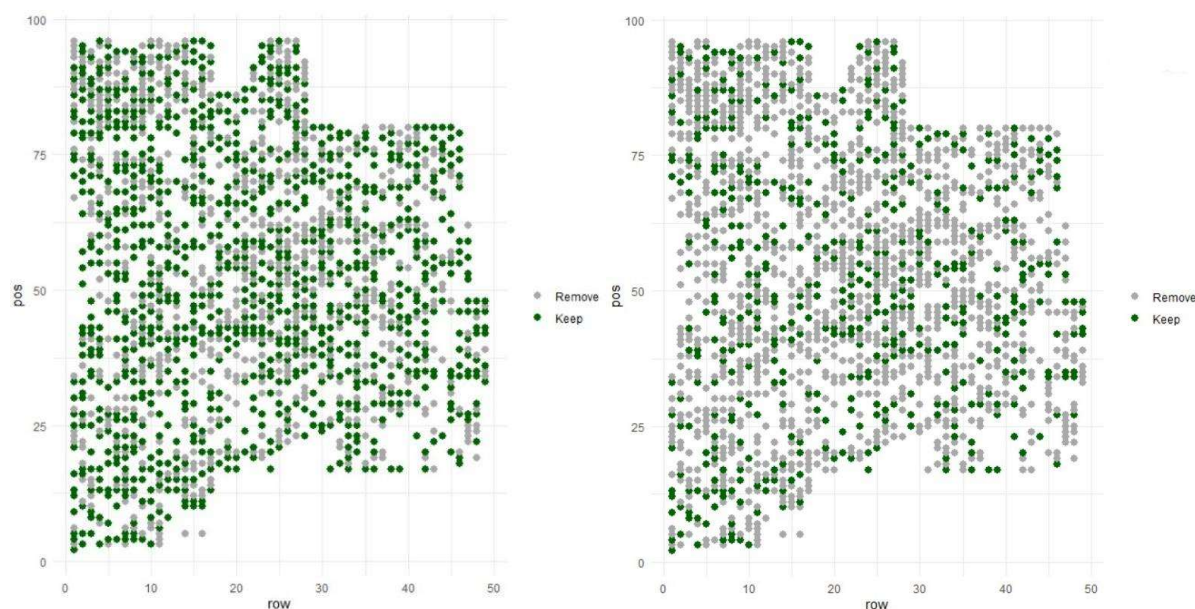


Figure 10 Den rumlige fordeling af bestandstræer efter hver tynding. Bemærk at det korresponderer med blokstrukturen og de manglende opmålte områder, der er beskrevet i afsnit 4.1, og også kan ses i bilag 1. (R-model, M.G.Pay 2023)

Hvis strukturen ønskes at nærstuderes, så findes plot i en bedre opløsning i bilag 5. Det overordnede for denne oversigt er, at de anbefalede genetiske udvalg giver en relativt ujævn struktur, hvor ikke alle bestandstræer får lige meget luft omkring sig.

Fordelingen mellem provenienserne ved disse scenarier vil blive følgende, hvor lyserød stabel opgør repræsentation fra hver proveniens ved genetisk udvalg på 1000 træer, og mørkegrøn stabel viser repræsentation ved et genetisk udvalg på 500 træer.

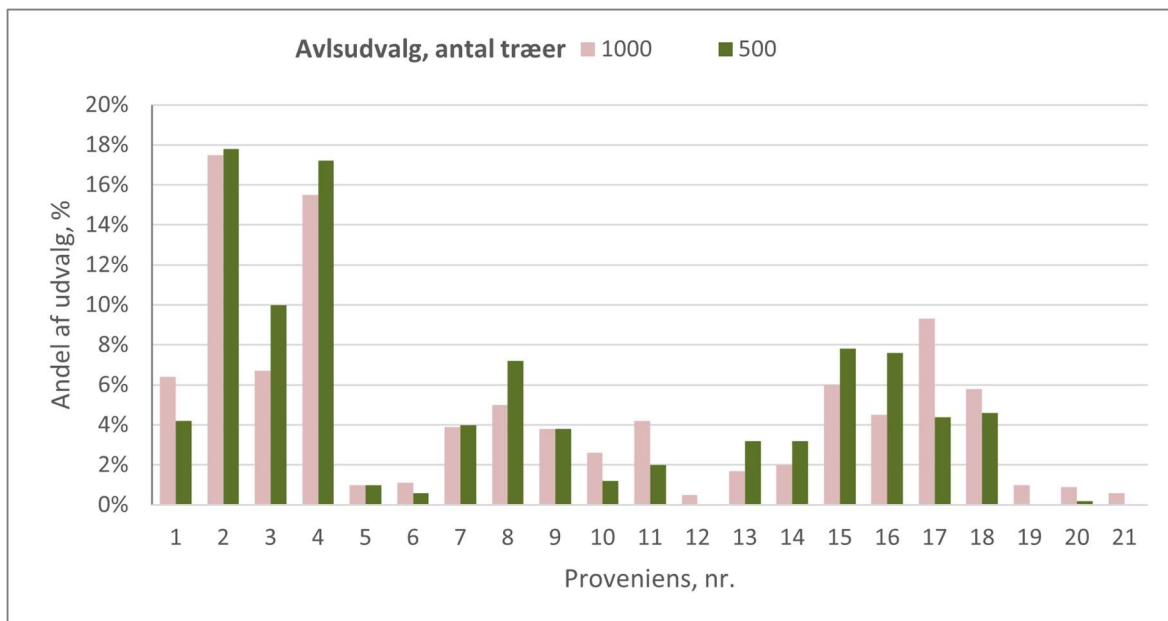


Figure 11 Diagrammet viser at de provenienser med dårligst arvelighed, forsvinder ud af plantagen. (M.G. Pay, 2023)

Ud fra dette kan vi se tendenser for proveniensernes indflydelse på den genetisk gevinst, hvilket korresponderer med avlsværdi. Proveniensi fra Tåstrup skov-Bidstrup og Sonnerup byskov-Bregentved har, baseret på denne opmåling, de bedste forudsætninger for at bidrage til at FP.283 når sit mål, om at producere træer med forbedret stammeform. Til gengæld forsvinder familierne fra Jægersborg hegn helt, ligesom de fleste af træerne fra de danske standarder.

4.4 Resultatanalyse

Da der ikke blev fundet tilstrækkelig varians på stammeform i FP.802 i 2011, kan der ikke sammenlignes værdier for familie- og proveniensforskelle. Grundet til den manglende varians henledes til observation af gennemgående og ensartet god kvalitet i plantagen.

Genetisk udvalg blev i FP.802 foretaget ud fra vækstkraft målt på stammediametre. På grund af manglende scoring af vækst i FP.283, kan der ikke foretages en direkte sammenligning af avlsværdier.

Der er væsentlige forskelle i statusnummer mellem de to plantagers udvalgs-scenarier. Ved anden tynding ned til 500 træer i FP.283 er statusnummeret 133, omkring det dobbelte af FP.802 ved første tynding ned til 612 træer. Det peger på en større genetisk diversitet og et bedre forædlingspotentiale i FP.283.

Forbedring i avlsværdierne for FP.283 kommer til udtryk ved en større andel rette træer i plantagen og færre med tvegetendens. Efter første tynding vil andelen af træer med en score over 3 (ud af 5) være steget fra 62% til 79%, og efter anden tynding forudsiges andelen af træer med en rethedsscore over 3 at være 90%. Samtidig forsvinder andelen af træer med scores under 3 helt. For tveger vil fordelingen af scores over 2 (ud af 4) ændre sig først fra 60% til 66%, og så til 73%.

Den genetiske gevinst er estimeret til at være mellem 17-28% for rethed og mellem 6-13% for tveger.

KAPITEL 5 - DISKUSSION

5.1 Interessante udpluk fra resultaterne

Klarer afkom af modertræerne sig bedre end gennemsnittet, og er der nogle udvalgte plustræer der har udmærket sig? Gennemsnitsscoren for afkom af familierne er højere end alle standarderne med dansk oprindelse (for egenskaben rethed). Det er måske mest med til at understrege, hvor stærk genotypen for ekstrem god rethed er i Hollandsk stilkeg. I forhold til en sikker genetisk overlegenhed hos afkom fra de udvalgte modertræer, så klarer de sig bedre end gennemsnittet for standarden fra Boholte skov.

Der var ikke målt genetisk overlegenhed i afkommet fra de udvalgte modertræer for de andre egenskaber, eller mellem de udvalgte modertræer fra Tåstrup skov og standarden fra Tåstrup skov.

Er forbedringspotentialet egentlig ringe for tvegetendens?

En genetisk gevinst på 6-13% for avlsudvalget virker jo umiddelbart ret fint. Andelen af træer hvor der er observeret tvegedannelse på selve stammen vil udgøre mindre end 27% af bevoksningen, og derfor have væsentlig mindre genetik at bidrage til, hvis vi går ud fra at alle træer bidrager med lige mange pollen og frø, samt at fordelingen af pollen er ligelig. Dette er jo sjældent tilfældet i virkeligheden, hvorfor tallet må anses overvurderet. Samtidigt kan fremtidige avlsværdier være misvisende, da der må tages højde for hvordan gener kommer til udtryk over tid og under forskellige forhold. (White, Adams, & Neale, 2009)

Gennem praktisk erfaring, ved man at tvegedannelse hænger sammen med sen afmodning og frostskafer. (Proschowsky, 2023) I FP.283 peger den signifikante blokeffekt for alle egenskaberne på, at der er miljøforskel hen over bevoksningen. Dette er sandsynligvis betinget af, at plantagen dækker et større areal, og derfor kan have flere mikroklimaer med frostudsathed. Det ville være interessant at se på genetisk korrelation mellem afmodning og tvegedannelse, og fastsætte om det vil være muligt lave et genetisk udvalg der gør en større forskel for forekomsten af tveger hos afkommet.

Er miljøpåvirkning virkelig blevet taget ud af ekvationen?

Der er taget hensyn til miljøeffekterne i analyserne, ved at tage højde for blokeffektens vekselvirkning på familiernes avlsværdi, og ved at krydstjekke om modellen for avlsværdi passede bedre eller værre ved at tage hensyn til enkeltræets spatiale placering.

Vi kan antage, at der er større sandsynlighed for at et mikroklima med frost-tendens optræder ensartet i en blok, i forhold til omkring enkelttræerne hen over plantagen. Det viste sig at den rumlige miljøpåvirkning på familierne var af mere tilfældig art end de opfangede forskelle mellem blokkene. Ud fra dette kan vi antage at genotype har større indflydelse på de fænotypiske forskelle end miljø. (White, Adams, & Neale, 2009)

Viltskader kan have haft betydning for afgang af planter og andelen træer med deformeret vækst overalt i FP.283. En stor indhegning inviterer til et større vildttryk, hvorfor der vil være tendens til flere skader fra fejning og bid på flere planter. Kombinationen af mange åbne marker omkring plantagen og få andre egebevoksninger i nærheden, lokker vildtet til at trænge ind i plantagen. (Bergstedt, 2018) Viltskader kan derfor udgøre en væsentlig del af de tilfældige miljøpåvirkninger. Dette kunne for eksempel være tilfældet for tendensen til ramicorn i plantagen, hvor variansen ikke kunne spores tilbage til forskelle i genotype hos familierne.

Fordi miljøeffekten kun sammenlignes mellem familierne i en relativt ensartet plantage, og ikke mellem flere forsøg med familierne anlagt på forskellige lokaliteter (proveniensforsøg), så er der ikke sikkerhed for at variationerne i FP.283 vil være de samme på helt anderledes lokaliteter. (White, Adams, & Neale, 2009)

5.2 Metode

5.2.1 DIFFERENTIERET SCORINGSSYSTEM

Hvilken reel forskel har brugen af differentieret scoring gjort?

Ved brugen af differentieret scoringssystem i opmåling af FP.283, er der opsnappet forskelle for rethed og tveger mellem provenienser, familier og i korrelationen mellem rethed og tveger. Derfor er estimatet af avlsværdierne blevet mere præcise. (Proschowsky, 2023)

Den meget lille korrelation mellem egenskaberne, hvilket tyder på at en selektion for rethed ikke påvirker forekomsten af tveger væsentligt, og at rette træer sagtens kan have tendens til tvegedannelse. Rent genetisk betyder det at de gener der har mest indflydelse på rethed, ikke har særlig meget indflydelse på tvegedannelse, og vice versa. Rent praktisk betyder det at udfaldet af tveger ikke kan forudses på baggrund af styring af rethed. På grund af at korrelerede alleler reagerer individuelt på miljøpåvirkning, bliver det ydermere svært at estimere udfald fra et enkelt forsøg. (White, Adams, & Neale, 2009)

Avlsudvalg ved brug af den sammensat score ville sandsynligvis have afvejet noget, eftersom systemet er baseret på en antagelse om sammenhæng mellem rethed og tveger. Hvis plantagen som så ellers har haft en ensartet påvirkning af andre miljøfaktorer som frost og vildttryk, vil dette være medvirkende til en ensartet bevoksning med lidt forædlingspotentiale på rethed. Grundet tidspresset var en prøvescoring med sammensat score for en passende andel af træer i plantagen ikke muligt, men resultatet herfra ville kunne tydeliggøre om scoringssystemerne gav signifikant forskellige resultater. (Proschowsky, 2023)

Disse nuancerne i genetikken ses ikke i resultatet for parallelforsøget FP.802, hvor sammensat scoring blev brugt for stammeformen. Her er der i det hele taget ikke blevet målt en signifikant varians for stammeform mellem familierne og provenienserne. Der er dog to ting der kan have haft stor indflydelse på dette.

For det første er FP.802 en meget mindre SSO, med mulighed for færre gentagelser og med et mindre udvalg af forskellige provenienser og familier. Den genetiske diversitet har fra grunden været mindre end i FP.283. Det mindre areal har også større sandsynlighed for at bibeholde ensartet miljø.

For det andet blev træerne plantet med mindre afstand mellem individer og rækker, og dette er en væsentlig miljøfaktor, der påvirker rethed, men også grendannelse, kroneudvikling og diameter-tilvækst. Ved anlæg har man altså ikke justeret for at minimere denne type miljøeffekt. (Kehlet Hansen, Svejgaard Jensen, Kjær, Jensen, & Wellendorf, 2012)

Jeg synes det er svært at afgøre på baggrund af de få mulige sammenligninger, om brugen af differentieret scoring gør en stor forskel. Det tyder dog på, at i FP.283, og ved opmåling ved denne alder, at det har gjort en lille forskel for resultatet.

Hvilke er begrænsningerne for brugen af differentieret score?

Brugen af differentieret system er sandsynligvis mere tidskrævende, da der tages stilling til 3 forskellige elementer ved hvert træ, med forskelligt opdelt scores med respektive definitioner. Ved en sammensat score laves én vurdering ved hvert træ. Det gør en sammensat scoring langt mere praktisk. Det er dog sikkert at det gør det mindre subjektivt at score med. En differentieret score har i det mindste lidt flere retningslinjer i forhold til bedømmelses- og kategorisering på pointskala.

Det er tydeligt at sammensat scoring for stammeform er mere udbredt, og de forskellige forsøg på at standardisere sammensat scoringsmetode peger på, at det er denne metode er accepteret i forhold til genetisk udvalg i frøplantager. Resultaterne fra den differentierede scoring i FP.283 kan ikke sammenlignes direkte med lignende forsøg, der er scoret med sammensat score, hvilket påvirker muligheden for vidensdeling. Forsøget med differentieret scoring er dog et lille bidrag til vidensbanken og kan tages i brug ved mere forskning.

5.2.2 OPMÅLING

Fejkilder

Ved prøvescoring i FP.283 blev der aldrig udpeget repræsentative træer for de forskellige scores. Grunden til at dette kan være vigtig er, at en subjektiv scoringsmetode over store arealer og mellem mange individer har tendens til at rykke sig. (Ducci, De Cuyper, Påques, Proietti, & Wolf, 2012)

Subjektiviteten er desuden blevet større, fordi vi var to, der scorede plantagen (og nogle gange en blok), samt at det foregik over en længere periode.

En anden kilde til fejl i data, kan stamme fra transskribering fra håndnote til digitalt format. Her er det min personlige overbevisning, at et mere digitaliseret opmålingssystem vil gøre datahåndtering mere effektiv, og hvis det desuden er koblet sammen med GIS, give færre spatiale fejkilder.

Opmåling med differentieret scoringssystem var en meget omfangsrig og tidskrævende opgave, hvor en sammensat scoringsmetode sandsynligvis ville have gået hurtigere grundet færre vurderingspunkter ved hvert træ. Det kunne altså tyde på en mere praktisk anvendelighed, og det er sandsynligvis derfor dette er den foretrukne.

Datamængde

Der er en rest på omkring 250 træer, der ikke er indsamlet data på i bevoksningen, det svarer til ca. 13 % af plantagen per dags dato. De undladte træer står i blok 38, 16, 43, 34, 36 og 10. Disse blokke forefindes i to yderområder i plantagen, hvoraf den sydvestlige del har haft stor afgang i planter, er meget hullet og generelt med spor af vildtskader/dårlig vækst. Den nordøstlige del (blok 10) ser så vidt ud som resten af plantagen og indeholder i omegnen af 100 træer. For et spatialt overblik, se bilag 1 – 'Opbygning 2023' hvor de udeladte blokke er markeret med gult.

Grundet tidspres og efterhånden svær fremkommelighed i en voksende brændenælde-bestand, så vi os (MGP & GFP) tilfreds med at lade dette være. Det drejer sig om en relativt lille andel af et stort datasæt og anses derfor ikke have nogen større betydning for resultaterne.

I forhold til dødelighed, kan det kun erkendes at en afgang på knap 50 % i en utyndet bevoksning ved denne alder, vil være ganske normalt ved skovdyrkning. Det var dog også observeret store uligheder

i bevoksningens dækningsevne, hvorfor det må anses at afgangen ville have været væsentlig mindre hvis den ulige negative påvirkning ikke havde fundet sted.

Grundet manglende erfaring med kvantitative dataanalyser og begrænset tidsrum til at foretage resultatberegninger, blev det ikke muligt at se på dødelighed i forhold til genotype. Det ville have været interessant i forhold til at vurdere, om der var genetisk forskel mellem familiernes evne til at overleve forstyrrelser/robusthed. I vis omfang vil det måske også pege på forskelle i genotyper, der styrer tilvækst.

5.3 Fremtiden for FP.283

Kan FP.283 opfylde sit eget mål, og kåringsudvalgets krav, ved det anbefalede genetiske udvalg?

De traditionelle mål for tilvækst (diameter og højde) er ikke studeret, men der er tydelig genetisk gevinst i kvaliteten ved udvalget, så målet om bedre ydeevne skulle sådan set være opnået.

Sundhed og robusthed er heller ikke blevet analyseret ved målingerne, og det ville måske være en god idé at få målt på dødelighed og tendens til vanris. Det skal dog siges at der ikke blev observeret tendens til vanris ved nuværende alder i bevoksningen, på trods af den betydelige blokeffekt der blev noteret ved analyserne.

Kravene til dokumentation og beskyttelse mod fremmed pollen er opnået, og populationseffektiv størrelse/genetisk diversitet fortsætter med at være god ved det anbefalede udvalg.

Det vurderes derfor meget muligt at FP.283 kan komme til at kåres som 'kvalificeret'.

Bliver det en god frøplantage?

FP.283 har gode muligheder for at blive en god SSO, hvis vi ser på de forbedringspotentialer, der er for rethed, og på træernes mulighed for at producere meget frø fra veludviklede kroner. Selv om plantagen har haft en dårligere start end parallelforsøget, så har FP.283 klart bedre mulighed for at give en større mængde agern per træ med mere potent genetik, end søsterplantagen FP.802.

7. KONKLUSION

Om udvælgelsen af bestandstræer i en vilkårlig SSO for stilkeg, bliver bedre af at bruge en differentieret score fremfor helhedsscore, er svært at vurdere ud fra en enkelt undersøgelse. Opgaven har til dels med afhjulpet det identificerede problem i den undersøgte SSO, men kan i det store perspektiv bedst ses som et bidrag til et mere omfattende forskningsprojekt.

Ved at udvikle og afprøve et differentieret scoringssystem er der fundet frem til følgende;

Til forskel fra helhedsscore, så er et differentieret system baseret på antagelsen om, at de egenskaber der påvirker kvaliteten på de mest værdifulde egetræeffekter, ikke hænger genetisk sammen i et fast forhold.

I FP.283 er der en meget lille positiv korrelation mellem genotype for bedre rethed og genotyper for færre tveger. I realiteten betyder dette at flere rette træer ikke garanterer færre tveger, hvilket ville være antaget ved brug af helhedsscore. Det differentierede scoringssystem har opfanget nuancerne i materialet og derfor bidraget til mere præcise estimeringer af avlsværdier.

Brugen af et differentieret scoringssystem kan resultere i flere fejlkilder, i det mindste så længe der bliver brugt en subjektiv scoringsmetode. Differentieret scoringsmetode vurderes også mindre effektivt, og derfor mindre praktisk i forhold til indsamling af store mængder data.

Ved analyse af de indsamlede data fra afprøvning, har det været muligt at fastsætte hvor meget af de observerede der er genetisk betinget eller kan tilskrives tilfældigheder.

Af de observerede forskelle i fænotype, kan rethed og tvegetendens tilskrives genotypiske variationer mellem familierne i hver proveniens. Tendensen til ramicorn kan umiddelbart ikke tilskrives genotypisk variation, men er sandsynligvis en effekt af tilfældige miljøforskelle.

Forbedringspotentialet i FP.283 viste sig gennem en høj grad af genetisk kontrol, genotypisk variation og lille tilfældig effekt for rethed (heritabilitet på 0,35), og i mindre grad for tveger (heritabilitet på 0,1).

Det er på baggrund af resultaterne fra det undersøgte og den teori der ligger bag, blevet vurderet hvilke betydninger det har for efterfølgende forædlingsarbejde (in den undersøgte SSO), at udvalget er baseret på differentieret metode frem for helhedsmetode.

Der er betydende prædikteret genetisk gevinst for rethed ved en udvælgelsesgrad på 500 bestandstræer (ned til 1000 træer i første omgang).

Antal træer i frøplantagen	Rethed % andel A-kævlé	Tvegetendens % andel uden stammetvege	Statusnummer
1000	17	6	213
500	28	13	133

Udvælgelse af det bedste træ i hver parcel sikre rumlig genetisk diversitet, ved at forhindre

sandsynligheden for indavlsdepression. Statusnummer angiver at antallet af beslægtede træer i plantagen efter tyndingerne forbliver tilfredsstillende, og at der stadig er stor genetisk variation mellem familierne i bestanden.

Det forudses af FP.283 godt kan blive kåret på baggrund af det anbefalede genetiske udvalg i denne analyse, men der er tvivl om hvorvidt en analyse for dødelighed kan afgøre den genetiske robusthed, og i så fald om dette vil påvirke den indbyrdes rangorden for familiernes avlsværdier.

BIBLIOGRAFI

Bergstedt, A. (2018). *Skovdyrkning i praksis*. IGN.KU.

Biotech academy. (13. August 2023). *Genetik*. Hentet fra Biotech Academy:

<https://www.biotechacademy.dk/undervisning/gymnasiale-projekter/genetik/gener-kromosomer-genotype-og-faenotype/>

Birch et al., P. (13. August 2023). *Nyt, grønt BNP ...* Hentet fra Videnskab.dk:

<https://videnskab.dk/kultur-samfund/nyt-groent-bnp-giver-naturen-en-stemme-i-danmarks-oekonomi/>

Danmarks Statistik. (13. August 2023). *Branchefordelt nationalregnskab*. Hentet fra Danmarks statistik:

<https://www.dst.dk/da/Statistik/emner/oekonomi/nationalregnskab/branchefordelt-nationalregnskab>

Dansk skovforening. (2021). *Prisstatistik fra Danmark*. Hentet fra Dansk Skovforening:

<https://www.danskskovforening.dk/wp-content/uploads/2021/08/Prisstat-Juni-2021.pdf>

Ducci, F., De Cuyper, B., Pâques, L., Proietti, R., & Wolf, H. (2012). *Reference protocols for assessment of trait and reference genotypes to be used as standards in international research projects*.

Arezzo, Italy: Ed. CRA SEL.

Eriksson, G., & Ekberg, I. (1997). *Skogsgenetik - en introduktion*. Uppsala: SLU.

Frøkildeoversigt. (20. 01 2023). Hentet fra plantevalg.dk:

[https://plantevalg.dk/SourceProfile.aspx?species=27&source=881&zoneId=10&jordbundstype=2&purpose=1&location=\(708550,6210211\)&referer=/SourceProfile.aspx](https://plantevalg.dk/SourceProfile.aspx?species=27&source=881&zoneId=10&jordbundstype=2&purpose=1&location=(708550,6210211)&referer=/SourceProfile.aspx)

Hvid Jørgensen, J. (26. 05 2023). Forædling af stilkeg på Bregentved. (G. Pay, Interviewer)

Kehlet Hansen, J. (Juni-August 2023). Kvantitative dataanalyser i 'R'. (M. Pay, Interviewer)

Kehlet Hansen, J., & Skarvig, I. (18. April 2023). *Valg af proveniens*. Hentet fra Videntjenesten KU:

https://videntjenesten.ku.dk/skov_og_natur/skovdriftsformer/valg_af_proveniens/videnblad_03.03-43/

Kehlet Hansen, J., Pedercini, F., Abyiu, A., Derero, A., Nørgaard, C., Graudal, L., & Moestrup, S.

(2023). *Manual on general management principles for breeding seed orchards (BSOs) Part II: data analysis*. World Agroforestry/IGN.

Kehlet Hansen, J., Svejgaard Jensen, J., Kjær, E., Jensen, V., & Wellendorf, H. (2012). Frøplantage med hollandsk/holstensk stilkeg. *Vidensblade Skov & Landskab, IGN*, 3.3-53.

Kjær, E., Graudal, L., & Thomsen, A. (1997). *Brug af frøkilder af træer og buske*. Statsskovenes Planteavlstation.

- Landbrugsstyrelsen. (17. April 2023). *Ansøgning om kåring*. Hentet fra Landbrugsstyrelsen:
<https://lbst.dk/virksomheder/skovbrug/herkomstkontrol-og-kaaring/kaaring-af-forstligt-formeringsmateriale/ansoegning-om-kaaring#c7834>
- Miljø- og fødevarerministeriet. (02. April 2019). *Forretningsorden for Kåringsudvalget for skovfrø og planter*. Hentet fra Landbrugsstyrelsen:
https://lbst.dk/fileadmin/user_upload/NaturErhverv/Filer/Landbrug/Skovbrug/Udvalg/Forretningsorden_-_Kaaringsudvalget_for_skovfroe_og_-_planter.pdf
- Ministeriet for Fødevarer, Landbrug og Fiskeri. (1. Juni 2023). *Bekendtgørelse om forstligt formeringsmateriale*. Hentet fra Retsinformation:
<https://www.retsinformation.dk/eli/lt/2023/654#id344f0e69-1399-405a-81c5-d1103c15b3fa>
- Møller, P. F. (2017). *Naturen i Danmark - Skovene*. Gyldendal.
- Naturstyrelsen. (2018). *Det nationale skovprogram*. Hentet fra
<https://mst.dk/erhverv/skovbrug/nationalt-skovprogram/>
- Naturstyrelsen. (18. April 2023). *Frøhåndtering*. Hentet fra Naturstyrelsen.dk:
https://naturstyrelsen.dk/media/nst/Attachments/samlet_froebog.pdf
- Nord-Larsen, T., Johannsen, V., Riis-Nielsen, T., Thomsen, I., Bentsen, N., & Jørgensen, B. (2021). *Skovstatistik*. Hentet fra IGN: https://static-curis.ku.dk/portal/files/338858104/Rapport_Skovstatistik_2021_web.pdf
- NST/IGN. (17. April 2023). *Systembeskrivelse og Kriterier*. Hentet fra Plantevalg.dk:
<https://www.plantevalg.dk/SystemDescription.aspx>
- Planteavlsstationen. (1996-99). *Stambogsblad for frøplantager, FP.283*. Statskovens Planteavlsstation.
- Plantevalg.dk. (26. Juli 2023). *Frøkildebeskrivelse for art*. Hentet fra Plantevalg.dk:
<https://www.plantevalg.dk/SearchSource.aspx?species=3&source=393&referer=/SearchSource.aspx>
- Proschowsky, G. F. (Juni 2023). Samtaler omkring forædling. (G. Pay, Interviewer)
- Sears, C. (3. Juli 2023). *Popular types of Bonsai trees*. Hentet fra The Spruce:
<https://www.thespruce.com/popular-types-of-bonsai-trees-5025687>
- Stambogsblad FP.283, Planteavlsstationen, NSJ (2023).
- Statsskovenes Planteavlsstation. (2000). *Fremavl af Skovtræer Status 2000*. Skov- og Naturstyrelsen.

Svejgaard Jensen, J. (1993). *Provenienser af stilkeg (Quercus robur L.) og vintereg (Q. petraea M.L) i Danmark*. Kolding: Forskningscenter for Skov & Landskab, Den Kgl. Veterinær- og landbohøjskole.

Svejgaard Jensen, J. (Maj 1994). Udpegelse af plustræer. *Projekt Eg*. Hørsholm: Arboretet, KVL.

Svejgaard Jensen, J. (1995). *Fremavlsprogram/Forædling i eg: udkast*. Arboretet.

White, T. L., Adams, W., & Neale, D. B. (2009). *Forest Genetics*. CAB International.

Xiong, J., McKeand, S., Whetten, R., & Isik, F. (2013). *Genetics of Stem Forking and Ramicorn Branches*. Hentet fra Oxford academic - Forest Science: <https://doi.org/10.5849/forsci.12-018>

BILAG

1. Komponenter
(Stambogsblad FP.283,
2023)

Kode nr.	S. nr.	Forældre	Oprindelse	Proveniens	Herkomst		
1	12.722	V. 14.652 X FRI	NL	1	Barritsgård, Barrit Tykke, afd. 43a		
2	12.723	V. 14.653 X FRI	NL				
3	12.724	V. 14.655 X FRI	NL				
4	12.725	V. 14.658 X FRI	NL				
5	12.726	V. 14.664 X FRI	NL	2	Bidstrup, Tåstrup Skov, afd. 268		
6	12.727	V. 14.665 X FRI	NL				
7	12.728	V. 14.666 X FRI	NL				
8	12.729	V. 14.668 X FRI	NL				
9	12.731	V. 14.670 X FRI	NL				
10	12.732	V. 14.673 X FRI	NL				
11	12.733	V. 14.674 X FRI	NL				
12	12.734	V. 14.677 X FRI	NL				
13	12.735	V. 14.678 X FRI	NL				
14	12.736	V. 14.679 X FRI	NL				
15	12.737	V. 14.681 X FRI	NL				
16	12.738	V. 14.682 X FRI	NL				
17	12.739	V. 14.686 X FRI	NL				
18	12.740	V. 14.689 X FRI	NL				
19	12.741	V. 14.691 X FRI	NL	3	Bidstrup, Tåstrup Skov, afd. 269		
20	12.742	V. 14.692 X FRI	NL				
21	12.743	V. 14.693 X FRI	NL				
22	12.744	V. 14.696 X FRI	NL				
23	12.745	V. 14.697 X FRI	NL	4	Bregentved, Sonnerup Byskov, afd. 461		
24	12.746	V. 14.699 X FRI	NL				
25	12.747	V. 14.701 X FRI	NL				
26	12.748	V. 14.703 X FRI	NL				
27	12.749	V. 14.704 X FRI	NL				
28	12.750	V. 14.705 X FRI	NL				
29	12.751	V. 14.706 X FRI	NL				
30	12.752	V. 14.707 X FRI	NL				
31	12.753	V. 14.709 X FRI	NL				
33	12.759	V. 14.715 X FRI	NL			6	Kronborg, Folehaven, afd. 558
34	12.762	V. 14.718 X FRI	NL			7	Haderslev, Fovslet, afd. 871
35	12.764	V. 14.720 X FRI	NL	8	Tisvilde, Grønnæsse, afd. 47		
36	12.765	V. 14.722 X FRI	NL				
37	12.766	V. 14.723 X FRI	NL				
38	12.767	V. 14.725 X FRI	NL				
39	12.768	V. 14.730 X FRI	NL	9	Randbøl, Stagsrode, afd. 298		
40	12.812	V. 14.819 X FRI	NL				
57	12.812	V. 14.819 X FRI	NL				
73	12.812	V. 14.819 X FRI	NL				
74	12.813	V. 14.820 X FRI	NL	10	Haderslev, Midtskov, afd. 770		
75	12.814	V. 14.829 X FRI	NL				
41	12.771	V. 14.733 X FRI	NL				
42	12.775	V. 14.737 X FRI	NL				
43	12.776	V. 14.738 X FRI	NL	11	Jægersborg, Jægersborg Dyrehave, afd. 17		
44	12.778	V. 14.740 X FRI	NL				
45	12.779	V. 14.741 X FRI	NL				
46	12.780	V. 14.742 X FRI	NL				
47	12.781	V. 14.743 X FRI	NL				
48	12.782	V. 14.744 X FRI	NL				
49	12.783	V. 14.745 X FRI	NL				
50	12.784	V. 14.746 X FRI	NL				
51	12.785	V. 14.763 X FRI	NL	12	Jægersborg, Jægersborg Hegn, afd. 26/34/59/58		
52	12.786	V. 14.770 X FRI	NL				
53	12.787	V. 14.771 X FRI	NL				
54	12.788	V. 14.772 X FRI	NL	13	Bregentved, Kværede, afd. 290		
55	12.789	V. 14.776 X FRI	NL	14	Planteavsstationen, Holmeskov, afd. 7a		
56	12.792	V. 14.779 X FRI	NL				
58	12.794	V. 14.788 X FRI	NL				
59	12.797	V. 14.795 X FRI	NL	17	København, Sønderoskov, afd. 816		
60	12.798	V. 14.797 X FRI	NL				
61	12.799	V. 14.799 X FRI	NL				
62	12.800	V. 14.803 X FRI	NL	18	Tisvilde, Sonnerup, afd. 372		
63	12.801	V. 14.804 X FRI	NL				
64	12.802	V. 14.809 X FRI	NL				
65	12.803	V. 14.810 X FRI	NL	19	Fredriksborg, Snevret, afd. 253		
66	12.804	V. 14.811 X FRI	NL				
67	12.805	V. 14.812 X FRI	NL				
68	12.806	V. 14.813 X FRI	NL				
69	12.807	V. 14.814 X FRI	NL				
70	12.808	V. 14.815 X FRI	NL				
71	12.810	V. 14.817 X FRI	NL				
72	12.811	V. 14.818 X FRI	NL				
76	12.815	V. 14.830 X FRI	NL	20	Tisvilde, Freerslev, afd. 912		
77	12.816	V. 14.831 X FRI	NL				
78	12.817	V. 14.832 X FRI	NL				
79	12.818	V. 14.833 X FRI	NL				
80	12.819	V. 14.834 X FRI	NL	21	Odsherred, Tåstrupskov, afd. 1268a		
81	Standard	F. 148					
82	Standard	F. 662	DK				
83	Standard	F. 631	DK	22	Bregentved, Grevindeskov, afd. 359a		
23				23	Bregentved, Boholte, afd. 322a		
32	Standard	05697/98 Holland, NL	S, Eindhoven 01, B5823, 27485				

3. Scoreboard fra Ducci et al.

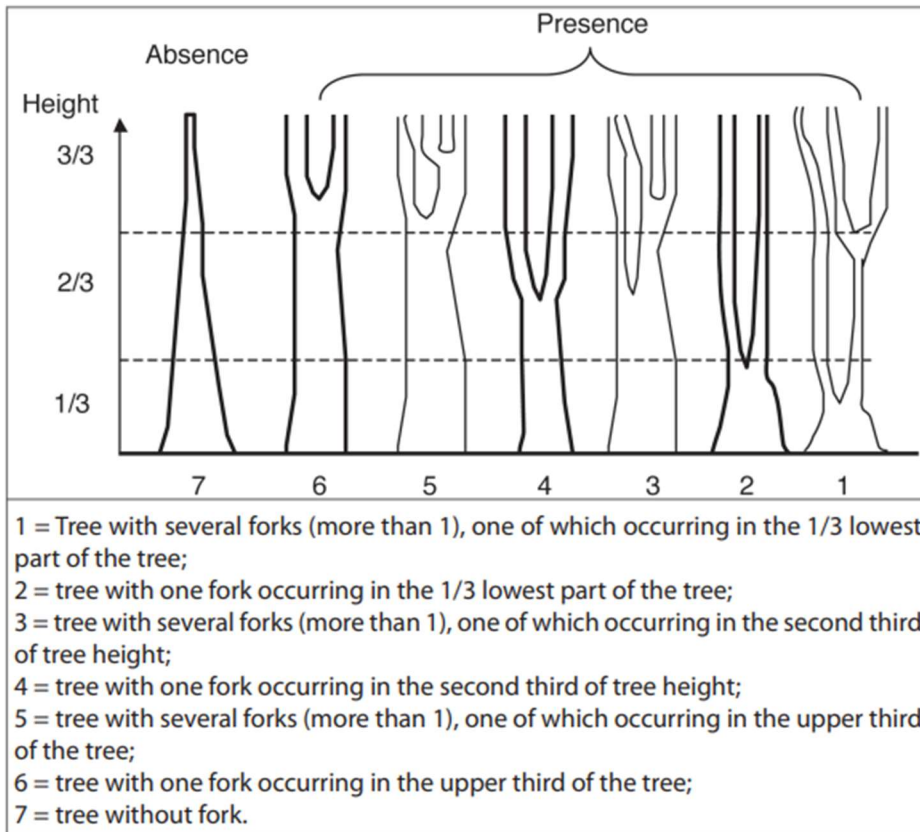


Figure 1. Scoring system for forking defects.

4. Avlsudvalg struktur: 1000 & 500

