

## **Bericht 2008**

# **Vergleichende genetische Charakterisierung von ausgewählten Holzapfelvorkommen (*Malus sylvestris* MILLER) mittels Isoenzym-Analyse im Rahmen des Programms zu den Waldgenressourcen der Landesforst Mecklenburg-Vorpommern (MV) als Beitrag zur Erhaltung dieser in Mitteleuropa heimischen und stark gefährdeten Gehölzart.**

Werkvertrag-Grundlage: Angebot vom 23.09.2008

Auftraggeber: Landesforst Mecklenburg-Vorpommern  
Anstalt des öffentlichen Rechts  
BT Forstplanung, Versuchswesen,  
Forstliche Informationssysteme  
Fritz-Reuter-Platz 9  
17139 Malchin

Auftragnehmer: Forschungsinstitut  
Pro Arbore  
Dr. Iris Wagner  
Gustav-Adolf-Str. 3  
01219 Dresden

Dresden, den 31.12.2008

## 1 Einleitung

Die vorliegende Arbeit über den heimischen Wildapfel (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) ist im übergeordneten Rahmen internationaler und nationaler Bemühungen zu sehen, die natürlichen Genressourcen - auch durch rechtliche Regelungen - zu schützen. Eine große genetische Mannigfaltigkeit bildet auf lange Sicht die Grundlage für die Anpassungsfähigkeit und somit künftige Überlebenschance von Baumarten, deren Charakteristika Ortsgebundenheit und Langlebigkeit sind. Sie ist ein Puffer für alle, vor allen Dingen unvorhersehbare, Ereignisse in der Zukunft und damit ein Element der Nachhaltigkeit. Die biologische Vielfalt, die gleichrangig drei Teilbereiche umfasst – Vielfalt innerhalb einer Art (genetische Vielfalt), Vielfalt zwischen den Arten (Artenvielfalt), ökologische Vielfalt (Vielfalt der Lebensräume) – ist zunehmend in das Bewusstsein der Menschen gerückt und soll nachhaltig bewahrt werden. Der Wildapfel kann modellhaft für die Gruppe der heute seltenen Baumarten bzw. Wildobstarten stehen.

### 1.1 Vereinbarungen und rechtliche Verbindlichkeiten

#### 1.1.1 Internationale Initiativen

Zu wichtigen internationalen Initiativen zählen folgende. Bei der FAO wurde 1968 erstmals eine Expertengruppe für forstliche Genressourcen (Panel of Experts on Forest Gene Resources) berufen. Deren Aufgabe ist es, die FAO bei der Erforschung, Nutzung und Erhaltung der Genressourcen von Waldbaumarten zu beraten. Die erste Umweltkonferenz der Vereinten Nationen fand 1972 in Stockholm statt und führte zur Entwicklung des modernen „Nachhaltigkeitskonzepts“. 1992 tagte in Rio de Janeiro die Konferenz der Vereinten Nationen zu Umwelt und Entwicklung (UNCED), deren wichtigstes Ergebnis das „Übereinkommen zur Biologischen Vielfalt“ war. Zum Schutz der Wälder in Europa wurden bisher vier Ministerkonferenzen (MCPFE) abgehalten, die in folgende Resolutionen mündeten:

1990 in Straßburg: Erhaltung der genetischen Ressourcen des Waldes

1993 in Helsinki: Allgemeine Richtlinien zum Schutz der Biologischen Vielfalt der Wälder in Europa

1998 in Lissabon: Gesamteuropäische Kriterien, Indikatoren und Richtlinien für eine nachhaltige Waldbewirtschaftung auf operationaler Ebene

2003 in Wien: Europäische Wälder – gemeinsamer Nutzen, geteilte Verantwortung (Quellen zu Gesetzestexten etc. s. MAURER und TABEL, 2002).

1994 erließ der Rat der Europäischen Gemeinschaft in Brüssel eine Verordnung über Erhaltung, Beschreibung, Sammlung und Nutzung der genetischen Ressourcen der Landwirtschaft unter Einbeziehung der Forstwirtschaft. Seit 1995 existieren Europäische Netzwerke über

vorhandene Ressourcen bei bestimmten Baumarten (EUFORGEN); zuständige Institutionen sind IPGRI und FAO in Rom.

### 1.1.2 Nationale Initiativen

Die entscheidende nationale Initiative zeigt sich im nationalen Genressourcen-Programm „Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“ (ANONYMUS, 1989; BEHM et al., 1997; PAUL et. al., 2000). Ziel des Konzeptes (alte Fassung) ist es, das Ausmaß der Gefährdung des Genbestandes unserer Baum- und Straucharten festzustellen und Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Mannigfaltigkeit dieser Arten vorzuschlagen. Darüber hinaus sollen Vorschläge zur organisatorischen Durchführung gemacht und dazu Kosten geschätzt werden. Zur Erstellung des Konzeptes wurde eine Arbeitsgruppe, Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen“, eingesetzt. Ihre Legitimation leitet sich ab aus einer Besprechung des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten mit den zuständigen Referenten der Länder am 10.1.1985. Die politische Bedeutung wird durch die Bundesratsentschließung vom 13.2.1985 über Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Vielfalt der Waldbaumarten und die 2. Fortschreibung des Aktionsprogramms „Rettet den Wald“ durch die Bundesregierung am 24.7.1985 unterstrichen. Darin wird festgestellt, dass die Bundesregierung ein Schwergewicht bei der Erhaltung der natürlichen Genressourcen sieht und sich um den Aufbau einer Genbank bemüht. 1987 wurde das erste „Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“ vorgelegt und 1988 die Bund-Länder-Arbeitsgruppe durch die Agrarministerkonferenz mit dessen Umsetzung beauftragt. Seitdem bildet dieses Konzept den Rahmen für regionale Erhaltungsprogramme und Erhaltungsaktivitäten auf Länder- und Bundesebene. Die Veröffentlichung des Konzeptes im Jahre 2000 ist eine Neufassung in zwei Sprachen (Deutsch/Englisch), in die der Aspekt der „nachhaltigen Nutzung“ zusätzlich aufgenommen sowie den neuen Bundesländern in Ostdeutschland Rechnung getragen wurde. Die Ziele sind hier weiter differenziert und auf Artenvielfalt, genetische Vielfalt, genotypische Vielfalt, Ökosystemvielfalt sowie die nachhaltige Nutzung forstlicher Genressourcen gerichtet.

Die Ergebnisse der Rio-Konvention zur Biodiversität wurden in Deutschland 1994 gesetzlich verankert. Weitere Rechtsgrundlagen für die Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressourcen bilden die Waldgesetze des Bundes und der Länder, die Rechtsvorschriften über forstliches Saat- und Pflanzgut sowie die Naturschutzgesetzgebung.

Zur Durchführung der notwendigen Aufgaben werden im Konzept neben der Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft die Landesanstalten bzw. forstlichen Versuchsanstalten der Länder vorgeschlagen. Die Forschung soll den Maßnahmen zur Generhaltung



möglichst vorausgehen oder diese zumindest begleiten. Sie ist notwendiger Bestandteil des Konzeptes und in den folgenden Jahren bedarfsorientiert weiterzuführen. In die Erarbeitung bundesweiter Forschungsschwerpunkte sind alle Institutionen einzubeziehen, die sich mit Erhaltung/Erforschung von forstlichen Genressourcen beschäftigen. Rheinland-Pfalz spielt bei der Umsetzung des Konzeptes eine bedeutende Rolle. In seinem Landeswaldgesetz vom 30.11.2000 wird unter §1 „Gesetzeszweck“ ausdrücklich auf die Notwendigkeit der Erhaltung der Genressourcen hingewiesen. Seit Ende der 1980er Jahre werden in diesem Bundesland bereits Erhaltungsmaßnahmen zur Sicherung der forstlichen Genressourcen durchgeführt. Forschung und Durchführung konkreter Erhaltungsmaßnahmen sind kausal und zeitlich miteinander verknüpft (TABEL, 1987; MAURER und TABEL, 1995; MAURER und TABEL, 2002).

Eine ethische Verpflichtung, die natürlichen Ökosysteme mit einer angemessen großen Artenvielfalt und genetischen Mannigfaltigkeit für kommende Generationen zu erhalten, gab es schon immer. Mittlerweile haben Erkenntnisse und Einsichten zu einer administrativen Fixierung geführt. Es ist heute klar auch eine gesetzliche Verpflichtung zur Erhaltung der Biologischen Vielfalt bzw. der genetischen Ressourcen für den Wald erkennbar.

## 1.2. *Malus sylvestris* als Modellbaumart für die „seltenen Baumarten“

### 1.2.1 Seltenheit einer Baumart

Seltene Baumarten sind nach einer Definition von MAURER und TABEL (2002) mit weniger als 1 % an der Waldfläche beteiligt. Es handelt sich meistens um verinselte Vorkommen geringer Individuenzahl oder sogar Einzelbaumvorkommen, die nur sehr begrenzte Möglichkeiten zum genetischen Austausch haben. Man geht daher davon aus, dass sie existenziell bzw. durch Inzuchtdepressionen stark gefährdet sind. Bei Wildobst kommt als weitere Gefährdungsursache die Kontamination mit Fremdpollen aus der Kulturlandschaft in Frage. Die vorherrschende Besiedlungsdichte in Mitteleuropa und die geschichtliche Entwicklung in der Obstzüchtung lassen vermuten, dass der nächste Pollenspender immer eher eine Kultursorte ist, wegbereitend für Hybridisierung. Die genetische Konstitution gerade der seltenen Baumarten ist noch weitgehend unbekannt. Laut Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen haben neben anderen „... die gezielten Erhaltungsmaßnahmen, insbesondere für gefährdete, wertvolle und seltene Vorkommen von Baum- und Straucharten, ... Priorität“ (PAUL at al., 2000). Die Prioritätsstufe für Wildapfel und Wildbirne wird mit „3 (notwendig)“ angegeben (ANONYMUS, 1989). Bei den seltenen Arten greift vorrangig das Konzept-Ziel „Erhaltung der Artenvielfalt“. Es geht grundsätzlich darum, eine ganze Baumart mit geeigneten Methoden vor dem Aussterben zu retten und für die Nachwelt zu erhalten. Der wirksame Schutz ei-

ner Baumart ist nicht zuletzt deswegen so dringend, weil gerade Mitteleuropa eiszeitlich bedingt sehr baumartenarm ist und jede einheimische Art zu einer Bereicherung der Vielfalt in unserer Natur und zu Stabilität von Ökosystemen beiträgt. Eine geeignete Erhaltungsmaßnahme für seltene Arten ist die Anlage von Erhaltungsflächen (Samenplantagen, Samengärten) *ex situ* mit vegetativ vermehrtem Pflanzenmaterial (PAUL et al., 2000; MAURER und TABEL, 2002).

### 1.2.2 Gefährdung von *Malus sylvestris*

*Malus sylvestris* (L.) Mill. ist der einzige in Mitteleuropa heimische Wildapfel und zählt heute zu den seltenen und vom Aussterben bedrohten Baumarten. Das wilde Kernobst befand sich lange Zeit im „Niemandland“ zwischen Forstwirtschaft, Naturschutz, Garten- und Landschaftsbau sowie Obstbau, in dem es wenig beachtet wurde. Der Wildapfel gehörte zu den sogenannten „vergessenen Baumarten“ (SCHUMANN, 1989). In den letzten Jahren hat sich dies geändert und es ist eine Sensibilisierung auch für diese Art zu spüren.

Für die starke Gefährdung des Wildapfels gibt es mehrere Ursachen. Die Baumart kommt in Folge von interspezifischer Konkurrenz und Mangel an Förderung oft nur noch vereinzelt, in Form von weit voneinander entfernten Einzelexemplaren, oder in zu kleinen Gruppen in der Landschaft vor. Der Fortbestand der Art ist *in situ* nach dem Ableben eines Individuums nicht mehr gesichert oder aber es besteht das Risiko von Inzucht bei einer generativen Weiterentwicklung vor Ort. Als lichtbedürftige Art und Baum 3. Ordnung ist der Wildapfel vor allem gegenüber Schattbaumarten ausgesprochen konkurrenzschwach und scheidet ohne massive Fördermaßnahmen aus. Seine natürliche Konkurrenzschwäche gegenüber anderen Baumarten und seine wirtschaftliche Bedeutungslosigkeit (schlechte Holzqualität), welche nie zu einer Förderung Anlass gab, haben wohl maßgeblich dazu geführt, dass er schleichend aus dem Landschaftsbild verschwunden ist. Er wurde auf heutige Reliktstandorte verdrängt. Zur ökologischen Bedeutung des Wildapfels sei an dieser Stelle auf WAGNER (2005) verwiesen.

Als große Gefahr für die Wildart gilt die Hybridisierung mit dem Kulturapfel. Dies ist jedenfalls eine weit verbreitete Meinung und darf auch bei einer jahrhundertelangen Züchtungsaktivität beim Obst zunächst angenommen werden. Wie weit eine genetische Vermischung zwischen Wildapfel und Kulturapfel und damit eine Verunreinigung des ursprünglichen Wildapfel-Erbgutes tatsächlich stattgefunden hat, ist jedoch weitgehend unbekannt, weil diese Fragestellung wissenschaftlich bisher kaum untersucht worden ist. Es gibt weder ausreichende Erkenntnisse über die genetische Struktur rezenter Wildäpfel, noch über Genfluss zwischen Wildapfel (*Malus sylvestris*) und Kulturapfel (*Malus × domestica*). Erste Arbeiten, die sich mit diesem Thema beschäftigen, sind die von WAGNER und WEEDEN (2000 und 2001),

MAURER et al. (2002), HÄBER (2002), GLOWALLA (2003), COART et al. (2003), WAGNER et al. (2004a), WAGNER et al. (2004b). Bei allen Baumarten (SCHMITT, 2004), insbesondere natürlich bei den sehr gefährdeten, sind vermehrte Untersuchungen zur Erfassung der natürlichen Variabilität dringend erforderlich.

Eine weitere Gefährdung stellt die Falschansprache bei der Feldsuche dar, bei der man zuerst nur den Phänotyp beurteilen kann. Kenntnisse über den Zusammenhang zwischen Phänotyp und Genotyp wären in der Praxis von Nöten. Die Identifizierung echter Wildformen bzw. wildnaher Individuen ist ein großes Problem bei der praktischen Erhaltungsarbeit für *Malus sylvestris* (WAGNER, 1995).

### 1.2.3 Identifizierung von *Malus sylvestris*

Wenn man sich für die Erhaltung der Art *Malus sylvestris* entscheidet und mit Maßnahmen beginnen will, stellt sich sofort die Frage „Was ist denn die Art?“ oder „Wie sieht *Malus sylvestris* eigentlich aus?“.

Die Identifizierung beschränkte sich bis vor kurzem fast ausschließlich auf morphologische Merkmale (REMMY, 1990; WAGNER, 1998; TABEL et al., 2000), auf Individuenebene und oft nur auf monokausale Ansätze. Zahlreiche solcher phänotypischen Merkmale sind bekannt (WAGNER, 1996), können aber das Wildobst wegen ihrer Modifizierung durch Umwelt und Ontogenese, wegen oft widersprüchlicher Aussagen in der Literatur und wegen des Hybridisierungsproblems nicht eindeutig charakterisieren. Die Variabilität morphologischer Merkmale ist enorm groß. Letztendlich ist auch nicht klar, wie eigentlich die ursprüngliche, natürliche Variabilität morphologischer Ausprägungen bei Wildobst gewesen ist.

Genetische Merkmale als Ergänzung sind für eine bessere Charakterisierung unverzichtbar. Isoenzymanalysen sind bei Waldbaumarten nach wie vor ein gängiges Verfahren für genetische Inventuren. Isoenzyme wurden in jüngerer Zeit erstmalig an Wildapfel untersucht (Pilotprojekt: WAGNER and WEEDEN, 2000). Heute liegt dazu eine praxisreife Technik vor, mit der Identifizierungsarbeit bei der Gattung *Malus* routinemäßig geleistet werden kann (Pro Arbore, Dresden).

Für notwendige Untersuchungen zur „Art“-Klärung stehen leider keine reinen Wildäpfel, eindeutige Vertreter der ursprünglichen Wildart, als Referenz zur Verfügung. Eindeutige Relikte der Wildart, die am besten Hinweise auf das Vorliegen von Introgression bei rezenten Wildapfelvorkommen geben könnten, sind nicht oder noch nicht bekannt. Eine solche absolute Referenz wird wahrscheinlich auch niemals mit letzter Sicherheit benannt werden können, weil bei heutigen Vorkommen in ganz Mitteleuropa ein zu irgendeiner Zeit eingetretener Kultur-

einfluss nicht völlig ausgeschlossen werden kann. Diese Überlegungen betreffen Untersuchungen zum Kern-Erbgut.

Für Untersuchungen zur „Art“-Klärung bieten sich aber Apfelsorten (*Malus × domestica*) an, die möglicherweise seit Jahrhunderten die entscheidende Hybridisierungsquelle für den europäischen Wildapfel darstellen. Die vorherrschende Meinung (Hypothese) ist, dass erstens das ursprüngliche Genom des Wildapfels verändert wurde und zweitens diese genetische Veränderung durch den vom Menschen im ganzen Verbreitungsgebiet eingeführten Kulturapfel verursacht worden ist. Eine andere *Malus*-Art kommt für weitreichende Einkreuzungsprozesse nicht in Frage, weil *Malus sylvestris* die einzige Apfelform in Mitteleuropa ist und auch an den Grenzen seines natürlichen Verbreitungsgebietes nicht wirklich eine andere Art der Gattung in Erscheinung tritt. Bei Altbäumen von *Malus sylvestris* dürften tatsächlich nur Kulturäpfel aus Hausgärten und Obstplantagen für eine genetische Vermischung verantwortlich sein. Bei jüngeren Pflanzen spielen dafür u.U. auch Zieräpfel im Straßenbau eine Rolle, die auf mehrere andere Arten zurückgehen. Um die Hypothese zur genetischen Verunreinigung des Wildapfels zu überprüfen, erscheinen daher Vergleiche mit Kultursorten, vor allem alten, regional schon lange angebauten Sorten, als angemessen.

Mit der Untersuchung der „Art“-Frage bei *Malus sylvestris* sind auch die vielen Theorien zur Entstehungsgeschichte von *Malus × domestica* zu berücksichtigen (vgl. hierzu ROBINSON et al., 2001). Jüngste molekulargenetische Untersuchungen deuten an, dass *Malus × domestica* ausschließlich oder wesentlich auf eine einzige Wildart, nämlich *Malus sieversii*, zurückgeht und dass *Malus sylvestris* mit großer Wahrscheinlichkeit nicht oder kaum an der Entstehung der Apfelsorten beteiligt war (JUNIPER, 2000). Wenn dem tatsächlich so ist, dann hätte Genfluss in erster Linie von dem „*domestica*“-Genpool in den „*sylvestris*“-Genpool hinein stattgefunden und der genetische Abstand wäre ein Maß dafür; er wäre kein absolutes, aber ein relatives Maß für Introgression/Hybridisierung.

Derzeit stehen bei Pro Arbore 436 verschiedene Vertreter von *Malus × domestica* für Vergleichszwecke zur Verfügung. Da sie mit demselben Enzymmarkersatz wie Wildäpfel analysiert wurden, stellen sie für rechnerische Vergleiche eine ideale Referenz dar.

Die Identifizierung ist ein essentieller Bestandteil aller anderen Erhaltungsmaßnahmen für *Malus sylvestris*. Sie muss vorweg oder parallel erfolgen.

Ziel der vorliegenden Arbeit als Beitrag zur Erhaltung von *Malus sylvestris* in Mecklenburg-Vorpommern ist es, Basisdaten aus Isoenzymanalysen von ersten 35 Wildäpfeln zu erheben, die später für weiterführende rechnerische Vergleiche genutzt werden können. Eine erste grobe Einschätzung der Wildnähe der untersuchten Bäume soll erfolgen.

## 2 Methode

Gegenstand der Untersuchung waren 35 Wildäpfel von Herkünften aus dem östlichen Mecklenburg-Vorpommern. Die Bäume sind seitens der Landesforstverwaltung Mecklenburg-Vorpommern phänotypisch nach großer Wildformnähe ausgewählt und beprobt worden. Es handelt sich um adulte Individuen. Von jedem Baum wurden 2 Zweige mit Winterknospen von ca. 30-50 cm Länge geschnitten. Die Reiser von insgesamt 35 Bäumen sind feucht verpackt an das Labor von Pro Arbore in Dresden geschickt und dort bis zur Analyse in Kühlschränken zwischengelagert worden. Vor der biochemischen Analyse wurden die Zweige in Wassereimern und bei ausreichend Wärme- und Lichtgenuss angetrieben.

Für Isoenzymanalysen wurden frisch ausgetriebene Blätter verwendet. Je Probe ist etwa 1 cm<sup>2</sup> Blattmaterial unter Verwendung von zwei verschiedenen Extraktionspuffern mechanisch homogenisiert worden. Für die Tris Citrat/Lithium Borat Enzymsysteme wurde ein 0.1 M Tris Maleat Extraktionspuffer pH 7.4 benutzt, der 20% Glycerol, 10% lösliches PVP-40, 25% Triton X-100 und 14 mM 2-Mercaptoethanol enthielt. Den Histidin Systemen angepasst war ein 0.05 M Kaliumphosphat Extraktionspuffer pH 7.0 mit 14 mM 2-Mercaptoethanol. Die Analysen fanden auf Stärkegelen und in zwei unterschiedlichen Elektrodenpuffern statt. Die Gelscheiben des Tris Citrat/Lithium Borat Puffers (pH 8.4) wurden auf Aspartataminotransferase (AAT, EC 2.6.1.1), Glucosephosphatisomerase (GPI syn. PGI, EC 5.3.1.9) und Triosephosphatisomerase (TPI, EC 5.3.1.1) angefärbt. Die Gelscheiben des Histidin-Puffers (pH 6.5) sind auf Diaphorase (DIA, EC 1.6.4.3), 6-P-Gluconatdehydrogenase (6PGD, EC 1.1.1.44), Phosphoglucomutase (PGM, EC 2.7.5.1), Malatehydrogenase (MDH, EC 1.1.1.37) und Isocitratdehydrogenase (IDH, EC 1.1.1.42) gefärbt worden.

Zur besseren Differenzierung einiger Muster mussten auf jedem Gel Standards, d.h. Proben bestimmter Kultursorten mit bekannten Mustern, verwendet werden. Diese Standards wurden u.a. von dem Bundessortenamt (BSA) in Wurzeln in Form von Zweigen zur Verfügung gestellt. Der Färbetechnik und Interpretation von Isoenzymmustern liegen die Arbeiten von WEEDEN und LAMB (1985), WENDEL und WEEDEN (1989) sowie WAGNER und WEEDEN (2000) zugrunde. Dreizehn polymorphe Genorte/Zonen wurden ausgewertet.



Die Datenverarbeitung wurde unterstützt durch ACCESS (1997) und EXCEL (1997), die Textverarbeitung durch WORD (1997).

### 3 Ergebnisse und Diskussion

Die Tabelle 1 gibt für jeden Einzelbaum des untersuchten Wildapfelkollektivs die Genotypen und genetischen Phänotypen bei den jeweils untersuchten Enzymen und Genorten/Zonen an. Die Zonen PGM-4 und 6PGD-2 erweisen sich für die wenigen hier analysierten Äpfel als monomorph, die Bäume unterscheiden sich in diesen Fällen nicht. Bei allen anderen Merkmalen besteht eine deutliche genetische Variabilität. Auffällig ist zunächst, dass bei PGM-1 eine ganz bestimmte genetische Variante (Allel) vorkommt, die insgesamt bisher sehr selten beobachtet worden ist. Diese Variante ist Allel „e“. Sie wurde bislang nicht in westlichen Vorkommen von *Malus sylvestris* registriert und trat vereinzelt nur bei Wildäpfeln an der mittleren Elbe bei Dessau und bei Wildäpfeln aus Moldavien auf. In dem hier vorliegenden Untersuchungsmaterial sind es sieben Bäume (Lfd.Nr.: 2, 9, 15, 16, 18, 19, 20), die diese seltene Variante haben. Über die Bedeutung kann man zum jetzigen Zeitpunkt nur spekulieren. Möglicherweise handelt es sich um ein regional-typisches Merkmal.

Die Tabellen 2 bis 5 geben erste Hinweise auf Hybridisierungseinflüsse. Nach dem bisherigen Stand der Forschung gelten die genetischen Varianten TPI-5'b', AAT-1'd', AAT-2'b', PGM-1'd', PGM-5'b', 6PGD-1'd' und PGM-4'1' als Hinweis auf *Malus domestica*. Es gibt nur 2 Bäume, bei denen ein solcher Hinweis vorliegt. Der Baum mit der laufenden Nummer 26 hat ein „Kultur“-Indiz (an Genort AAT-1), der Baum mit der Nummer 22 zeigt zwei „Kultur“-Hinweise (an den Genorten TPI-5 und AAT-2). Bei allen anderen Bäumen lässt sich auf der Basis der hier verwendeten genetischen Merkmale kein Einfluss von Kulturäpfeln nachweisen (Tab. 2 und 3). Etwa 94 % erscheinen ohne Einfluss und nur ca. 6 % erscheinen mit Einfluss (Tab. 4 und 5). Damit steht dieses kleine Apfelkollektiv aus Mecklenburg-Vorpommern im Vergleich zu anderen Vorkommen in Deutschland, bei denen Werte von ca. 45 % bis 85 % für keinen „Kultur“-Einfluss festgestellt wurden, ausgesprochen gut da. Es muss an dieser Stelle allerdings darauf hingewiesen werden, dass es sich hier um eine kleine Stichprobe handelt, die eher noch nicht repräsentativ ist. An einer größeren Stichprobe von Wildäpfeln würden sich Ergebnisse und Aussagen besser absichern lassen.

Für genauere und besser differenzierte Informationen zu Hybridisierung und zur genetischen Vielfalt wird eine statistische Bearbeitung des hier vorliegenden Datenmaterials empfohlen (Programme: GSED - GILLET, 2001 und STRUCTURE – PRITCHARD et al., 2007).



## Relevante Literatur

- BERGMANN, F.; HOSIUS, B.; 1996: Genetische Variation innerhalb und zwischen Waldbaumarten: Biochemische und populationsgenetische Determinanten der Isoenzym polymorphismen. In: MÜLLER-STARCK (Hrsg.): Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft. Ecomed, Landsberg
- BÜTTNER, R.; 1999: *Malus sylvestris* (L.) Mill. – eine potenzielle Quelle für Mehlauresistenz in der Apfelmzüchtung. Erwerbsobstbau 41, 100-101
- COART, E.; VEKEMANS, X.; SMULDERS, M.J.M.; WAGNER, I.; VAN HUYLENBROECK, J.; VAN BOCKSTAELE, E.; ROLDAN-RUIZ, I.; 2003: Genetic variation in the endangered wild apple (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) in Belgium as revealed by AFLP and microsatellite markers. Molecular Ecology 12, 845-857
- GILLET, E.M.; 2001: GSED „Genetic Structures from Electrophoresis Data“. User’s Manual, Version 1.1h – August 2001; <http://www.uni-forst.gwdg.de/forst/fg/software.htm>
- GLOWALLA, K.-G.; 2003: Morphologische, phänologische und biochemisch-genetische Untersuchungen an zwei Populationen von *Malus sylvestris* Mill. im Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin. Diplomarbeit im Fachbereich Forstwirtschaft der Fachhochschule Eberswalde
- HÄBER, F.; 2002: Erfassung und genetische Charakterisierung von Wildformen des Apfels (*Malus sylvestris* Mill.) und der Birne (*Pyrus communis* L.) an der mittleren Elbe. Diplomarbeit an der Fakultät Forst-, Geo- und Hydrowissenschaften der Technischen Universität Dresden, Institut für Forstbotanik und Forstzoologie
- JUNIPER, B.; 2000: Prehistoric Pippins. Oxford Today, The University Magazine, vol. 13, no. 1: pp. 28-30
- KORBAN, S.S.; 1986: Interspecific hybridization in *Malus*. HortScience 21: 41-48
- LARSEN, A.S. ; ASMUSSEN, C.B. ; COART, E. ; OLRİK, D.C. ; KJÆR, E.D. ; 2005 : Hybridization and genetic variation in Danish populations of European crab apple (*Malus sylvestris*). Tree Genetics & Genomes
- LESPINASSE, Y.; DUREL, C.-E.; LAURENS, F.; CHEVALIER, M.; PINET, C.; PARISI, L.; 2000: A European project: D.A.R.E. – Durable apple resistance in Europe (FAIRS CT97-3898). Durable resistance of apple to scab and powdery-mildew: One step more towards an environmental friendly orchard. Acta Hort. 538, 197-200
- MAURER, W.D.; TABEL, U.; 1995: Erhaltung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. AFZ 50, 2, 102-104.
- MAURER, W.D.; REMMY, K.; TABEL, U.; WAGNER, I.; 2002: Einleitende morphologische und genetische Untersuchungen an ´Wildäpfeln´ zur Frage ihrer Wildformnähe zur Art *Malus sylvestris* (L.) Mill. Berichte des Forschungszentrums Waldökosysteme, Reihe B, Bd. 68, S. 162 (+ Poster)
- MAURER, W.D.; TABEL, U.; 2002: Das „Genressourcen-Programm“ – Maßnahmen zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. Forst und Holz, 57, 25-29
- MAURER, W.D.; TABEL, U.; 2003: Erhaltung und Nutzung seltener Baumarten und heimischer Straucharten in Rheinland-Pfalz. Forst und Holz, 58, 507-512.
- MAURER, W.D.; 2003: Zwei Jahrzehnte Genressourcen-Forschung in Rheinland-Pfalz. Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, 52/04, 230 S.
- PAUL, M.; HINRICHS, A.; JANSSEN, A.; SCHMITT, H.P.; SOPPA, B.; STEPHAN, B.R.; DÖRFLINGER, H.; 2000: Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (Neufassung 2000). Sächs. Landesanstalt für Forsten (Hrsg.). ISBN 3-932967-25-9, 66 S.
- PRITCHARD, J.K.; WEN, X.; FALUSH, D.; 2007: Documentation for *structure* software: Version 2.2. Software from <http://pritch.bsd.uchicago.edu/software>
- REMMY, K.; 1990: Untersuchungen zur Verbreitung und Morphologie des Wildapfels (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) Dipl.arbeit, Forstl. Fak. Uni. Göttingen



- ROBINSON, J.P.; HARRIS, S.A. and JUNIPER, B.E.; 2001: Taxonomy of the genus *Malus* Mill. (Rosaceae) with emphasis on the cultivated apple, *Malus domestica* Borkh. Plant Syst. Evol. 226: 35-58
- SCHLOSSER, S.; REICHHOFF, L.; HANELT, P.; 1991: Wildpflanzen Mitteleuropas. Nutzung und Schutz. DLV Berlin
- SCHMITT, H.P.; 2004: Das Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der BRD – Perspektiven für die Zukunft? Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, 52/04, 28-37.
- SCHUMANN, K.; 1989: Obstgehölze und Nußbäume – die vergessenen Baumarten. AFZ 38-39: 1036-1039
- STEPHAN, B.R.; WAGNER, I.; KLEINSCHMIT, J. (2003): EUFORGEN Technical Guidelines for genetic conservation and use for wild apple and pear (*Malus sylvestris* and *Pyrus pyrastrer*). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy. 6 pages. [http://www.ipgri.cgiar.org/network/euforgen/euf\\_home.htm](http://www.ipgri.cgiar.org/network/euforgen/euf_home.htm). ISBN 92-9043-604-2.
- TABEL, U.; 1987: Forstliche Erhaltungsmaßnahmen in Rheinland-Pfalz. Der Forst- und Holzwirt 42, 15, 405-408.
- TABEL, U.; MAURER, W.D.; REMMY, K.; 2000: Wildapfel und Wildbirne: Taxation der „Wildformnähe“ in Klonsamenplantagen. AFZ/Der Wald 16, 846-849
- WAGNER, I.; KLEINSCHMIT, J.; 1995: Erhaltung von Wildobst in Nordwestdeutschland. AFZ/Der Wald 26, 1458-1462.
- WAGNER, I.; 1995: Identifikation von Wildapfel (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) und Wildbirne (*Pyrus pyrastrer* (L.) Burgsd.). Voraussetzung zur Generhaltung des einheimischen Wildobstes. Forstarchiv 66 (2), 39-47
- WAGNER, I.; 1996: Kurzmitteilung über den Stand der Generhaltungsarbeiten bei Wildobst in Niedersachsen und Schleswig-Holstein. Forst u. Holz 51 (1), 10-11.
- WAGNER, I.; 1996: Zusammenstellung morphologischer Merkmale und ihrer Ausprägungen zur Unterscheidung von Wild- und Kulturformen des Apfel- (*Malus*) und des Birnbaumes (*Pyrus*). Mitt. Dtsch. Dendrol. Ges., 82, 87-108 (Übersichtsartikel)
- WAGNER, I.; 1998: Artenschutz bei Wildapfel. Die Blattbehaarung von 116 Apfelklonen auf zwei Samenplantagen. Forst und Holz 53 (2), 40-43
- WAGNER, I.; 1999: Schutz und Nutzen von Wildobst – Probleme bei der direkten Nutzung von Wildobstrelikten. Forstarchiv 70, 23-27.
- WAGNER, I.; WEEDEN, N.F.; 2000: Isozymes in *Malus sylvestris*, *Malus domestica* and in related *Malus* species. Acta Hort. 538, pp. 51-56
- WAGNER, I.; WEEDEN, N.F.; 2001: Genetische Identifizierung von *Malus sylvestris* als Voraussetzung für seine nachhaltige Nutzung. Schriftenreihe aus der Sächsischen Landesanstalt für Forsten, pp. 145-150
- WAGNER, I.; SCHMITT, H.P.; MAURER, W.; TABEL, U.; 2004a: Isozyme polymorphism and genetic structure of *Malus sylvestris* (L.) Mill. native in western areas of Germany with respect to *Malus* × *domestica* Borkh. Acta Horticulturae 663, 545-550 (Symposium EUCARPIA 1.-5.9.2003 in Angers, Frankreich)
- WAGNER, I.; TABEL, U.; SCHMITT, H.P.; MAURER, W.D.; 2004b: Genetische Struktur von Wildäpfeln (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) aus Rheinland-Pfalz und Nordrhein-Westfalen im Vergleich zu Kulturäpfeln (*Malus* × *domestica* Borkh.). Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, 52/04, 224-230
- WAGNER, I.; 2005: *Malus sylvestris*. In: SCHÜTT P., WEISGERBER H., LANG U., ROLOFF A., STIMM B. (Hrsg.): Enzyklopädie der Holzgewächse 42. Erg.Lfg. 12, Kap. III-2, 1-16, Ecomed, Landsberg/Lech.
- WAGNER, I.; 2008: Genetische Analysen an Wild-Äpfeln im Biosphärenreservat Mittelbe. Berichte des Landesamtes für Umweltschutz Sachsen-Anhalt. Sonderheft 2/2008, 29-36



WENDEL J.F.; WEEDEN, N.F.; 1989: Visualization and interpretation of plant isozymes. In: Soltis D.E., Soltis P.S. eds. "Isozymes in Plant Biology". Dioscorides Press, Portland OR, USA, 5-45.



## TABELLEN

Tabelle 1: Isoenzymphänotypen von Wildäpfeln in Mecklenburg-Vorpommern

Baumident.-Nr.		Zone			Genort									
GPS-Pkt.	Lfd. Nr.	GPI-2/3	PGM-4	6PGD-2	TPI-5	AAT-1	AAT-2	PGM-1	PGM-5	DIA-2	DIA-4	6PGD-1	MDH-4	IDH-1
9276 531	1	16	2	1	aa	ab	ac	ab	aa	aa	ab	bb	ab	bb
9148 U463a	2	11	2	1	ac	ac	ac	ec	aa	aa	ab	ab	aa	ab
9148 U463b	3	13	2	1	ac	bb	ac	bc	aa	aa	aa	ab	ab	ab
9140 U466	4	1	2	1	aa	bc	aa	cc	aa	aa	ab	ab	aa	bb
9114 533	5	9	2	1	aa	bc	cc	cc	aa	aa	bb	ab	aa	bb
9131 534	6	1	2	1	ac	ab	ac	cc	aa	aa	aa	ab	aa	bb
9131 393	7	1	2	1	aa	bb	ac	ab	aa	aa	ab	aa	aa	bb
9128 U353	8	1	2	1	aa	ab	ac	ac	aa	aa	aa	aa	ab	ab
9082 317	9	9	2	1	aa	bc	ac	ae	aa	aa	aa	bb	aa	bb
9072 301	10	1	2	1	aa	ab	ac	ac	aa	aa	aa	ab	aa	bb
9072 304	11	1	2	1	aa	ac	cc	cc	aa	aa	aa	ab	ab	bb
1182 430	12	1	2	1	aa	bb	cc	ab	aa	aa	ab	aa	ab	ab
1224 499	13	1	2	1	ac	cc	cc	cc	aa	aa	aa	ab	aa	bb
1234 559	14	1	2	1	aa	bc	ac	bc	aa	aa	aa	aa	ab	bb
194 550	15	1	2	1	aa	ac	ac	ec	aa	bb	ab	aa	aa	ab
195 552	16	1	2	1	aa	ab	aa	ec	aa	aa	ab	aa	aa	ab
194 553	17	9	2	1	aa	bb	cc	ac	aa	aa	ab	ab	aa	ab
194 554	18	1	2	1	aa	aa	cc	ec	aa	bb	ab	ab	aa	ab
194 555	19	1	2	1	aa	ab	cc	ec	aa	aa	bb	ab	aa	ab
194 549	20	1	2	1	aa	ab	aa	ec	aa	aa	bb	aa	aa	ab
201 541a	21	9	2	1	aa	ac	ac	bc	aa	aa	aa	ab	aa	bb
201 541b	22	1	2	1	bc	bb	ab	cc	aa	ab	ab	aa	ab	bb
201 542a	23	1	2	1	aa	bc	cc	cc	aa	ab	ab	bb	aa	bb
201 542b	24	1	2	1	aa	bc	cc	cc	aa	aa	ab	bb	aa	bb
1176 223	25	1	2	1	ac	cc	cc	cc	aa	aa	aa	bb	aa	aa
9102 343a	26	1	2	1	ac	bd	cc	cc	aa	aa	bb	aa	aa	ab
1176 486	27	9	2	1	aa	bc	ac	bc	aa	aa	ab	ab	aa	bb
256 489	28	1	2	1	aa	ab	cc	bc	aa	aa	bb	bb	ab	bb
296 488	29	1	2	1	aa	bb	cc	bc	aa	aa	bb	ab	aa	bb
9271 490b	30	13	2	1	aa	bb	cc	cc	aa	aa	ab	bb	ab	bb
9271 490a	31	1	2	1	aa	bb	cc	cc	aa	aa	aa	ab	aa	bb
268 529	32	13	2	1	aa	bb	aa	cc	aa	bb	aa	bb	aa	bb
9278 510	33	1	2	1	aa	aa	aa	bc	aa	aa	aa	bb	aa	bb
9277 515	34	1	2	1	aa	bc	cc	bc	aa	ab	aa	bb	ab	bb
9274 484	35	1	2	1	cc	bb	ac	cc	aa	aa	ab	ab	aa	bb
Kreuzung			1		b	d	b	d	b			d		
keine Variationen			Allel "Moldavien"											
Kreuzungseinfluss			Orte/Zonen mit Allelvariationen											



Tab. 2 Genetischer Hinweis auf den Einfluss von Kulturäpfeln in Wildäpfeln aus Mecklenburg-Vorpommern

Baum Lfd.Nr.	Anzahl Genorte mit „Kultur“- Indiz					
	0	1	2	3	4	5
01	X					
02	X					
03	X					
04	X					
05	X					
06	X					
07	X					
08	X					
09	X					
10	X					
11	X					
12	X					
13	X					
14	X					
15	X					
16	X					
17	X					
18	X					
19	X					
20	X					
21	X					
23	X					
24	X					
25	X					
27	X					
28	X					
29	X					
30	X					
31	X					
32	X					
33	X					
34	X					
35	X					
26		X				
22			X			

Tab. 3 Genetischer Hinweis auf den Einfluss von Kulturäpfeln in Wildäpfeln aus Mecklenburg-Vorpommern (Angabe der betreffenden Genorte)

Baum Lfd.Nr.	Anzahl Genorte mit „Kultur“- Indiz					
	0	1	2	3	4	5
12	X					
13	X					
14	X					
15	X					
16	X					
17	X					
18	X					
19	X					
20	X					
21	X					
22	X					
12	X					
13	X					
14	X					
15	X					
22	X					
23	X					
24	X					
25	X					
26	X					
27	X					
23	X					
24	X					
25	X					
27	X					
28	X					
29	X					
30	X					
31	X					
32	X					
33	X					
34	X					
35	X					
26		AAT1				
22			TPI5, AAT2			

Tab. 4 Anteil der Bäume ohne und mit genetischem „Kultur“-Hinweis in Mecklenburg-Vorpommern ( $N_{\text{ges.}} = 35$ )

„Kultur“-Indiz $N^1$	Wildäpfel (N)	Wildäpfel (%)
0	<b>33</b>	94.3
1	1	2.9
2	1	2.9
3	0	0
4	0	0
5	0	0
6	0	0

<sup>1</sup> Anzahl Genorte mit „Kultur“-Indiz

Tab. 5 Anteil der Bäume ohne und mit genetischem „Kultur“-Hinweis in Mecklenburg-Vorpommern ( $N_{\text{ges.}} = 35$ )

„Kultur“-Indiz $N^1$	Wildäpfel (N)	Wildäpfel (%)
0	<b>33</b>	94
1	1	3
$\geq 2$	1	3

<sup>1</sup> Anzahl Genorte mit „Kultur“-Indiz



## Bemerkungen zu den Tabellen

Baum: Die Baum-Nummer setzt sich zusammen aus der Datensatz-Identifikationsnummer ID (erster Teil der Ziffernfolge) und der Nummer des GPS-Aufnahmepunktes WP (zweiter Teil der Ziffernfolge)

Lfd: Laufende Nummer der Proben (Probennr.)

GPI-2/3 bis IDH-1: Genetische Merkmale; Bezeichnungen der einzelnen Genorte bzw. Zonen

Genort: TPI-5, AAT-1, AAT-2, PGM-1, PGM-5, DIA-2, DIA-4,  
6PGD-1, MDH-4, IDH-1

Zone: GPI-2/3, PGM-4, 6PGD-2

Zu DIA-2: \* = schwache Enzymaktivität, d.h. Ergebnis im Zymogramm nicht deutlich lesbar