

Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland

Endbericht

„Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland“, Teillos 2: Wild-Apfel (*Malus sylvestris*) und Wild-Birne (*Pyrus pyraster*)

AZ 114-02.05-20.0074/09 - E - Los 2

Berichtsteil: Wild-Apfel



Eberswalde, 07.03.2013

„Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland“, Teillos 2: Wild-Apfel (*Malus sylvestris*) und Wild-Birne (*Pyrus pyraeaster*)

AZ 114-02.05-20.0074/09 - E - Los 2

Berichtsteil: Wild-Apfel

Berichtszeitraum: 15.03.2010 - 07.03.2013

Laufzeit: 15.10.2009 - 31.03.2013

Endbericht

Eberswalde, 07.03.2013

Auftraggeber:



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE)
Deichmanns Aue 29
53179 Bonn

Mit Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung,
Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV)

Auftragnehmer:



Landesbetrieb Forst Brandenburg
Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde
Alfred-Möller-Str. 1
16225 Eberswalde

Projektleitung	Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde Prof. Dr. habil. Ralf Kätzel
Gesamtkoordination	Humboldt-Universität zu Berlin Dr. Jens Schröder
Koordination Los 2	Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde Diplom-Landschaftsökologe Tim Schulze
Bericht/Auswertung	Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde Tim Schulze, Dr. Jens Schröder, Prof. Dr. habil. Ralf Kätzel
Genetische Analysen	Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt Dr. Wilfried Steiner, Ulrike Seifert
Datenmanagement	IDaMa GmbH Freiburg Jürgen Kayser
Kartierung/Probennahme Brandenburg	Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde Tim Schulze, Frank Becker Forstbüro Lausitz Marius Schuster
Kartierung/Probennahme Baden-Württemberg	Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Freiburg Manuel Karopka, Thomas Weich
Kartierung/Probennahme Bayern	Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht Teisendorf Andreas Wurm
Kartierung/Probennahme Hessen Niedersachsen Schleswig-Holstein Sachsen-Anhalt	Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt Claudia Quandt, B. Hosius, R. Rubel
Kartierung/Probennahme Mecklenburg-Vorpommern	Partnergemeinschaft Waldkonzepte Kay Hagemann, Michael Pohlens Forstbüro Ostbayern Dr. Thomas Kamp, Markus Fritsch Forstbüro Lausitz Marius Schuster, G. Thieme
Kartierung/Probennahme Nordrhein-Westfalen	Forst-Planungsbüro Köln Michael Pelzer, Norbert Glieden

Forstbüro Ostbayern
Dr. Thomas Kamp

Kartierung/Probennahme
Rheinland-Pfalz
Saarland

Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft
Trippstadt
Patrick Lemmen, Hr. Horder

Kartierung/Probennahme
Sachsen

Staatsbetrieb Sachsenforst
Lutz Weinbrecht, Hr. Grabo

Kartierung/Probennahme
Thüringen

Thüringer Landesanstalt für Wald, Jagd und Fischerei
Martin Lindner, Rene Rabel

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	11
1.1	Ökologie und Verbreitung des Wild-Apfels (<i>Malus sylvestris</i>)	11
2	Ziele und Aufgabenstellung des Projekts	14
2.1	Ablauf und Planung des Projekts	14
2.1.1	Datenbank	15
2.1.2	Erfassung von Vorkommen	15
2.1.3	Schematische Übersicht des Projektverlaufes	16
2.2	Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde	16
3	Material und Methoden	17
3.1	Projektmanagement	17
3.2	Datenrecherche	18
3.3	Auswertung der Quellenabfrage	19
3.4	Kartierung	19
3.5	Datenbank und GIS-Anwendungen	21
3.6	Auswertung der Datenbank und Qualitätskontrolle	22
3.6.1	Bundeswuchsgebiete	22
3.6.2	Potentielle natürliche Vegetation	23
3.6.3	Naturschutz-Status	23
3.6.4	Abundanz	23
3.6.5	Altersstruktur	24
3.6.6	Naturverjüngung	25
3.6.7	Vitalität	26
3.6.8	Demografische Strukturen	26
3.6.9	Gesamtbewertung der Vorkommen (Erhaltungsfähigkeit)	27
3.6.10	Kerneldichte	28
3.7	Genetische Charakterisierung	29
3.7.1	Untersuchungsstrategie	29
3.7.2	Untersuchungsmaterial	29
3.7.3	Genetische Untersuchungsmethode	33
3.7.4	Unterscheidung von Arten und von Wild- und Kulturapfel	33
3.7.5	Bildung der Auswertungskollektive	34
3.7.6	Populationsgenetische Auswertungsmethoden	34
3.8	Statistische Auswertungen	35
4	Darstellung der wichtigsten Ergebnisse	37
4.1	Baumzahl, Anzahl und Lage der Vorkommen	37
4.1.1	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Bundesländern	38
4.1.2	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten	43
4.1.3	Potentielle natürliche Vegetation	47
4.2	Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl	47
4.2.1	Abundanz	50
4.3	Durchmesserstruktur und Altersstruktur	51
4.3.1	Anteile der demographischen Strukturen der Einzelvorkommen	51

4.3.2	Altersstrukturqualitätsklassen.....	54
4.4	Vitalitätsklassen	56
4.5	Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsklassen	59
4.6	Naturverjüngung	60
4.7	Eigentumsverhältnisse.....	62
4.8	Naturschutz-Status	63
4.9	Genetische Charakterisierung ausgewählter Wild-Apfel-Vorkommen.....	66
4.9.1	Typisierbarkeit der Mikrosatelliten.....	66
4.9.2	Unterscheidung der Arten und von Wild- und Kulturapfel	66
4.9.3	Bildung der Auswertungskollektive.....	70
4.9.4	Variation allgemein und innerhalb der Vorkommen.....	70
4.9.5	Differenzierung zwischen Vorkommen.....	74
4.9.6	Schlussfolgerungen aus den genetischen Analysen.....	81
5	<i>Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse..</i>	82
5.1	Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit.....	82
5.2	Empfehlungen von Monitoringmaßnahmen	93
5.3	Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung	93
6	<i>Zusammenfassung</i>	96
7	<i>Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen.....</i>	99
8	<i>Literaturverzeichnis.....</i>	100
9	<i>Anhang</i>	103

Abbildungsverzeichnis

Abb. 1.1.1: Verbreitungskarte des Wild-Apfels (<i>Malus sylvestris</i>)	12
Abb. 3.1.1: Schematische Darstellung der Projektstruktur	17
Abb. 3.5.1: Eingabemaske zur Erfassung kartierter Genobjekte (Screenshot).....	22
Abb. 3.6.1: Eingabemaske zur Festlegung der Abundanzklasse (Screenshot)	24
Abb. 3.6.2: Eingabemaske zur Bewertung der Altersstruktur mit Hilfe der Datenbank (Screenshot).....	25
Abb. 3.6.3: Eingabemaske zur Gesamtbewertung der Vorkommen (Screenshot).....	27
Abb. 3.7.1: Geographische Lage der genetisch analysierten Wild-Apfel-Vorkommen.....	32
Abb. 3.8.1: Schematische Darstellung eines BoxPlot and Whisker Diagrammes.....	36
Abb. 4.1.1: Anzahl der Vorkommen des Wild-Apfels in den einzelnen Bundesländern (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände)	39
Abb. 4.1.2: Anzahl der erfassten Individuen des Wild-Apfels in den einzelnen Bundesländern (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände).....	39
Abb. 4.1.3: Anzahl der Vorkommen und Individuenanzahl (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände) des Wild- Apfels in den Bundesländern.....	40
Abb. 4.1.4: Geographische Lage der Vorkommen des Wild-Apfels, klassifiziert nach der Individuenanzahl	41
Abb. 4.1.5: Anzahl der Vorkommen des Wild-Apfels je 1.000 km ² Landesfläche (ohne <i>Ex- situ</i> -Bestände)	42
Abb. 4.1.6: Anzahl der Individuen des Wild-Apfels je 1.000 km ² Landesfläche (ohne <i>Ex-situ- Bestände</i>).....	42
Abb. 4.1.7: Klassifikation der Wuchsgebiete nach Anzahl der Vorkommen des Wild-Apfels ..	45
Abb. 4.1.8: Klassifikation der Vorkommen (mit <i>Ex-situ</i> -Beständen) und der Wuchsgebiete (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände) nach der Individuenanzahl des Wild-Apfels	46
Abb. 4.1.9: Potentielle natürliche Vegetation der Vorkommen	47
Abb. 4.2.1: Durchschnittliche Individuenanzahl je Vorkommen des Wild-Apfels in den Bundesländern (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände)	48
Abb. 4.2.2: Durchschnittliche Größe (ha) der Vorkommen des Wild-Apfels in den Bundesländern (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände)	48
Abb. 4.2.3: Individuenanzahl der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern (ohne <i>Ex-situ- Bestände</i>).....	49
Abb. 4.2.4: Flächengröße der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern (ohne <i>Ex-situ- Bestände</i>).....	49
Abb. 4.2.5: Anzahl der Individuen pro Hektar Fläche der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände)	50
Abb. 4.3.1: Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände)	51
Abb. 4.3.2: Populationsstruktur des Wild-Apfels in den Bundesländern (ohne <i>Ex-situ- Bestände</i>).....	52
Abb. 4.3.3: Typisierung der Vorkommen anhand von demographischen Strukturen.....	53
Abb. 4.3.4: Anzahl der Vorkommen in den Altersstrukturqualitätsklassen (bundesweit)	54
Abb. 4.3.5: Vorkommen des Wild-Apfels mit Altbaumbestand	55
Abb. 4.4.1: Anteile der Vitalitätsklassen 0 - 3 des Wild-Apfels im Bundesgebiet.....	56
Abb. 4.4.2: Verteilung der Vitalitätsstufen des Wild-Apfels in den Bundesländern	57
Abb. 4.4.3: Verteilung der mittleren Vitalität der Vorkommen in den Bundesländern als BoxPlot and Whisker Diagramm	57
Abb. 4.4.4: Darstellung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen des Wild-Apfels.....	58
Abb. 4.5.1: Vitalitätsanteile des Wild-Apfels in den Durchmesserklassen	59
Abb. 4.5.2: Durchmesserverteilung des Wild-Apfels in den Vitalitätsstufen.....	59
Abb. 4.6.1: Anteile der Vorkommen des Wild-Apfels mit und ohne Verjüngung	60
Abb. 4.6.2: Lage der Vorkommen des Wild-Apfels mit und ohne Naturverjüngung	61
Abb. 4.7.1: Verteilung der Vorkommen auf die Eigentumsarten in Deutschland (Vorkommensanzahl absolut)	62

Abb. 4.7.2: Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern.....	63
Abb. 4.8.1: Schutzstatus der Vorkommen des Wild-Apfels	64
Abb. 4.8.2: Anteil der kartierten Vorkommen mit verschiedenem Schutzstatus nach Bundesländern	64
Abb. 4.8.3: Prozentuale Verteilung der kartierten Vorkommen mit verschiedenem Schutzstatus.....	65
Abb. 4.9.1a: Ergebnisse der genetischen Analyse des Wild-Apfels zur Einstufung der Wildnähe	68
Abb. 4.9.1b: Vorkommen des Wild-Apfels klassifiziert nach dem Vorhandensein kreuzbarer Arten	69
Abb. 4.9.2: Allelische Diversität (mittlere Diversität \bar{v} über 6 Genloci) für 31 Vorkommen des Wild-Apfels	72
Abb. 4.9.3: Differenzierung D_j von 31 Wild-Apfelvorkommen (blaue Säulen).....	77
Abb. 4.9.4a: Differenzierung von 33 Kollektiven des Wild-Apfels am Genort nz23g (Subpopulationsdifferenzierung $\delta = 0,2692$)	78
Abb. 4.9.4b: Differenzierung von 33 Kollektiven des Wild-Apfels am Genort ch10h10 (Subpopulationsdifferenzierung $\delta = 0,3543$)	78
Abb. 4.9.4c: Differenzierung von 33 Kollektiven des Wild-Apfels an 6 Genorten (Subpopulationsdifferenzierung $\delta = 0,3173$)	79
Abb. 4.9.5: Dendrogramm von 31 Vorkommen des Wild-Apfels	80
Abb. 5.1.1: Bewertungsparameter zur Auswahl des Grades der Erhaltungsfähigkeit sowie Erhaltensdringlichkeit	83
Abb. 5.1.2: Stufen der „ <i>In-situ</i> -Erhaltungsfähigkeit“ mit der Anzahl der Vorkommen des Wild-Apfels im Bundesgebiet.....	84
Abb. 5.1.3: <i>In-situ</i> -Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen des Wild-Apfels in den Bundesländern	85
Abb. 5.1.4: Wild-Apfel-Vorkommen klassifiziert nach dem Grad der <i>In-situ</i> -Erhaltungsfähigkeit.....	86
Abb. 5.1.5: Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände) mit gekennzeichneten Genzentren	90
Abb. 5.1.6: Darstellung der Kerneldichte ohne Berücksichtigung der Baumzahl (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände) mit gekennzeichneten Genzentren	91
Abb. 5.1.7: Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl pro Hektar Genobjektfläche (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände) mit gekennzeichneten Verdichtungsräumen.....	92

Tabellenverzeichnis

Tab. 2.1.1: Arbeitsablauf Los 2.....	16
Tab. 3.4.1: Aufnahmeparameter.....	20
Tab. 3.6.1: Abundanzklassen Wild-Apfel.....	24
Tab. 3.6.2: Definition der Alterstrukturqualitätsklassen (Mindestanteile der Durchmesserstufen).....	25
Tab. 3.6.3: Ansprache der Vitalität (nach ROLOFF (2001)).....	26
Tab. 3.6.4: Gesamtbewertung der Vorkommen (Erhaltungsfähigkeit).....	27
Tab. 3.6.5: Schematische Darstellung der Gesamtbewertung eines Vorkommens (<i>In-situ</i> -Erhaltungsfähigkeit).....	28
Tab. 3.7.1: Genetisch charakterisierte Vorkommen des Wild-Apfels.....	31
Tab. 3.7.2: Untersuchte Kern-Mikrosatelliten-Genorte mit den in der Literatur angegebenen Fragmentlängenbereichen (bp).....	33
Tab. 3.8.1: In Graphiken und Tabellen verwendete Abkürzungen, sowie die für Berechnungen verwendeten Landesflächen.....	36
Tab. 4.1.1: Zusammenfassende Darstellung der Vorkommen über alle Bundesländer (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände).....	37
Tab. 4.1.2: Anzahl der Vorkommen und Anzahl der Individuen des Wild-Apfels in den Wuchsgebieten.....	43
Tab. 4.2.1: Anzahl der Vorkommen des Wild-Apfels in den verschiedenen Abundanzstufen	50
Tab. 4.3.1: Absolute und relative Angaben zur Verteilung der Individuen auf die Durchmesserstufen.....	52
Tab. 4.3.2: Häufigkeiten der Vorkommen in den Altersstrukturqualitätsklassen.....	54
Tab. 4.9.1: Ergebnisse der genetischen Überprüfung von Wild-Apfel Vorkommen.....	67
Tab. 4.9.2: Anzahl der beobachteten Allele und ihre Diversität an 6 Mikrosatelliten-Genorten von Wild-Apfel in ausgewählten Vorkommen.....	71
Tab. 4.9.3: Anzahlen privater und „fast privater“ Allele an 6 Mikrosatelliten-Genorten in 33 Demen von Wild-Apfel.....	73
Tab. 4.9.4: Paarweise allelische Abstände (d_0) von 31 Wild-Apfel-Vorkommen; Farbcode: grün-gelb-rot für höchste, mittlere, niedrigste Werte.....	75
Tab. 4.9.5: Allelische Differenzierung D_j und Subpopulationsdifferenzierung δ für 31 Wild-Apfel-Vorkommen und 6 Genloci.....	76
Tab. 5.1.1: Großflächig zusammenhängende Populationen (Genzentren) des Wild-Apfels..	88
Tab. 5.1.2: Genzentren des Wild-Apfels ohne Berücksichtigung der Baumzahl.....	89
Tab. 5.1.3: Verdichtungsräume des Wild-Apfels mit hoher Individuenanzahl pro Fläche.....	89

1 Einleitung

Die Situation seltener und gefährdeter Baumarten steht seit mehr als 20 Jahren mit wechselndem Interesse im Blickpunkt der forstlichen Generhaltung der Bundesländer. Bislang fehlte jedoch ein bundesweiter Überblick auf der Grundlage einheitlicher Erfassungs- und Auswertemethoden.

Diese Lücke sollte das von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Auftrag des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) geförderte Verbundprojekt „*Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen von seltenen und gefährdeten Baumarten in Deutschland*“ mit einer Laufzeit vom 15.03.2010 bis 31.03.2013 schließen. Ziel des Gesamtprojektes war die deutschlandweit einheitliche Erfassung von „*Generhaltungsobjekten*“ für insgesamt zehn Baumarten, um daraus Empfehlungen für den langfristigen Erhalt der Arten abzuleiten.

Im Sinne des Projektzieles wurde ein *Generhaltungsobjekt* als eine potentiell überlebensfähige Population einer Art mit mindestens fünf Individuen definiert, die sich durch einen Abstand von mindestens einem Kilometer zur nächsten artgleichen Population abgrenzt. Mit Hilfe einer Datenbank, in der alle erfassten Genobjekte zusammengeführt sind, sollten diese nach ihrer „*in situ-Erhaltungsfähigkeit*“ bewertet werden. Auf Grundlage der erhobenen Informationen, zum Beispiel zu Populationsgröße, zur Vitalität, zur demografischen und genetischen Populationsstruktur, zur Bastardierung und zu den standörtlichen Bedingungen, sollten Empfehlungen für künftige Maßnahmen zum langfristigen Erhalt der genetischen Ressourcen der Arten und Populationen erarbeitet werden.

Das Verbundprojekt wurde in vier Aufträgen (Lose) bearbeitet. Das Los 2 widmet sich der Situation der Wild-Birne und des Wild-Apfels. Der vorliegende Berichtsteil stellt alle Ergebnisse zur Bestandsaufnahme und Gefährdungsanalyse des Wild-Apfels in Deutschland vor.

Der Wild-Apfel (*Malus sylvestris*) wurde für 2013 zum „Baum des Jahres“ in Deutschland gewählt. Möge der vorliegende Bericht für die Erhaltung dieser seltenen Baumart eine wichtige Grundlage liefern.

1.1 Ökologie und Verbreitung des Wild-Apfels (*Malus sylvestris*)

Die folgenden Informationen zur Ökologie und Verbreitung des Wild-Apfels sind überwiegend der Enzyklopädie der Holzgewächse (42. Erg.Lfg. 12/05) entnommen, zusammengetragen von Dr. Iris Wagner.

Der Wild-Apfel (*Malus sylvestris* (L.) MILLER) gehört zur Familie der *Rosaceae*. Er ist die einzige in Mitteleuropa heimische *Malus*-Art und über das gesamte Verbreitungsgebiet sehr selten. Er tritt zumeist einzeln und sehr zerstreut auf. Die untergeordnete wirtschaftliche Bedeutung, die Bastardisierung mit Kultur-Sorten sowie seine besonderen Habitatansprüche führten zur einer immer stärkeren Verdrängung aus der Landschaft.

Das natürliche Verbreitungsgebiet des Wildapfels (Abb. 1.1.1) reicht im Norden über Großbritannien, Mittelnorwegen und Südschweden bis zum Oberlauf der Wolga. Verstreute Vorkommen liegen in Südfinnland und Estland. Im Osten folgt die Verbreitung dem Lauf der

Wolga. Im Süden geht der Wild-Apfel bis ans Mittelmeer und es gibt einige verstreute Vorkommen in der Türkei, Armenien und Azerbaijan. Genau kann das Verbreitungsgebiet jedoch nicht angegeben werden, da Verwilderungen mit dem Kultur-Apfel die Grenzen „verwischen“.



Abb. 1.1.1: Verbreitungskarte des Wild-Apfels (*Malus sylvestris*) nach EUFORGEN 2009, (<http://www.euforgen.org>); Quelle Kartenmaterial: Google, GeoBasis DE

Der Wild-Apfel wächst als sommergrüner Strauch oder Baum und erreicht Baumhöhen von 10 m bis 15 m. Im Freiland bildet er eine abgerundete Krone aus, oft mit weit überhängenden Zweigen. Der Schaft ist oft spannrückig und erreicht einen Durchmesser von 23 cm bis 45 cm. Wild-Äpfel können 80 bis 100 Jahre alt werden.

Der Wild-Apfel kommt mit allen Arten von Böden zurecht, bevorzugt jedoch frische, nährstoff- und basenreiche Böden. Kurze Überschwemmungen werden ertragen. Er kommt eher auf frischen bis wechselfeuchten Böden vor und meidet zu Trockenheit neigende Böden. Die Standortansprüche sind generell sehr weitgefasst von planar bis subalpin, ozeanisch bis kontinental sowie boreal bis meridional. Als Halblichtbaumart bevorzugt der Wild-Apfel lichte Standorte, verträgt aber auch leichten Schatten. Aufgrund seiner hohen Lichtbedürftigkeit und der Konkurrenzschwäche gegenüber wüchsigeren Arten wird er häufig aus seinem ökologischen Optimum im mittleren Bereich auf extremere Standorte wie Auwälder, sonnige und trockene Hänge, lichte Wälder und Waldränder verdrängt. Die Art ist in Feldgehölzen und an alten Verkehrswegen ebenso vereinzelt anzutreffen in lichten Laub- und Kiefernwäldern, Auwäldern, Felddickichten, Gebüsch, Waldrändern, sonnigen und felsigen Abhängen sowie Felsschutt.

Die Blätter des Wildapfels sind grün, nie bronzefarben, purpurn oder rötlich. Sie enden in einer seitlich ausgelenkten Spitze und sind im Vergleich zur Kulturform kleiner, dünner und kaum bis gar nicht behaart. Am Rand sind die Blätter einfach oder doppelt gekerbt-gesägt.

Der Wild-Apfel trägt im Gegensatz zur Wildbirne keine echten Sprossdornen. Es handelt sich um abgestorbene und eingetrocknete Langtriebe oder abgebrochene Kurztriebketten.

Es wird vermutet, dass gefallene Stämme durch Neuaustrieb an der Basis möglicherweise über Jahrhunderte an einem Standort auch vegetativ überdauern können.

Der Wild-Apfel blüht je nach Witterung von April bis Juni, die Früchte reifen zwischen September und Oktober. Hauptbestäuber sind Bienen und Hummeln. Die zwittrigen Blüten sind streng vorweiblich, so dass Selbstbestäubung verhindert wird. Die Verbreitung der Früchte erfolgt vor allem über Säugetiere und Vögel sowie auch durch den Menschen. Das Passieren des Darms und eine mehrmonatige Ruhe im Exkrement wirken keimungsfördernd. Samen, die im Kerngehäuse der Frucht verbleiben keimen, nicht. Die Früchte sind im Vergleich zum Kultur-Apfel wesentlich kleiner und haben einen Durchmesser von 2 cm bis 3,5 cm. Die Form ist meist kugelförmig oder auch eirundlich. Die Farbe der Früchte reicht von gelb bis gelbgrün.

Im frischen Zustand besitzen die Früchte einen sauren und adstringierenden Geschmack. Der Wild-Apfel kann zu Tee, Marmelade und Obstbrand verarbeitet werden und zeichnet sich gegenüber dem Kultur-Apfel durch einen höheren Gehalt an Vitamin C und Gerbstoffen aus.

Das Holz des Wild-Apfels hat einen weißen bis hellbraunen, teilweise auch rötlichen Splint und einen rötlichbraunen Kern. Es ist sehr hart, schwer, fest, kaum elastisch und biegsam. Zudem arbeitet es stark, reißt leicht, ist stark schwindend und wenig dauerhaft. Wirtschaftlich hat das Apfelholz so gut wie keine Bedeutung.

2 Ziele und Aufgabenstellung des Projekts

Ziel des Projektes¹ war die Erfassung, Charakterisierung und Dokumentation der genetischen Ressourcen von Wild-Birne und Wild-Apfel über alle Wuchsbezirke und Eigentumsarten in der Bundesrepublik Deutschland sowie die Bewertung der Vorkommen nach „Erhaltungswürdigkeit“, „Erhaltungsfähigkeit“ und „Erhaltungsdringlichkeit“.

Zum Erreichen dieses Zieles wurden erstmalig Daten zu den Vorkommen über alle Bundesländer hinweg in einer Gesamtdatenbank zusammengeführt. Darauf aufbauend sollten Schwerpunktregionen von Vorkommen identifiziert werden und der Gefährdungsgrad der Populationen analysiert werden. In Kombination mit genetischen Analysen zur Bestimmung der Wildnähe der Vorkommen sowie der genetischen Diversität zwischen den und innerhalb der einzelnen Vorkommen wurden Grundlagendaten geschaffen. Diese sollen der Politik und den verantwortlichen Fachbehörden als Entscheidungshilfe zum langfristigen Erhalt der Arten dienen.

2.1 Ablauf und Planung des Projekts

Das Gesamtprojekt „*Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland*“ ist in vier Lose aufgeteilt. Auf diese Lose verteilen sich die Baumarten Flaum-Eiche, Elsbeere, Speierling, Wild-Apfel, Wild-Birne, Feld-Ahorn, Eibe, Grün-Erle, Grau-Erle und Gemeine Trauben-Kirsche. Die Projektleitung und Gesamtkoordination übernahm dabei das Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde und sicherte so die Los-übergreifende und einheitliche Bearbeitung aller zehn Baumarten.

Die vier Lose unterteilen sich wie folgt:

- Los 1: Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Flaum-Eiche (*Quercus pubescens*), der Elsbeere (*Sorbus torminalis*) und des Speierlings (*Sorbus domestica*) in Deutschland. Bearbeitung: Forstbüro Ostbayern
- **Los 2: Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen des Wild-Apfels (*Malus sylvestris*) und der Wild-Birne (*Pyrus pyraster*) in Deutschland. Bearbeitung: Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE)**
- Los 3: Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen des Feld-Ahorns (*Acer campestre*) und der Eibe (*Taxus baccata*) in Deutschland. Bearbeitung: Forstbüro Ostbayern
- Los 4: Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Grün-Erle (*Alnus viridis*), der Grau-Erle (*Alnus incana*) und der Gemeinen Trauben-Kirsche (*Prunus padus*) in Deutschland. Bearbeitung: Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht Teisendorf (ASP)

¹ Im Folgenden wird der Erhebungsauftrag „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland“ mit seinen zehn Zielbaumarten häufig als „Gesamtprojekt“, das Los 2 zu den Baumarten Wild-Apfel und Wild-Birne als „Projekt“ bezeichnet.

Die Bearbeitung des Gesamtprojektes erfolgte in enger Anlehnung an zwei bereits abgeschlossene Vorgängerprojekte („Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Schwarz-Pappel und der Ulmenarten in Deutschland“, Aktenzeichen 541-73.01/05BE001 und 541-73.01/05BE002).

Der Projektvertrag gab folgenden Leistungsumfang vor:

1. Einholen von Vorinformationen zu bekannten Vorkommen des Wildobstes: Literatur, Forstliche Versuchsanstalten der Länder, BWI, Biotopkartierungen, Schutzgebiete
2. Erstellung einer Datenbank
3. Kartierung potentieller Generhaltungsobjekte im Gelände mit anschließender Bewertung nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsdringlichkeit und Erhaltungsfähigkeit
4. Charakterisierung ausgewählter Vorkommen mittels DNA-Mikrosatelliten:
 - a) Überprüfung der Artzugehörigkeit (Wildform/Kulturform)
 - b) Analyse der genetischen Variation zwischen verschiedenen Populationen
5. Zusammenfassung aller gewonnenen Erkenntnisse und Bewertung hinsichtlich der Gefährdung der Zielarten in der BRD
6. Abschließende Bewertung der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen und Ableitung konkreter Empfehlungen für Maßnahmen zum langfristigen Erhalt

2.1.1 Datenbank

Für die Dokumentation der Kartierungsergebnisse wurde eine MS-Access-Datenbank (Microsoft® Office Access 2003 SP3) genutzt. Diese lag in Grundzügen bereits aus den Vorgängerprojekten vor. Eine Anpassung erfolgte durch die IDaMa GmbH (Freiburg) hinsichtlich der neuen Anforderungen an die Baumartenvielfalt. Die Dateneingabemaske entspricht dabei dem Aufbau des Erfassungsbogens, so dass im Gelände erhobene Parameter direkt eingegeben werden konnten. Zur Überarbeitung der Datenbank gehörte auch die verstärkte Integration benutzerfreundlicher Elemente. Durch eine Programmroutine zur Überprüfung der Plausibilität konnten fehlende oder fehlerhafte Eingaben bereits direkt nach Dateneingabe überprüft und nötigenfalls korrigiert werden.

2.1.2 Erfassung von Vorkommen

Die phänotypische Erfassung der Vorkommen wurde in den Vegetationsperioden 2010 und 2011 im Gelände durchgeführt.

Im Vorfeld fand eine Einweisung in die Methodik sowohl theoretisch als auch praktisch durch die Gesamtkoordination statt. Diese beinhaltete den Umgang mit dem Erfassungsbogen, die Durchführung der Kartierungen im Gelände sowie die Eingabe von Daten in die Datenbank. Ziel war die einheitliche und qualitativ hochwertige Erhebung von Geländedaten über alle Lose und das gesamte Untersuchungsgebiet hinweg.

2.1.3 Schematische Übersicht des Projektverlaufes

Die in Los 2 durchgeführten Arbeitsschritte sind in Tabelle 2.1.1 schematisch dargestellt.

Tab. 2.1.1: Arbeitsablauf Los 2

Jahr	2010				2011				2012			
Quartal	I	II	III	IV	I	II	III	IV	I	II	III	IV
Arbeitsleistung												
Projektstart	■											
Kartierschulung		■										
Quellenabfrage	■	■										
Quellenauswertung		■										
Datenbankerstellung		■										
Literaturrecherche		■					■		■			
Charakterisierung Phänotyp		■	■	■		■	■	■				
Charakterisierung Genotyp							■	■	■	■		
Auswertung Datenbank										■	■	
Auswertung Ergebnisse					■					■	■	■
Projektpräsentation										■		
Projektberatungen	■			■	■			■				
Berichterstattung BLAG								■				■
Anfertigung Endbericht										■	■	■

2.2 Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

Für die Planungen des Projektes waren bereits Erfahrungen aus den vorangegangenen Projekten zur Erfassung der Schwarz-Pappel und der Ulmenarten vorhanden. Die dort verwendete Datenbank konnte mit kleineren Modifikationen für das aktuelle Projekt verwendet werden. Während des laufenden Projektes wurden Weiterentwicklungen der Datenbank auf Wunsch einzelner Koordinatoren vorgenommen.

Hinsichtlich der zu den Zielbaumarten vorliegenden Informationen war die Ausgangslage je nach Bundesland sehr heterogen. Während einige Daten bereits digital vorlagen und entsprechende kartenmäßige Verknüpfungen möglich waren, gab es zu anderen Vorkommen nur formlose Informationen, die zum Teil noch handschriftlich auf Kartenausdrucken oder Skizzen vermerkt waren. Zur notwendigen Vereinheitlichung des Grunddatenbestands gehörte deshalb neben der Transformation verschiedener Koordinatensysteme in das geforderte UTM-Format auch die Digitalisierung der analog vorliegenden Daten.

Für die genetischen Analysen ausgewählter Vorkommen stellte die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) das nötige Know-how sowie die notwendige Laborkapazität zur Verfügung.

3 Material und Methoden

3.1 Projektmanagement

Für die Koordination des Gesamtprojektes war das Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE) des Landesbetriebes Forst Brandenburg in Kooperation mit der Humboldt-Universität zu Berlin verantwortlich. Ziel der Kooperation war eine gemeinsame Bearbeitung aller zehn Baumarten. Dazu wurden mehrere Verträge mit den forstlichen Versuchsanstalten der einzelnen Bundesländer sowie mit privaten Kartierbüros geschlossen (Abb. 3.1.1).

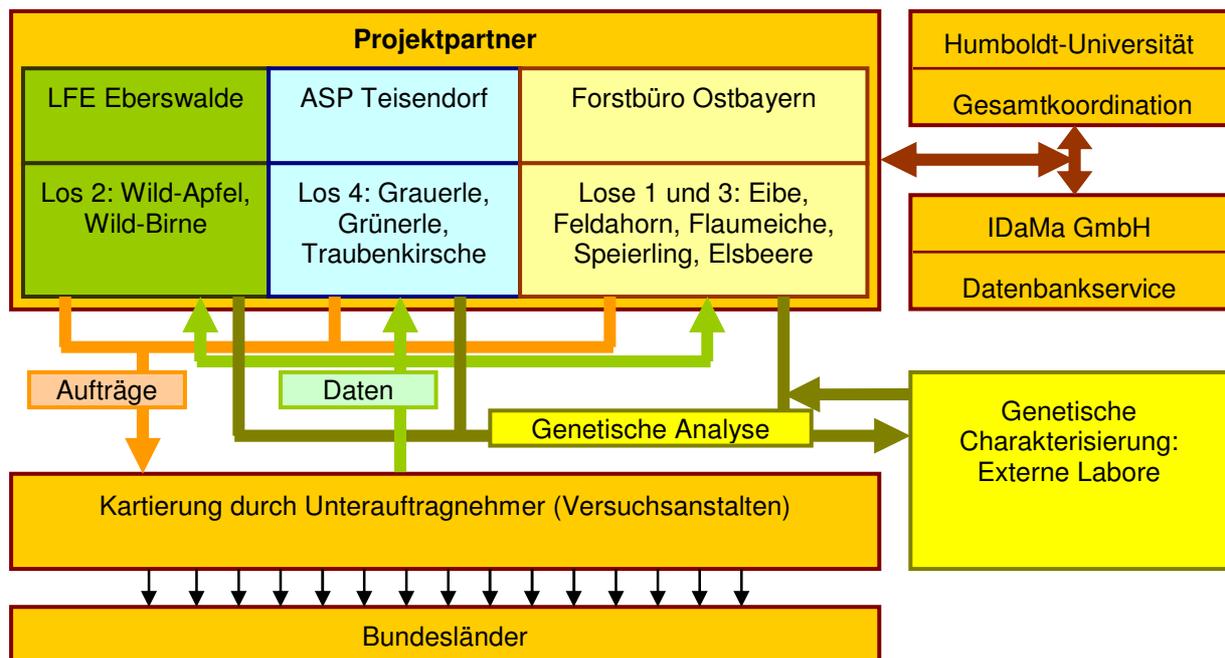


Abb. 3.1.1: Schematische Darstellung der Projektstruktur

Für die Bearbeitung des Projektes zu Wild-Apfel und Wild-Birne (Los 2) wurden im März 2010 ein Sachbearbeiter am LFE sowie für die Gesamtkoordination aller zehn Baumarten ein wissenschaftlicher Mitarbeiter in Teilzeit an der Humboldt-Universität zu Berlin eingestellt. Im Rahmen des Projektmanagements wurde am 06./07.05.2010 eine Kartiererschulung in Eberswalde durchgeführt mit dem Ziel, allen Beteiligten die einheitliche Methodik der Kartierung und Dateneingabe sowie Informationen zu den einzelnen Baumarten zu vermitteln. Unmittelbar nach dieser Schulung startete die terrestrische Erfassung potentieller Generhaltungsobjekte.

Während des laufenden Projektes gab es regelmäßige Treffen aller Projektkoordinatoren und der Projektleitung, um Zwischenergebnisse und Erfahrungen auszutauschen sowie die einheitliche Bearbeitung aller zehn Baumarten sicherzustellen.

Am 20.01.2011 fand in der Thüringer Landesanstalt für Wald, Jagd und Fischerei in Gotha ein Projekttreffen mit allen beteiligten Kartierern statt. Dieses Treffen wurde genutzt, um die Projektkoordinatoren detailliert über den Stand der Kartierarbeiten in den einzelnen Bundesländern zu informieren, um einen Informationsaustausch unter den Kartierern zu ermöglichen sowie über Erfahrungen und Probleme aus der Kartiersaison 2010 zu

diskutieren. Vor dem Start in die Kartiersaison 2011 sollten zudem noch einmal alle Kartierer auf das einheitliche Vorgehen „geeicht“ werden.

Zur Abstimmung der genetischen Analysen trafen sich die Projektleitung, die Projektkoordinatoren sowie Vertreter von verschiedenen Laboren am 08.02.2011 in Kassel-Wilhelmshöhe. Dort wurden die Grundsätze der genetischen Analyse (Anzahl und Auswahlkriterien der Vorkommen, Individuen, Marker, Auswerteparameter) festgelegt. Die genetischen Analysen wurden von der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt (NW-FVA) übernommen. Die Probennahme sollte in zwei Teilen erfolgen (Spätsommer 2011, Frühjahr 2012), um eine punktuelle Überlastung des Labors zu vermeiden. Der Abschluss aller Analysen und die Übergabe der Daten und Berichte sollten bis 15.08.2012 erfolgen.

Am 29.11.2011 informierten die Projektkoordinatoren die "Bund-Länder-Arbeitsgruppe Forstliche Genressourcen" (BLAG) in Trippstadt als projektbegleitende Arbeitsgruppe (PAG) über den Arbeitsstand der einzelnen Lose.

In Eberswalde trafen sich die Projektleitung und alle Los-Bearbeiter am 07.02.2012 zur Abstimmung eines gemeinsamen Auswertungskonzeptes und der einheitlichen Bearbeitung der Endberichte.

Am 06.07.2012 stellte die Projektkoordination Teilergebnisse für Mecklenburg-Vorpommern im Rahmen der „Nordischen Baumtage 2012“ in Rostock-Warnemünde vor.

Während der gesamten Projektlaufzeit wurde regelmäßig telefonische oder persönliche Rücksprache zwischen Projektkoordinatoren und der Projektleitung gehalten.

3.2 Datenrecherche

Für die Recherche zu bekannten Vorkommen standen im Wesentlichen folgende Quellen zur Verfügung:

- Datenbanken der Forstlichen Versuchsanstalten zu forstgenetischen Ressourcen
- Bundeswaldinventur
- "Datenspeicher Wald" (Forstliches Informationssystem in Brandenburg, Sachsen-Anhalt und Mecklenburg-Vorpommern)
- Forstämter beziehungsweise Oberförstereien
- Planungs- und Managementdaten von Schutzgebieten
- Biotopkartierung
- Datenbanken zu Forstlichem Vermehrungsgut und gebietsheimischen Gehölzen
- Verbände/Umweltschutzorganisationen
- Literatur/Internetquellen
- Diplomarbeiten und andere Hochschulschriften
- Forstliche Fachliteratur

Die Datenrecherche wurde in den einzelnen Bundesländern unterschiedlich gehandhabt. In den Bundesländern, mit denen direkt über die forstlichen Landesanstalten ein Vertrag zur Kartierung des Wildobstes geschlossen wurde (Bayern, Baden-Württemberg, Thüringen, Sachsen, Sachsen-Anhalt, Hessen, Niedersachsen, Schleswig-Holstein, Rheinland-Pfalz, Saarland), wurde die Datenrecherche in Eigenregie vorgenommen und ihre Ergebnisse an die Projektkoordination weitergeleitet. In den Bundesländer Mecklenburg-Vorpommern und Nordrhein-Westfalen wurde die Kartierung an private Büros vergeben. In Zusammenarbeit

mit der Koordination der Lose 1 und 3 konnten hier umfangreiche Vorinformationen gewonnen werden, die an die zuständigen Kartierer weitergeleitet wurden. In den Bundesländern Hamburg, Bremen und Berlin waren keine Vorkommen des Wild-Apfels bekannt. Für das Bundesland Brandenburg konnte in Kooperation mit der Hochschule für nachhaltige Entwicklung Eberswalde (HNEE) eine umfangreiche Datenbank zu bekannten Vorkommen des Wildobstes erstellt werden (BLE-Projekt zu CWR-Arten).

3.3 Auswertung der Quellenabfrage

Nach Abschluss der Recherche wurden die gewonnenen Daten von der Projektkoordination gesichtet. Je nach Bundesland lagen Daten hinsichtlich Koordinatensystem, Umfang und Detailschärfe auf sehr unterschiedlichem Niveau vor. Die Daten wurden, soweit Koordinaten vorhanden waren, mittels GIS für jedes Bundesland in das durch die Kartieranleitung einheitlich vorgegebene Koordinatensystem WGS84 / UTM Zone 32 Nord (EPSG: 32632) umgerechnet und visualisiert. Durch die Bildung von Puffern mit einem Radius von 500 m (entspricht einem Baumabstand von 1 km) konnten zusammenhängende Vorkommen von mindestens fünf Individuen durch Verschneidung der sich berührenden Puffer zu potentiell kartierungswürdigen Genobjekten aggregiert werden. Besonders Angaben zur Größe des Vorkommens an einem bestimmten Koordinatenpunkt waren dabei hilfreich, in den meisten Fällen jedoch nicht vorhanden. Es musste also davon ausgegangen werden, dass pro Koordinatenpunkt null bis x Einzelindividuen vorgefunden werden können. Daten aus der Biotopkartierung waren nicht zwangsläufig koordinatenscharf, da dort vielfach nur die Koordinatenmittelpunkte einer Fläche aufgenommen werden, auf der ein Wild-Apfel gesichtet wurde. Diese Besonderheit galt es bei den Geländearbeiten zu berücksichtigen. Aufgrund der hohen Datendichte aus den Biotopkartierungen bestand zudem die Vermutung, dass jeder Obstbaum auf vermeintlich „wildem“ Standort erfasst wurde. Bei der erneuten Kartierung sollte deshalb ein besonderes Augenmerk darauf gelegt werden, ob es sich tatsächlich um Wildobst handelte.

Die aufbereiteten Daten wurden für jedes Bundesland an den zuständigen Kartierer als Shape-Datei oder als KLM-Export für die Darstellung in "GoogleEarth" weitergeleitet. Die Projektkoordination gab zusätzlich noch Empfehlungen zur weiteren Vorgehensweise. Zum Beispiel sollten vorrangig große und bedeutende Vorkommen kartiert werden, bei entsprechenden zeitlichen und personellen Kapazitäten erst im Nachgang auch kleinere und unsichere Vorkommen.

Lagen Daten in analoger Form vor (Diplomarbeiten, Literatur), wurden diese ebenfalls an die zuständigen Kartierer weitergeleitet. Zusätzliche Hinweise von Revierförstern und ortskundigen Experten erwiesen sich oft als sehr hilfreich und detailliert.

3.4 Kartierung

Als Grundlage für die Kartierungen wurden die aus der Quellenabfrage gewonnenen Daten genutzt. Es wurde angestrebt, je Bundesland die zehn Zielbaumarten geschlossen zu kartieren und damit Personal und Ressourcen zu bündeln. In den meisten Bundesländern wurden deshalb mit den zuständigen forstlichen Versuchsanstalten Verträge zur Durchführung der Datenerfassungen im Gelände geschlossen (siehe oben). Für die Bundesländer Nordrhein-Westfalen, Mecklenburg-Vorpommern und Süd-Brandenburg wurden Verträge mit der Koordination der Lose 1 und 3 (Forstbüro Ostbayern) geschlossen.

Für Nord-Brandenburg wurde die Kartierung der Wildobstarten durch den Projektkoordinator (Los 2) durchgeführt. In den Bundesländern Berlin, Hamburg und Bremen waren keine Vorkommen bekannt und auch nicht zu vermuten. Die gewonnenen Vorinformationen wurden an den jeweilig zuständigen Kartierer weitergeleitet.

Um sicherzustellen, dass die Kartierung über alle Bundesländer und Arten nach dem gleichen Schema durchgeführt wird, wurde im Mai 2010 eine zweitägige Kartiererschulung in Eberswalde durchgeführt (siehe oben). An der Schulung nahmen alle Kartierer, die Projektkoordinatoren der einzelnen Lose, Herr Kayser von der IDaMa GmbH und die Projektleitung teil. Dabei wurden die Funktionsweise und die Bedienung der Datenbank erläutert. Durch die Projektkoordination wurde der Aufnahmebogen für die Kartierung vorgestellt und Hinweise zur praktischen Durchführung der Geländeerhebungen gegeben. Die Koordinatoren der einzelnen Lose stellten die Biologie der zu kartierenden Baumarten vor und gaben Hinweise zum Erkennen und Bestimmen im Gelände. Am zweiten Tag der Schulung fand eine Geländebegehung mit Probekartierung statt.

Die praktische Kartierung begann zeitnah im Anschluss an die Schulung, um die Vegetationsperiode 2010 optimal zu nutzen. Mit Ende der Vegetationsperiode 2011 sollten alle Kartierarbeiten beendet sein und die Datenbanken sowie Kartenmaterial der Projektkoordination übergeben werden. Für die Kartierung des Wildobstes wurde zur besseren Auffindbarkeit der einzelnen Individuen eine Kartierung zur Blüte oder zur Fruchtreife empfohlen, auch weil sich anhand der Früchte die Wildform leichter von der Kulturform abgrenzen lässt. Für das Erfassen der Individuen im Gelände mit gleichzeitiger Einschätzung der Vitalität stand eine Zählhilfe in analoger und digitaler Form zur Verfügung. Die Projektkoordination stand während der gesamten Zeit in engem Kontakt mit den Kartierern, um mögliche Rückfragen zu klären und den Fortschritt der Kartierungen zu dokumentieren.

Folgende Parameter wurden für jedes Genobjekt gemäß Kartieranleitung erfasst:

Tab. 3.4.1: Aufnahmeparameter

1	Gehölzart	Art, etabliertes Genobjekt (<i>In-situ</i> , <i>Ex-situ</i>)?
2	Lage	Bundesland, Landkreis, Gemeinde, Revier, Koordinaten, Bundeswuchsgebiet
3	Schutzstatus	NSG, Biosphärenreservat, FFH-Gebiet, etc.
4	Eigentümer	Eigentumsart
5	Anzahl	ggf. geschätzt
6	Fläche	Größe in ha, Anteil der Zielbaumart an vorhandenen Mischbaumarten
7	Alter	Durchmesserstruktur, Verjüngung?, Altbäume?
8	Begründungsart	Pflanzung, Naturverjüngung, Stockausschlag, Wurzelbrut, unbekannt
9	Vitalität	Stufe 0-4, Baumkronenansprache nach ROLOFF (2001)
10	Beschreibung	Besonderheiten, Schäden, Gefährdungen

Während der Kartierarbeiten waren vorrangig folgende Angaben zu überprüfen:

- Artzuordnung (Wild- oder Kulturform)
- Verjüngungsanteile, Verjüngungsanteile unter 1,5 m Höhe
- Populationsgröße (Fläche, Anzahl) und Altersstruktur
- Vitalität

- Begründungsart (Naturverjüngung, Kunstverjüngung)

Pro Genobjekt sollte ein Koordinatenpunkt aufgenommen werden, welcher den Punkt der größten Individuendichte innerhalb seiner Gesamtfläche markiert. Zusätzlich sollte eine Lageskizze des Genobjektes in analoger Form angefertigt werden.

Da sich das Alter der Bäume nicht ohne weiteres im Gelände bestimmen lässt, wurden die Bäume zur Abschätzung der Altersstruktur in drei Durchmesserklassen nach Brusthöhen-durchmesser (< 7 cm; 7 - 20 cm; > 20 cm) eingeteilt. Die Einschätzung der Vitalität erfolgte nach den Stufen 0 (vital), 1 (geschwächt), 2 (deutlich geschwächt), 3 (absterbend), 4 (abgestorben) in Anlehnung an die Baumkronenbewertung nach ROLOFF (2001).

Nach Abschluss des Projektes wurde die Gesamtdatenbank an die BLE übergeben sowie die Aufnahmebögen und Karten in analoger Form an die zuständigen Forstlichen Versuchsanstalten in den Bundesländern.

3.5 Datenbank und GIS-Anwendungen

Die zentrale Dokumentation aller erhobenen Daten erfolgte über eine MS-Access-Datenbank. Zur Aufgabenstellung für das Gesamtprojekt gehörte es, dafür die bereits in den Vorgängerprojekten erarbeiteten Grundlagen in Form der Datenbank "Forstliche Genressourcen" zu nutzen. Mit der Betreuung dieses Arbeitsbereiches wurde erneut die Firma IDaMa GmbH in Freiburg beauftragt. In Erweiterung der bestehenden Datenbank erfolgte zu Projektbeginn eine Ergänzung des Artenspektrums um die zehn Zielbaumarten des Gesamtprojekts. Die Datenbank besteht aus drei Teilen:

- a) Das Basis-Frontend (fgr2003.mdb) beinhaltet alle Informationen zur Dateneingabe in Anlehnung an den Aufnahmebogen (Abb. 3.5.1), eine Plausibilitätsanalyse sowie eine Berichtsausgabe.
- b) Eine weitere Datenbank zur Speicherung der Daten zu den kartierten Vorkommen (fgrxx_d.mdb) wurde jedem Kartierer zur Verfügung gestellt und individuell angepasst. Sie wurde in regelmäßigen Abständen an die IDaMa GmbH via E-Mail gesendet und dort zu einer Gesamtdatenbank (fgr_stamm_d.mdb) zusammengefasst. Somit konnte seitens der Projektkoordination der Fortschritt der Kartierarbeiten jederzeit nachvollzogen werden.
- c) Für die Auswerteroutine in Bezug auf die „Erhaltungsfähigkeit“ wurde ein weiteres Frontend (fgr_auswertung.mdb) zur Verfügung gestellt. In diesem Frontend ist es möglich, Parameter wie Abundanzklasse, Vorgaben für die Einstufung der Altersstrukturqualitätsklasse und der Gesamtbewertung der Genobjekte artspezifisch zu modifizieren und damit die zu erarbeitenden Handlungsempfehlungen vorzubereiten.

Die kartographische Auswertung und Darstellung der Ergebnisse erfolgte mit dem Programm Quantum GIS (Version 1.8.0 „Lisboa“; <http://qgis.org>).

Abb. 3.5.1: Eingabemaske zur Erfassung kartierter Genobjekte (Screenshot)

3.6 Auswertung der Datenbank und Qualitätskontrolle

Nach Abschluss aller Kartierarbeiten wurden die jeweiligen Datenbanken an die IDaMa GmbH geschickt und auf Plausibilität und Koordinatenfehler überprüft. Bei vorliegenden Fehlern wurde die Datenbank zurück an den zuständigen Kartierer geschickt mit der Bitte um Korrektur. Nach Behebung aller Unstimmigkeiten wurden alle Datenbanken zu einer Gesamtdatenbank vereint und zusammen mit einem speziellen Frontend zur Auswertung an die Projektkoordinatoren zurückgesendet. Mit Hilfe des Frontends konnten die Daten umfassend ausgewertet werden.

3.6.1 Bundeswuchsgebiete

Das Johann Heinrich von Thünen-Institut (vTI) stellte für die Ermittlung der Bundeswuchsgebiete aktuelle Geoinformationen als GIS-shapes zur Verfügung:

- Wuchsgebiete 2011 (Version 20.03.2012)

Über eine Verschneidung im GIS wurden die Vorkommen den Bundeswuchsgebieten zugeordnet und anschließend visualisiert.

3.6.2 Potentielle natürliche Vegetation

Das Bundesamt für Naturschutz (BfN) stellte für die Ermittlung der Potentiellen natürlichen Vegetation aktuelle Geoinformationen als GIS-shapes zur Verfügung:

- PNV500 Deutschland (Version 23.03.2012)

Über eine Verschneidung im GIS wurden den Vorkommen die Angaben zur Potentiellen natürlichen Vegetation zugeordnet und anschließend visualisiert.

3.6.3 Naturschutz-Status

Das Bundesamt für Naturschutz (BfN) stellte für die Ermittlung der Schutzkategorien aktuelle Geoinformationen als GIS-shapes zur Verfügung:

- FFH-Gebiete (Version vom 07.10.2011)
- Vogelschutzgebiete (Version vom 07.10.2011)
- Nationalparke (Version vom 29.09.2011)
- Biosphärenreservate (Version vom 30.09.2011)
- Naturschutzgebiete (Version vom 21.10.2011)
- Naturparke (Version vom 26.01.2012)
- Landschaftsschutzgebiete (Version vom 26.01.2012)

Über eine Verschneidung im GIS wurden den Vorkommen die Angaben zum Schutzstatus zugeordnet und anschließend visualisiert.

3.6.4 Abundanz

Für die Bewertung der Erhaltungswürdigkeit eines Genobjektes spielt seine Größe eine zentrale Rolle. Die Datenbank der Vorgängerprojekte zu Schwarz-Pappel und den Ulmen-Arten sah eine Verteilung der Vorkommen nach Individuenzahl über 10 Abundanzklassen vor. Aufgrund der unterschiedlichen Ökologie der im aktuellen Projekt untersuchten Baumarten schien eine starre, für alle Arten identische Einteilung der Abundanzklassen wenig sinnvoll. Die Datenbank wurde deshalb so geändert, dass für jede Baumart die Abundanzklassen individuell bestimmt und entsprechend der Streubreite angepasst werden konnten (Abb. 3.6.1). Darin wird sichtbar, dass Vorkommen mit weniger als fünf Individuen nicht als Genobjekt erfasst wurden, da sie nicht als ausreichend vermehrungs- und damit erhaltungsfähig (*In-situ*) angesehen werden. Die für den Wild-Apfel gewählten Abundanzklassen sind in Tabelle 3.6.1 dargestellt. Die mit der Datenbank „fgr_stamm_d.mdb“ berechneten Abundanzklassen wurden direkt in eine neue Spalte *Abundanz_Klasse* eingetragen.

Art Vorgabe:

Art: Klasse: von: bis: verwenden Bemerkung:

Malus sylvestris	0	0	4	<input type="checkbox"/>	kein Genobjekt Malus sylvestris
Malus sylvestris	1	5	10	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	2	11	20	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	3	21	50	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	4	51	75	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	5	76	100	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	6	101	150	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	7	151	200	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	8	201	300	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	9	301	400	<input checked="" type="checkbox"/>	
▶ Malus sylvestris	10	401	9999999	<input checked="" type="checkbox"/>	

Datensatz: von 11

Abb. 3.6.1: Eingabemaske zur Festlegung der Abundanzklasse (Screenshot)

Tab. 3.6.1: Abundanzklassen Wild-Apfel

Stufe	Individuenzahl
1	5 - 10
2	11 - 20
3	21 - 50
4	51 - 75
5	76 - 100
6	101 - 150
7	151 - 200
8	201 - 300
9	301 - 400
10	> 400

3.6.5 Altersstruktur

Die Altersstruktur der Vorkommen wurde über den Aufnahmeparameter „Durchmesserstufe“ nach Brusthöhendurchmesser (BHD) ermittelt (vgl. Kapitel 3.4). Um die Durchmesserstruktur der Vorkommen zu bewerten, wurde das Bewertungsschema der Vorgängerprojekte übernommen (Tab. 3.6.2). Für eine potentiell überlebensfähige Population wurde von einer pyramidalen Durchmesserstruktur mit großer Verjüngungsstufe ausgegangen. Je größer die Abweichung von dieser ist, desto ungünstiger erfolgte die Einstufung der Vorkommen.

Tab. 3.6.2: Definition der Altersstrukturqualitätsklassen (Mindestanteile der Durchmesserstufen)

Altersstruktur-Qualitätsklasse	BHD < 7cm	BHD 7 – 20 cm	BHD > 20 cm
sehr gut (1)	≥ 10 %	≥ 20 %	≥ 20 %
gut (2)	≥ 5 %	≥ 10 %	≥ 15 %
befriedigend (3)	≥ 5 %	≥ 5 %	≥ 0 %
schlecht (4)	(< 7cm + 7-20cm) ≥ 1 %		≥ 0 %
sehr schlecht (5)	≥ 0 %	≥ 0 %	≥ 0 %

Die Auswertung über die Datenbank erfolgte durch eine Berechnungsroutine nach oben genanntem Bewertungsschema. Anhand der Voreinstellungen (Abb. 3.6.2) ordnete die Datenbank (fgr_stamm_d.mdb) jedem Vorkommen die entsprechende Altersstrukturqualitätsklasse zu und gab diese über eine neu erstellte Spalte (AQS_F) in der Datenbanktabelle aus.

Art Vorgabe: Malus sylvestris

Abundanzklassen und aktualisieren Tab. GENOBJEKT_DURCH_VITALITAET_Temp
letzte Aktualisierung:

Mindestprozentanteile

Qualitätsklasse	1 < 7cm	1+2 < 20cm	2 7-20 cm	2+3 >= 7 cm	3 > 20 cm	Naturverjüngung ja/nein	Bemerkung:
1 sehr gut	≥ 10 %	≥ 10 %	≥ 20 %	≥ 20 %	≥ 20 %	k.E.	
2 gut	≥ 5 %	≥ 5 %	≥ 10 %	≥ 10 %	≥ 15 %	k.E.	
3 mittel	≥ 0 %	≥ 5 %	≥ 5 %	≥ 0 %	≥ 0 %	k.E.	
4 schlecht	≥ 0 %	≥ 1 %	≥ 0 %	≥ 0 %	≥ 0 %	k.E.	
5 sehr schlecht	≥ 0 %	≥ 0 %	≥ 0 %	≥ 0 %	≥ 0 %	k.E.	
*	≥ 0 %	≥ 0 %	≥ 0 %	≥ 0 %	≥ 0 %		

Hinweise: Bei Verwendung der Misch-Durchmesserklassen 1/2 oder 2/3 werden die Einzelwerte der entsprechenden Durchmesserklassen nicht berücksichtigt.
Bei Mischdurchmesserklassen kann die Referenz zu den Daten bezüglich der Naturverjüngung nur berücksichtigt werden wenn beide Durchmesserstufen gleich sind, bei Abweichung wird keine Naturverjüngung in der Mischklasse angenommen.

AltersstrukturQualitätsklassen setzen
befüllt die temporäre Tabelle Temp_GE_AQS diese kann mit den Abfragen strSQL_AQSxx:Endstand und strSQL_AQSxx:Endstand_Uebersicht eingesehen werden
 Ergebnis direkt in die Genobjekt-Tabelle Spalte AQS_F übernehmen

Vitalität und Erhaltungswürdigkeit setzen
aktualisiert in Tabelle Genobjekt die Spalten:
Vitalitaet = Summe((VIT1proz]+(VIT2proz]*2)+(VIT3proz]*3))*[GE_DUST_proz]/10000
GE_vitindex = (([AB_Klasse]/10)+(1/[AQS_F]))+(Wenn([Vitalitaet]=0;0;1-([Vitalitaet]/3)))/3
ERW_F (Fremdschlüssel Erhaltungswürdigkeit) siehe Erhaltungswürdigkeit definieren --->

Erhaltungswürdigkeit definieren

Ergebnis der letzten Auswertung als Bericht anzeigen

Datensatz: 1 von 5

Abb. 3.6.2: Eingabemaske zur Bewertung der Altersstruktur mit Hilfe der Datenbank (Screenshot)

3.6.6 Naturverjüngung

Gegenüber den Erhebungen zu Schwarzpappel und den Ulmenarten wurde die Naturverjüngung modifiziert aufgenommen.

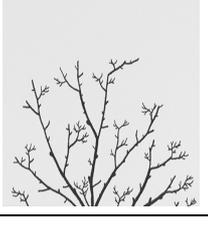
Zwingende Voraussetzung für die Anerkennung von Naturverjüngung war das Vorhandensein von Mutterbäumen. Eine *Ex-situ*-Anpflanzung wurde nicht als Verjüngung in diesem Sinne gewertet. Als Grenzhöhe der Verjüngung wurde drei Meter festgelegt, höhere Individuen wurden nicht als Verjüngung angesprochen, deren Erfassung erfolgte über die Durchmesserstufen. Der Anteil der Verjüngungsfläche an der Fläche des Genobjektes wurde eingestuft. Zur Beurteilung der weiteren Entwicklung der Naturverjüngung wurden die Anteile der Höhenstufen unter 1,5 m an der Fläche der gesamten Verjüngung geschätzt.

3.6.7 Vitalität

Um den Gesundheitszustand der Vorkommen beurteilen zu können, wurde bei der Kartierung, getrennt nach den drei Durchmesserstufen, die Vitalität der Bäume angesprochen (Tab. 3.6.3). In Bezug auf die Bewertung der Erhaltungsfähigkeit kommt dem Parameter Vitalität eine besondere Bedeutung zu.

Für jedes Vorkommen wurde die mittlere Vitalität aus den prozentualen Anteilen der einzelnen Durchmesserstufen berechnet. Die so errechnete „Gesamtvitalität“ eines Vorkommens, mit einem Wert zwischen 0 (vital) und 3 (absterbend), ermöglichte einen Vergleich der einzelnen Vorkommen untereinander. In der Datenbank „fgr_stamm_d.mdb“ wurden die errechneten Werte direkt in die Spalte *Vitalitaet* eingetragen.

Tab. 3.6.3: Ansprache der Vitalität (nach ROLOFF (2001))

Vitalitätsstufe		Sommer	Winter
0	vital		
1	geschwächt		
2	merklich geschädigt		
3	stark geschädigt, absterbend		
4	abgestorben		

3.6.8 Demografische Strukturen

Um die Altersstruktur der Vorkommen graphisch zu veranschaulichen, wurden Alterspyramiden anhand der aufgenommenen Durchmesserstruktur mit Hilfe des Programms „Excel“ (Microsoft® Office Excel 2003 SP3) erstellt. Mit dem Programm SPSS (IBM® SPSS®

Statistics 19) erfolgte dazu eine Zuordnung der verschiedenen vorkommenden Altersverteilungen über die Bildung von „hierarchischen Clustern“. Mit dieser Funktion wurden die Vorkommen mit ähnlichen Strukturen zusammengefasst und visualisiert.

3.6.9 Gesamtbewertung der Vorkommen (Erhaltungsfähigkeit)

Zur Gesamtbewertung der Vorkommen (Erhaltungsfähigkeit) wurden die Parameter Abundanzklasse, Altersstrukturqualitätsklasse und die durchschnittliche Vitalität verwendet. Wegen der besseren Vergleichbarkeit wurden die Parameter aus den Vorgängerprojekten übernommen (Tab. 3.6.4). In Tabelle 3.6.5 ist das Schema der Gesamtbewertung der Vorkommen (Erhaltungsfähigkeit) dargestellt.

Die Bewertung erfolgte von sehr gut (1) über gut (2), geschwächt (3) und bedroht (4) bis absterbend (5).

Tab. 3.6.4: Gesamtbewertung der Vorkommen (Erhaltungsfähigkeit)

Gesamtbewertung	Abundanzklasse	Altersstruktur- Qualitätsklasse	Durchschnittliche Vitalität
sehr gut (1)	≥ 7	≤ 1	< 1
gut (2)	≥ 6	≤ 2	1 – 1,49
geschwächt (3)	≥ 5	≤ 3	1,5 – 1,99
bedroht (4)	-	≤ 4	2 – 2,29
absterbend (5)	-	-	$\geq 2,3$

In die Datenbank konnten die vorab definierten Parameter direkt eingegeben werden (Abb. 3.6.3). Die berechnete Erhaltungsfähigkeit wurde in einer neuen Spalte der Auswertedatenbank für jedes Genobjekt ausgewiesen (dort noch als Erhaltungswürdigkeit bezeichnet).

ERW_P: Kurz	Erhaltungswürdigkeit:	Sort	Bemerk.	Abundanz- klasse Min.	Altersstruktur- klasse Min.	Vitalitaet Minimal	Vitalitaet Maximal
1 shr. gt.	sehr gut	10		7	1	0	1
2 gut	gut	20		6	2	1	1,4999
3 geschw.	geschwächt	30		5	3	1,5	1,9999
4 bedroht	bedroht	40		0	5	2	2,2999
5 absterb.	absterbend	50		0	9	2,3	3
9 k.E.	-	90	keine Eingabe			0	

Datensatz: 6 von 6

Abb. 3.6.3: Eingabemaske zur Gesamtbewertung der Vorkommen (Screenshot)

Tab. 3.6.5: Schematische Darstellung der Gesamtbewertung eines Vorkommens (*In-situ*-Erhaltungsfähigkeit)

AK	AQK	Durchschnittliche Vitalität				Erhaltungsfähigkeit
		0	1	2	3	
10 9 8 7	<=1					sehr gut
10 9 8 7 6	<=2					gut
10 9 8 7 6 5	<=3					geschwächt
10 9 8 7 6 5 4 3 2 1	<=4					bedroht
10 9 8 7 6 5 4 3 2 1	<=4					absterbend

AK: Abundanzklasse; AQK: Altersstrukturqualitätsklasse

3.6.10 Kerneldichte

Zur zusammenfassenden graphischen Darstellung der deutschlandweit gewonnenen Ergebnisse sowie zum Auffinden von Regionen mit Schwerpunktorkommen wurde eine Berechnung der Kerneldichte unter Verwendung einer von BORNMAN & WALTMAN (2011) programmierten Open-Source-Software durchgeführt. Als Eingabeparameter wurden die Koordinaten sowie als Faktor für die Gewichtung die Individuenzahl eines Generhaltungsobjektes genutzt. Um die Ergebnisse nicht zu verzerren, wurden individuenreiche *Ex-situ*-Bestände (Samenplantagen) von der Berechnung ausgeschlossen. Die Berechnung erfolgt aufgrund folgender theoretischer Grundlage: Eine glatte gekrümmte Oberfläche wird über jeden Punkt einer Rasterkarte der Vorkommen angebracht. Der Oberflächenwert ist an der Punktposition entsprechend dem Wert (Individuenanzahl) am größten und nimmt innerhalb des Suchradius mit zunehmendem Abstand zum Mittelpunkt bis zum Wert Null ab. Als Radius wurde 3 km gewählt. Das Volumen unter der gekrümmten

Oberfläche entspricht dem Wert für einen Punkt. Die Dichte jeder Ausgabe-Rasterzelle wird berechnet, indem die Werte aller Oberflächen, die den Mittelpunkt einer Zelle tangieren, addiert werden.

Als Ausgabe erhält man eine Rasterkarte, deren Punktwerte sich mittels GIS klassifizieren lassen. Über eine abgestufte Einfärbung der gebildeten Klassen ergibt sich daraus eine „Dichtekarte“, auf der die Genobjekte zu größeren Einheiten (Vorkommensschwerpunkte) verschmelzen. Erstellt wurden drei Karten:

- Kernaldichte mit Berücksichtigung der Baumzahl
- Kernaldichte ohne Berücksichtigung der Baumzahl
- Kernaldichte mit Berücksichtigung der Baumzahl pro Hektar Genobjektfläche

3.7 Genetische Charakterisierung

3.7.1 Untersuchungsstrategie

Ziel der genetischen Untersuchung war (1) die Absicherung der taxonomischen Zuordnung als Wild-Apfel. Individuen, die nicht als Wild-Apfel angesehen werden können, wurden von der in einem zweiten Schritt vorgenommenen populationsgenetischen Charakterisierung ausgeschlossen. Die genetische Charakterisierung sollte darüber hinaus (2) einen Überblick über die genetische Variabilität des Wild-Apfels innerhalb und zwischen den Populationen in Deutschland ermöglichen. Daraus sollen Hinweise für Maßnahmen zur Erhaltung dieser bedrohten Baumart abgeleitet werden. Als genetische Marker wurden sechs Kern-Mikrosatelliten verwendet.

3.7.2 Untersuchungsmaterial

Mit der Probenanalyse wurde das Labor der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt (NW-FVA) in Hann. Münden beauftragt. Im Rahmen der Finanzplanung des Projekts ergab sich auf Basis des Angebots der NW-FVA eine Zahl von etwa 850 möglichen Proben. Bei rund 20-30 Proben je Genobjekt entspricht dies 30 bis 40 zu untersuchenden Vorkommen. Um eine punktuelle Spitzenbelastung des Labors zu vermeiden, sollten etwa 70 % des Gesamtprobenumfangs im Spätsommer 2011 und die restlichen 30 % im Frühjahr 2012 gewonnen werden. Für die Projektkoordination bestand somit auch die Option, sich mit den Ergebnissen der Probennahme 2011 kritisch auseinander zu setzen und die Probennahme 2012 ggf. anzupassen. Aufgrund von Verzögerungen bei der Probenanalyse konnte diese Option jedoch nicht realisiert werden.

Die zu untersuchenden Vorkommen wurden von der Projektkoordination in Absprache mit der Gesamtprojektleitung festgesetzt. Ausgewählt wurden individuenreiche Populationen, die sich durch hohe Vitalität und geringe Wahrscheinlichkeit der Beeinflussung durch Kultursorten auszeichneten. Die Datenbank wurde gezielt nach Vorkommen mit diesen Kriterien abgefragt. Zusätzlich hielt die Projektkoordination Rücksprache mit den verschiedenen Kartierern in den einzelnen Bundesländern, die aus ihrer Sicht besonders geeignete Vorkommen für die Untersuchung vorschlagen konnten. Allgemein erschien es sinnvoll, „wertvolle“ Vorkommen mit einer hohen Wahrscheinlichkeit für die Wildform durch

die Analyse zu überprüfen. Bevorzugt ausgewählt wurden große, potenziell wildnahe Vorkommen an den Grenzen und im Zentrum des Verbreitungsgebietes. Alle Bundesländer mit Vorkommen sollten gleichverteilt vertreten sein.

Nach Vorgabe des Labors sollten pro Genobjekt 15 bis 30 vitale Individuen möglichst verteilt über das gesamte Genobjekt beprobt werden. Alle Probebäume wurden dabei dauerhaft gekennzeichnet und ihre räumlichen Koordinaten aufgenommen. Pro Baum waren drei bis vier grüne Blätter zu gewinnen und diese oberflächlich trocken per Post in einem Umschlag mit der Nummer des Genobjektes und der Nummer des Probebaumes an das Labor einzusenden.

Insgesamt wurden der NW-FVA 783 Proben einzelner Individuen aus 39 Vorkommen aus 13 Bundesländern (alle mit Ausnahme der Stadtstaaten) zur Verfügung gestellt (Tab. 3.7.1).

Eine Übersicht über die geografische Lage der erfassten und der genetisch untersuchten Vorkommen gibt Abbildung 3.7.1.

Das Vorkommen BW-5 („Unteres Donautal“ zwischen Sigmaringen und Tuttlingen) wurde nachträglich durch eine mit dem Projekt assoziierte Beprobungsmaßnahme in das Untersuchungsprogramm aufgenommen.

Eine weitere Untersuchungseinheit (NW-3) ergab sich aus Proben, die ursprünglich als Wild-Birne eingesandt worden waren.

Tab. 3.7.1: Genetisch charakterisierte Vorkommen des Wild-Apfels

BL	Bez.	GO Nr.	Lage	Proben	Probennahme	Größe (Ind.)	Größe (ha)
BB	BB-1	169	Rassmannsdorfer Werder	12	2011	10	50
BB	BB-2	23	Brieselang	30	2011	120	400
BB	BB-3	7	Altenhof	50	2011	121	505
BB	BB-4	4	Zehdenick	31	2012	96	2
BW	BW-1	645	Mergentheim	10	2012	100	1,5
BW	BW-2	629	Mergentheim	16	2012	50	3
BW	BW-3	61	Furtwangen	5	2011	11	10
BW	BW-4	241	NSG Feldberg	29	2011	200	12
BW	BW-5	n.n.	Unteres Donautal	16	2012	n.n	n.n
BY	BY-1	2	Bad Rodach	11	2011	11	64,1
BY	BY-2	3	Mittelstäten	15	2012	17	19,1
BY	BY-3	4	Schönfelder Holz	17	2012	19	116,2
HE	HE-1	2	Kühkopf-Knoblochsaue	26	2011	120	1985,2
HE	HE-2	1	Sababurg	22	2011	50	94,3
MV	MV-1	12	Buggenhagen	26	2011	30	16
MV	MV-2	8	Nossentiner Heide	21	2012	28	0,1
MV	MV-3	38	Schuenhagen	20	2012	25	36
MV	MV-4	6	Rügen	26	2011	28	7,8
NI	NI-1	31	Hasbruch	22	2012	23	41,5
NI	NI-2	37	Grünenjäger	25	2011	32	310,2
NI	NI-3	45,42	Bramsche	5	2011	10	42,1
NI	NI-4	25	Hämelerwald	27	2011	50	412,8
NI	NI-5	41	Beverner Wald	24	2011	22	284,1
NW	NW-1	4	Nideggen	11	2011	11	0,1
NW	NW-2	8	Kleve	18	2012	18	200
NW	NW-3	7	Mechernich	11	2012	13	7
RP	RP-1	5	Hördt	15	2011	20	1
RP	RP-2	9	NSG Virneburg	15	2011	18	1
SH	SH-1	4	Lauenburg	11	2011	11	1,5
SH	SH-2	10	Flensburg	19	2012	19	1
SL	SL-1	2	Eppelborn	17	2011	17	1
SN	SN-1	1	NSG Voigts Busch	9	2011	9	0,1
ST	ST-1	6	NSG Kreuzhorst	27	2011	315	286,7
ST	ST-2	17	Wörlitz	22	2011	50	657,4
ST	ST-3	2	Wippra	24	2011	33	20,4
ST	ST-4	4	Annarode	24	2012	285	223,3
TH	TH-1	25	LEG Wald Ostramondra	30	2011	30	9
TH	TH-2	46	Rev. Straufhain	15	2012	15	4,5
TH	TH-3	24	Gräfenwarth	10	2011	16	3
TH	TH-4	2	Hagenberg	30	2011	52	4

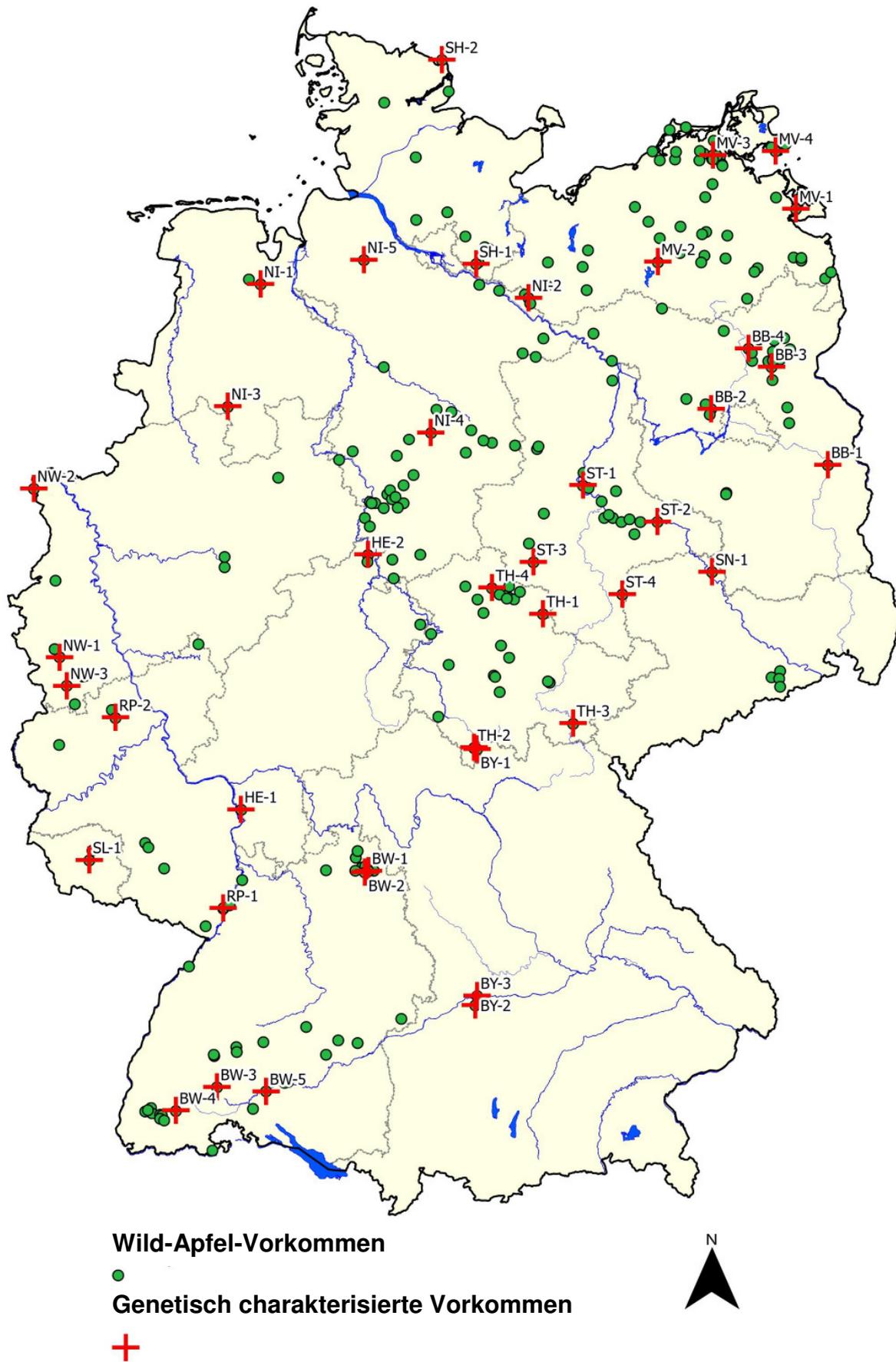


Abb. 3.7.1: Geographische Lage der genetisch analysierten Wild-Apfel-Vorkommen

3.7.3 Genetische Untersuchungsmethode

Zunächst wurde die DNA nach einem Standardprotokoll aus gefriergetrocknetem Blattmaterial extrahiert. Im Anschluss daran wurden die Polymerase-Kettenreaktionen (PCRs) durchgeführt. Die verwendeten Primer sind in Tab. 3.7.2 aufgelistet.

Tab. 3.7.2: Untersuchte Kern-Mikrosatelliten-Genorte mit den in der Literatur angegebenen Fragmentlängenbereichen (bp)

PCR	Genort	Primer-Sequenz	(bp)	Literatur
MP1	nz23g04	F: TTTCTCTCTCTTTCCCAACTC R: AGCCGCCTTGCATTAATAC	82-125	GUILFORD, P. et al. (1997) GIANFRANCESCHI et al. (1998)
	ch02d12	F: AACCAGATTTGCTTGCCATC R: GCTGGTGGTAAACGTGGTG	175-219	GUILFORD, P. et al. (1997) GIANFRANCESCHI et al. (1998)
	gd162	F: GAGGCAAGTGACAAAGAAAGATG R: AAAATGTAACAACCCGTCCTCAAGTG	212-260	HOKANSON et al. (2001)
MP2	ch01h01	F: GAAAGACTTGCAGTGGGAGC R: GGAGTGGGTTTGAGAAGGTT	89-145	GUILFORD, P. et al. (1997) GIANFRANCESCHI et al. (1998)
	ch01h10	F: TGCAAAGATAGGTAGATATATGCCA R: AGGAGGGATTGTTTGTGCAC	88-147	GUILFORD, P. et al. (1997) GIANFRANCESCHI et al. (1998)
	gd96	F: CGGCGGAAAGCAATCACC R: GCCAGCCCTCTATGGTTCCAGA	145-202	S.C. HOKANSON et al. (2001)

Abkürzungen: MP: Multiplex-PCR, F: Forward-Primer, R: Reverse-Primer

3.7.4 Unterscheidung von Arten und von Wild- und Kulturapfel

Die Erfahrung zeigt, dass unter Feldbedingungen Wild-Apfel und Wild-Birne nicht immer sicher auseinander gehalten werden. Da im Rahmen des Projektes auch genetische Untersuchungen an Wild-Birne durchgeführt wurden, konnten Proben, die nicht der Gattung *Malus* zuzuordnen waren, auf ihre Zugehörigkeit zur Gattung *Pyrus* getestet werden. Gleichmaßen wurden als Wild-Birne angelieferte Proben, die nicht als Birne analysierbar waren, auf ihre Artzugehörigkeit zur Gattung *Malus* untersucht. Dadurch konnten „Irrläufer“ unter den geworbenen Proben richtig zugeordnet werden.

Innerhalb der als Wild-Äpfel geworbenen Proben wurden nach der bei KLEINSCHMIT et al. (2011) beschriebenen Methode die kulturnahen Individuen anhand der untersuchten SSR-Marker identifiziert. Dabei wurde zunächst eine Aufteilung von Kollektiven vorgegeben. Die im Rahmen des Projektes geworbenen Proben wurden grundsätzlich dem Wild-Apfel-Kollektiv zugeordnet, als Referenz für die Kultursorten wurde eine Gruppe aus 76

Kulturapfelsorten vorgegeben. Das Modul „population assignment“ des Programms GenAIEx 6 (PEAKALL UND SMOUSE 2006) errechnete für jedes Individuum die Wahrscheinlichkeit, zu einer der beiden vorgegebenen Gruppen zu gehören. Untersuchungsproben, die in den Bereich der Kultursorten fielen, wurden als kulturnah, die anderen als Wild-Apfel klassifiziert.

3.7.5 Bildung der Auswertungskollektive

Nur die als Wild-Apfel identifizierten Individuen wurden in die weitere populationsgenetische Charakterisierung übernommen. Alle als Kulturformen oder kulturnah eingestufte Proben sowie diejenigen, die nicht der Gattung *Malus* zuzuordnen waren, wurden von der weiteren Analyse ausgeschlossen.

Grundsätzlich waren die Auswertungskollektive durch die Beprobung bereits vorgegeben. Allerdings sind für sinnvolle Aussagen auf Populationsebene Mindestzahlen erforderlich. Die Untergrenze wurde im vorliegenden Bericht auf 9 Individuen festgelegt. Konnte diese Schwelle nicht erreicht werden, sind diese Vorkommen nicht mehr einzeln untersucht worden. Die Individuen wurden aber für die allgemeine genetische Charakterisierung des Wild-Apfels dennoch verwendet.

Ähnliches gilt für Wild-Äpfel, die bei der Analyse von Birnen-Vorkommen als Wild-Äpfel identifiziert wurden. Hier wurde geprüft, ob darunter Populationen ausreichender Größe sind, die dann zusätzlich in die Auswertung aufgenommen werden konnten. Außerdem wurde geprüft, ob diese zusätzlichen Individuen einem bereits bestehenden Erhaltungsobjekt in unmittelbarer Nähe zugeordnet werden konnten. Wenn beides nicht möglich war, wurden diese Einzelvorkommen dennoch für die allgemeine genetische Charakterisierung des Wild-Apfels verwendet.

3.7.6 Populationsgenetische Auswertungsmethoden

Die Auswertungen beschränkten sich auf allelische Häufigkeiten und Verteilungen. Dabei wurden sowohl Einzellocus-Betrachtungen als auch Multilocus-Betrachtungen über alle 6 Genorte hinweg angestellt.

Für die Beschreibung der Variation innerhalb von Stichproben bzw. Populationen (allg.: Deme) wurden die Anzahl beobachteter Allele sowie die effektive Anzahl von Allelen beschrieben. Bei der effektiven Anzahl (Diversität) wurde die jeweilige Häufigkeit berücksichtigt, sie wird für einen beliebigen Genort dargestellt als

$$v = \left(\sum_{k=1}^n p_k^2 \right)^{-1}$$

wobei p_k die relative Häufigkeit des k -ten Allels von insgesamt n Allelen ist. Das verwendete Diversitäts-Konzept folgt GREGORIUS (1978, 1987).

Bei der Multilocus-Betrachtung ergab sich die mittlere Diversität \bar{v} als harmonisches Mittel der Einzellocus-Diversitäten und die hypothetische gametische Multilocus-Diversität v_{gam} als Produkt aller Einzellocus-Diversitäten. v_{gam} ist ein Maß für die genetische Variabilität, die einer Population bei der Bildung von Eizellen und Pollen theoretisch zur Verfügung steht.

Genetischer Abstand und Differenzierung: Als Maß für die genetische Unterschiedlichkeit zweier Deme wurde der genetische Abstand d_0 verwendet. Er ist die Summe der Häufigkeitsunterschiede aller genetischer Varianten (Allele) an einem Genort zwischen zwei Deme. Er kann für einzelne Genorte oder als durchschnittlicher Abstand für mehrere

Genorte angegeben werden. Mit dem genetischen Abstand d_0 wurden auch weitere populationsgenetische Kenngrößen berechnet, so die genetische Differenzierung D_j (der genetische Abstand zwischen einer Population und dem aus allen anderen Populationen gebildeten Kollektiv) und die Subpopulationsdifferenzierung δ (mittlere genetische Differenzierung aller Populationen). Bei der Differenzierung stellte sich die Frage, wie die Häufigkeiten im jeweiligen Komplement ermittelt werden: entweder werden die einzelnen Populationen gleich gewichtet oder die Gewichtung erfolgt gemäß ihrer Populationsgröße (größere „Teilpopulationen“ tragen stärker zur Ausprägung des Gesamtkollektivs bei als kleinere). Da bei der vorliegenden Beprobung davon ausgegangen wurde, dass die unterschiedliche Stichprobenzahl mit unterschiedlichen Populationsgrößen einhergeht, wurde hier bei der Differenzierungsberechnung eine Gewichtung nach der Stichprobengröße vorgenommen.

In einem UPGMA-Dendrogramm (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) wurden die Vorkommen auf Basis ihrer paarweisen genetischen Abstände gruppiert. Für die grafische Darstellung wurde ein frei verfügbares Programm von EDWARDS (2012, <http://bioware.soton.ac.uk/upgma.html>) verwendet.

Die Auswertung und Berechnung der genannten Maße erfolgte mittels der Software GSED v. 3.0 (GILLET 2010).

3.8 Statistische Auswertungen

Für die Veranschaulichung und Beschreibung bestimmter Sachverhalte wurden Daten nach statistischen Verfahren ausgewertet. Da einige Datensätze eine sehr große Spannweite aufweisen, ist die alleinige Verwendung von arithmetischen Mittelwerten nicht immer zielführend. Bei einigen Graphiken wurde daher die Darstellung mittels „Box Plot and Whisker“ gewählt. Dort sind neben dem Median (50 % der Datenwerte) das untere Quartil (25 % der Datenwerte), das obere Quartil (75 % der Datenwerte), der untere „Whisker“ (97,5 % - Quantil), der obere „Whisker“ (97,5 % - Quantil) sowie obere und untere Ausreißer enthalten. Eine Übersicht zur Erklärung der in dieser Art der Darstellung verwendeten Elemente gibt Abbildung 3.8.1.

Für die Vergleichbarkeit der Erhebungen zwischen den einzelnen Bundesländern ist ein Bezug zur Landesfläche sinnvoll. Tabelle 3.8.1 gibt eine Übersicht der verwendeten Kürzel zu den Bundesländern sowie die für die Berechnungen genutzte Flächengröße.

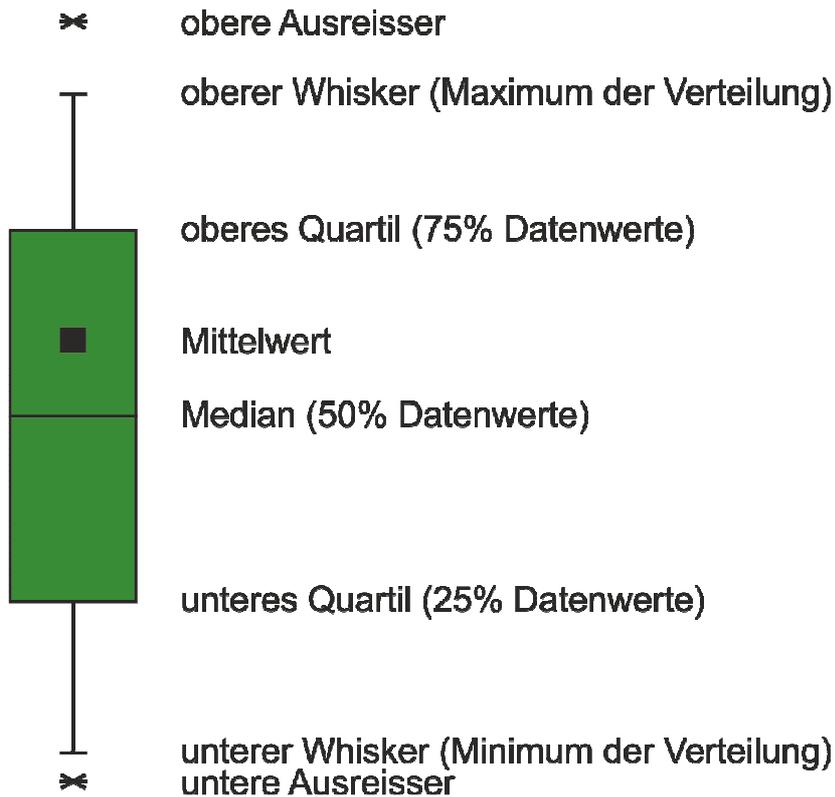


Abb. 3.8.1: Schematische Darstellung eines BoxPlot and Whisker Diagrammes

Tab. 3.8.1: In Graphiken und Tabellen verwendete Abkürzungen, sowie die für Berechnungen verwendeten Landesflächen

Abkürzung	Bedeutung	Fläche (km ²)
BB	Brandenburg	29.483,1
BW	Baden-Württemberg	35.751,5
BY	Bayern	70.550,1
HE	Hessen	21.114,9
MV	Mecklenburg-Vorpommern	23.190,8
NI	Niedersachsen	47.612,9
NW	Nordrhein-Westfalen	34.092,3
RP	Rheinland-Pfalz	19.854,1
SH	Schleswig-Holstein	15.799,3
SL	Saarland	2.568,8
SN	Sachsen	18.419,7
ST	Sachsen-Anhalt	20.449,5
TH	Thüringern	16.172,5
DE	Deutschland	355.059,3

In den Bundesländern Berlin, Bremen und Hamburg sind keine Vorkommen erfasst worden, sie sind daher in den Darstellungen nicht berücksichtigt.

4 Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

Das folgende Kapitel stellt die Inventurergebnisse bezüglich der Gesamtzahl der Vorkommen und Individuen, der Vitalität und den Verjüngungsanteilen sowie den Eigentumsverhältnissen und dem Schutzstatus vor. Aus der Gesamtbetrachtung dieser Parameter ergibt sich die „Erhaltungsfähigkeit“ eines Vorkommens als abschließende Bewertung.

Die genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen sollte zum einen die Abgrenzung von der Wildform zur Kulturform ermöglichen, und zum anderen genetische Variationen innerhalb sowie zwischen den verschiedenen Populationen (regionale Unterschiede) überprüfen.

4.1 Baumzahl, Anzahl und Lage der Vorkommen

Im gesamten Bundesgebiet wurden 251 Vorkommen des Wild-Apfels mit insgesamt 8.325 Individuen (mit *Ex-situ*-Beständen) nachgewiesen. Diese Zahlen stellen jedoch nur einen annähernden Wert dar, da es nicht möglich war alle Individuen bzw. Vorkommen zu erfassen und die Individuenanzahl größerer Bestände nur geschätzt werden konnte. Zudem muss von einer „Dunkelziffer“ kulturbestimmter Individuen ausgegangen werden, so dass gerade bei den großen Vorkommen die Anzahl tatsächlich „wilder“ Individuen niedriger sein kann. Die absolute Individuenanzahl in den Bundesländern kann auch dadurch höher liegen als in Tab. 4.1.1 angegeben, dass Vorkommen mit weniger als fünf Individuen im Rahmen des Projektes nicht erfasst wurden. Bei den genetisch charakterisierten Vorkommen wurde die Individuenanzahl bei Vorhandensein von kulturnahen Individuen prozentual korrigiert und in den folgenden Abbildungen, Tabellen und Berechnungen berücksichtigt.

Tabelle 4.1.1 fasst die Eckdaten der kartierten Vorkommen zusammen. Neben Anzahl der Vorkommen, Anzahl der Individuen und Gesamtfläche der Vorkommen je Bundesland sind die Anzahl der Individuen pro Hektar der Fläche des Genobjektes, die Anzahl der Vorkommen pro 1.000 km² Bundeslandfläche sowie die Anzahl der Individuen pro 1.000 km² Bundeslandfläche angegeben.

Tab. 4.1.1: Zusammenfassende Darstellung der Vorkommen über alle Bundesländer (ohne *Ex-situ*-Bestände)

BL	Anzahl Vorkommen	Anzahl Individuen	Gesamtfläche (ha)	Ind./ha Fläche des Vorkommens	Vorkommen/1.000 km ² Landesfläche	Individuen/1.000 km ² Landesfläche
BB	29	668	5736,4	0,1	0,98	22,66
BW	39	800	541,2	1,5	1,09	22,38
BY	3	40	199,4	0,2	0,04	0,57
HE	4	193	2170,8	0,1	0,19	9,14
MV	52	606	180,9	3,3	2,24	26,13
NI	42	663	5775,2	0,1	0,88	13,92
NW	11	104	237,7	0,4	0,32	3,05
RP	6	58	5,8	10,0	0,30	16,57
SH	11	86	14,1	6,1	0,70	5,44
SL	2	18	1,4	12,9	0,78	7,01
SN	5	131	1704,6	0,1	0,27	7,11
ST	20	1847	7915,5	0,2	0,98	90,32
TH	20	427	218,5	2,0	0,81	26,40
DE	244	5641	24701,5	0,2	0,7	15,9

4.1.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Bundesländern

Die Abbildungen 4.1.1 und 4.1.2 zeigen die Anzahl der Vorkommen sowie die Anzahl der Individuen des Wild-Apfels in den einzelnen Bundesländern. Um die natürlichen Verhältnisse nicht zu verzerren, wurden die *Ex-situ*-Bestände nicht mit berücksichtigt. Hierbei handelt es sich zumeist um Samenplantagen mit sehr hohen Individuenzahlen auf kleinen Flächen.

Besonders viele Vorkommen befinden sich in Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern und Niedersachsen. Im mittleren Bereich bewegen sich Brandenburg, Sachsen-Anhalt und Thüringen. Weniger als je zehn Vorkommen befinden sich in den Bundesländern Bayern, Hessen, Sachsen, Rheinland-Pfalz und im Saarland.

In Sachsen-Anhalt wurden die mit Abstand meisten Individuen vorgefunden. Sehr wenige Individuen befinden sich in Bayern, Nordrhein-Westfalen, Schleswig-Holstein, Sachsen und dem Saarland. Eine hohe Anzahl von Vorkommen bedeutet nicht gleichzeitig eine große Anzahl von Individuen. So haben z.B. Mecklenburg-Vorpommern und Niedersachsen vergleichsweise viele Vorkommen, jedoch mit wenigen Individuen. Umgekehrt verhält es sich in Sachsen-Anhalt.

Abbildung 4.1.3 zeigt die kartierten Genobjekte des Wild-Apfels in den einzelnen Bundesländern getrennt nach Häufigkeit der Vorkommen und der Anzahl der Individuen. Hier werden die weiter oben genannten Beziehungen zwischen Anzahl der Vorkommen und Anzahl der Individuen graphisch dargestellt. Die Bundesländer wurden entsprechend ihrer Anzahl der Vorkommen eingestuft und flächig eingefärbt. Ein Balkensymbol weist mit seiner proportionalen Größe auf die Anzahl der Individuen hin.

Die exakte geographische Lage der erfassten Genobjekte ist in Abbildung 4.1.4 dargestellt. Über verschieden große Punktsymbole werden die Genobjekte klassifiziert nach der Individuenanzahl dargestellt. Zur besseren Deutung wurden *Ex-situ*-Bestände zusätzlich mit einem roten Stern gekennzeichnet.

Ein Großteil der Vorkommen liegen auf einer „Diagonalen“ von Südwesten nach Nordosten. Im Nordwesten und im Südosten Deutschlands befinden sich dagegen relativ wenige Vorkommen. Die Bundesländer Berlin, Bremen und Hamburg besitzen keine Vorkommen des Wild-Apfels. Eine große Anzahl von *Ex-situ*-Beständen wurde in den Bundesländern Thüringen und Rheinland-Pfalz angelegt.

Klumpungen von Vorkommen des Wild-Apfels befinden sich in der Küstenregion Mecklenburg-Vorpommerns, im Nordostteil von Brandenburg, in Sachsen-Anhalt im Bereich der Elbe sowie im Nordosten und Südwesten von Baden-Württemberg. Viele einzeln verstreute Vorkommen wurden in Niedersachsen und im mittleren Teil von Mecklenburg-Vorpommern erfasst. Die im Rahmen eines Modell- und Demonstrationsvorhabens („Erhaltung von *Malus sylvestris* unter *In-situ*-Bedingungen im Osterzgebirge“; Förderkennzeichen 06BM002/1 und 06BM002/2) erfassten Wild-Apfel-Vorkommen im Osterzgebirge in Sachsen wurden in den Datenbestand übernommen und ebenfalls in der Karte dargestellt.

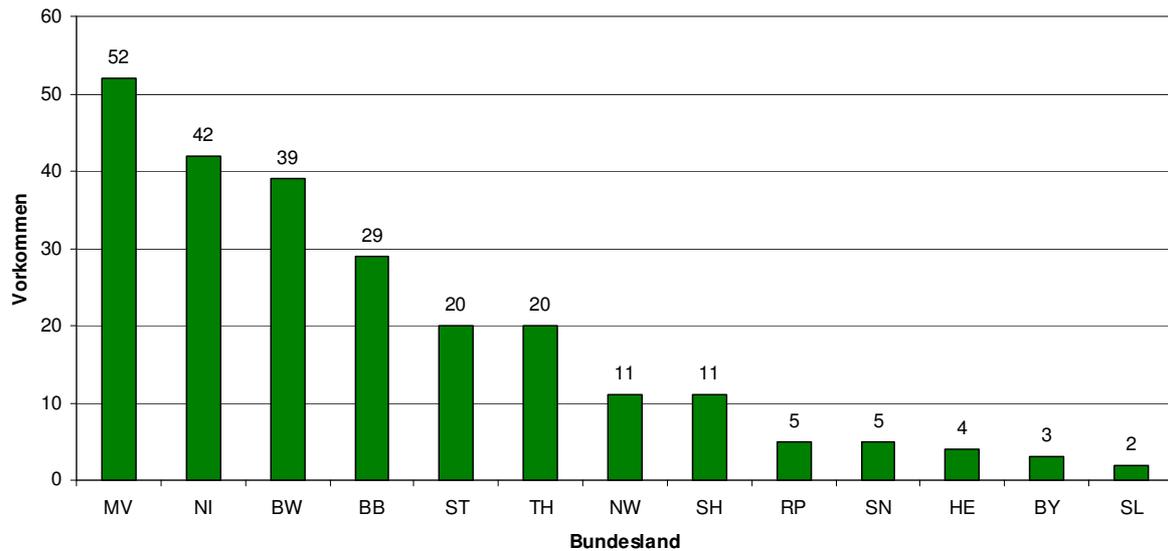


Abb. 4.1.1: Anzahl der Vorkommen des Wild-Apfels in den einzelnen Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

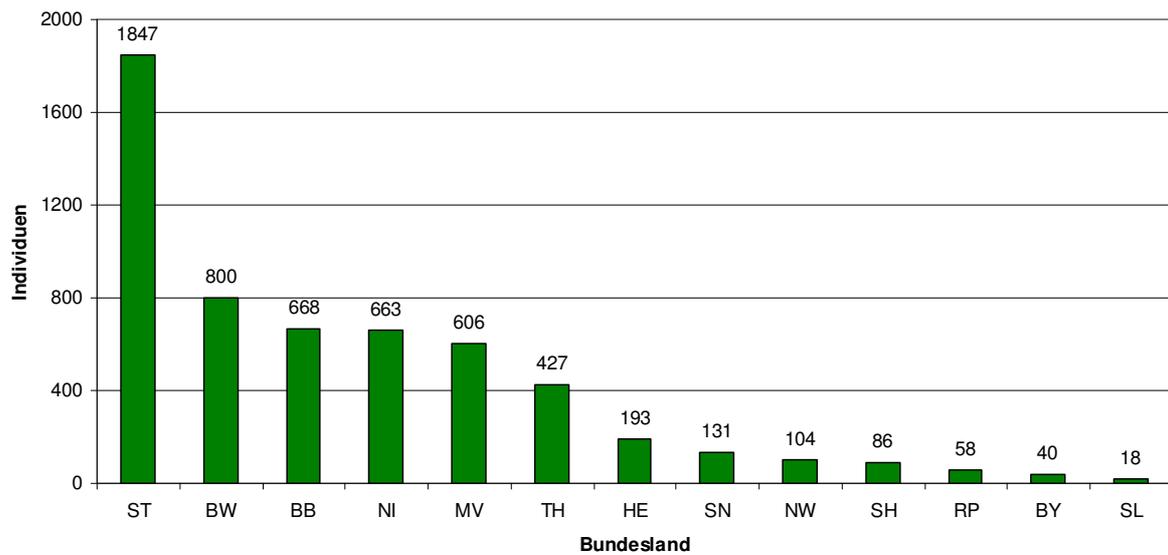


Abb. 4.1.2: Anzahl der erfassten Individuen des Wild-Apfels in den einzelnen Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

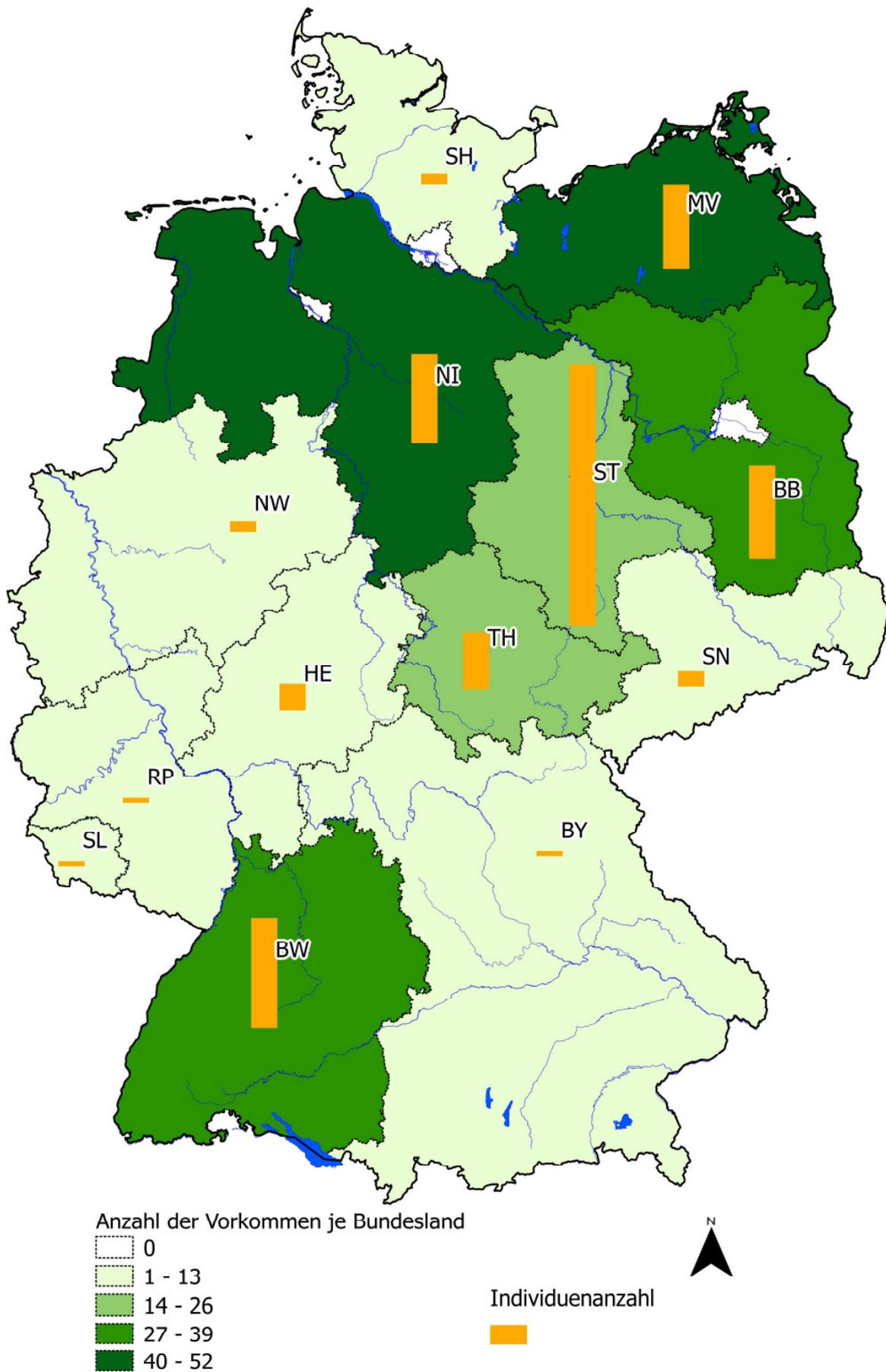


Abb. 4.1.3: Anzahl der Vorkommen und Individuenanzahl (ohne *Ex-situ*-Bestände) des Wild-Apfels in den Bundesländern

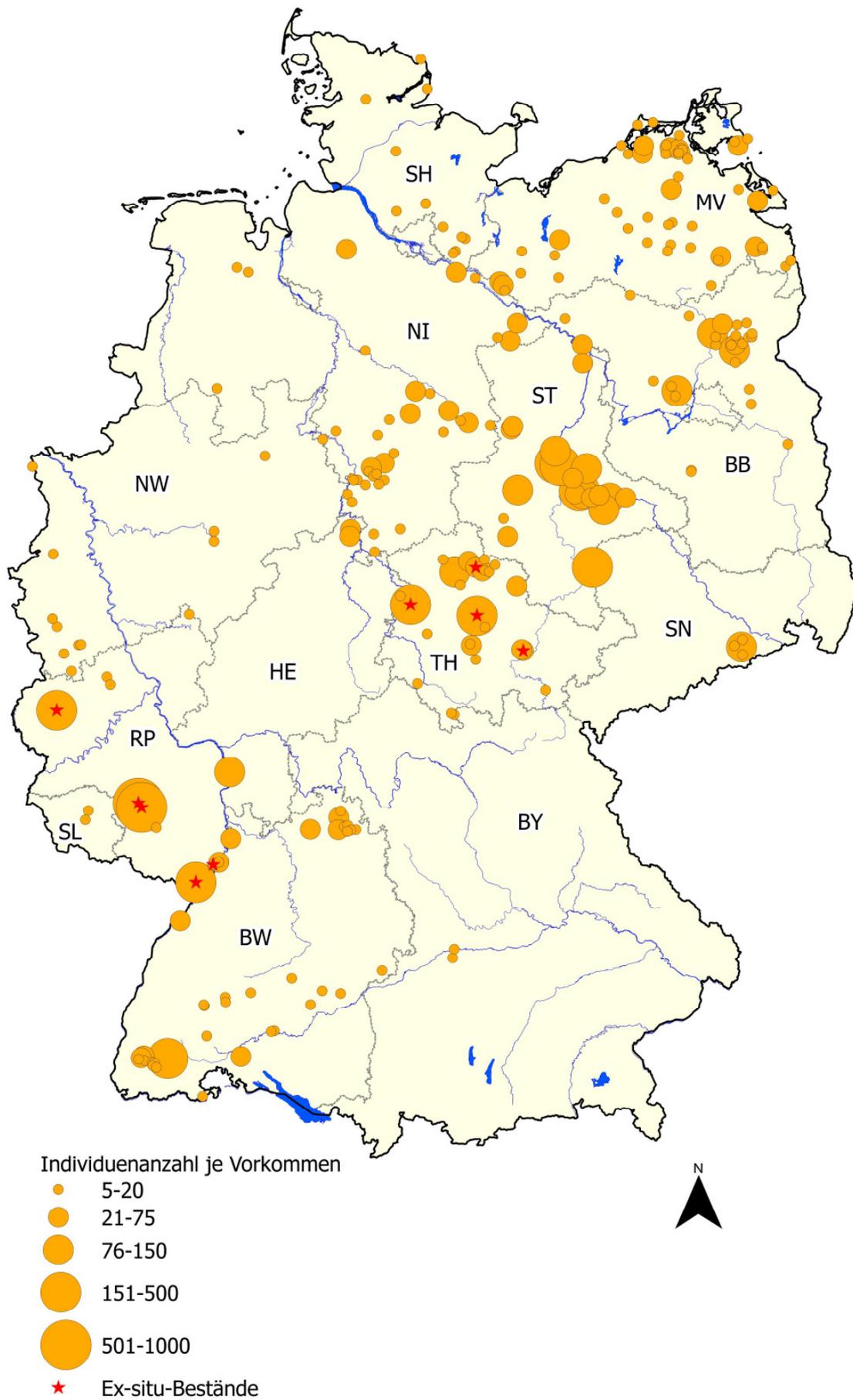


Abb. 4.1.4: Geographische Lage der Vorkommen des Wild-Apfels, klassifiziert nach der Individuenanzahl

Einen besseren Vergleich der einzelnen Bundesländer erzielt man unter Berücksichtigung der Landesfläche. Berechnet wurden dazu die Anzahl der Vorkommen sowie die der Einzelindividuen pro 1.000 m² Bundeslandfläche (Abbildungen 4.1.5 und 4.1.6) ohne Berücksichtigung der *Ex-situ*-Bestände.

Die mit Abstand größte Vorkommensdichte des Wild-Apfels wurde in Mecklenburg-Vorpommern mit etwa 2,25 Vorkommen je 1.000 km² Landesfläche erfasst, gefolgt von Baden-Württemberg, Brandenburg, Sachsen-Anhalt und Niedersachsen mit jeweils etwa einem Vorkommen je 1.000 km² Landesfläche. Die übrigen Bundesländer fallen hinter diesen Wert zurück. Bayern hat bezogen auf die größte Landesfläche eine sehr geringe Vorkommensdichte. Mit über 90 Individuen des Wild-Apfels pro 1.000 km² Landesfläche verzeichnet Sachsen-Anhalt den höchsten Wert. In den übrigen Bundesländern sind deutlich niedrigere Werte von 25 Individuen und weniger zu verzeichnen.

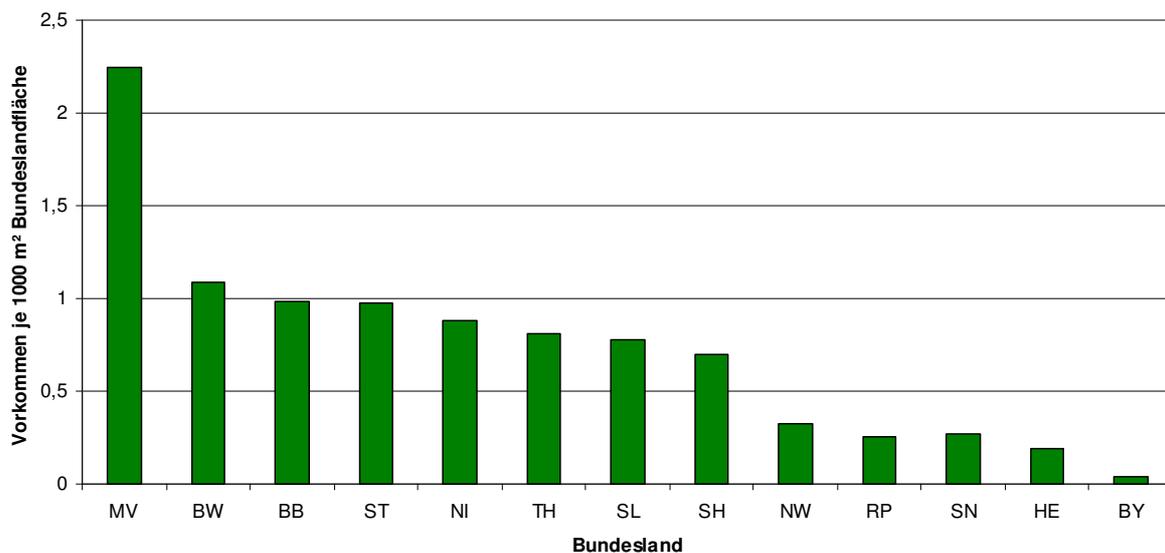


Abb. 4.1.5: Anzahl der Vorkommen des Wild-Apfels je 1.000 km² Landesfläche (ohne *Ex-situ*-Bestände)

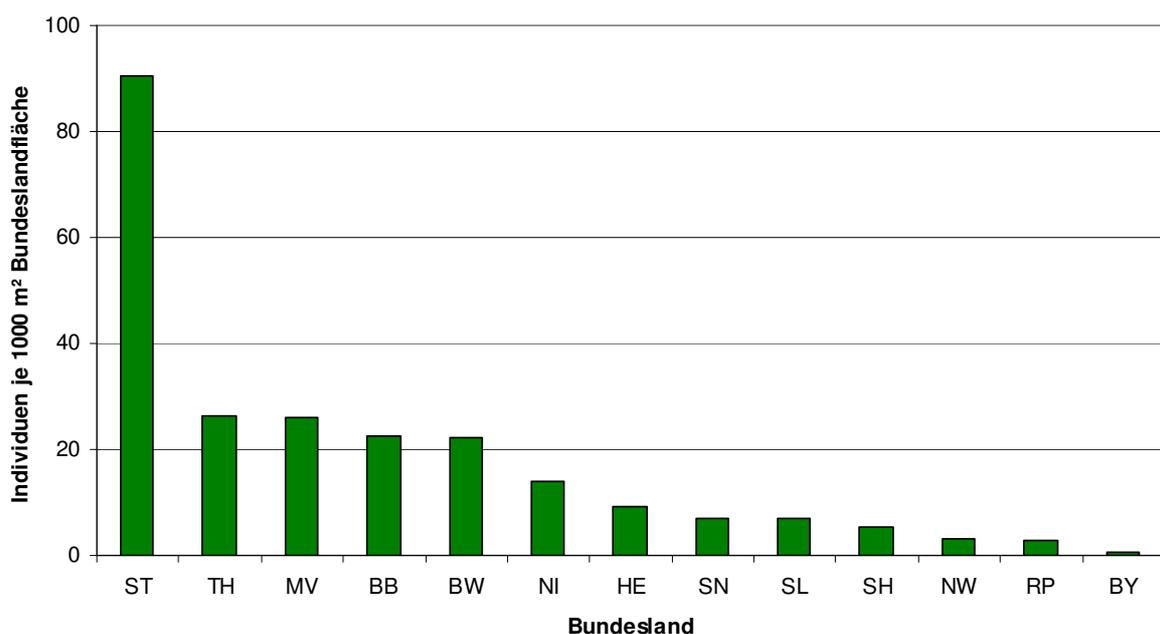


Abb. 4.1.6: Anzahl der Individuen des Wild-Apfels je 1.000 km² Landesfläche (ohne *Ex-situ*-Bestände)

4.1.2 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten

Die Häufigkeit der Vorkommen in den verschiedenen Wuchsgebieten ist in der Abbildung 4.1.7 dargestellt. Eine Übersicht mit exakten Zahlen einschließlich *Ex-situ*-Beständen ist Tabelle 4.1.2 zu entnehmen.

Deutschlandweit befinden sich die meisten Vorkommen (21) des Wild-Apfels im Wuchsgebiet Ostholsteinisch-Westmecklenburger Jungmoränenland, gefolgt vom Wuchsgebiet Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland mit 17 Vorkommen. Mittlere Häufigkeiten finden sich in den Wuchsgebieten Ostniedersächsisches Tiefland, Weserbergland, Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland, Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland und Schwarzwald. In einem Großteil der Wuchsgebiete finden sich Häufigkeiten von 1 bis 10 Vorkommen. In 37 der 82 Wuchsgebiete wurden keine Vorkommen des Wild-Apfels kartiert.

Tab. 4.1.2: Anzahl der Vorkommen und Anzahl der Individuen des Wild-Apfels in den Wuchsgebieten

Nr.	Wuchsgebiet	Vorkommen	Individuen
1	Schleswig-Holstein Nordwest	1	5
2	Jungmoränenlandschaft Schleswig-Holstein Ost / Nordwest-Mecklenburg	7	53
3	Schleswig-Holstein Südwest	2	14
4	Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland	4	65
5	Ostholsteinisch-Westmecklenburger Jungmoränenland	21	263
6	(Mittel-) Mecklenburger Jungmoränenland	3	43
7	Ostmecklenburg-Vorpommersches Jungmoränenland	9	93
8	Ostvorpommersches Küstenland	8	89
9	Nordostbrandenburger Jungmoränenland (Mittelbrandenburger Jungmoränenland)	2	14
10	Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nordbrandenburger Jungmoränenland)	17	448
11	Ostniedersächsisch-Altmarkisches Altmoränenland (Westprignitz-Altmarkisches Altmoränenland)	3	70
12	Südost-Holsteinisch-Südwestmecklenburger Altmoränenland	4	39
13	Ostniedersächsisches Tiefland	12	268
14	Niedersächsischer Küstenraum	3	56
15	Mittelwestniedersächsisches Tiefland	1	12
16	Westfälische Bucht	0	0
17	Weserbergland	16	193
18	Nordwestdeutsche Berglandschwelle	5	79
19	Nordwestliches Harzvorland	3	73
20	Nordöstliche Harzvorländer	1	85
21	Sachsen-Anhaltinische Löß-Ebene	1	285
22	Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland	13	1465
23	Hoher Fläming	0	0
24	Mittelbrandenburger Talsand- und Moränenland	7	177
25	Düben-Niederlausitzer Altmoränenland	1	7
26	Lausitzer Löß-Hügelland	0	0
27	Zittauer Gebirge	0	0
28	Oberlausitzer Bergland	0	0
29	Elbsandsteingebirge	0	0
30	Westlausitzer Platte und Elbtalzone	0	0
31	Sächsisch-Thüringisches Löß-Hügelland	0	0
32	Leipziger Sandlöß-Ebene	0	0
33	Ostthüringisches Trias-Hügelland	5	133
34	Thüringer Becken	4	332
35	Nordthüringisches Trias-Hügelland	9	222
36	Harz	2	46
37	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	10	319
38	Nordwesthessisches Bergland	0	0
39	Nördliches hessisches Schiefergebirge	0	0
40	Sauerland	3	18
41	Bergisches Land	0	0
42	Niederrheinisches Tiefland	2	24
43	Niederrheinische Bucht	0	0
44	Nordwesteifel	7	340
45	Osteifel	2	26
46	Mittlrheintal	0	0
47	Westerwald	0	0
48	Taunus	0	0
49	Wetterau und Gießener Becken	0	0
50	Vogelsberg und östlich angrenzende Sandsteingebiete	0	0
51	Rhön	0	0
52	Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland	1	13

53	Thüringer Gebirge	1	5
54	Vogtland	1	16
55	Erzgebirgsvorland	0	0
56	Erzgebirge	4	127
57	Frankenwald, Fichtelgebirge und Steinwald	0	0
58	Oberpfälzer Wald	0	0
59	Oberpfälzer Becken- und Hügelland	0	0
60	Frankenalb und Oberpfälzer Jura	1	5
61	Fränkischer Keuper und Albvorland	2	26
62	Fränkische Platte	7	142
63	Spessart	0	0
64	Odenwald	0	0
65	Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene	8	557
66	Hunsrück	0	0
67	Moseltal	0	0
68	Gutland	0	0
69	Saarländisch-Pfälzisches Muschelkalkgebiet	0	0
70	Saar-Nahe Bergland	4	1624
71	Westricher Moorniederung	0	0
72	Pfälzerwald	1	9
73	Schwarzwald	12	404
74	Baar-Wutach	1	11
75	Neckarland	5	101
76	Schwäbische Alb	7	66
77	Südwestdeutsches Alpenvorland	1	5
78	Tertiäres Hügelland	2	35
79	Bayerischer Wald	0	0
80	Schwäbisch-Bayerische Schotterplatten- und Altmoränenlandschaft	0	0
81	Schwäbisch-Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge	0	0
82	Bayerische Alpen	0	0

In Abbildung 4.1.8 sind die Genobjekte nach ihrer geographischen Lage mit entsprechend der Individuenanzahl abgestuften Punktsymbolen dargestellt (einschließlich *Ex-situ*-Bestände). Die Wuchsgebiete sind nach der absoluten Individuenanzahl klassifiziert und eingefärbt (ohne *Ex-situ*-Bestände).

Die meisten Individuen des Wild-Apfels (1465) befinden sich im Wuchsgebiet Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland (Nr. 22). Ebenfalls hohe Individuenzahlen (301 bis 800) befinden sich in den Wuchsgebieten Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nr. 10) und im Schwarzwald (Nr. 73). In den meisten Wuchsgebieten liegt die Individuenanzahl in der Klasse 5 bis 100. Im Südosten und Nordwesten sind nur wenige bis keine Individuen des Wild-Apfels vorhanden.

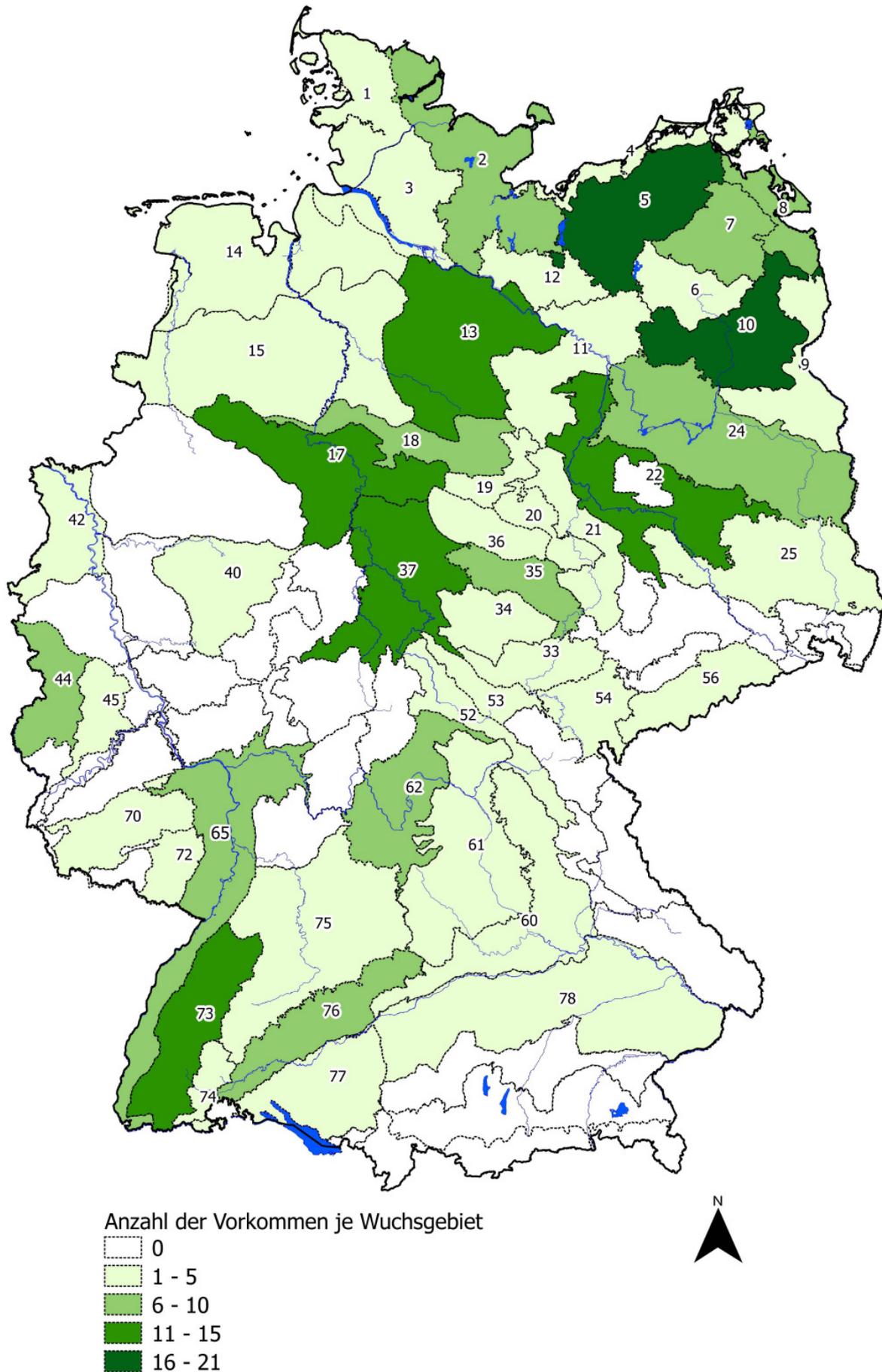


Abb. 4.1.7: Klassifikation der Wuchsgebiete nach Anzahl der Vorkommen des Wild-Apfels

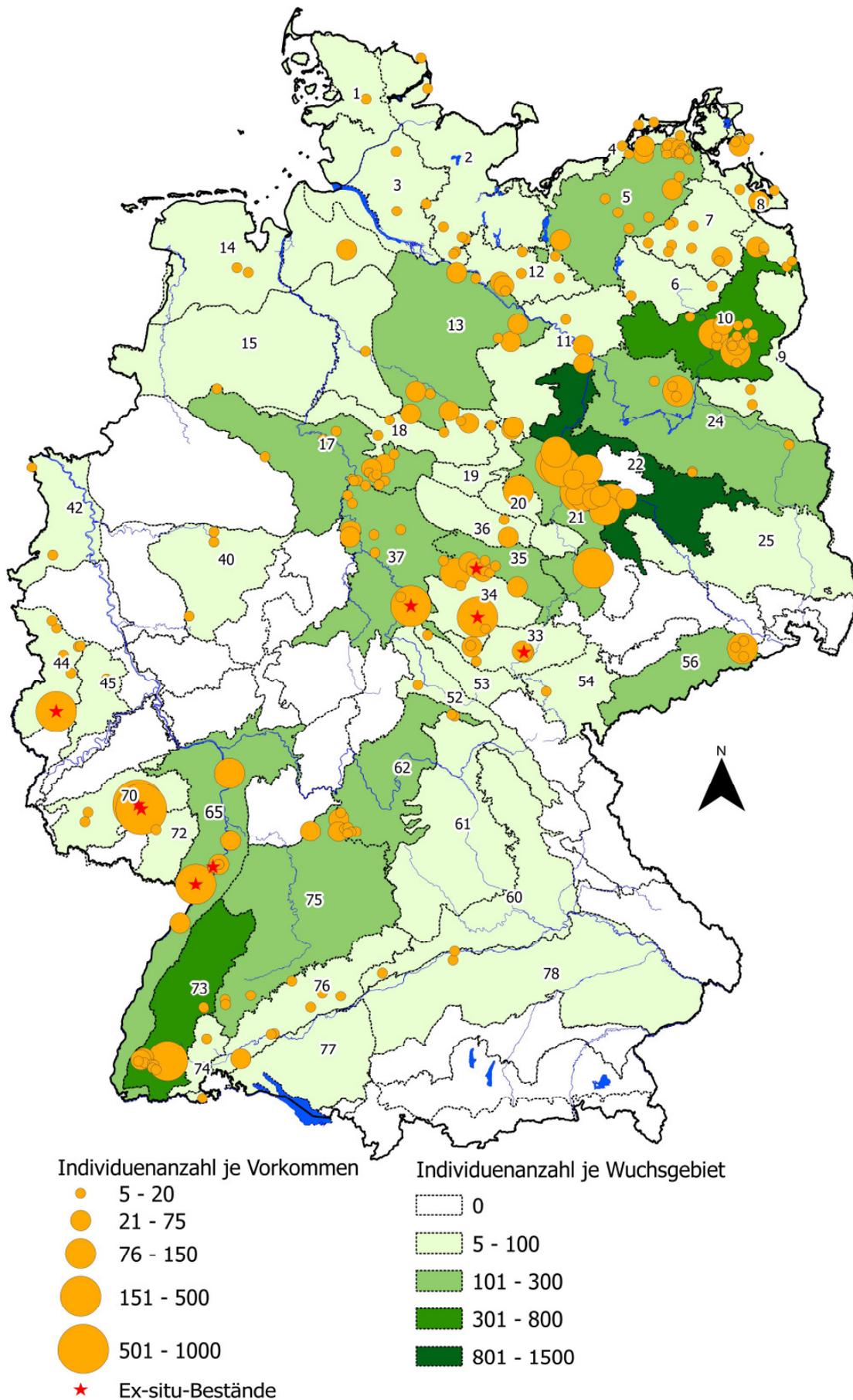


Abb. 4.1.8: Klassifikation der Vorkommen (mit *Ex-situ*-Beständen) und der Wuchsgebiete (ohne *Ex-situ*-Bestände) nach der Individuenanzahl des Wild-Apfels

4.1.3 Potentielle natürliche Vegetation

Abbildung 4.1.9 zeigt die Anzahl der Vorkommen in den Haupteinheiten der Potentiellen natürlichen Vegetation. Ein Großteil der Vorkommen befindet sich in Buchenwaldgesellschaften (L., M., N.) der basenarmen bis basenreichen Standorte. Auch in Auwäldern (E.) und Hainbuchenwäldern (F.) ist eine erhöhte Anzahl von Vorkommen des Wild-Apfels zu verzeichnen.

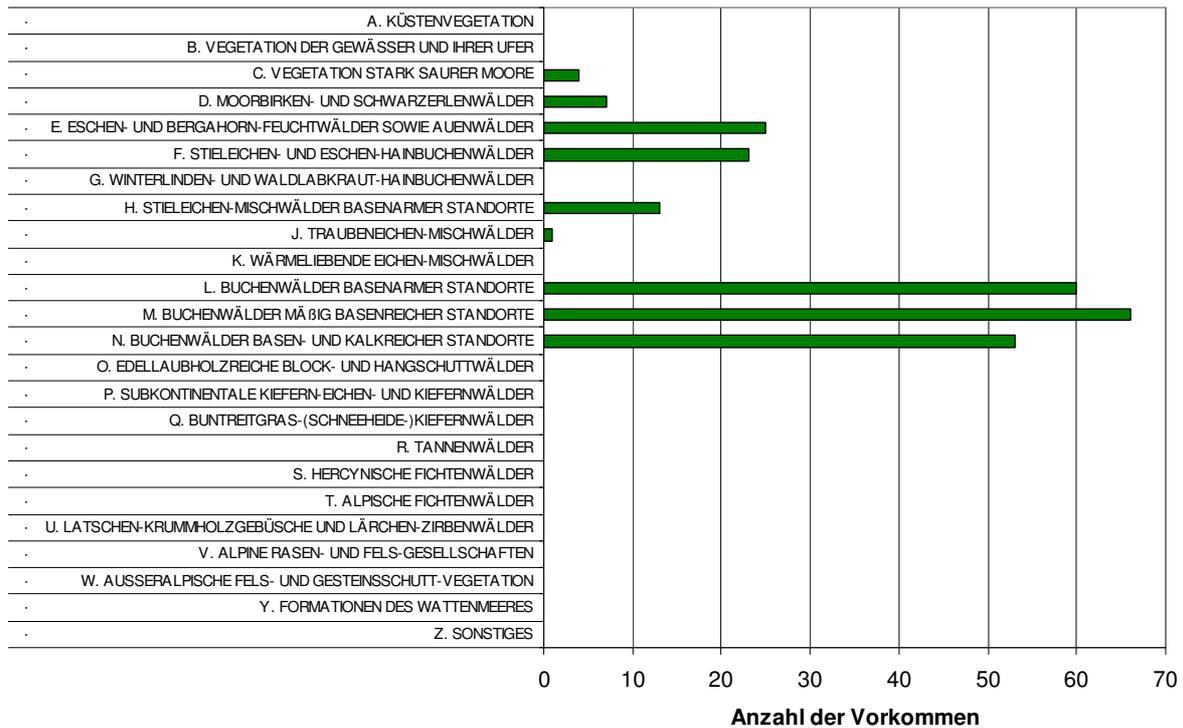


Abb. 4.1.9: Potentielle natürliche Vegetation der Vorkommen

4.2 Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl

Die Vorkommen des Wild-Apfels besitzen bundesweit eine Durchschnittsfläche von ca. 101 ha sowie eine durchschnittliche Individuenanzahl je Vorkommen von etwa 23 Individuen (ohne *Ex-situ*-Bestände).

In Sachsen-Anhalt befinden sich die Vorkommen des Wild-Apfels mit den durchschnittlich höchsten Individuenanzahlen von über 90 Individuen, gefolgt von Hessen mit ca. 50 Individuen (Abb. 4.2.1). Die übrigen Bundesländer fallen mit 30 und weniger Individuen dahinter deutlich zurück.

Die höchste durchschnittliche Größe der Vorkommen des Wild-Apfels wurde in Hessen mit ca. 550 ha verzeichnet (Abb. 4.2.2). Im mittleren Bereich befinden sich Sachsen, Sachsen-Anhalt und Brandenburg mit einer durchschnittlichen Größe der Vorkommen von ca. 200 bis 400 ha. Besonders klein sind die Vorkommen in den Bundesländern Nordrhein-Westfalen, Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern, Rheinland-Pfalz, Schleswig-Holstein, Thüringen und im Saarland.

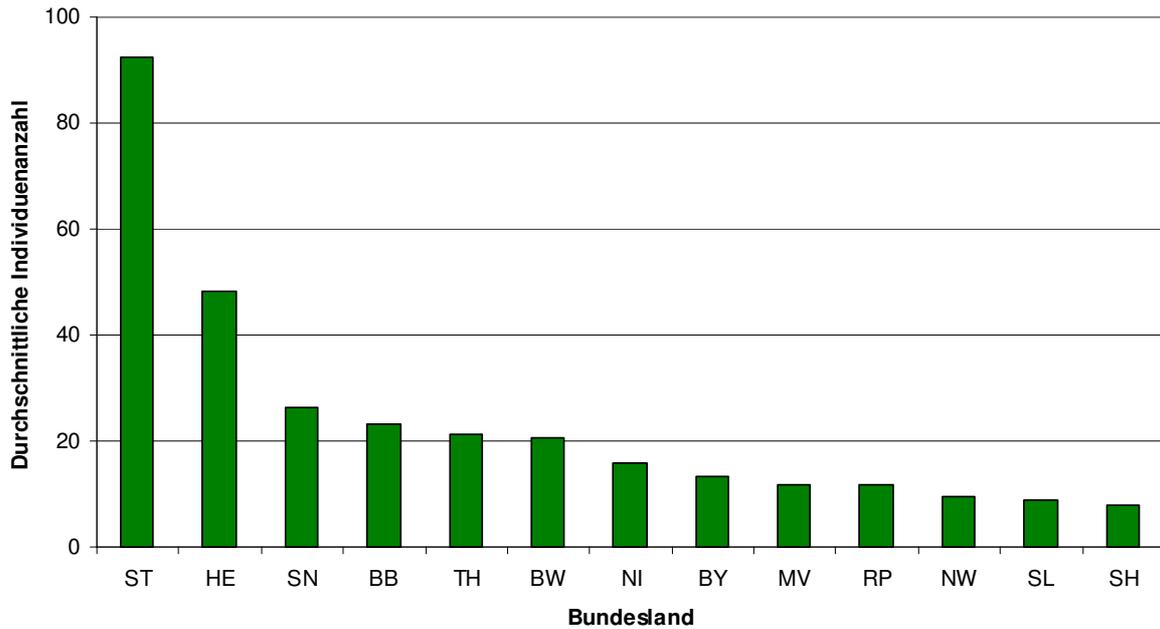


Abb. 4.2.1: Durchschnittliche Individuenanzahl je Vorkommen des Wild-Apfels in den Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

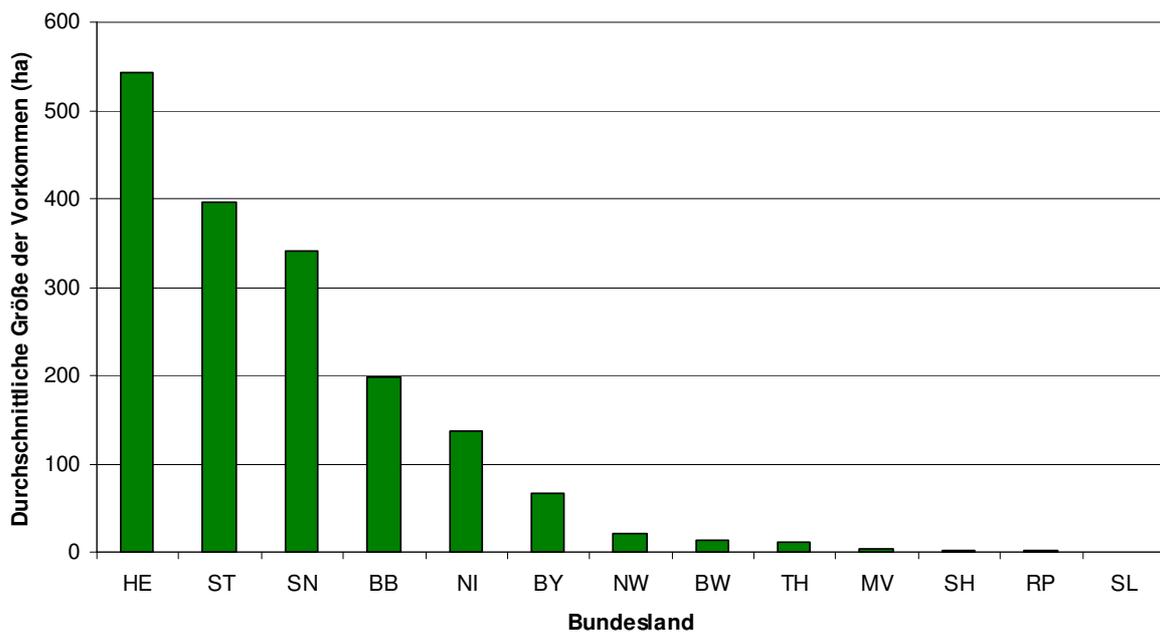


Abb. 4.2.2: Durchschnittliche Größe (ha) der Vorkommen des Wild-Apfels in den Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

Der Mittelwert (arithmetisches Mittel) hat den Nachteil, dass einige wenige sehr hohe oder sehr niedrige Werte (Ausreißer) das Gesamtbild stark verzerren können, vor allem bei einer generell kleinen Anzahl von Werten. In den Abbildungen 4.2.3 bis 4.2.5 sind daher die wichtigen Kenngrößen (Individuenanzahl, Flächengröße, Individuen pro Fläche) als „Boxplot and Whisker“ Diagramme dargestellt.

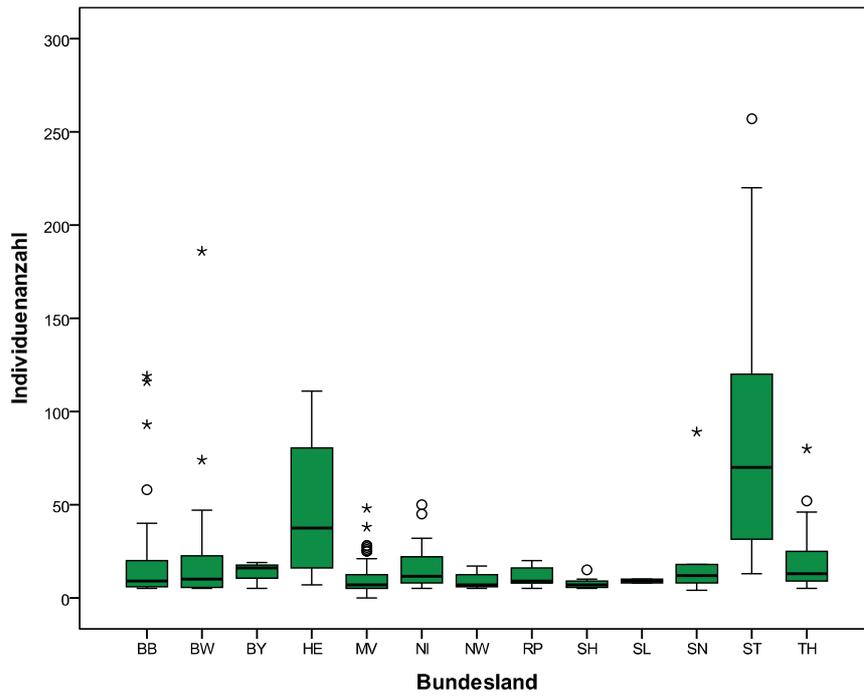


Abb. 4.2.3: Individuenanzahl der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

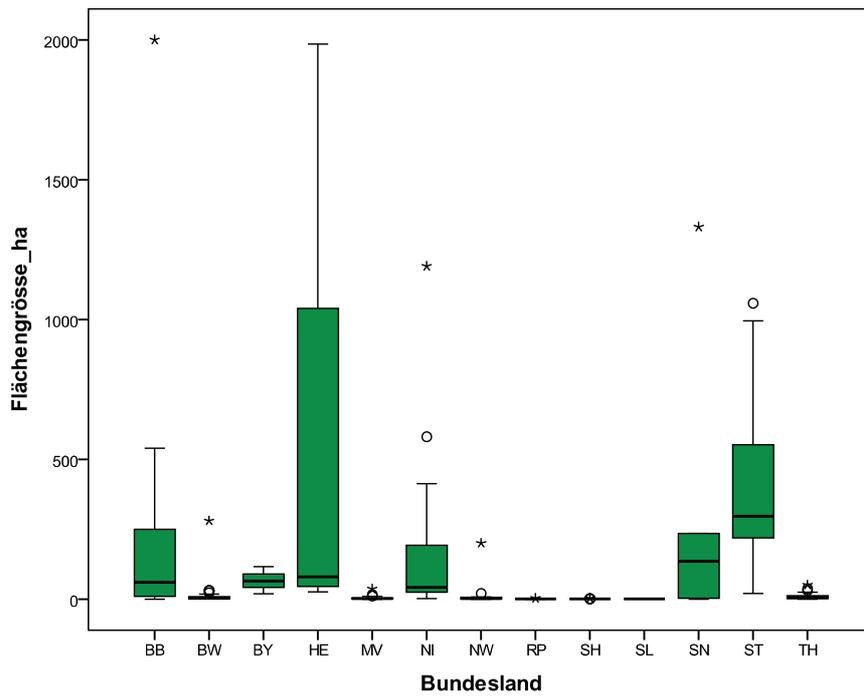


Abb. 4.2.4: Flächengröße der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

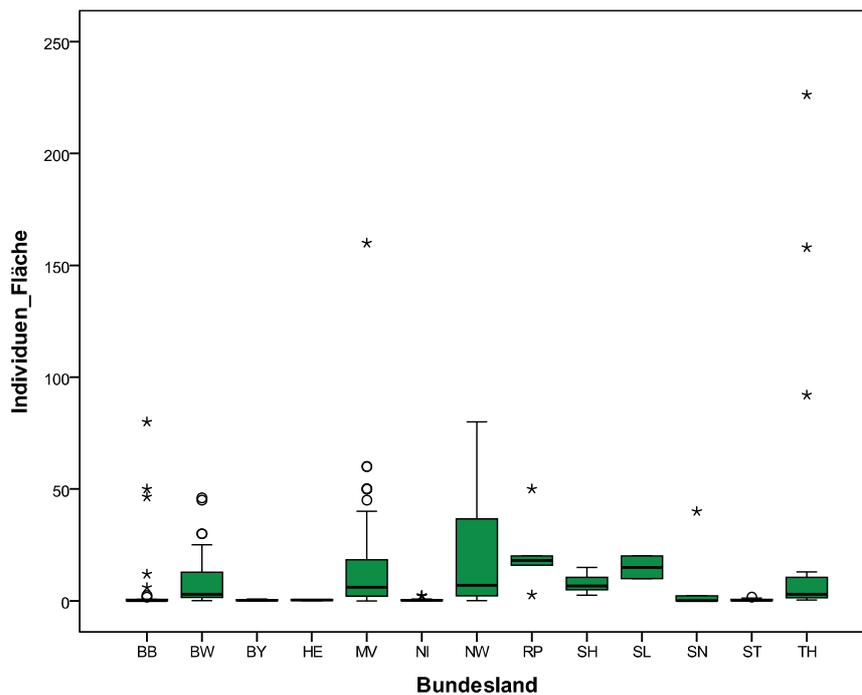


Abb. 4.2.5: Anzahl der Individuen pro Hektar Fläche der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

4.2.1 Abundanz

Die Gesamtzahl der Individuen eines Vorkommens wird als Abundanz bezeichnet. Zur Bewertung der Erhaltungsfähigkeit wurden die Vorkommen den in Kapitel 3.6.1 beschriebenen Abundanzklassen zugeordnet.

Die Mehrheit der Vorkommen befindet sich in der Abundanzstufe 1 mit 5 bis 10 Individuen. Die Klassen 2 und 3 sind mit einer niedrigeren, jedoch immer noch beachtlichen Anzahl von Vorkommen vertreten. In den Abundanzklassen 4 und höher nimmt die Anzahl der Vorkommen drastisch ab. In der höchsten Abundanzklasse 10 mit Vorkommen über 400 Individuen finden sich zwei Vorkommen des Wild-Apfels. Eine Übersicht zur Anzahl der Vorkommen in den verschiedenen Abundanzklassen enthält Tabelle 4.2.1.

Tab. 4.2.1: Anzahl der Vorkommen des Wild-Apfels in den verschiedenen Abundanzstufen

Stufe	Individuenzahl	Anzahl	Anzahl %
1	5 - 10	119	47,4
2	11 - 20	55	21,9
3	21 - 50	49	19,5
4	51 - 75	5	2,0
5	76 - 100	7	2,8
6	101 - 150	5	2,0
7	151 - 200	2	0,8
8	201 - 300	7	2,8
9	301 - 400	0	0
10	> 400	2	0,8

4.3 Durchmesserstruktur und Altersstruktur

4.3.1 Anteile der demographischen Strukturen der Einzelvorkommen

Das genaue Alter der Bäume konnte im Rahmen des Projektes nicht bestimmt werden. Zur Einordnung der Altersstruktur wurden die Individuen daher nach drei Klassen des Brusthöhendurchmessers (BHD) erfasst (BHD < 7 cm, BHD 7 cm – 20 cm, BHD > 20 cm). Abbildung 4.3.1 zeigt die deutschlandweiten Anteile der Durchmesserstufen des Wild-Apfels dargestellt als Alterspyramide. Der Berechnung liegt die Anzahl der Einzelindividuen zugrunde.

Der Wild-Apfel zeigt einen Überhang von Individuen in der Klasse > 20 cm mit 44 % der Individuen. Die Klasse 7 cm – 20 cm ist ebenfalls mit 41 % der Individuen stark vertreten. Die Verjüngungsklasse (< 7 cm) ist mit 15 % am schwächsten vertreten. Hier wird die mangelnde Verjüngung des Wild-Apfels ersichtlich.

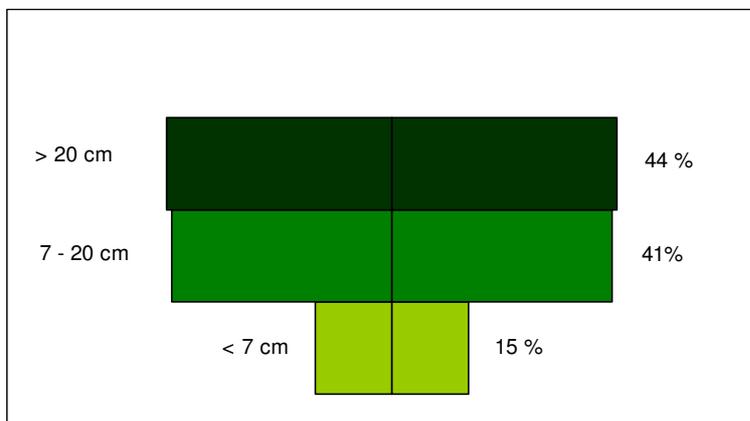


Abb. 4.3.1: Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet (ohne *Ex-situ*-Bestände)

Für die Einschätzung der Notwendigkeit von Generhaltungsmaßnahmen ist die Beschreibung der demografischen Strukturen (Alterspyramiden) hilfreich. So würde eine natürliche Alterspyramide mit einem hohen Verjüngungsanteil und einem hinreichend großen Baumanteil mit alten und mittelalten fruktifizierenden, vitalen Individuen kaum zusätzliche Generhaltungsmaßnahmen erfordern.

Abbildung 4.3.3 verdeutlicht neun vorhandene demographische Strukturen (links). Die jeweiligen Prozentangaben beziehen sich auf die bundesweit vorhandenen Durchmesseranteile. Zu jeder demografischen Struktur ist die dazugehörige Vorkommensanzahl (rechts) dargestellt.

Ein Großteil der Vorkommen wurde den Typen 3 und 6 zugeordnet, was einem Überhang von Individuen in der Durchmesserklasse > 20 cm entspricht. Ebenfalls häufig vertreten sind die Typen 2 und 5, was einer Mehrheit der Individuen in der Durchmesserklasse 7 cm – 20 cm entspricht. Wenige Vorkommen sind den Typen 1 und 4 zugeordnet, was für ein Fehlen von Beständen mit großen Verjüngungsanteilen spricht. Typ 7 mit einer Gleichverteilung der Individuen über alle drei Durchmesserstufen kommt nur selten vor.

Abbildung 4.3.2 zeigt die Durchmesserstruktur des Wild-Apfels in den Bundesländern. Bis auf Baden-Württemberg und Thüringen haben alle Bundesländer einen Anteil der Durchmesserstufe < 7 cm von unter 20 %. Im Saarland befinden sich alle Individuen in der Durchmesserklasse > 20 cm, in Rheinland-Pfalz etwa 90 % in der Durchmesserstufe 7 cm bis 20 cm. In den übrigen Bundesländern schwanken die Anteile der Individuen in den Durchmesserstufen 7 cm bis 20 cm und > 20 cm überwiegend zwischen etwa 25 und 60 %.

Tabelle 4.3.1 fasst die Angaben zur Verteilung der Individuen auf die Durchmesserstufen abschließend zusammen.

Tab. 4.3.1: Absolute und relative Angaben zur Verteilung der Individuen auf die Durchmesserstufen

BL	Durchmesserstufe (Absolute Zahlen)				Durchmesserstufen (Angaben in %)		
	< 7 cm	7 - 20 cm	> 20 cm	Summe	< 7 cm	7 - 20 cm	> 20 cm
BB	125	227	317	668	18,6	33,9	47,5
BW	340	416	45	800	42,5	51,9	5,6
BY	6	22	13	40	13,9	54,8	31,3
HE	28	48	116	193	14,7	25,0	60,3
MV	60	194	352	606	9,9	32,0	58,1
NI	42	223	398	663	6,4	33,6	60,0
NW	9	53	42	104	9,0	50,5	40,5
RP	2	2209	37	2248	0,6	93,9	5,5
SH	7	31	48	86	8,5	36,1	55,4
SL	0	0	18	18	0,0	0,0	100,0
SN	5	38	88	131	3,8	29,2	67,0
ST	182	576	1089	1847	9,9	31,1	59,0
TH	577	286	59	921	26,9	65,6	7,5

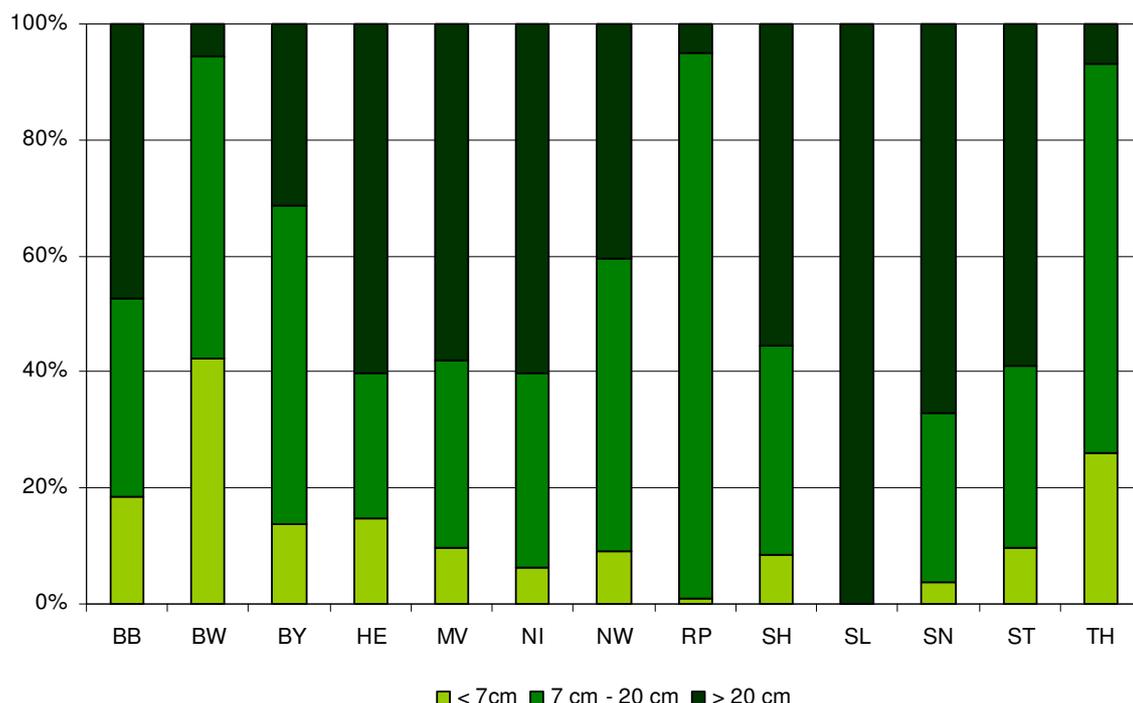


Abb. 4.3.2: Populationsstruktur des Wild-Apfels in den Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

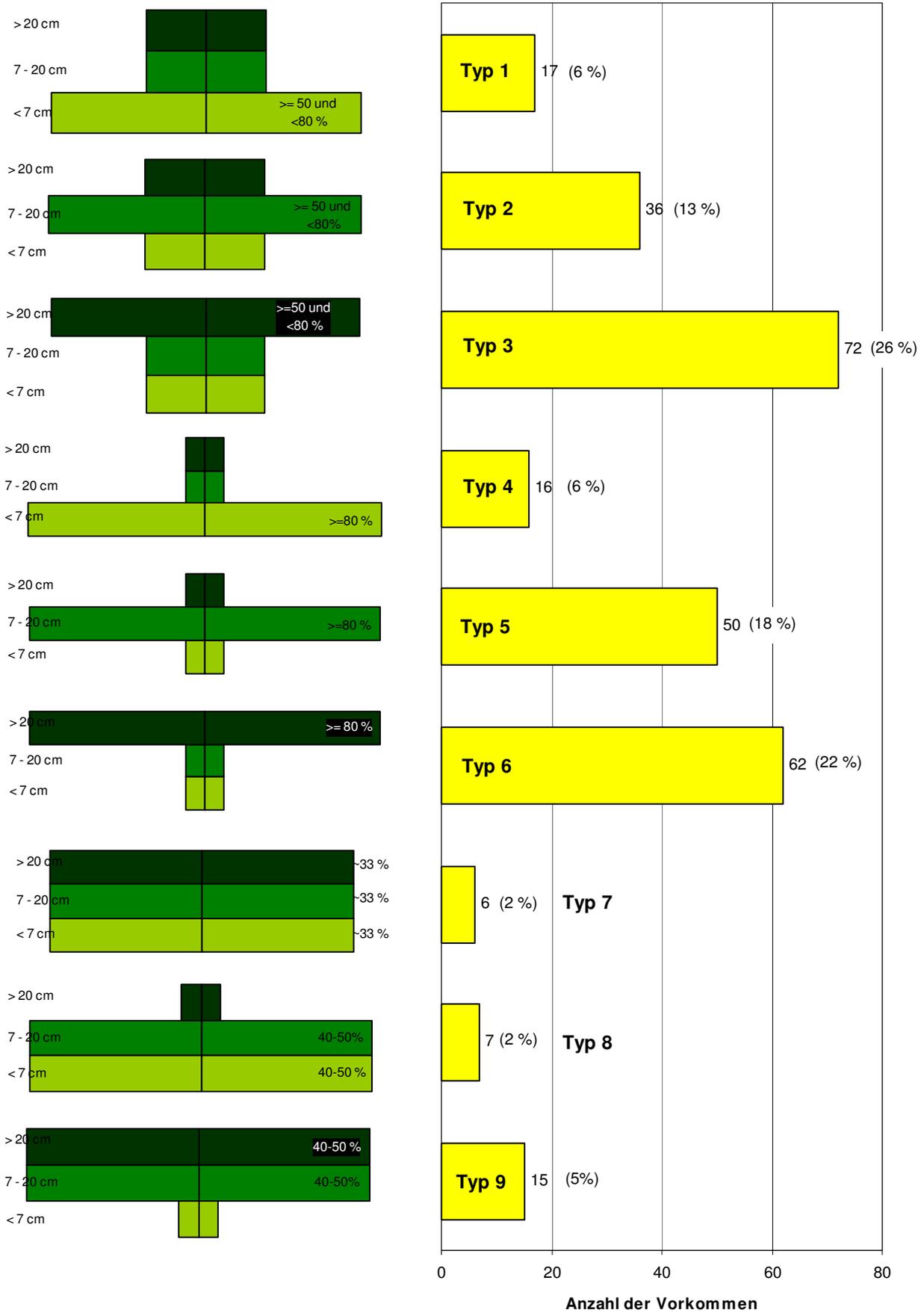


Abb. 4.3.3: Typisierung der Vorkommen anhand von demographischen Strukturen

4.3.2 Altersstrukturqualitätsklassen

Die Definition der Altersstrukturqualitätsklassen wurde in Kapitel 3.6.3 erläutert. Die Klassen dienen als Bewertungshilfe für die demographische Struktur eines Bestandes. Eine langfristig überlebensfähige Population sollte sich durch einen großen Verjüngungsanteil (Durchmesserstufe < 7 cm) auszeichnen. Je größer die Abweichung davon, desto schlechter erfolgte die Einstufung des Vorkommens. In Tabelle 4.3.2 sind die Häufigkeiten der Vorkommen des Wild-Apfel in den fünf Klassen der Altersstrukturqualität wiedergegeben sowie in Abbildung 4.3.4 graphisch dargestellt.

Ein Großteil der Vorkommen wurde der Klasse befriedigend (3) zugeordnet. Die Klassen sehr gut (1) und gut (2) sind etwa gleichstark vertreten. Die unteren Klassen 4 und 5 sind etwa doppelt so stark ausgeprägt wie die Klassen 1 und 2.

Tab. 4.3.2: Häufigkeiten der Vorkommen in den Altersstrukturqualitätsklassen

Altersstrukturqualitätsklasse	Vorkommen	Vorkommen %
sehr gut (1)	21	8,5
gut (2)	22	8,9
befriedigend (3)	107	43,3
schlecht (4)	55	22,3
sehr schlecht (5)	42	17,0

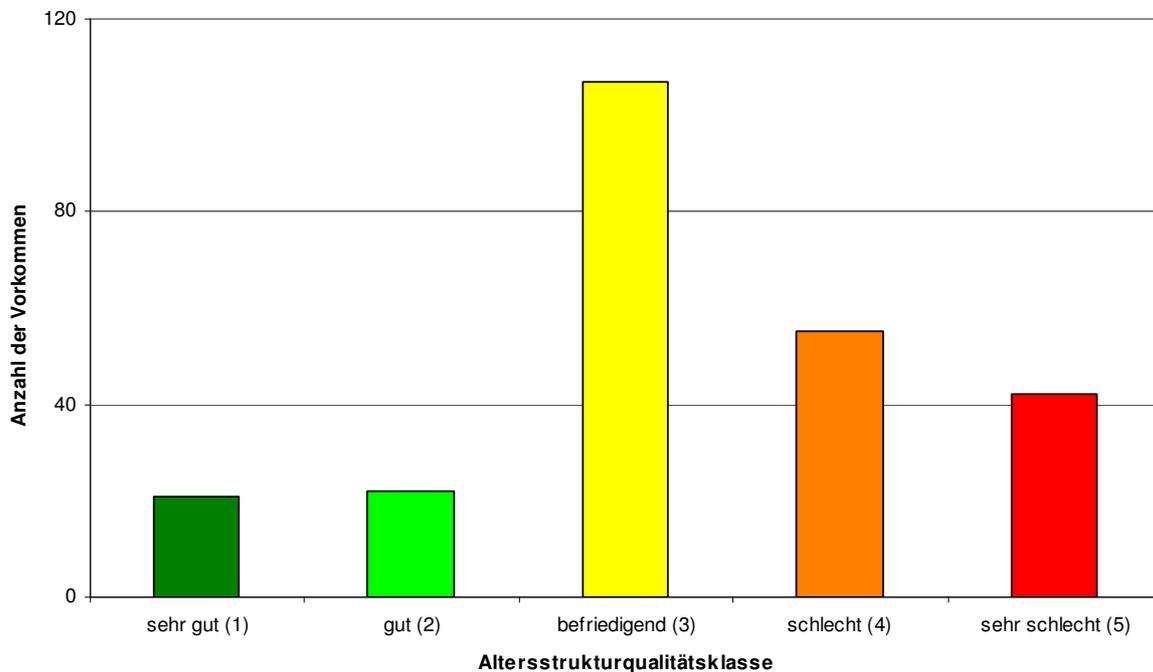


Abb. 4.3.4: Anzahl der Vorkommen in den Altersstrukturqualitätsklassen (bundesweit)

Abbildung 4.3.5 zeigt die Vorkommen des Wild-Apfels mit Altbäumen, das heißt Individuen mit einem Brusthöhendurchmesser (BHD) größer als 50 cm.

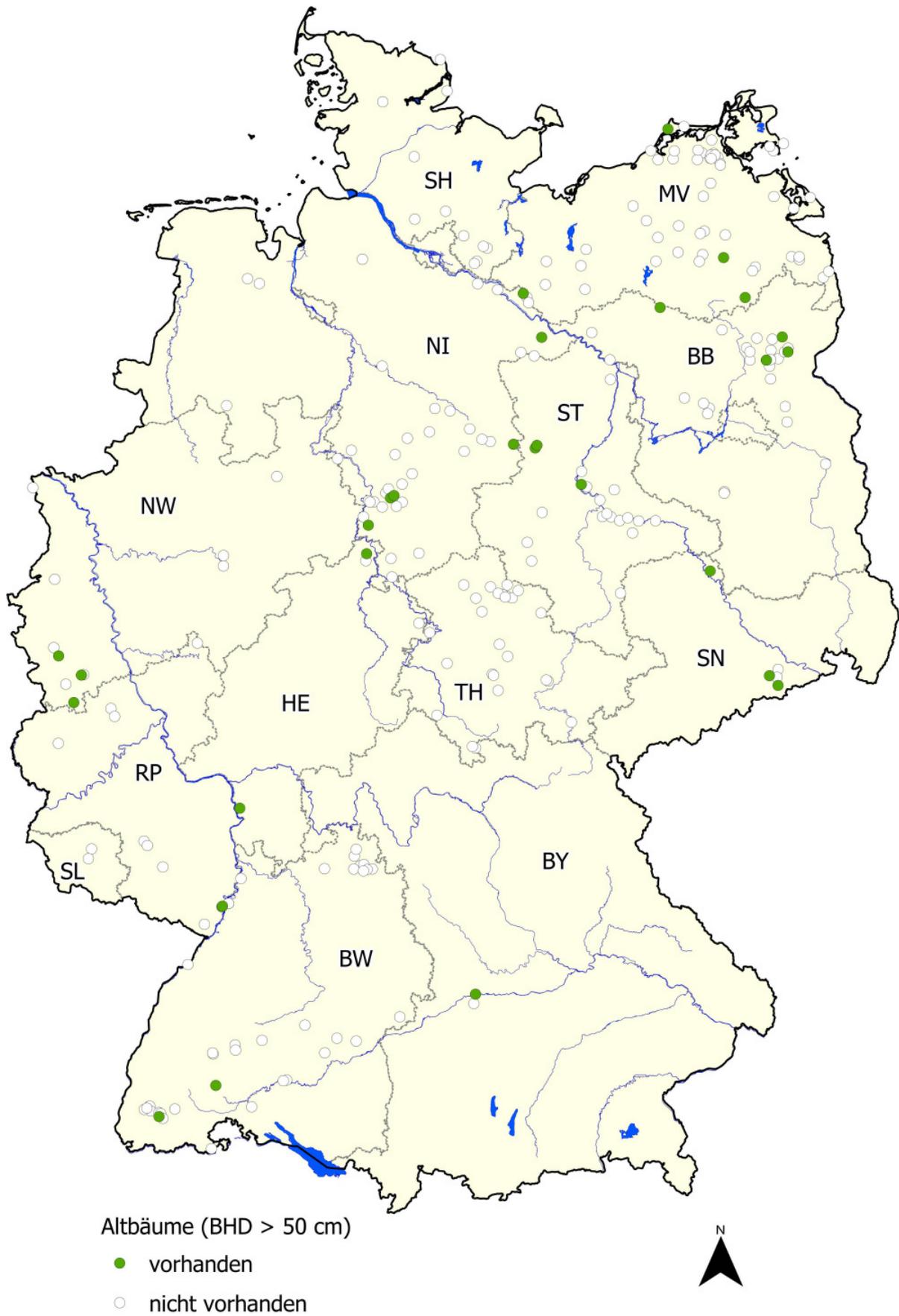


Abb. 4.3.5: Vorkommen des Wild-Apfels mit Altbaumbestand

4.4 Vitalitätsklassen

Für die Bewertung eines Vorkommens in Bezug auf die Erhaltungsfähigkeit spielt die Vitalität der Bäume eine besondere Rolle. Zur Einstufung der Vitalität wurden für jeden Baum eine Stufe von 0 (sehr vital) bis 3 (absterbend) vergeben (vgl. Kapitel 3.5). Auf Grundlage der Einzelindividuen wurden die bundesweiten Anteile der Vitalität dargestellt (Abbildung 4.4.1).

Bundesweit wurden 80 % der Wildäpfel mit den Vitalitätsstufen sehr gut (0) und gut (1) bonitiert. 14 % fallen in die Kategorie stark geschädigt (2) und 6 % in die Kategorie absterbend (3).

Abbildung 4.4.2 zeigt die Verteilung der Vitalitätsstufen innerhalb der einzelnen Bundesländer. Die besten Vitalitäten zeigten die Wild-Apfel-Vorkommen in Bayern, wo alle Individuen der vitalsten Stufe 0 zugeordnet worden sind. Schlechtere Vitalitäten finden sich in den Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern, Schleswig-Holstein, Thüringen und dem Saarland, wo mehr als 25 % der Individuen die Stufen 2 und 3 besitzen. In den übrigen Bundesländern finden sich durchgehend gute Vitalitäten der Individuen mit einem Anteil von 75 % und mehr in den Stufen 0 und 1.

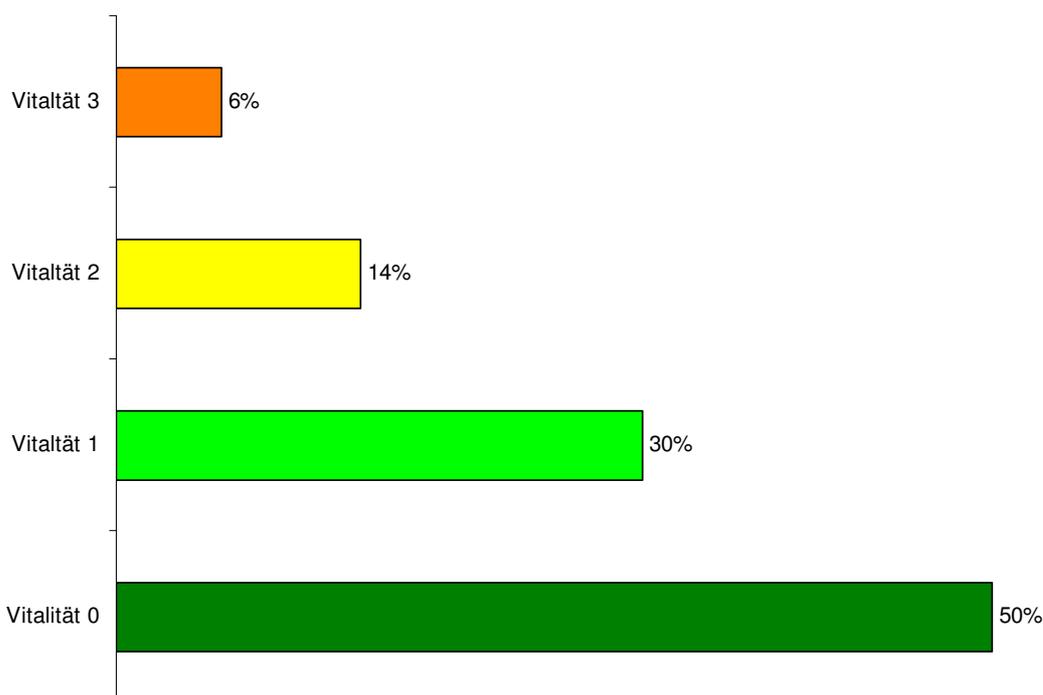


Abb. 4.4.1: Anteile der Vitalitätsklassen 0 - 3 des Wild-Apfels im Bundesgebiet

Abbildung 4.4.3 zeigt die durchschnittliche Vitalität der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern mit statistischen Kennzahlen, deren Berechnung auf der Vitalität der Einzelindividuen beruht.

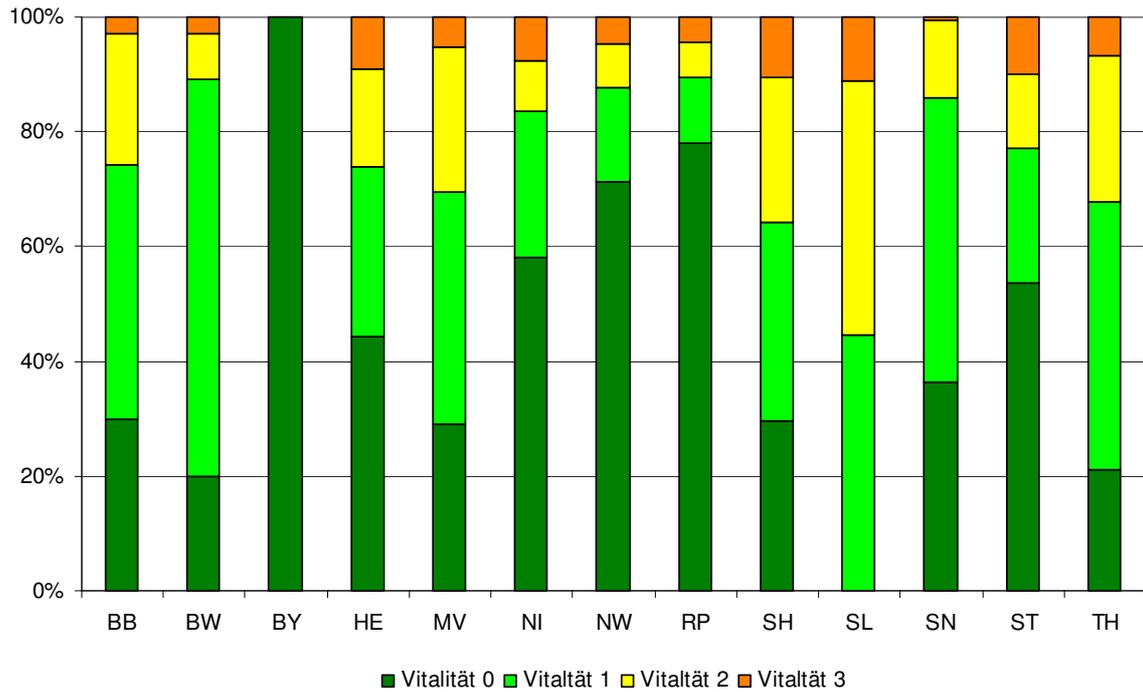


Abb. 4.4.2: Verteilung der Vitalitätsstufen des Wild-Apfels in den Bundesländern

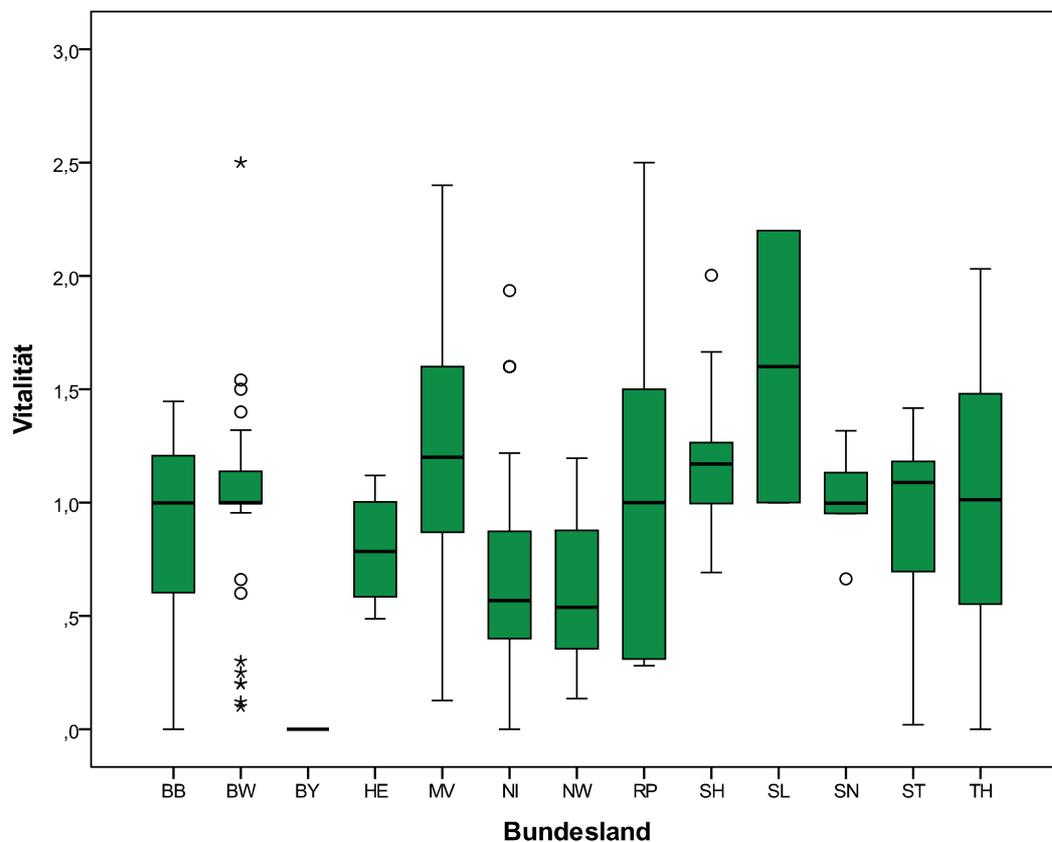


Abb. 4.4.3: Verteilung der mittleren Vitalität der Vorkommen in den Bundesländern als BoxPlot and Whisker Diagramm

Abbildungen 4.4.4 zeigt die geographische Lage der Vorkommen mit farblich abgestufter Klassifikation nach der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen.

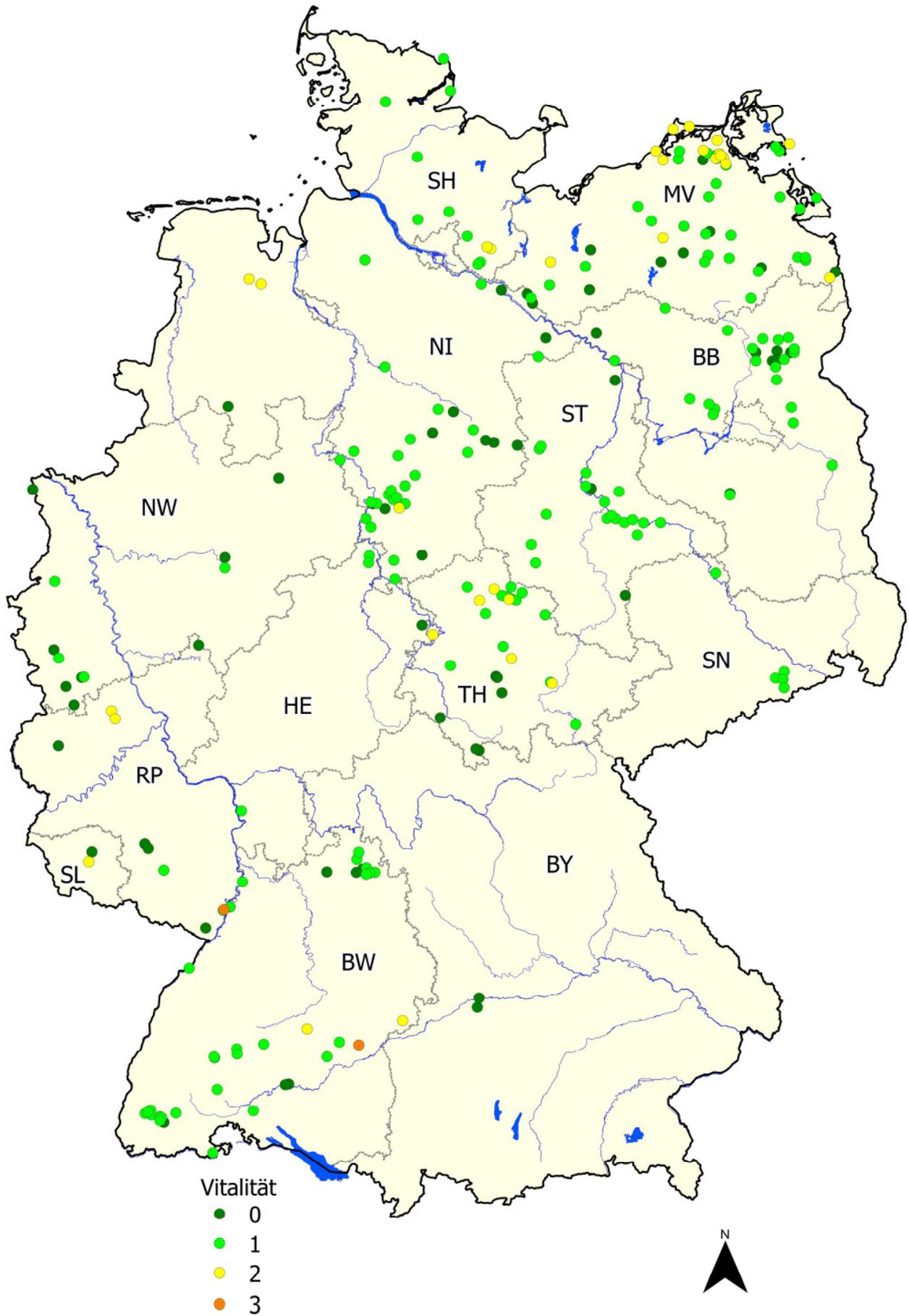


Abb. 4.4.4: Darstellung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen des Wild-Apfels

4.5 Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsklassen

Die folgenden zwei Abbildungen zeigen die Vitalitätsanteile in den Durchmesserklassen und die Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen der Vorkommen des Wild-Apfels.

Aus Abbildung 4.5.1 ist ersichtlich, dass der Wild-Apfel die besten Vitalitäten (0) in der mittleren Durchmesserklasse aufweist. In allen drei Durchmesserklassen liegt der Anteil der Vitalitätsstufen 0 und 1 über 70 %. In der Durchmesserklasse > 20 cm liegt der Anteil der Vitalitätsstufe 3 erwartungsgemäß höher als in den anderen Stufen.

Abbildung 4.5.2 zeigt, dass der Anteil von Bäumen in der Durchmesserklasse > 20 cm von den Vitalitätsklassen 0 bis 3 kontinuierlich ansteigt, während der Anteil der Durchmesserklasse 7 - 20 cm gleichzeitig abnimmt. Der Anteil der Durchmesserklasse < 7 cm nimmt von Vitalitätsstufe 0 bis 2 stetig zu und fällt in Vitalitätsstufe 3 dann auf den niedrigsten Wert ab.

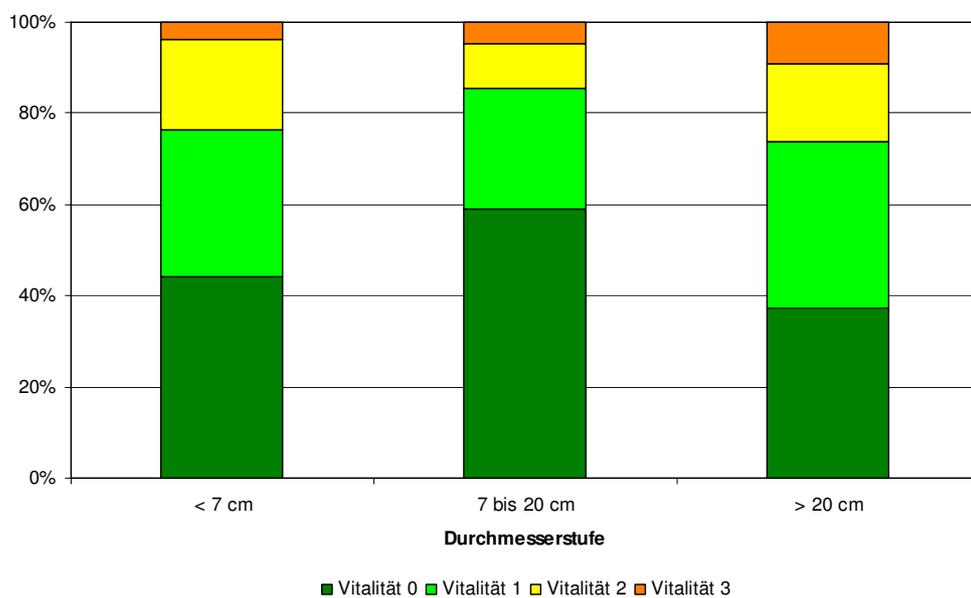


Abb. 4.5.1: Vitalitätsanteile des Wild-Apfels in den Durchmesserklassen

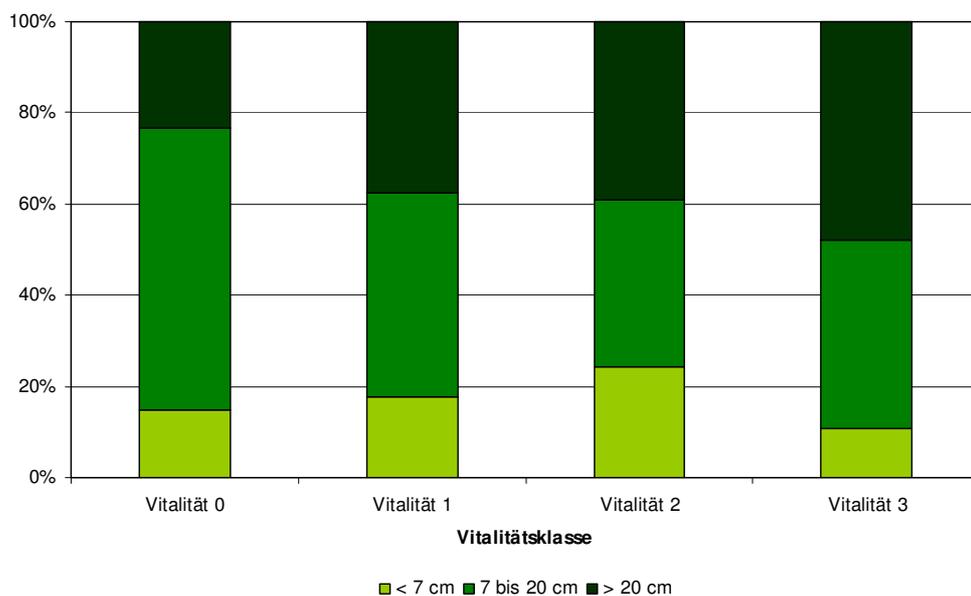


Abb. 4.5.2: Durchmesserverteilung des Wild-Apfels in den Vitalitätsstufen

4.6 Naturverjüngung

Da die Naturverjüngung das Überleben einer Population über die Generationen hinweg sichert, wurde dieser Parameter bei der Kartierung mit aufgenommen. Die Erfassung erfolgte zweigestuft. Erfasst wurde das Vorhandensein von Naturverjüngung (bis ca. 3 m Höhe) und das Vorhandensein von Naturverjüngung kleiner 1,5 m. Deutschlandweit verfügen 50 Vorkommen der 252 Vorkommen des Wild-Apfels über Naturverjüngung. Jedes Vorkommen mit Verjüngung enthält dabei auch über einen Anteil von Verjüngung kleiner 1,5 m.

Abbildung 4.6.1 zeigt das Vorhandensein von Naturverjüngung beim Wild-Apfel auf Ebene der Bundesländer. Ersichtlich ist, dass ein großer Teil der Vorkommen sich nicht verjüngt. Einen maximalen Anteil von etwa 50 % der Vorkommen mit Naturverjüngung erreichen nur die Bundesländer Hessen und Sachsen-Anhalt, gefolgt von Baden-Württemberg und Niedersachsen mit Werten um 35 %. Die übrigen Bundesländer haben einen Anteil der Vorkommen mit Naturverjüngung von 20 % und weniger. In den Bundesländern Bayern, Mecklenburg-Vorpommern, Schleswig-Holstein und dem Saarland wurde keine Naturverjüngung vorgefunden.

Abbildung 4.6.2 zeigt die geographische Lage der Vorkommen des Wild-Apfels klassifiziert nach dem Vorhandensein oder Fehlen von Naturverjüngung, sowie Vorkommen mit Verjüngung kleiner 1,5 m. Schwerpunktregionen mit einer größeren Anzahl von Vorkommen mit Naturverjüngung sind die Elbregion in Sachsen-Anhalt, der Süden Niedersachsens sowie der Südwesten Baden-Württembergs.

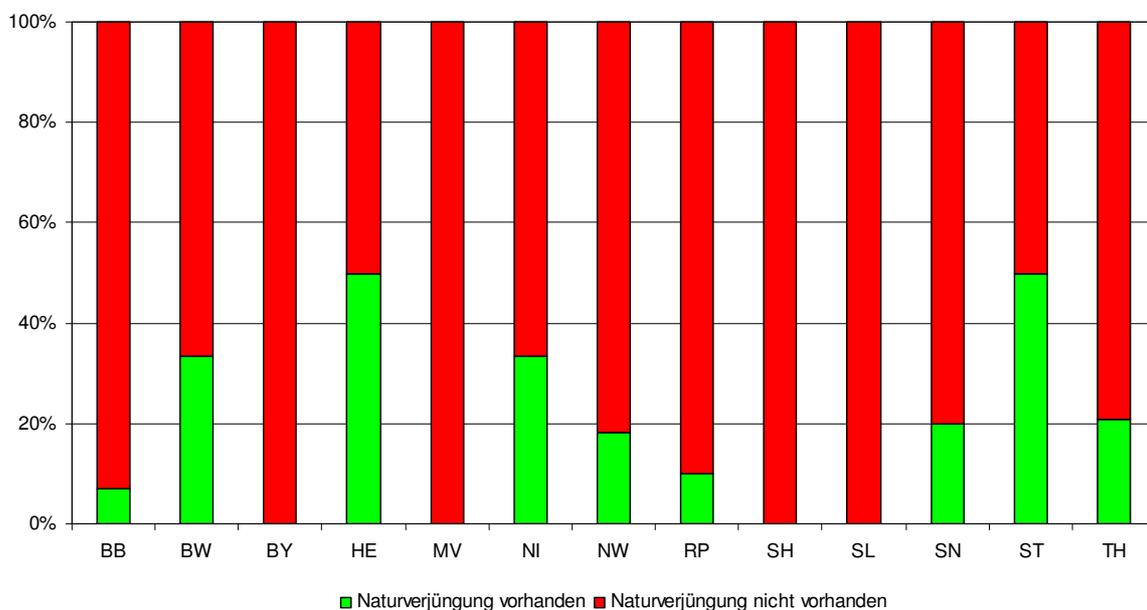


Abb. 4.6.1: Anteile der Vorkommen des Wild-Apfels mit und ohne Verjüngung

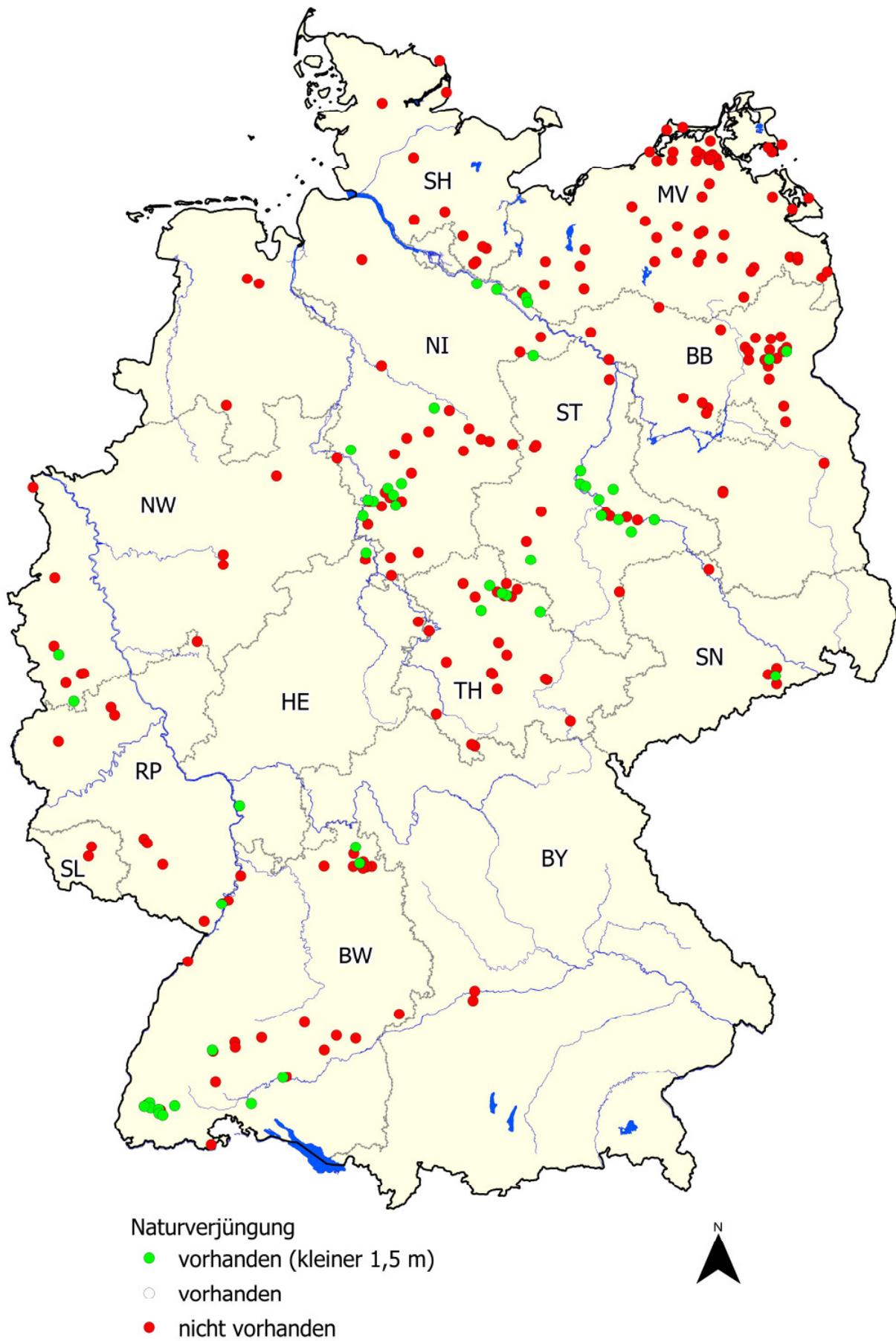


Abb. 4.6.2: Lage der Vorkommen des Wild-Apfels mit und ohne Naturverjüngung

4.7 Eigentumsverhältnisse

Abbildung 4.7.1 zeigt die Eigentumsverhältnisse der Flächen mit Vorkommen des Wild-Apfels aufgetragen nach deren absoluter Anzahl. Bei Vorkommen, deren Fläche sich über verschiedene Eigentumsarten erstreckt, wurde das Vorkommen der flächenmäßig größten Eigentumsart zugeordnet. Bei einigen Vorkommen war die Eigentumsart nicht zu ermitteln. Der mit Abstand größte Teil der Vorkommen des Wild-Apfels liegt auf Flächen in Landeseigentum (165 Vorkommen), gefolgt von Körperschaftseigentum (43 Vorkommen) und Privatwald größer 200 ha (18 Vorkommen). Sehr wenige Vorkommen befinden sich auf Flächen mit der Eigentumsart Bund, Treuhand und Privatwald kleiner 200 ha.

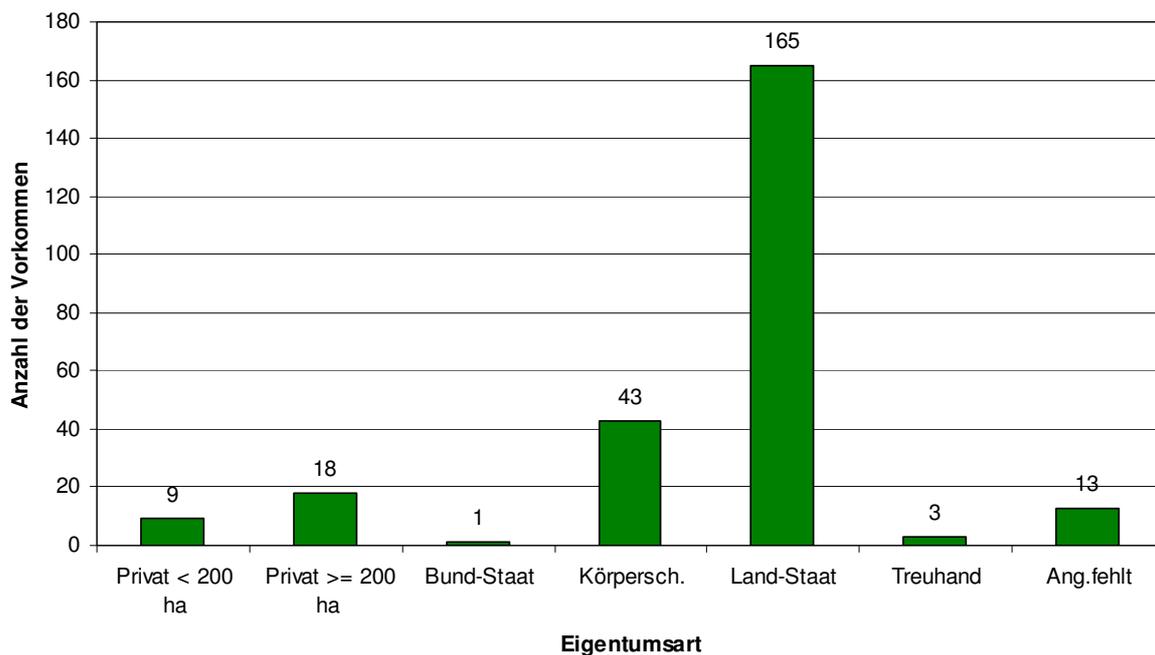


Abb. 4.7.1: Verteilung der Vorkommen auf die Eigentumsarten in Deutschland (Vorkommensanzahl absolut)

In Abbildung 4.7.2 sind die Eigentumsverhältnisse der Flächen mit Vorkommen des Wild-Apfels getrennt nach den Bundesländern abgebildet. In den Bundesländern Brandenburg, Hessen, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Rheinland-Pfalz, Sachsen-Anhalt und Thüringen dominiert mit jeweils über 60 % Anteil die Eigentumsart Land. In Bayern liegen die meisten Vorkommen im Privatwald kleiner 200 ha, in Baden-Württemberg, Schleswig-Holstein und im Saarland ein größerer Anteil im Körperschaftswald. Im Bundesland Sachsen wurde zu einem Großteil der Vorkommen keine Angabe zu den Eigentumsverhältnissen gemacht.

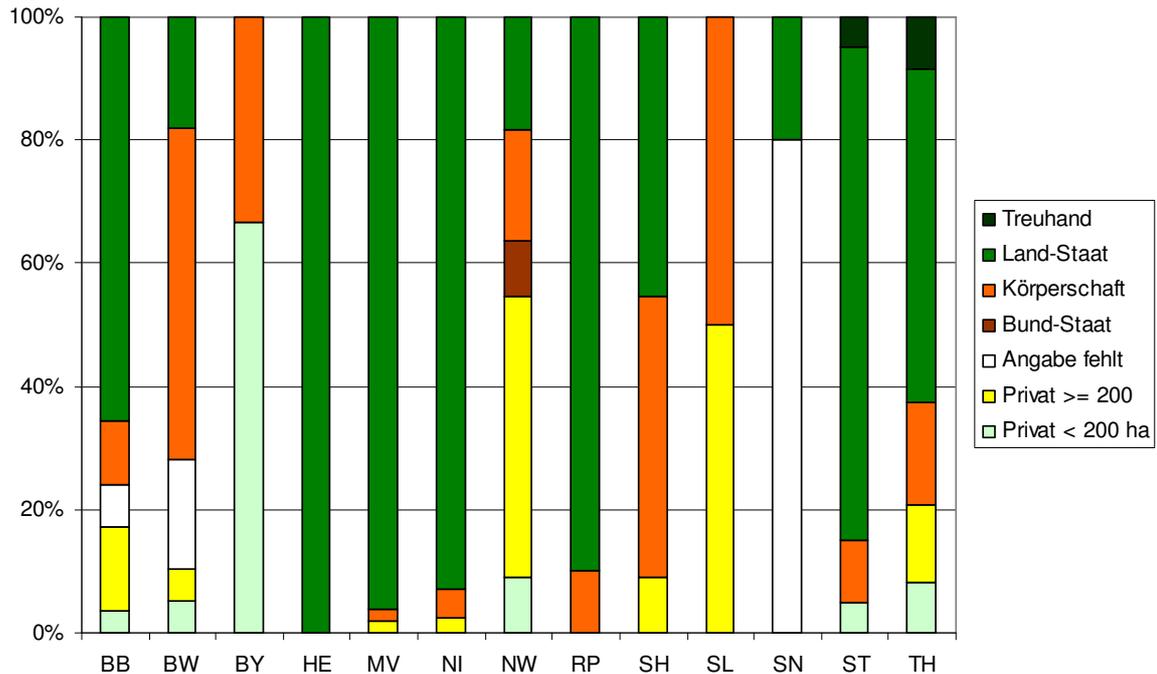


Abb. 4.7.2: Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern

4.8 Naturschutz-Status

Um zu prüfen, ob die Vorkommen des Wildapfels auf Flächen mit Schutzstatus liegen, wurden vom Bundesamt für Naturschutz Shape-Dateien der Schutzgebiete Deutschlands angefordert und mit den Vorkommen verschnitten. Da sich die Schutzgebietskategorien oft überlagern, vor allem im Bereich Europäisches- und Nationales Naturschutzrecht, wurde in der Abbildungen (4.8.1) die Anzahl der Vorkommen getrennt nach Natura 2000 und übrigen Schutzkategorien dargestellt sowie zusätzlich eine Angabe bei Überschneidung mehrerer Schutzgebietskategorien gemacht. Bei den Schutzgebietskategorien Nationalpark, Biosphärenreservat, Naturschutzgebiet, Naturpark und Landschaftsschutzgebiet zeigt ein grüner Balken die Anzahl der Vorkommen an, die ausschließlich dieser Schutzgebietskategorie zugeordnet wurden (Abb. 4.8.1). In Zahlen hinter den Balken wird die absolute Zahl der Vorkommen in der jeweiligen Schutzgebietskategorie angegeben, und zusätzlich der Hinweis, wie viele dieser Vorkommen noch einen anderen Schutzstatus besitzen.

Die Vorkommen des Wild-Apfels liegen zu über 80 % auf Flächen mit Schutzstatus nach Naturschutzrecht (Abb. 4.8.1). Insgesamt 160 Vorkommen sind den Natura 2000-Schutzgebietskategorien FFH-Gebiet und Vogelschutzgebiet (SPA) zugeordnet. 82 dieser Vorkommen besitzen beide Natura 2000-Schutzgebietskategorien.

Die Abbildungen 4.8.2 und 4.8.3 zeigen die Verteilung der Vorkommen auf die Schutzgebietskategorien in den Bundesländern.

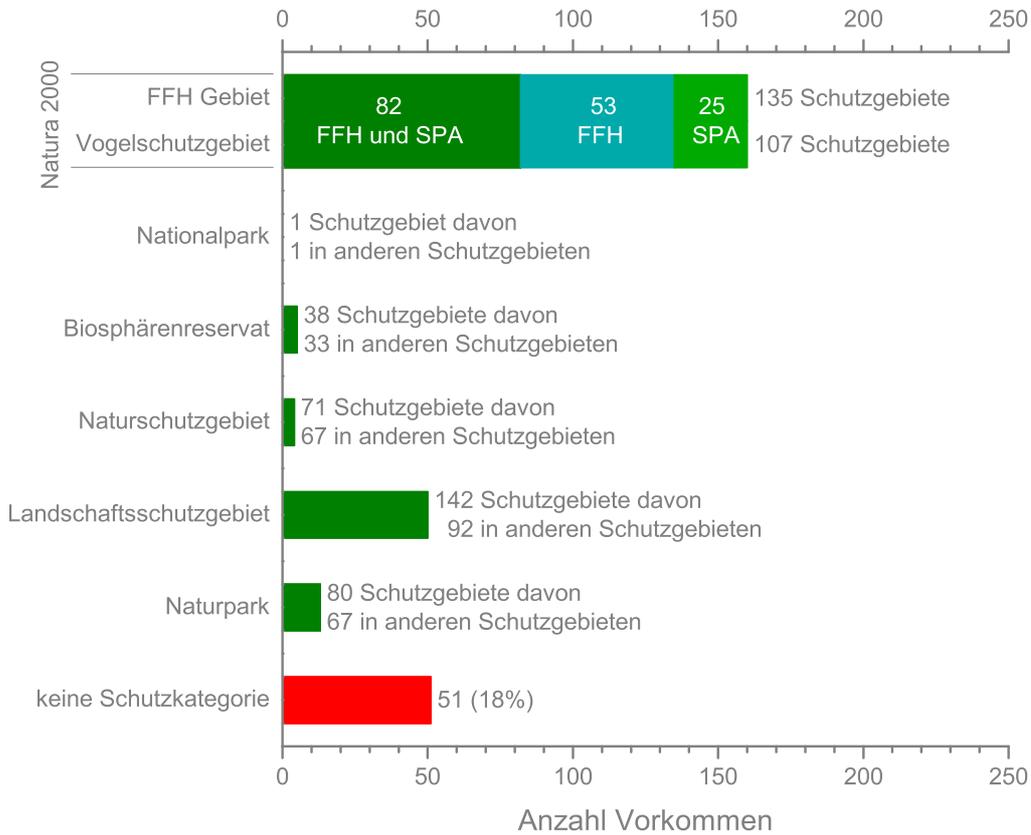


Abb. 4.8.1: Schutzstatus der Vorkommen des Wild-Apfels

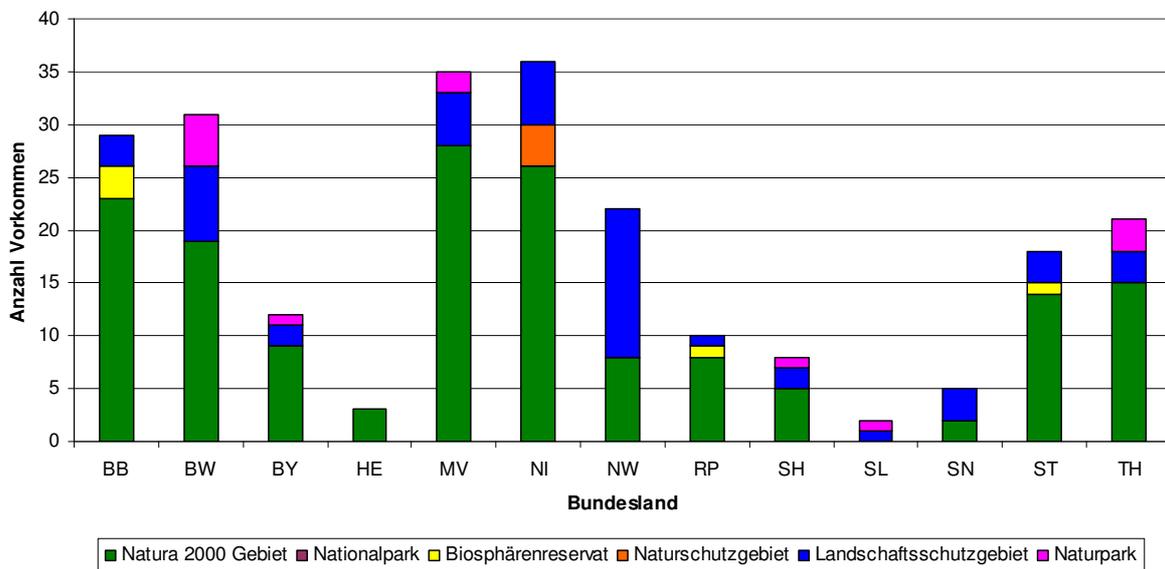


Abb. 4.8.2: Anteil der kartierten Vorkommen mit verschiedenem Schutzstatus nach Bundesländern. Dargestellt ist der höhere Schutzstatus in der Reihenfolge: Natura 2000-Gebiet - Nationalpark - Biosphärenreservat - Naturschutzgebiet - Landschaftsschutzgebiet - Naturpark

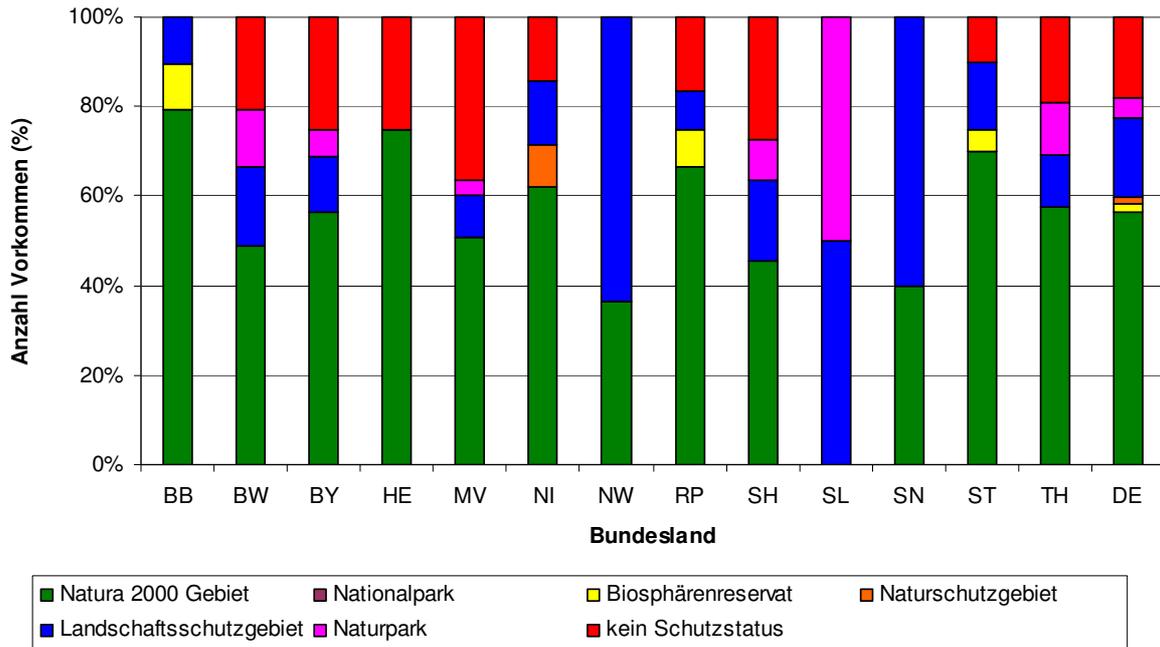


Abb. 4.8.3: Prozentuale Verteilung der kartierten Vorkommen mit verschiedenem Schutzstatus
 Dargestellt ist der höhere Schutzstatus in der Reihenfolge: Natura 2000-Gebiet - Nationalpark - Biosphärenreservat - Naturschutzgebiet - Landschaftsschutzgebiet - Naturpark

In allen Bundesländern liegt der Anteil an Vorkommen mit Schutzstatus über 60 %. In Brandenburg, Nordrhein-Westfalen, Sachsen und dem Saarland wurde allen Vorkommen eine Schutzgebietskategorie zugeordnet. Besonders hohe Anteile verzeichnen die Schutzgebietskategorien Natura 2000 und Landschaftsschutzgebiet. Betrachtet über das gesamte Bundesgebiet stehen über 80 % der Vorkommen unter Schutz, mit einem Anteil von über 50 % der Schutzgebietskategorie Natura 2000.

4.9 Genetische Charakterisierung ausgewählter Wild-Apfel-Vorkommen

4.9.1 Typisierbarkeit der Mikrosatelliten

Eine Analyse der Kern-Mikrosatelliten konnte an fast allen der 783 Proben durchgeführt werden. Allerdings waren 49 Proben nur durch das Wild-Birnen-Protokoll analysierbar. Lediglich 8 Proben waren überhaupt nicht analysierbar und gehören mit größter Wahrscheinlichkeit einer anderen Gattung an. Alle sechs Marker wiesen Unterschiede zwischen den Fragmentlängen in Zwei-Basen-Abständen auf, so dass die Fragmentlängen gegebenenfalls gerundet werden konnten.

Die gefundenen Fragmentlängen liegen im Wesentlichen in dem in der Literatur genannten Längenbereichen (s. Tab. 3.7.2), z.T. wurde dieser Bereich auch um bis zu 12 Basenpaare überschritten (Ch02d12), in anderen Fällen dagegen nicht vollständig abgedeckt.

4.9.2 Unterscheidung der Arten und von Wild- und Kulturapfel

Die Ergebnisse der genetischen Charakterisierung hinsichtlich der Zugehörigkeit zu den Gattungen *Malus* und *Pyrus* sowie die Differenzierung der Apfelproben nach „wilden“ und „kulturnahen“ oder zumindest „kulturbeeinflussten“ Formen sind in Tab. 4.9.1 dargestellt. Von den insgesamt 783 Proben waren 57 (7 %) nicht als Apfel analysierbar, 49 davon konnten als Birne analysiert werden. Offensichtlich lag bei dem Vorkommen MV-4 eine falsche Artzuordnung vor. 8 Individuen waren auch bei Wiederholungen weder als Apfel noch als Birne analysierbar. Hier dürfte es sich um andere Gattungen handeln, was sich im Einzelfall auch phänotypisch am Probenmaterial bestätigen ließ (Kreuzdorn).

Von den 726 Apfelproben wurden 87 (12 %) als Kulturformen bzw. kulturnah eingestuft. Der Anteil der kulturnahen Apfelproben verteilt sich nicht gleichmäßig auf die Vorkommen. Ohne die drei offensichtlich kulturnahen Vorkommen BW-1, BW-2 und MV-2 läge der Anteil der 46 kulturnahen Individuen unter 682 Apfelproben nur noch bei 6,7 %. Neben kulturnahen Apfelbäumen scheinen sich auch immer wieder (unerkannte) Birnen in den Wild-Apfel-Vorkommen zu finden.

Abbildung 4.9.1a zeigt die Ergebnisse der genetischen Analyse des Wild-Apfels in Bezug auf die Wildnähe. Für jedes genetisch untersuchte Vorkommen zeigt ein Kreisdiagramm, platziert nach der geographischen Lage des Vorkommens, die prozentualen Anteile an wildnahen (blauschwarz; Zahlenangabe) und kulturnahen Individuen (orange). Bei einigen Genobjekten wurden Proben genommen, die nicht die Zielbaumart zugeordnet werden konnten. Diese Anteile sind in den Kreisdiagrammen gelb dargestellt.

Die Anteile der wildnahen Individuen der genetisch untersuchten Vorkommen des Wild-Apfels schwanken zwischen 0 % und 100 %. 13 der 39 untersuchten Genobjekte weisen eine „Trefferquote“ der Wildform von 100 % auf, was dem „Optimalfall“ entspricht. Drei Vorkommen stellen „Totalausfälle“ mit 0 % bzw. 4% Anteil der Wildform dar. Hier wurden gänzlich kulturbestimmte Vorkommen oder nicht die Zielbaumart beprobt. Der größte Teil der Vorkommen besitzt einen Anteil der Wildform von 75 % bis 98 %. In 10 der 39 Vorkommen wurden neben der Zielbaumart auch fälschlicherweise Proben von anderen Arten gewonnen.

Abbildung 4.9.1b zeigt die Vorkommen des Wild-Apfel klassifiziert nach dem Vorhandensein kreuzbarer Arten. Vor allem bei generativen Vermehrungsmaßnahmen sollte der mögliche Einfluss von Kultursorten berücksichtigt werden.

Tab. 4.9.1: Ergebnisse der genetischen Überprüfung von Wild-Apfel Vorkommen

Ort / Region	Kürzel	Anz. insg.	Art: Pyrus	Art: unbek.	kultur-nah	Wild-apfel
Rassmannsdorfer Werder	BB-1	12	--	--	3	9
Brieselang	BB-2	30	--	--	1	29
Altenhof	BB-3	50	--	--	1	49
Zehdenick	BB-4	31	--	--	1	30
Mergentheim	BW-1	10	--	--	10	--
Mergentheim	BW-2	16	--	--	13	3
Furtwangen	BW-3	5	--	--	--	5
NSG Feldberg	BW-4	29	--	--	2	27
Unteres Donautal	BW-5	16	--	--	1	15
Bad Rodach	BY-1	11	6	--	--	5
Mittelstetten	BY-2	15	--	--	--	15
Schönfelder Holz	BY-3	17	--	--	--	17
Kühkopf-Knoblochsau	HE-1	26	1	--	1	24
Sababurg	HE-2	22	--	--	--	22
Buggenhagen	MV-1	26	--	2	--	24
Nossentiner Heide	MV-2	21	3	--	18	--
Schuenhagen	MV-3	20	--	--	3	17
Rügen	MV-4	26	25	--	--	1
Hasbruch	NI-1	22	--	--	2	20
Grünenjäger	NI-2	25	--	--	--	25
Bramsche	NI-3	5	--	--	--	5
Hämelerwald	NI-4	27	--	--	--	27
Beverner Wald	NI-5	24	--	--	1	23
Nideggen	NW-1	11	--	1	4	6
Kleve	NW-2	18	1	4	2	11
Hördt	RP-1	15	--	--	--	15
NSG Virneburg	RP-2	15	--	--	2	13
Lauenburg	SH-1	11	--	--	1	10
Flensburg	SH-2	19	--	--	4	15
Eppelborn	SL-1	17	3	--	4	10
NSG Voigts Busch	SN-1	9	--	--	5	4
NSG Kreuzhorst	ST-1	27	4	1	--	22
Wörlitz	ST-2	22	--	--	--	22
Wippra	ST-3	24	--	--	--	24
Annarode	ST-4	24	6	--	1	17
LEG Wald Ostramondra	TH-1	30	--	--	5	25
Rev. Straufhain	TH-2	15	--	--	2	13
Gräfenwarth	TH-3	10	--	--	--	10
Hagenberg	TH-4	30	--	--	--	30
Summen		783	49	8	87	639

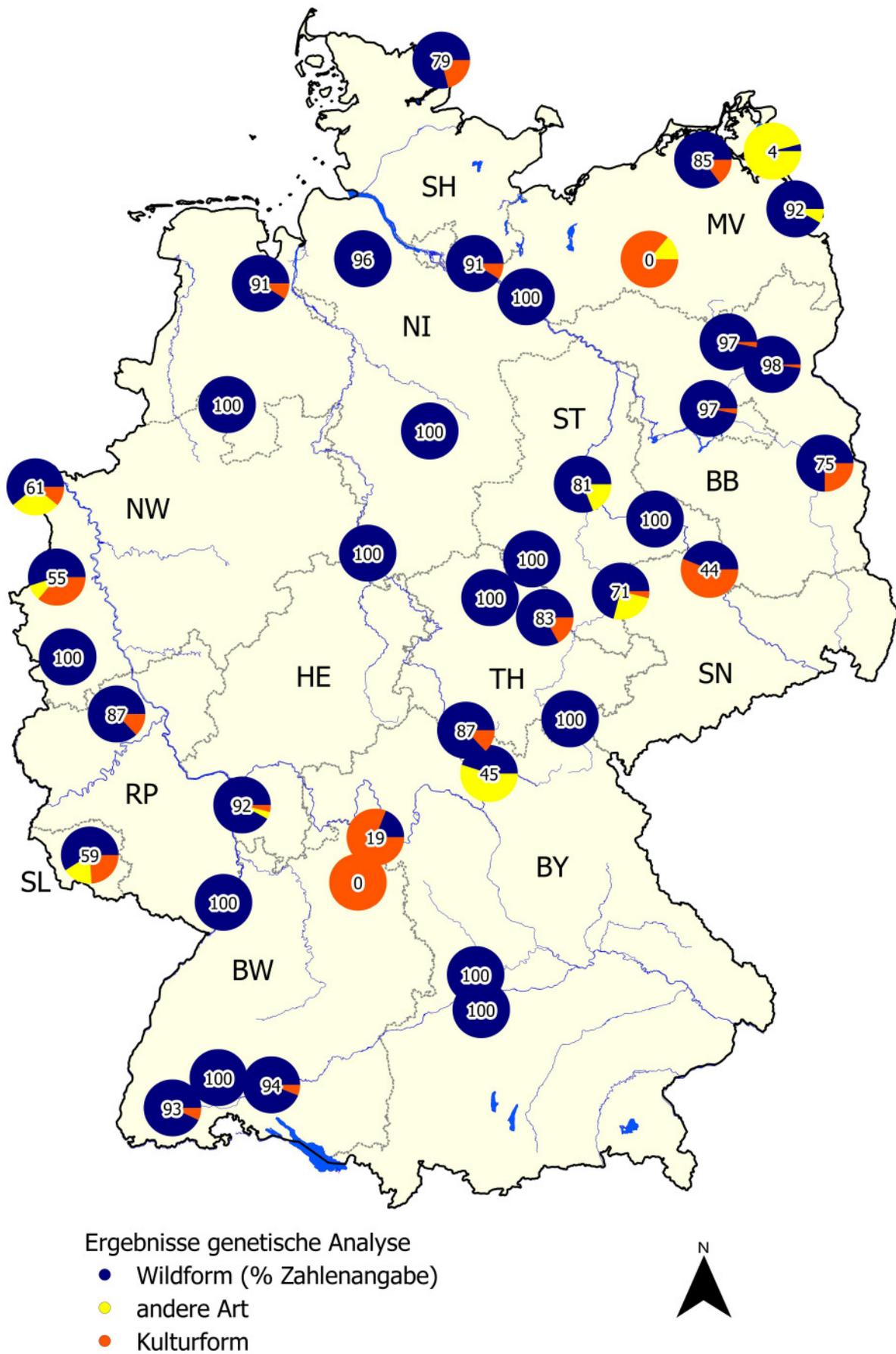


Abb. 4.9.1a: Ergebnisse der genetischen Analyse des Wild-Apfels zur Einstufung der Wildnähe

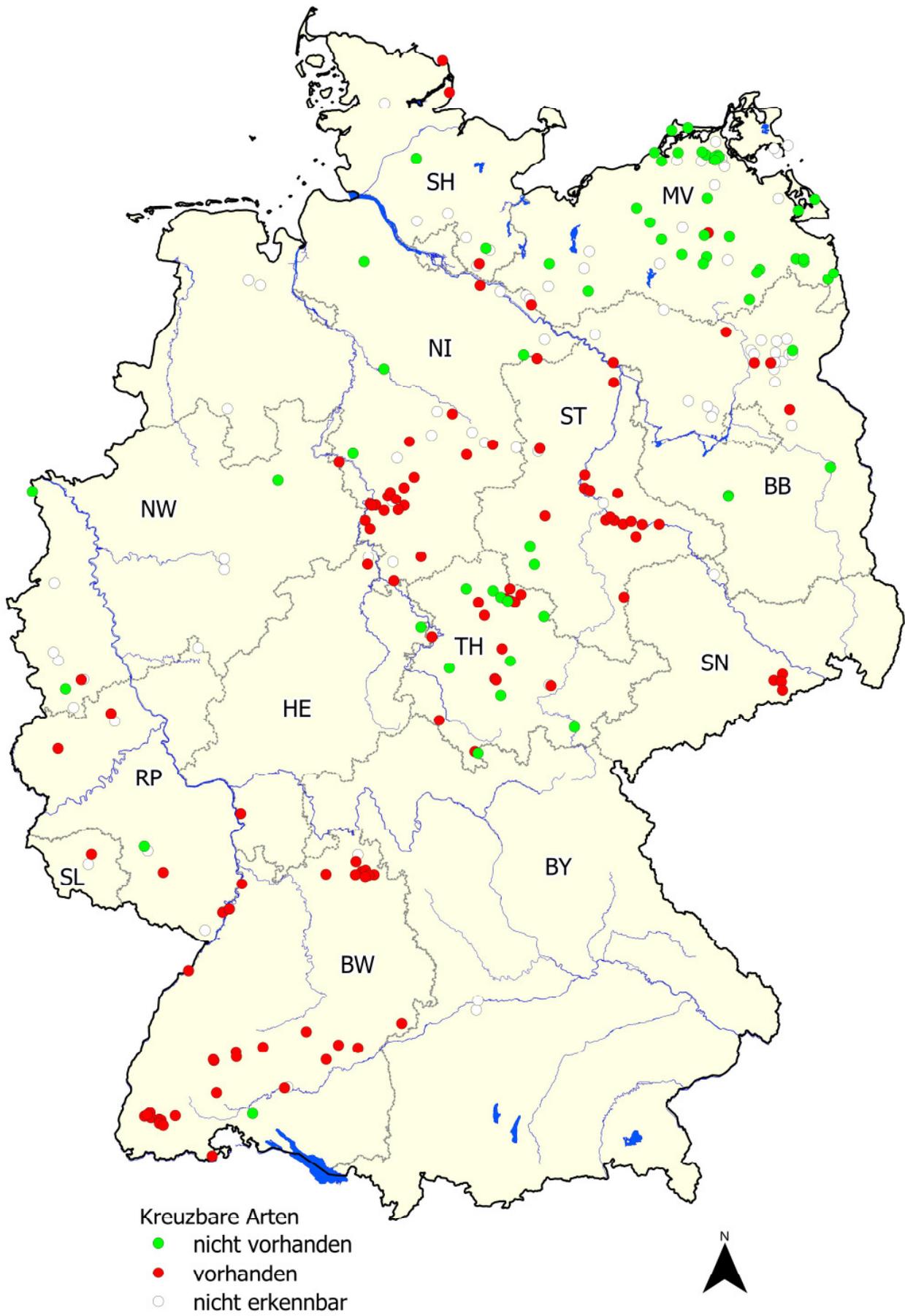


Abb. 4.9.1b: Vorkommen des Wild-Apfels klassifiziert nach dem Vorhandensein kreuzbarer Arten

4.9.3 Bildung der Auswertungskollektive

Unter den als Birnen eingesandten Proben gab es insgesamt 26 Individuen, die sich als Apfel herausstellten, und zwar ausnahmslos als Wild-Apfel. Häufig waren dies einzelne bis wenige Individuen aus einem offiziellen Birnenvorkommen, die nicht sinnvoll als eigenes Vorkommen angesprochen werden konnten. Auf Grund der räumlichen Entfernung zum jeweils nächsten untersuchten Apfelvorkommen war auch eine Zuordnung dieser Zufallsfunde zu einem vorhandenen Apfelvorkommen nicht sinnvoll möglich.

Eine Ausnahme stellt das Birnenvorkommen NW-2 dar, bei dem sich 11 der gelieferten Proben als Äpfel herausstellten. Da auch andere Vorkommen mit ähnlich kleinem Stichprobenumfang untersucht wurden, wurde aus diesen 11 neu identifizierten Äpfeln ein weiteres Apfelvorkommen NW-3 gebildet und in die Auswertung mit einbezogen.

Um für die allgemeine genetische Charakterisierung des Wild-Apfels in Deutschland auch diejenigen Wild-Äpfel zu berücksichtigen, die keinen Populationen mit mindestens 9 Individuen angehören, wurden fiktive Sammelkollektive gebildet:

Dies sind zum einen die 29 Wild-Äpfel aus den 7 Vorkommen BW-2, BW-3, BY-1, MV-4, NI-3, NW-1 und SN-1, die nach der genetischen Charakterisierung nur noch Individuenzahlen zwischen 1 und 6 aufwiesen. Sie wurden zu einer fiktiven Gruppe DE-1 zusammengefasst. Zum anderen wurden jene 15 Wildäpfel, die in verschiedenen Birnenvorkommen identifiziert wurden und nicht im neuen Apfelvorkommen NW-3 enthalten sind, zur fiktiven Gruppe DE-2 zusammengefasst.

Von den ursprünglich 39 Vorkommen verbleiben 30 mit Probenanzahlen zwischen 9 und 49 für populationsgenetische Betrachtungen. Hinzu kommt das neu identifizierte Vorkommen NW-3 sowie als Vergleichsreferenzen die beiden „Restgruppen“ DE-1 und DE-2. Die beiden Letztgenannten können nicht als Populationen betrachtet werden. Da sie aber ebenfalls zur Genetik des Wild-Apfels beitragen, sollen auch sie berücksichtigt werden.

4.9.4 Variation allgemein und innerhalb der Vorkommen

An den einzelnen Genloci wurden zwischen 18 und 26 Varianten (Allele) gefunden. Die Häufigkeitsverteilungen der Allele an den einzelnen Genorten über alle Vorkommen hinweg finden sich grafisch illustriert im Anhang (Diagramme Abb. A1 bis A6). Die allelischen Verteilungen innerhalb der 33 Vorkommen finden sich in Tabellenform ebenfalls im Anhang (Tab. A1 bis A6).

Eine stärker zusammenfassende Darstellung der allelischen Strukturen findet sich in Tab. 4.9.2. Neben der absoluten Anzahl n von Allelen wird deren effektive Anzahl (Diversität ν) für jeden Genort angegeben und für jedes Vorkommen sowie für die Gesamtheit aller Vorkommen dargestellt. Bei der Multilocus-Betrachtung werden die mittlere Diversität $\bar{\nu}$ und die hypothetische gametische Multilocus-Diversität ν_{gam} angegeben.

Eine grafische Darstellung der mittleren Diversität $\bar{\nu}$ über alle 6 Genloci findet sich in Abb. 4.9.2.

Tab. 4.9.2: Anzahl der beobachteten Allele und ihre Diversität an 6 Mikrosatelliten-Genorten von Wild-Apfel in ausgewählten Vorkommen

Vork. (n)	nz23g4		ch02d12		gd162		ch01h10		ch01h01		gd96		alle Loci			
	n	v	n	v	n	v	n	v	n	v	n	v	n	\bar{v}	v_{gam}	
1 BB-1	9	4	2,66	7	4,91	5	3,86	5	3,06	6	2,45	6	4,76	33	3,36	1.798
2 BB-2	29	3	2,88	11	6,60	11	6,14	10	4,78	9	6,42	9	6,49	53	5,08	23.193
3 BB-3	49	4	2,50	9	5,97	11	4,94	11	6,95	12	7,01	10	5,41	57	4,83	19.427
4 BB-4	30	6	2,20	13	5,83	8	6,67	11	5,86	9	5,98	9	5,25	56	4,60	15.705
5 BW-4	27	5	2,35	9	5,01	10	4,45	16	7,18	14	7,59	9	6,23	63	4,68	17.769
6 BW-5	15	4	2,57	11	8,82	8	6,25	11	8,33	6	4,64	11	7,26	51	5,28	39.790
7 BY-2	15	5	2,60	9	4,46	6	3,54	10	6,72	10	3,85	12	4,37	52	3,92	4.635
8 BY-3	17	4	2,44	8	3,27	7	4,07	14	8,03	12	5,96	9	5,61	54	4,19	8.702
9 HE-1	24	8	2,95	10	5,65	11	5,19	11	4,54	10	6,19	10	6,90	60	4,85	16.730
10 HE-2	22	4	2,99	10	4,34	11	5,32	10	4,94	10	6,21	10	5,20	55	4,58	11.001
11 MV-1	24	4	2,89	8	3,34	8	5,28	8	4,27	10	5,79	11	5,91	49	4,25	7.434
12 MV-3	17	5	2,85	9	4,16	6	3,75	12	6,42	8	4,45	7	3,48	47	3,93	4.418
13 NI-1	20	5	2,77	4	1,99	10	6,40	10	3,85	8	4,40	9	4,10	46	3,43	2.445
14 NI-2	25	7	2,31	10	4,51	10	5,06	13	6,58	10	6,41	11	6,28	61	4,55	13.978
15 NI-4	27	4	2,95	7	3,65	9	5,61	12	5,05	8	5,52	7	3,97	47	4,22	6.678
16 NI-5	23	3	2,79	7	4,20	8	4,74	10	5,78	9	6,53	8	4,62	45	4,45	9.700
17 NW-2	11	6	2,92	5	4,32	7	5,50	7	5,04	7	4,75	7	3,97	39	4,23	6.577
18 NW-3	11	6	2,60	6	3,97	7	4,65	10	8,34	9	7,12	9	5,38	47	4,62	15.346
19 RP-1	15	6	3,19	9	7,14	11	6,08	10	5,29	10	5,77	10	6,43	56	5,28	27.219
20 RP-2	13	8	3,80	11	7,86	7	3,84	11	7,86	12	9,14	8	4,97	57	5,51	40.925
21 SH-1	10	4	2,41	5	2,94	8	5,41	8	6,67	7	5,26	7	5,41	39	4,10	7.266
22 SH-2	15	3	2,27	6	3,69	6	3,95	9	4,41	7	4,33	6	3,41	37	3,50	2.153
23 SL-1	10	4	2,99	11	8,33	6	3,45	8	5,56	8	5,56	8	5,71	45	4,69	15.129
24 ST-1	22	4	1,96	13	5,94	9	3,53	9	3,77	9	5,20	11	6,87	55	3,83	5.521
25 ST-2	22	5	3,51	11	4,84	8	3,49	7	3,46	10	7,07	10	4,63	51	4,21	6.711
26 ST-3	24	5	3,06	9	5,73	8	3,52	9	4,25	8	5,49	9	4,66	48	4,23	6.710
27 ST-4	17	6	3,01	10	4,35	6	2,63	9	4,98	10	6,64	13	7,81	54	4,22	8.888
28 TH-1	25	7	3,80	13	7,53	13	6,25	13	6,41	10	7,18	13	7,76	69	6,12	63.932
29 TH-2	13	6	3,25	10	4,97	8	5,37	9	6,63	9	7,04	10	5,93	52	5,19	23.985
30 TH-3	10	4	2,86	8	5,26	5	3,77	10	6,90	9	5,88	7	4,08	43	4,40	9.396
31 TH-4	30	5	2,59	14	7,63	15	5,13	10	4,15	8	5,34	10	4,21	62	4,35	9.438
32 DE-1	29	9	4,29	14	6,62	9	4,60	11	7,82	16	10,07	12	6,70	71	6,14	68.948
33 DE-2	15	7	3,63	9	5,92	8	5,11	11	5,63	9	7,26	9	6,00	53	5,35	26.916
alle	665	18	3,56	26	7,14	22	5,96	26	7,52	22	9,14	20	7,30	134	6,20	76.032

Abkürzungen: (n): Anzahl untersuchter Bäume; n : absolute Anzahl der Allele; v : effektive Anzahl der Allele (Diversität); \bar{v} : mittlere Diversität über alle Loci; v_{gam} : hypothetische gametische Multilocus-Diversität.

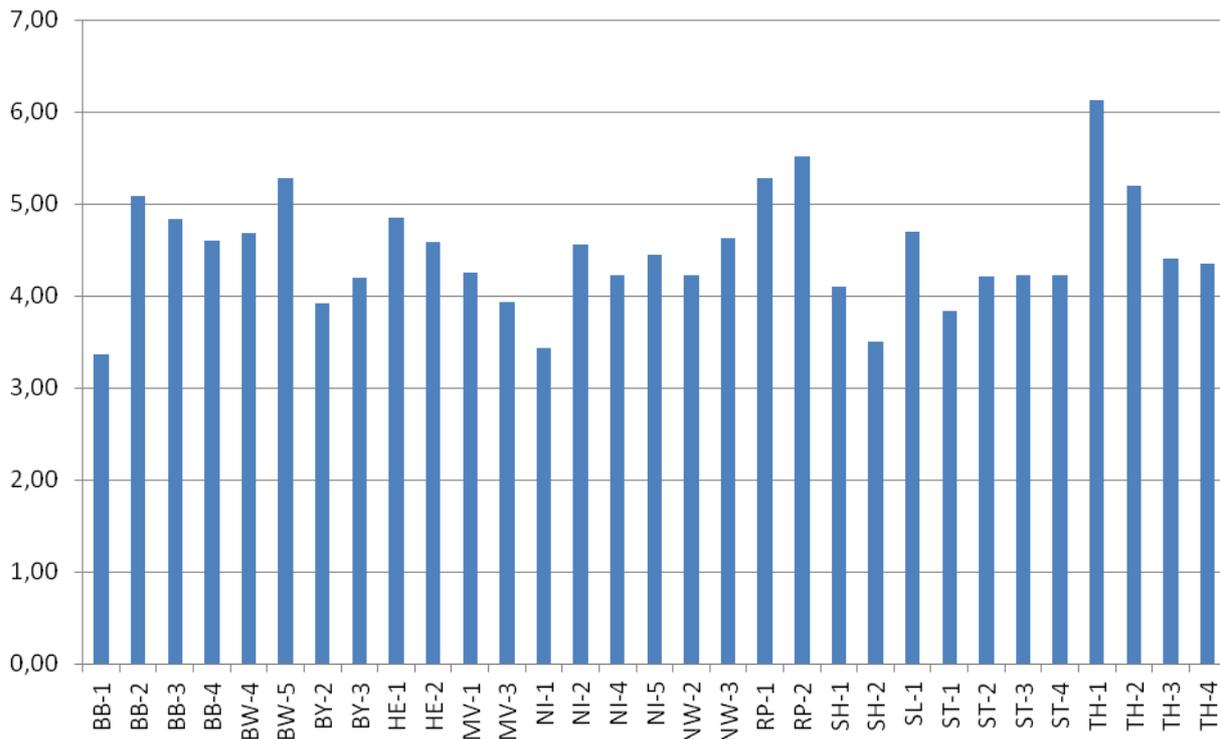


Abb. 4.9.2: Allelische Diversität (mittlere Diversität \bar{v} über 6 Genloci) für 31 Vorkommen des Wild-Apfels

Die unterschiedlichen Kennzahlen spiegeln auch die unterschiedlichen Stichprobengrößen wider. So weist das kleinste Vorkommen BB-1 mit nur 9 Individuen auch die geringsten Werte bei der Anzahl Allele sowie den Multilocus-Diversitätsmaßen auf. Aber dieser Zusammenhang gilt nicht generell. So nimmt das größte Vorkommen BB-3 mit 49 untersuchten Wildäpfeln Rang 7 bei der mittleren Diversität \bar{v} ein und wird diesbezüglich nicht nur von den relativ großen Vorkommen BB-2 und TH-1 (29 bzw. 25 Bäume) übertroffen, sondern auch von den eher kleinen Vorkommen TH-2, RP-1, RP-2 und BW-5 (Stichprobenumfang 13-15). Auch bei der Anzahl beobachteter Allele liegt dieses größte Vorkommen BB-3 nur auf Rang 7 (gemeinsam mit RP-2). Dies ist besonders bemerkenswert, da die Wahrscheinlichkeit, vorhandene Allele stichprobenbedingt nicht zu entdecken, mit dem Stichprobenumfang abnimmt.

Es fällt auf, dass die beiden künstlich erzeugten Mischkollektive DE-1 und DE-2 relativ hohe Diversitätswerte zeigen. Dies erklärt sich aus der Tatsache, dass hier Individuen aus verschiedenen und teilweise weit entfernten Vorkommen zusammengefasst werden. Diese Werte sind damit nicht mit denen von natürlichen Populationen vergleichbar. Bei der Angabe von Rängen werden daher auch nur die tatsächlich existierenden Vorkommen berücksichtigt. Unter den realen Populationen weist TH-1 die höchsten Multilocus-Werte auf, sowohl was die Anzahl der Allele als auch die Diversitätsmaße betrifft. Diese Population scheint genetisch besonders vielfältig und variabel zu sein.

Von den insgesamt beobachteten 134 Allelen finden sich lediglich zwischen 33 (BB-1) und 69 (TH-1) in den einzelnen Vorkommen wieder, im Mittel 51 Allele. Zahlreiche Allele kommen offensichtlich nur in wenigen Populationen vor. Um die Verteilung der seltenen Allele zu überprüfen, wird in Tab. 4.9.3 eine Übersicht gegeben. Private Allele sind solche, die nur in einer von allen untersuchten Populationen vorkommen, für diese also „exklusiv“ sind. Da bei 33 Kollektiven die Wahrscheinlichkeit, private Allele zu finden, relativ gering ist, werden in

Tab. 4.9.3 auch „fast private“ Allele zusätzlich in Klammer angegeben. „Fast private“ Allele sind solche, die nicht nur in einem, sondern in genau zwei Vorkommen auftreten, also immer noch eine sehr begrenzte Verbreitung haben.

Tab. 4.9.3: Anzahlen privater und „fast privater“ Allele an 6 Mikrosatelliten-Genorten in 33 Demen von Wild-Apfel

Nr.	Dem	(n)	nz23g4	ch02d12	gd162	ch01h10	ch01h01	gd96	alle Genorte
1	BB-1	9							
2	BB-2	29		(1)					(1)
3	BB-3	49		(1)					(1)
4	BB-4	30						(1)	(1)
5	BW-4	27							
6	BW-5	15	1	1+(2)		(1)			2+(3)
7	BY-2	15		(1)					(1)
8	BY-3	17		(1)		(1)	(2)		(4)
9	HE-1	24	1						1
10	HE-2	22							
11	MV-1	24						(1)	(1)
12	MV-3	17							
13	NI-1	20	(1)					(1)	(2)
14	NI-2	25							
15	NI-4	27			(1)				(1)
16	NI-5	23							
17	NW-2	11			1				1
18	NW-3	11	1						1
19	RP-1	15							
20	RP-2	13	(1)						(1)
21	SH-1	10							
22	SH-2	15							
23	SL-1	10		(1)		(1)			(2)
24	ST-1	22		2				2	4
25	ST-2	22					(1)		(2)
26	ST-3	24							
27	ST-4	17		(1)					(1)
28	TH-1	25			1+(1)	1		1	3+(1)
29	TH-2	13							
30	TH-3	10							
31	TH-4	30		1		(1)			1+(1)
32	DE-1	29	(2)	(1)			(1)	(1)	(5)
33	DE-2	15		(1)		(2)			(3)
Su. (fast) privater			3+(2)	4+(5)	2+(1)	1+(3)	(2)	3+(2)	13+(15)
Su. aller Allele			18	26	22	26	22	20	134

Zahlen ohne Klammer: Anzahl privater Allele für den jeweiligen Locus im jeweiligen Vorkommen. Zahlen in Klammern: Anzahl von Allelen, die genau in 2 Vorkommen auftreten („fast privat“). Klammerwerte treten daher pro Locus-Spalte doppelt auf, werden in der Summe aber nur einmal gezählt.

Es fallen drei Populationen mit überdurchschnittlich vielen seltenen Allelen auf, darunter auch TH-1, das als „Diversitäts-Spitzenreiter“ bereits aufgefallen ist. Auch BW-5 gehört zur „Diversitäts-Spitzengruppe“. Dagegen fällt ST-1 trotz dieser besonderen Allelausstattung durch sehr niedrige Diversitätswerte auf (Rang 27 bzw. 28 von 31).

Während die meisten privaten oder fast privaten Allele meist nur ein- oder zwei Mal in ihren jeweiligen Populationen vorkamen, wurde das private Allel gd162-247 in seiner „Heimatpopulation“ NW-2 vier Mal gefunden. Dies könnte ein Hinweis auf Familienstrukturen sein.

4.9.5 Differenzierung zwischen Vorkommen

Die Abstandsmatrix der paarweisen genetischen (allelischen) Abstände der 31 Vorkommen über alle sechs Genorte ist in Tab. 4.9.4 dargestellt. Es fallen die insgesamt sehr hohen Werte auf, bereits der niedrigste ist mit 0,25 schon sehr hoch, die Spitzenwerte liegen über 0,6.

Auch bei den genetischen Abständen sind Stichprobeneffekte nicht auszuschließen. Dies ist insbesondere bei den Vorkommen BB-1, NW-3, SL-1 und TH-3 zu bedenken, die überdurchschnittlich hohe Abstände aufweisen und nur aus 9 bis 11 Individuen bestehen. Daneben fallen BY-2 und vor allem BY-3 mit hohen Abständen auf.

Der „Diversitäts-Spitzenreiter“ TH-1 zeigt eher mittlere Abstandswerte und scheint diesbezüglich den 4 ST-Vorkommen recht ähnlich, die alle untereinander recht geringe Abstände aufweisen.

Werden die Abstände nicht zwischen einzelnen Populationen berechnet, sondern zwischen einer Populationen und ihrem Komplement, d.h. einem aus allen anderen Populationen gebildeten Kollektiv, so erhält man die genetische Differenzierung D_j . Weist eine Population eine hohen D_j -Wert auf, so unterscheidet sie sich stark von der Gesamtheit aller Populationen, ist also wenig repräsentativ für das Gesamtkollektiv. Andererseits weisen repräsentative Populationen nur eine geringe Differenzierung auf. Als Vergleichsmaßstab bietet sich die durchschnittliche Differenzierung aller Populationen (Subpopulationsdifferenzierung δ) an.

Tab. 4.9.5 enthält die Differenzierungswerte D_j für alle Vorkommen und Genorte sowie für alle Genorte gemeinsam. An der Subpopulationsdifferenzierung δ erkennt man auch, dass die Beiträge der einzelnen Genorte für die durchschnittliche Differenzierung über alle Loci ähnlich stark sind. Die Einzellocus-Werte für δ variieren zwischen 0,27 und 0,35. Dies liegt an der ähnlichen Variabilität der sechs untersuchten Marker.

Eine grafische Darstellung der Differenzierung in Form eines Balkendiagramms findet sich in Abb. 4.9.3.

Tab. 4.9.5: Allelische Differenzierung D_j und Subpopulationsdifferenzierung δ für 31 Wild-Apfel-Vorkommen und 6 Genloci

Vork.	(n)	nz23g4	ch02d12	gd162	ch01h10	ch01h01	gd96	alle Loci
BB-1	9	0.2647	0.5961	0.2923	0.5749	0.5241	0.3698	0.4370
BB-2	29	0.1392	0.2218	0.2519	0.2541	0.2889	0.2309	0.2311
BB-3	49	0.3115	0.2442	0.1954	0.3878	0.3068	0.2410	0.2811
BB-4	30	0.3891	0.3409	0.3479	0.3409	0.3056	0.3497	0.3457
BW-4	27	0.3785	0.4503	0.2485	0.3009	0.4033	0.3319	0.3522
BW-5	15	0.2800	0.4321	0.4433	0.4187	0.5138	0.3638	0.4086
BY-2	15	0.3041	0.4141	0.4285	0.4295	0.5115	0.4395	0.4212
BY-3	17	0.3021	0.5890	0.4121	0.5454	0.4551	0.4232	0.4545
HE-1	24	0.3334	0.3027	0.1333	0.2674	0.4112	0.4049	0.3088
HE-2	22	0.2084	0.3267	0.2131	0.2308	0.4068	0.2073	0.2655
MV-1	24	0.1866	0.3672	0.2063	0.2780	0.3117	0.2754	0.2709
MV-3	17	0.3835	0.2844	0.3878	0.4596	0.3860	0.4569	0.3931
NI-1	20	0.2977	0.4746	0.3953	0.4525	0.4791	0.3975	0.4161
NI-2	25	0.3538	0.2914	0.3159	0.3383	0.2739	0.2180	0.2985
NI-4	27	0.1847	0.3234	0.2831	0.2307	0.3159	0.2947	0.2721
NI-5	23	0.1760	0.3303	0.2807	0.3801	0.2456	0.2672	0.2800
NW-2	11	0.3062	0.2976	0.3110	0.3874	0.4438	0.3812	0.3546
NW-3	11	0.4780	0.5104	0.2549	0.4861	0.4666	0.4041	0.4333
RP-1	15	0.2523	0.4174	0.3010	0.3464	0.4251	0.2910	0.3389
RP-2	13	0.2282	0.3099	0.3076	0.4243	0.4709	0.4112	0.3587
SH-1	10	0.3615	0.4225	0.2752	0.4290	0.3393	0.2645	0.3487
SH-2	15	0.2815	0.3282	0.3592	0.4328	0.4721	0.3908	0.3774
SL-1	10	0.5134	0.4156	0.3878	0.6294	0.4790	0.4855	0.4851
ST-1	22	0.3787	0.4040	0.3098	0.3723	0.2867	0.1574	0.3182
ST-2	22	0.1023	0.3245	0.2478	0.3016	0.2808	0.2308	0.2479
ST-3	24	0.1706	0.2397	0.2905	0.2968	0.2675	0.3225	0.2646
ST-4	17	0.2187	0.3810	0.3459	0.3239	0.2781	0.1265	0.2790
TH-1	25	0.1920	0.2973	0.2647	0.3508	0.2094	0.1823	0.2494
TH-2	13	0.2571	0.4338	0.2294	0.4015	0.2800	0.2786	0.3134
TH-3	10	0.2401	0.6500	0.3351	0.3687	0.5000	0.5477	0.4403
TH-4	30	0.2913	0.2605	0.2417	0.3199	0.3344	0.3623	0.3017
DE-1	29	0.1830	0.2543	0.1915	0.2810	0.2463	0.2432	0.2332
DE-2	15	0.1864	0.2346	0.1692	0.3313	0.3646	0.3282	0.2691
δ	665	0.2692	0.3445	0.2801	0.3543	0.3499	0.3058	0.3173

Berechnung von D_j mit Gewichtung nach Größe der Deme (Stichprobenumfang)

Anm.: Die beiden fiktiven Kollektive DE-1 und DE-2 sind in dieser Darstellung ebenfalls enthalten, obwohl sie nicht als Populationen existieren. Sie sind jedoch Teil des gesamten Genpools der Art und damit ist es angebracht, diese genetische Information bei der Berechnung der jeweiligen Komplemente zu jeder Population zu berücksichtigen. Damit in der Tabelle zu jeder Population auch alle zum Komplement beitragenden Kollektive enthalten sind, wurden DE-1 und DE-2 hier aufgenommen.

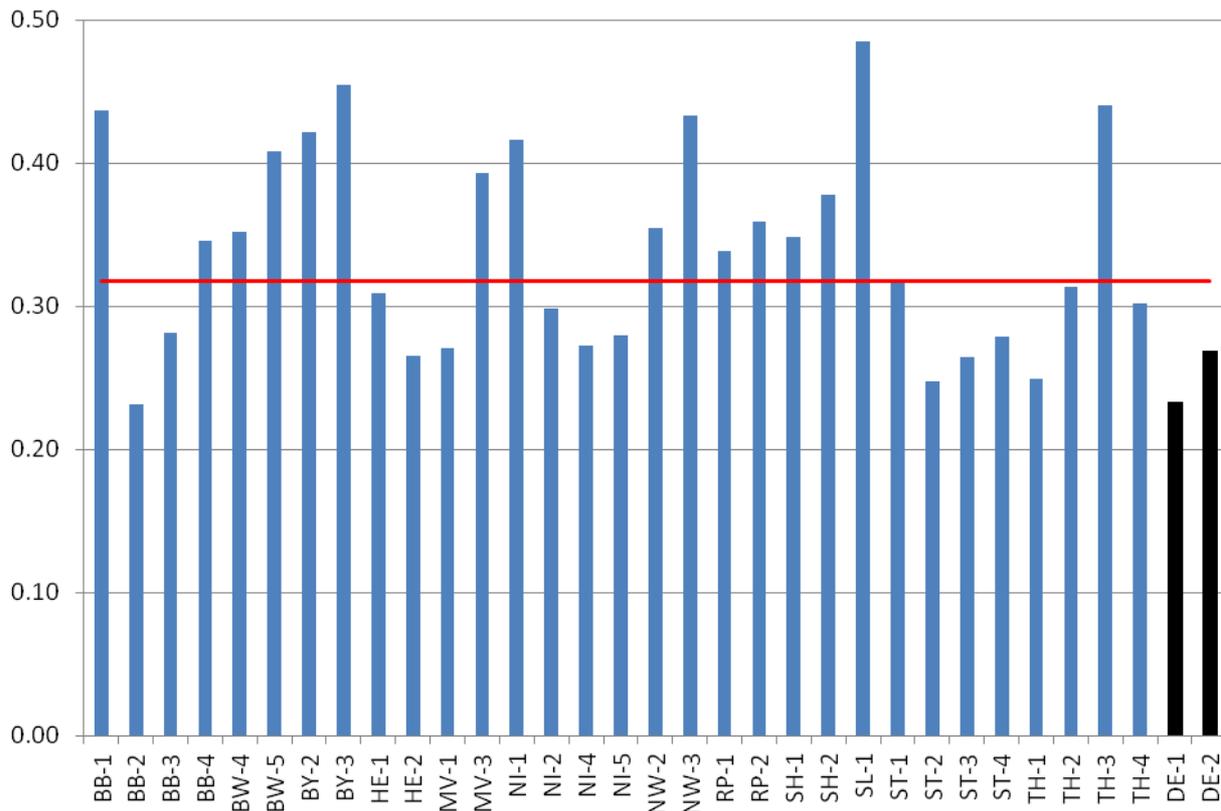


Abb. 4.9.3: Differenzierung D_j von 31 Wild-Apfelvorkommen (blaue Säulen) sowie Subpopulationsdifferenzierung $\delta = 0,3173$ (rote Linie). Die schwarz markierten Vorkommen DE-1 und DE-2 stellen nur fiktive Populationen dar, gehen aber in die Berechnung der Subpopulationsdifferenzierung mit ein.

Die Differenzierung kann auch grafisch sehr anschaulich in Form sogenannter Differenzierungsschnecken dargestellt werden. Gegenüber einem Balkendiagramm veranschaulichen sie auch das unterschiedliche Gewicht (Populations- bzw. Stichprobengröße), mit dem die Vorkommen in die Berechnung eingehen. In Abb. 4.9.4a-c sind exemplarisch die Differenzierungen der beiden Genorte mit dem niedrigsten (nz23g4) und dem höchsten (ch01h10) Beitrag zur Differenzierung sowie alle sechs Genorte gemeinsam dargestellt. Die Nummern der Populationen entsprechen denen aus Tab. 4.9.2 und 4.9.3. Der Radius jedes Segments stellt das Ausmaß der Differenzierung von allen anderen Populationen dar, der Öffnungswinkel repräsentiert die Populationsgröße (Stichprobengröße). Der blaue Kreis repräsentiert die durchschnittliche Differenzierung δ . Die Populationen sind im Uhrzeigersinn nach abnehmender Differenzierung angeordnet. Die einzelnen Abbildungen sind im gleichen Maßstab dargestellt. Aus technischen Gründen sind in diesen Darstellungen wiederum die künstlichen Kollektive DE-1 (Nr. 32) und DE-2 (Nr. 33) enthalten (vgl. hierzu die Anmerkung zu Tab. 4.9.5).

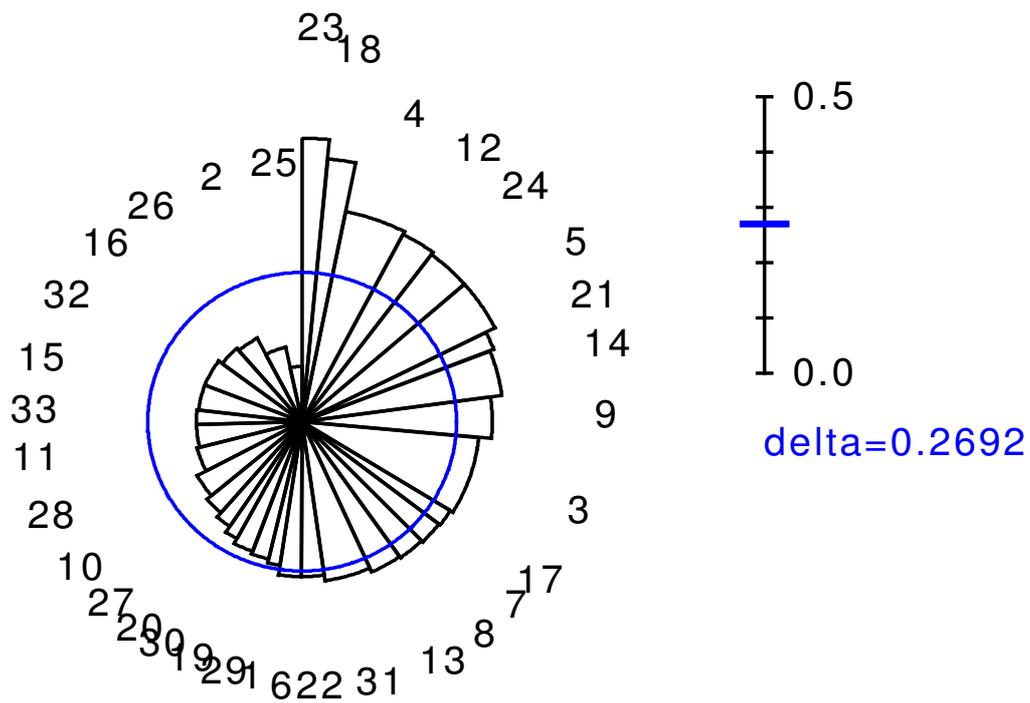


Abb. 4.9.4a: Differenzierung von 33 Kollektiven des Wild-Apfels am Genort nz23g (Subpopulationsdifferenzierung $\delta = 0,2692$)

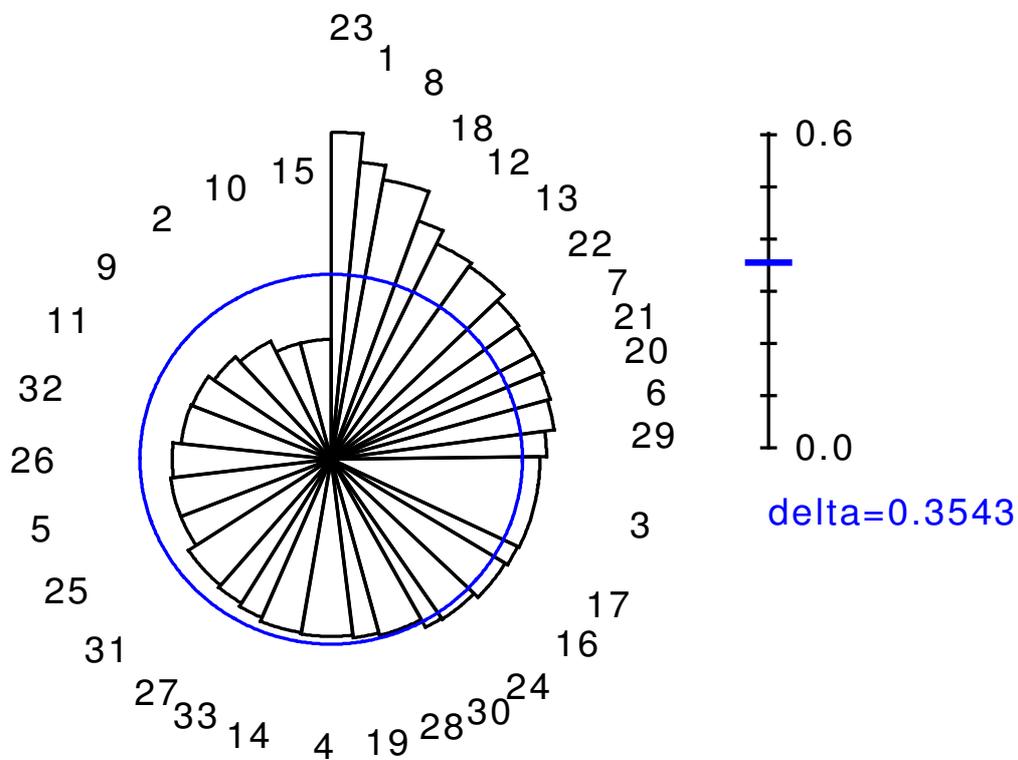


Abb. 4.9.4b: Differenzierung von 33 Kollektiven des Wild-Apfels am Genort ch10h10 (Subpopulationsdifferenzierung $\delta = 0,3543$)

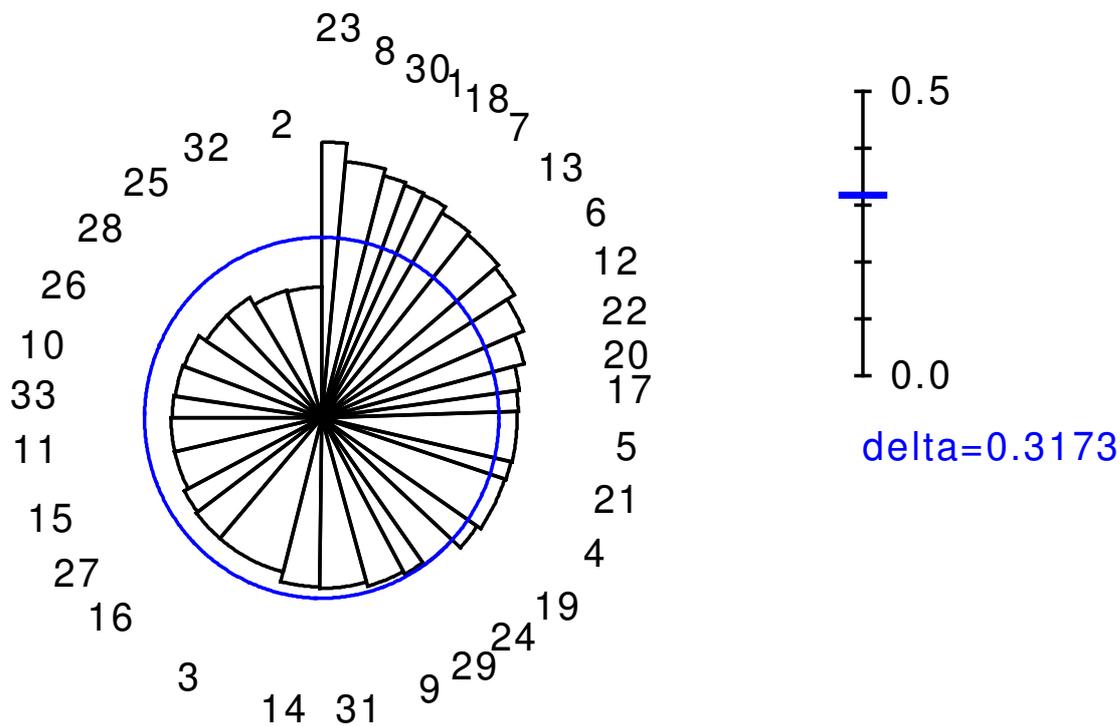


Abb. 4.9.4c: Differenzierung von 33 Kollektiven des Wild-Apfels an 6 Genorten
(Subpopulationsdifferenzierung $\delta = 0,3173$)

Am markantesten fällt hier das saarländische Vorkommen 23 (SL-1) auf, das die stärkste Differenzierung aufweist. Damit bestätigt sich der erste Eindruck aus der Abstandsmatrix, bei der SL-1 durch hohe Werte auffiel. Bei der Anzahl der Allele und den Diversitätsparametern war diese Population jedoch nicht auffällig geworden. Diese Werte lagen im mittleren Bereich. Die Besonderheiten müssen hier in abweichenden Häufigkeitsverteilungen von Allelen liegen, die sich nicht auf die Diversität auswirken. Auch Stichprobeneffekte bei dieser doch sehr kleinen Population könnten solche Effekte hervorrufen. Auch BY-3 (mit immerhin schon $n=17$) weist eine außerordentlich hohe Differenzierung auf, kaum geringer die kleinen Vorkommen TH-3, BB-1 und NW-3.

BB-2 weist die geringste Differenzierung auf, kann also das Gesamtkollektiv am besten repräsentieren. Besonders bemerkenswert, dass auch der Diversitäts-Spitzenreiter TH-1 eine sehr geringe Differenzierung aufweist und damit ebenfalls als besonders repräsentativ und damit prädestiniert für Erhaltungsvorhaben gelten kann.

Nach der Betrachtung der paarweisen Abstände und der Differenzierung vom Komplement bleibt noch die Frage nach einer hierarchischen Gliederung der Vorkommen nach genetischer Ähnlichkeit. Dazu wird aus den genetischen Abständen ein UPGMA-Dendrogramm erstellt. Es ist für alle 31 Vorkommen in Abb. 4.9.5 dargestellt.

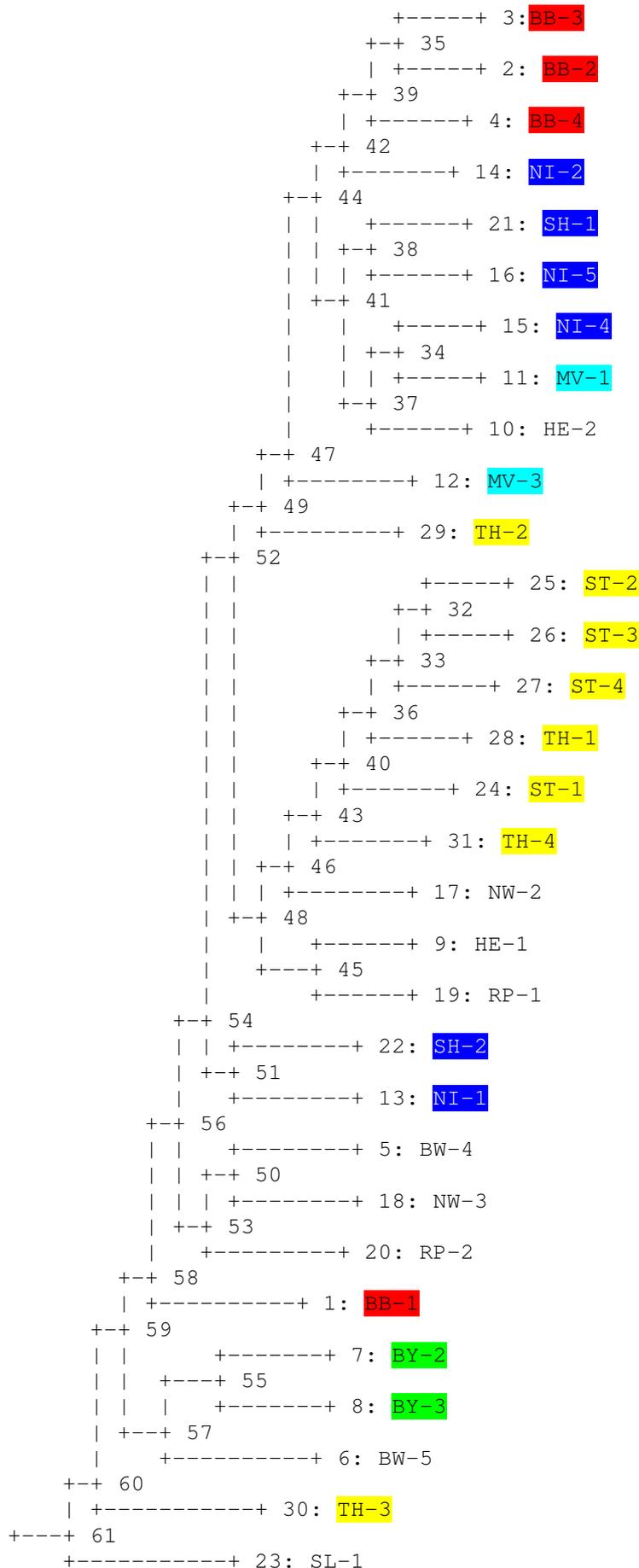


Abb. 4.9.5: Dendrogramm von 31 Vorkommen des Wild-Apfels

Auch in Abb. 4.9.5 fällt das saarländische Vorkommen als das unterschiedlichste von allen anderen Vorkommen auf. Aus dem Dendrogramm lässt sich zumindest teilweise ein Zusammenhang zwischen genetischem Abstand und geografischer Verteilung erkennen:

So bilden drei der vier BB-Vorkommen (rot) ein einheitliches Cluster ohne andere Vorkommen. Aus dem Rahmen fällt BB-1, was wiederum an der kleinen Stichprobe liegen kann.

Ein nördlicher Block wird durch fünf Vorkommen aus NI und SH (beide dunkelblau) gebildet, zu dem sich noch MV-1 gruppiert (hellblau), lediglich HE-2 taucht hier unerwartet auf.

Die beiden bayerischen Vorkommen (BY, grün) clustern direkt zusammen, wenn auch mit deutlichem genetischen Abstand voneinander. Als nächstes wird BW-5 zugeordnet, so dass hier ein südlicher 3er-Block entsteht.

BW-4 clustert erst auf sehr später Ebene mit BW-5, was möglicherweise an klimatisch-geografischen Unterschieden (Schwarzwald vs. Donautal) liegt, die sich möglicherweise stärker auswirken als die geografische Entfernung vermuten lässt. BW-4 fällt zunächst mit RP-2 und dem nicht weit entfernten NW-3 zusammen und bildet so eine südwestliche Gruppe.

Eine sehr homogene Gruppe bilden sechs Vorkommen aus ST und TH (beide gelb), nur TH-2 kommt erst auf einer späteren Aggregationsebene hinzu und vermittelt quasi zwischen dem mittleren und dem nördlichen Block. Allerdings fallen auch bei TH-2 und TH-3, das völlig aus allen Gruppierungen fällt, die geringen Stichprobenzahlen auf (13 und 10), so dass es sich hierbei um Artefakte handeln könnte.

4.9.6 Schlussfolgerungen aus den genetischen Analysen

Insgesamt zeigt die Betrachtung, dass genetisch-geografische Strukturen vorkommen, was Auswirkungen auf die Erhaltung dieser Baumart haben wird. Sie zeigt auch, dass bei der Clusterbildung tendenziell zunächst die nördlichen und erst später die südlichen Vorkommen aggregiert werden. Demnach dürfte auch die Variabilität in diese Richtung zunehmen. Diese Tendenz kann auch eine Folge der etwas ungleichen Verteilung der beprobten Vorkommen mit einer Häufung Richtung Nordosten sein, wo Vorkommen mit geringem geografischen Abstand auch tendenziell einen geringeren genetischen Abstand haben mögen.

Immer wieder besteht der Verdacht, dass geringe Stichproben Artefakte verursachen. Für eine gesamtdeutsche Betrachtung könnte die Zusammenlegung mehrerer Vorkommen zu größeren regionalen Auswertungseinheiten sinnvoll sein.

Mit den im Rahmen dieser Untersuchung gewonnenen Daten lassen sich noch weitergehende Untersuchungen anschließen: Es sollte noch intensiver ein möglicher quantitativer Zusammenhang zwischen genetischen und geografischen Abständen untersucht werden. Außerdem könnten aus der Analyse genotypischer Strukturen Hinweise auf das Paarungssystem der Vorkommen abgeleitet werden. Bei den größeren Vorkommen könnten räumlich-genetische Strukturen innerhalb der Vorkommen untersucht werden. Die hohe Auflösung der genetischen Marker lässt insbesondere im Zusammenhang der Kenntnis räumlicher Verteilungen innerhalb von Populationen eine Abschätzung über das Ausmaß vegetativer Vermehrung (Stockausschläge, Wurzelbrut) zu.

5 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Die im Rahmen des Projektes erfolgten Untersuchungen bieten erstmalig einen gesamtdeutschen Überblick der genetischen Ressourcen der Baumart Wild-Apfel, welche nach einheitlichen Methoden erfasst und bewertet wurden. Im Vordergrund der Untersuchung stand neben der zahlenmäßigen und flächenmäßigen Erfassung der Populationen vor allem die Bewertung ihrer Vitalität und Altersstruktur sowie des Verjüngungspotentials, um daraus Maßnahmen aus populations- und erhaltungsbiologischer Sicht abzuleiten. Die Erfassung von Eigentumsart und Schutzstatus ermöglicht zudem eine bessere Einschätzung der „Machbarkeit“ künftiger Generhaltungsmaßnahmen.

Die genetischen Analysen bieten in Hinblick auf die Einstufung der Wildnähe der Vorkommen sowie die genetische Variation innerhalb der Populationen und untereinander eine Grundlage zur Bewertung nach den Kriterien Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit.

Die Ergebnisse sind Grundlage für folgende Verwertungsaufgaben:

1. Gefährdungsabschätzung der Vorkommen und Bestimmung der Erhaltungsdringlichkeit,
2. Planung von sinnvollen und erfolgsorientierten *In-situ*- und *Ex-situ*-Maßnahmen zur Erhaltung und Mehrung der Baumart,
3. Planung eines repräsentativen, bundesweiten genetischen Monitorings für wenige Populationen,
4. Nutzung der erarbeiteten Methoden (Kartieranleitung, Recherchequellen, Datenbank, Auswerteroutinen) sowie der entwickelten Informationsnetzwerke (Behörden, Institutionen, Hochschulen, NGO's) für weitere Erfassungsprojekte für andere seltene oder gefährdete Gehölzarten,
5. Ableitung des Forschungsbedarfs für die Erhaltung der Baumart.

5.1 Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit

Bevor die vorliegenden Ergebnisse für die Planung und Durchführung von Generhaltungsmaßnahmen genutzt werden können, müssen die Ziele und Grundsätze der Generhaltung kurz reflektiert werden.

Im Unterschied zu vegetationskundlichen Erhebungen, z. B. zur Artenerfassung und Biotopkartierung, sind die Kartierungen zur Generhaltung nicht auf die reine Erfassung von Vorkommen ausgerichtet. Nicht jedes *Vorkommen* einer Art erfüllt die Anforderungen an die Kategorie einer *genetischen Ressource*. Im Übereinkommen über die biologische Vielfalt (ÜBV) werden „*genetische Ressourcen*“ als „*genetisches Material von tatsächlichem oder potenziellem Wert*“ definiert. Es muss folglich ein „*Wert*“ quantifizierbar sein, für den es *wert* ist, mehr oder weniger kostenintensive Erhaltungsmaßnahmen durchzuführen (vgl. hierzu GREGORIUS und DEGEN 2007). Eine genetische Ressource muss folglich genetisch überdauern können, d. h. sie ist konsequenterweise an (natürlich oder künstlich) vermehrungsfähige Populationen gebunden. Die aktuelle oder künftige Reproduktionsgemeinschaft ist demzufolge der eigentliche Erhaltungsgegenstand.

Soll eine bestimmte genetische Ressource erhalten werden (die Zustimmung des Waldeigentümers vorausgesetzt), wird sie zum *Generhaltungsobjekt*. In einigen Bundesländern werden derartige Generhaltungsobjekte in den Forsteinrichtungswerken mit entsprechenden Waldfunktionen versehen und sind z. B. Teil der Zertifizierungskriterien für eine nachhaltige Waldbewirtschaftung. Dabei ist es zunächst unerheblich, ob derartige Generhaltungsobjekte nur in Datenbanken erfasst, beobachtet, aktiv bewirtschaftet, genetisch untersucht, *In-situ* verjüngt oder durch aufwendige *Ex-situ*-Maßnahmen erhalten werden.

Ein ausgewiesenes Generhaltungsobjekt ist damit *per se* erhaltungswürdig, d. h. langfristig muss die Überlebensfähigkeit gesichert sein. Für diejenigen, die mit der Erhaltung genetischer Ressourcen beauftragt sind, wird sich immer die Frage stellen, ob bzw. mit welchem Aufwand eine Population auch erhaltungsfähig ist. Die Überlebensfähigkeit ist abhängig von der Größe, Abundanz, Altersstruktur, Vitalität, Reproduktion und genetischen Variabilität der Population. Für die Ausweisung von Generhaltungsobjekten sind die Bundesländer bzw. die von ihnen beauftragten Forstlichen Versuchsanstalten zuständig. Es war daher nicht Ziel des Projektes, Generhaltungsobjekte vorzuschlagen – dennoch können aus Bundessicht prädestinierte Regionen bzw. Vorkommen empfohlen werden.

Zur Bewertung der Erhaltungsfähigkeit von Vorkommen wurden die drei Parameter Abundanz, durchschnittliche Vitalität und die Altersstrukturqualität in Zusammenhang gestellt (Abb. 5.1.1).

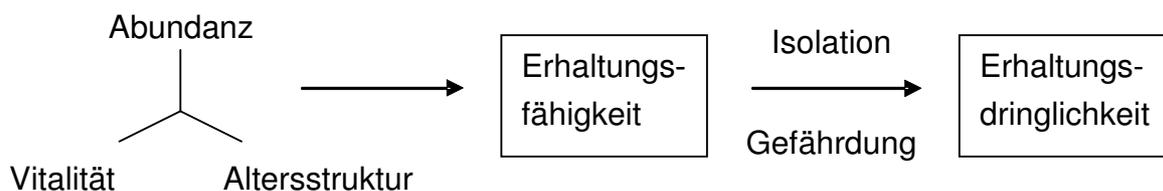


Abb. 5.1.1: Bewertungsparameter zur Auswahl des Grades der Erhaltungsfähigkeit sowie Erhaltungsdringlichkeit

Der Grad der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit kann zunächst abstrakt aus der Datenanalyse erfolgen, wie sie bereits im Kapitel 3.6.9 erläutert wurde. Wenn einer der drei Parameter die gesetzten Anforderungen (Grenzwerte) nicht erfüllt, wurden die Vorkommen nicht als *erhaltungsfähig* eingestuft, da die Erhaltung dieser Ressourcen nicht oder nur mit hohem Aufwand gewährleistet werden kann. Aus Sicht der Bundesländer können die Anforderungen geändert und andere Prioritäten gesetzt werden, z. B. die aufwändige Erhaltung eines einmaligen aber wenig vitalen und individuenarmen Vorkommens. Die Erhaltung genetischer Ressourcen sollte jedoch auch an der Effizienz sowie dem Erhaltungsaufwand und dem Nutzen gemessen werden. Diese Entscheidungen müssen dann aufgrund der regionalen Bedingungen die vor Ort zuständigen Versuchsanstalten treffen.

Da das bundesweite Konzept zur Erhaltung forstgenetische Ressourcen die Erhaltung „*In-situ*“ präferiert, sind nur Populationen geeignet, die über eine ausreichende Individuenanzahl, eine gute Vitalität und eine gute Altersstruktur möglichst mit Verjüngung verfügen. Entsprechend dieser Kriterien erfolgte die Bewertung der Erhaltungsfähigkeit.

Abbildung 5.1.2 zeigt die „*In-situ*-Erhaltungsfähigkeit“ der Vorkommen des Wild-Apfels. Lediglich fünf Vorkommen wurden den Stufen „sehr gut“ (1) / „gut“ (2) zugeordnet. 15

Vorkommen wurden als „geschwächt“ (3) eingestuft. Der Großteil der Vorkommen (200) befindet sich in einem bedrohten (4) Zustand. In der Klasse „absterbend“ (5) finden sich mehr Vorkommen (27) als in den Klassen „sehr gut“, „gut“ und „geschwächt“ zusammen (20).

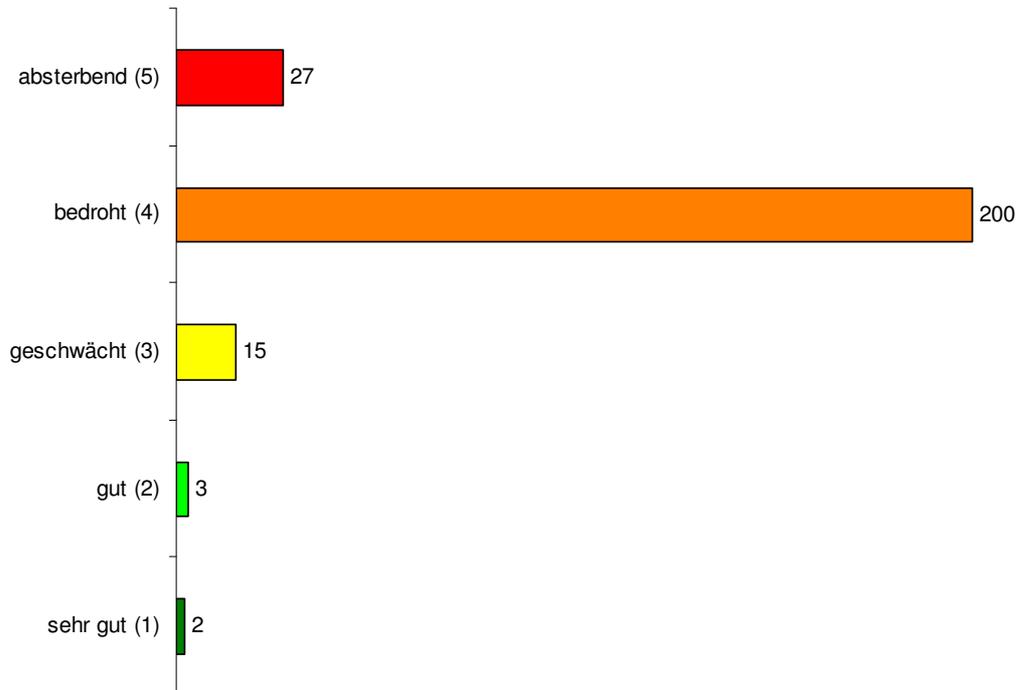


Abb. 5.1.2: Stufen der „*In-situ*-Erhaltungsfähigkeit“ mit der Anzahl der Vorkommen des Wild-Apfels im Bundesgebiet

Abbildung 5.1.3 zeigt die Anteile der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen des Wild-Apfels in den Bundesländern. Die Vorkommen mit der Prognose „sehr gut“ / „gut“ befinden sich in Hessen und Sachsen-Anhalt. Mit Ausnahme von Brandenburg, Baden-Württemberg, Rheinland-Pfalz und Sachsen befinden sich in den übrigen Bundesländern alle Vorkommen in den Stufen „bedroht“ (4) und „absterbend“ (5).

In Abbildung 5.1.4 ist die Lage der Vorkommen des Wild-Apfels klassifiziert nach dem Grad der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit dargestellt. Bis auf ein Vorkommen in Hessen am Rhein liegen alle Vorkommen mit den Stufen „sehr gut“ / „gut“ in Sachsen-Anhalt im Bereich der Elbe und an der südöstlichen Grenze zu Sachsen. In den Bundesländern Rheinland-Pfalz und Sachsen-Anhalt befinden sich zudem die meisten Vorkommen mit dem Status „geschwächt“. In Mecklenburg-Vorpommern sind auffallend viele Vorkommen mit dem Status „absterbend“ vorhanden. In den übrigen Bundesländern dominieren Vorkommen mit dem Status „bedroht“.

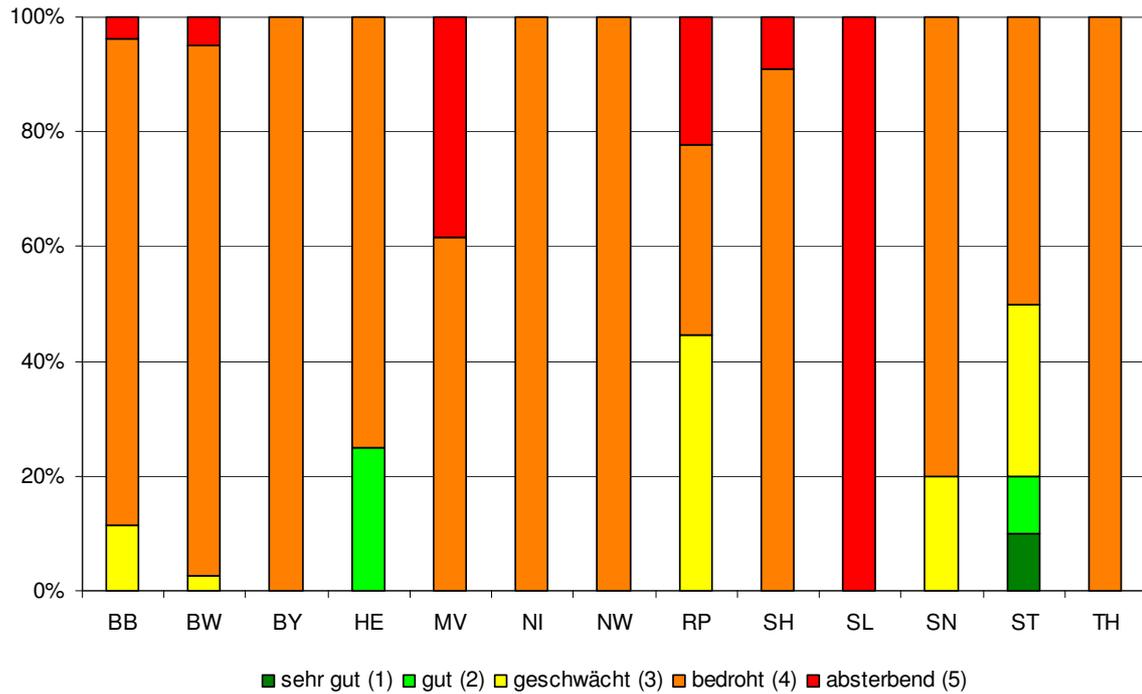
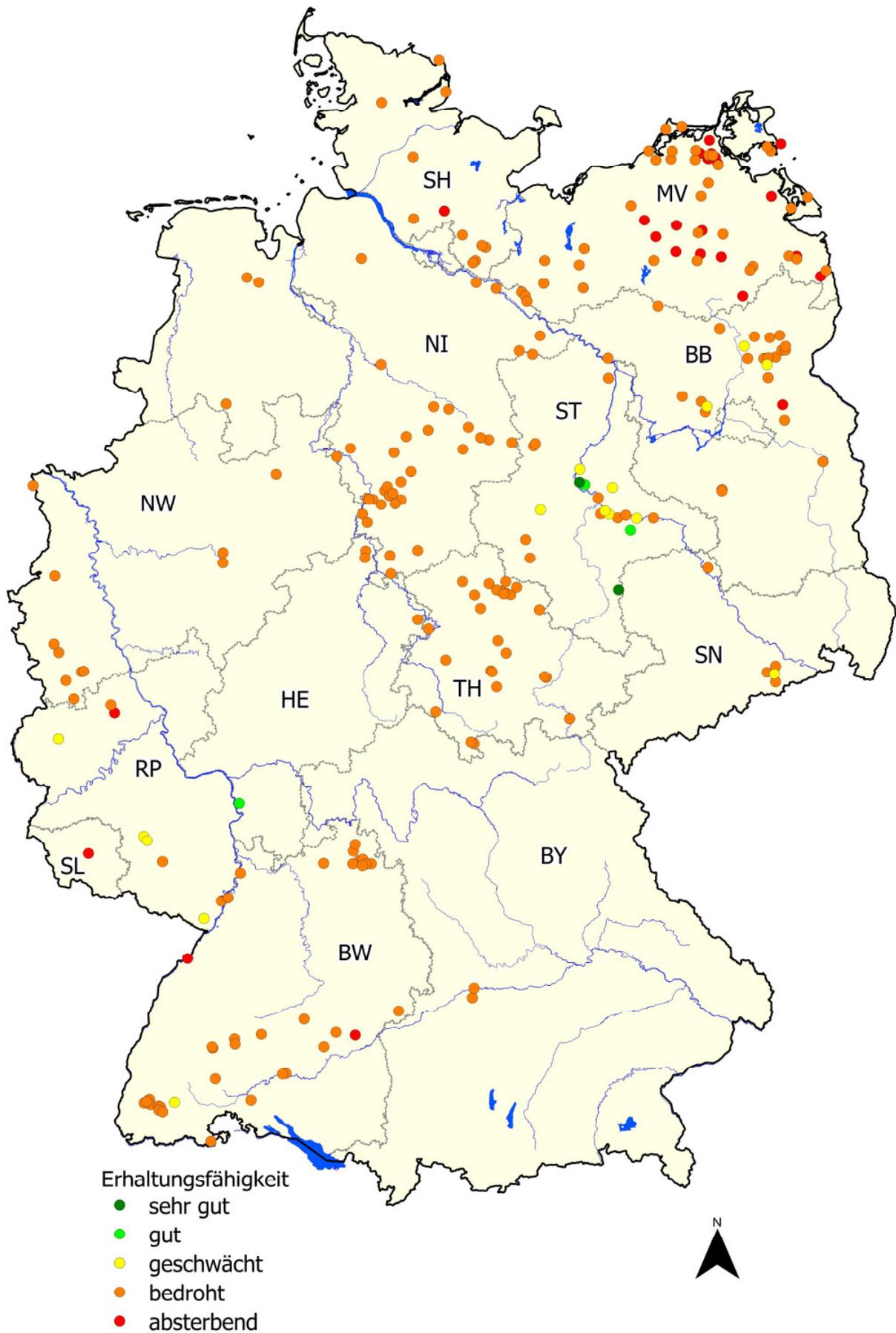


Abb. 5.1.3: *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen des Wild-Apfels in den Bundesländern

Abb. 5.1.4: Wild-Apfel-Vorkommen klassifiziert nach dem Grad der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit

Die vorangegangenen Ausführungen und Abbildungen machen deutlich, dass in Deutschland nur noch sehr wenige in sich erhaltungsfähige Vorkommen des Wild-Apfels vorhanden sind. Für diese Vorkommen ist dringend anzuraten, sie auch durch die zuständigen Institutionen in den Bundesländern als erhaltungsdringliche Genobjekte anzuerkennen. Erhaltungsdringliche Genobjekte sind per Definition von einem besonders hohen Gefährdungsgrad betroffen. Ihr Verlust führt unweigerlich zur genetischen Isolation von zusammenhängenden Populationen durch das Verschwinden von „Trittsteinen“. Ob diese erhaltungsdringlichen Genobjekte auch auf „administrativer Ebene“ als solche behandelt werden können, hängt von verschiedenen zu berücksichtigenden Faktoren ab:

- Ressourcen (finanzielle und personelle),
- Eigentumsverhältnisse der Flächen,
- bereits vorhandener Schutzstatus,
- Abwägung naturschutzfachlicher und wirtschaftlicher Ziele.

Die „Generhaltung“ hat grundsätzlich das Ziel, große, vitale und genetisch vielfältige Populationen zu erhalten oder diese aus kleineren zu erschaffen. Unbedingt zu vermeiden ist die Isolation von bedeutenden Vorkommen und eine damit einhergehende „genetische Verarmung“. Bevor aufwendige *Ex-situ*-Maßnahmen geplant werden, sollte der Grad der Isolation vorher bestimmt werden. Zwei mögliche Szenarien stehen als Erhaltungsmaßnahmen zur Verfügung:

1. Erhöhung der Individuenzahl innerhalb von bereits existenten überalterten Populationen mit fehlender Naturverjüngung, so dass eigenständige große Populationen mit mehreren Baumgenerationen entstehen.
2. Anlage von *Ex-situ*-Populationen zwischen vorhandenen kleineren Vorkommen, um langfristig einen Genaustausch über Biotopverbünde zu größeren Metapopulationen zu ermöglichen.

Für beide Strategien ist es wichtig, die „Genzentren“ des Wild-Apfels in Deutschland länderübergreifend zu erkennen. Die Abbildungen 5.1.5 bis 5.1.7 zeigen derartige Verbreitungsschwerpunkte des Wild-Apfels in Deutschland, basierend auf der räumlichen Dichte der Vorkommen. Anhand der Darstellung der *Kerneldichte* mittels GIS werden einerseits die Zentren von genetischen Ressourcen des Wild-Apfels und andererseits isolierte Vorkommen erkennbar. Die Darstellung der Kerneldichte der Populationen kann mit und ohne Berücksichtigung der Individuenzahl erfolgen sowie unter Berücksichtigung der Individuenanzahl pro Hektar („Dichte der Vorkommen“).

Diese Darstellungen sind für die Analyse der Erhaltungsdringlichkeit und die Planung künftiger Generhaltungsflächen sinnvoll. In Abbildung 5.1.5 ist die Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl der Vorkommen gezeigt. Hier werden Populationen insbesondere mit hoher Baumzahl, aber auch enger Nachbarschaft hervorgehoben. Tabelle 5.1.1 fasst die für den Wild-Apfel ausgewiesenen Vorkommensschwerpunkte (Genzentren) zusammen.

Insgesamt lassen sich fünf Schwerpunktregionen mit jeweils ein bis vier Teilbereichen bilden. Die mit Abstand herausstechendste Schwerpunktregion des Wild-Apfels bildet dabei der Bereich 3a im Gebiet der mittleren Elbe (vgl. Abb. 5.1.5). Weitere Schwerpunktregionen sind das Küstengebiet in Mecklenburg-Vorpommern (1a und 1b), die Region Uckermark-Barnim

in Brandenburg (2a), das Osterzgebirge in Sachsen (4a) sowie die Region Heilbronn-Franken (5b) und der Schwarzwald in Baden-Württemberg (5c).

Tab. 5.1.1: Großflächig zusammenhängende Populationen (Genzentren) des Wild-Apfels

Genzentrum	Bezeichnung des Genzentrums	Teilbereich	Bezeichnung des Teilbereichs
1	Küstenregion Mecklenburg-Vorpommern	1a	Ostsee
		1b	Rügen
2	Nordbrandenburg	2a	Uckermark-Barnim
		2b	Havelland
3	Mitteldeutschland	3a	Mittlere Elbe
		3b	Solling, Nordhessen
		3c	Saale-Unstrut
		3d	Nord-Thüringen
4	Sachsen	4a	Osterzgebirge
5	Südwestdeutschland	5a	Oberrhein
		5b	Franken
		5c	Schwarzwald

Ohne Berücksichtigung der Baumzahl grenzen sich Regionen mit Schwerpunktorkommen des Wild-Apfels nicht so deutlich ab wie mit Berücksichtigung der Baumzahl (Abb. 5.1.6). Die zuvor unter Berücksichtigung der Baumzahl gebildeten fünf Genzentren lösen sich dabei in neun kleinere Schwerpunktregionen auf (Tab. 5.1.2). Die Kernregionen bleiben dabei jedoch erhalten und zeigen keine Veränderung.

Unter Berücksichtigung der Individuenanzahl pro Fläche des Genobjektes stechen deutlich einzelne Vorkommen heraus (Abb. 5.1.7). Hier kann nun nicht mehr von Genzentren gesprochen werden, sondern eher von „Verdichtungsräumen“. Tabelle 5.1.3 stellt die sieben „Verdichtungsräume“ des Wild-Apfels zusammen.

Tab. 5.1.2: Genzentren des Wild-Apfels ohne Berücksichtigung der Baumzahl

Genzentrum	Bundesland	Bezeichnung des Genzentrums
1	Mecklenburg-Vorpommern	Küstenregion MV
2	Brandenburg	Uckermark-Barnim
3	Sachsen-Anhalt	Mittlere Elbe
4	Niedersachsen	Solling
5	Thüringen	Nord-Thüringen
6	Sachsen	Osterzgebirge
7	Baden-Württemberg	Franken
8	Baden-Württemberg Rheinland-Pfalz	Oberrhein
9	Baden-Württemberg	Schwarzwald

Tab. 5.1.3: Verdichtungsräume des Wild-Apfels mit hoher Individuenanzahl pro Fläche

Verdichtungsraum	Bundesland	Bezeichnung des Verdichtungsraumes
1	Mecklenburg-Vorpommern	Küstenregion MV
2	Mecklenburg-Vorpommern	Mecklenburgische Seenplatte
3	Brandenburg	Fläming
4	Thüringen	Nord-Thüringen
5	Nordrhein-Westfalen	Niederrhein
6	Nordrhein-Westfalen	Eifel
7	Baden-Württemberg	Franken

Aus einem Vergleich der Abbildungen 5.1.5 bis 5.1.7 werden der Handlungsbedarf und die Erhaltungsdringlichkeit ersichtlich.

In den Abbildungen werden gleichfalls die isolierten Vorkommen in Teilen von Niedersachsen, Schleswig-Holstein, Bayern, Nordrhein-Westfalen, Saarland und Süd-Brandenburg deutlich. Isolierte Populationen sind hier Vorkommen, die nicht in die genannten Genzentren fallen (vgl. Abb. 5.1.5). Sie sind erhaltungsdringlich, wenn sie einen guten Grad der Erhaltungsfähigkeit aufweisen. Mit welcher Intensität diese Vorkommen verjüngt und erhalten werden, muss in der Verantwortung der Bundesländer entschieden werden.

Aus bundesdeutscher Sicht sind

- langfristig die fünf Zentren mit ihren Hauptpopulationen zu sichern,
- mittelfristig die Lücken zwischen isolierten Populationen über Biotop- und Populationsverbünde auf standörtlich geeigneten Flächen soweit zu schließen, dass ein Genaustausch (wieder) möglich wird.

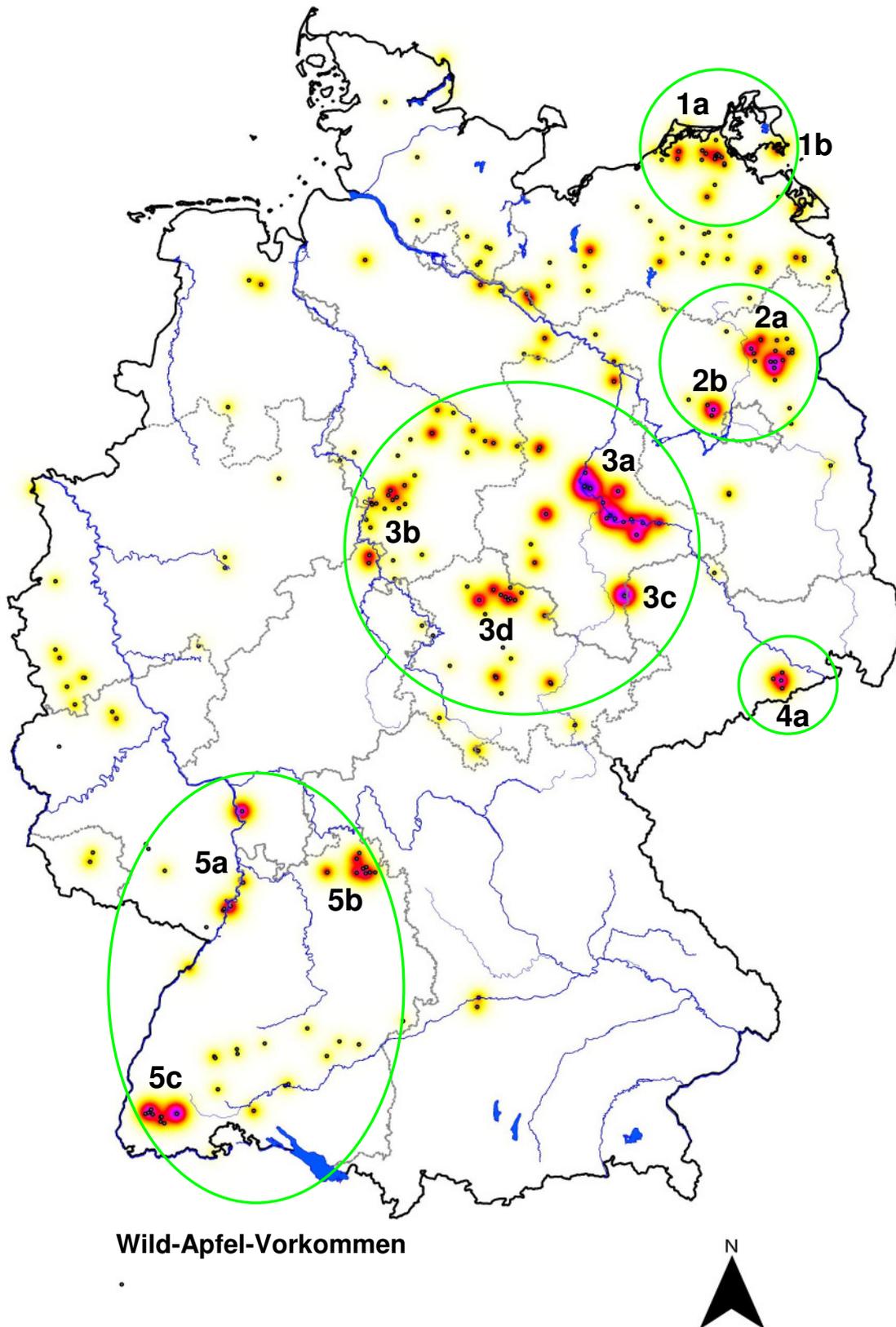
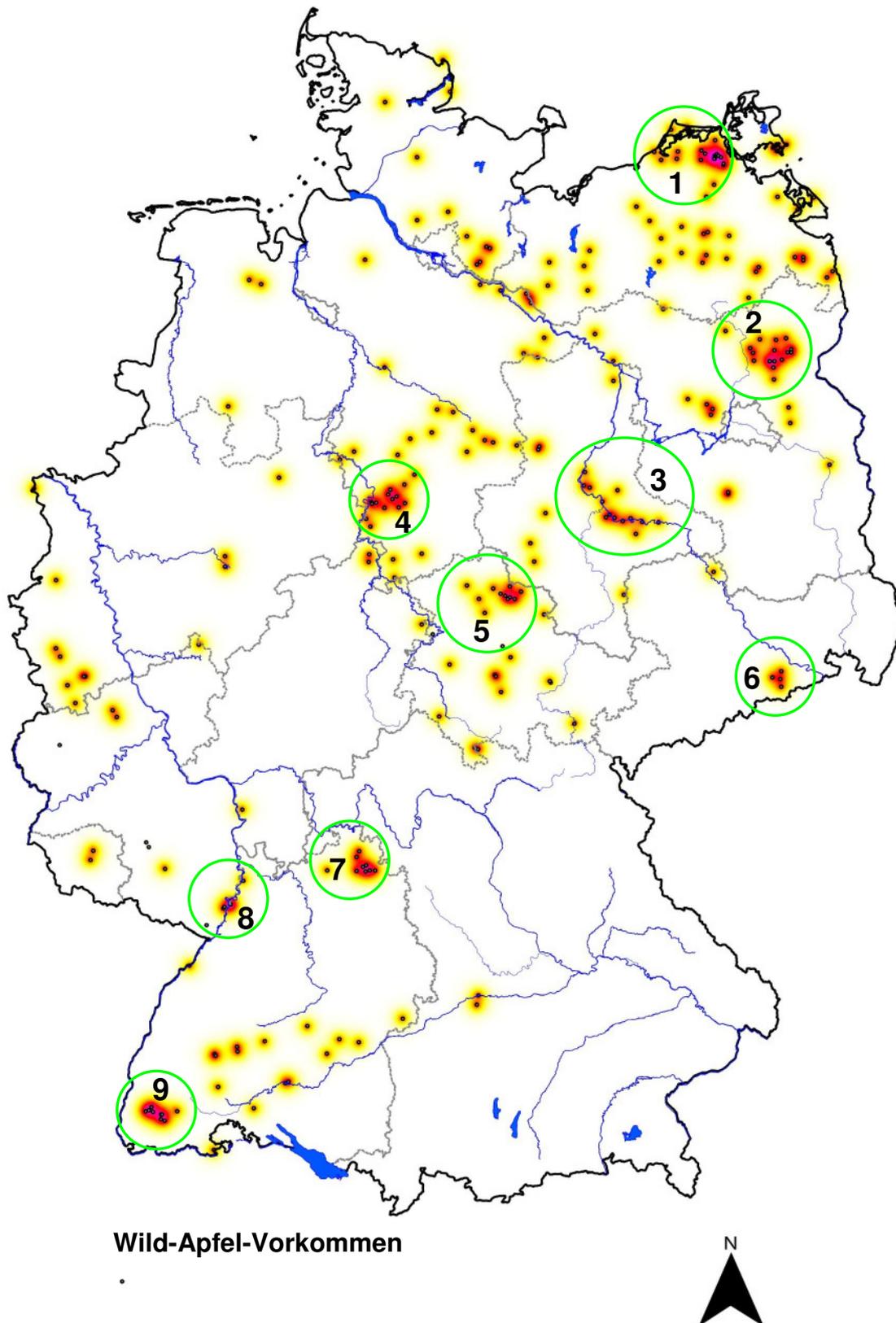


Abb. 5.1.5: Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl (ohne *Ex-situ*-Bestände) mit gekennzeichneten Genzentren



Wild-Apfel-Vorkommen

Abb. 5.1.6: Darstellung der Kerneldichte ohne Berücksichtigung der Baumzahl (ohne *Ex-situ*-Bestände) mit gekennzeichneten Genzentren

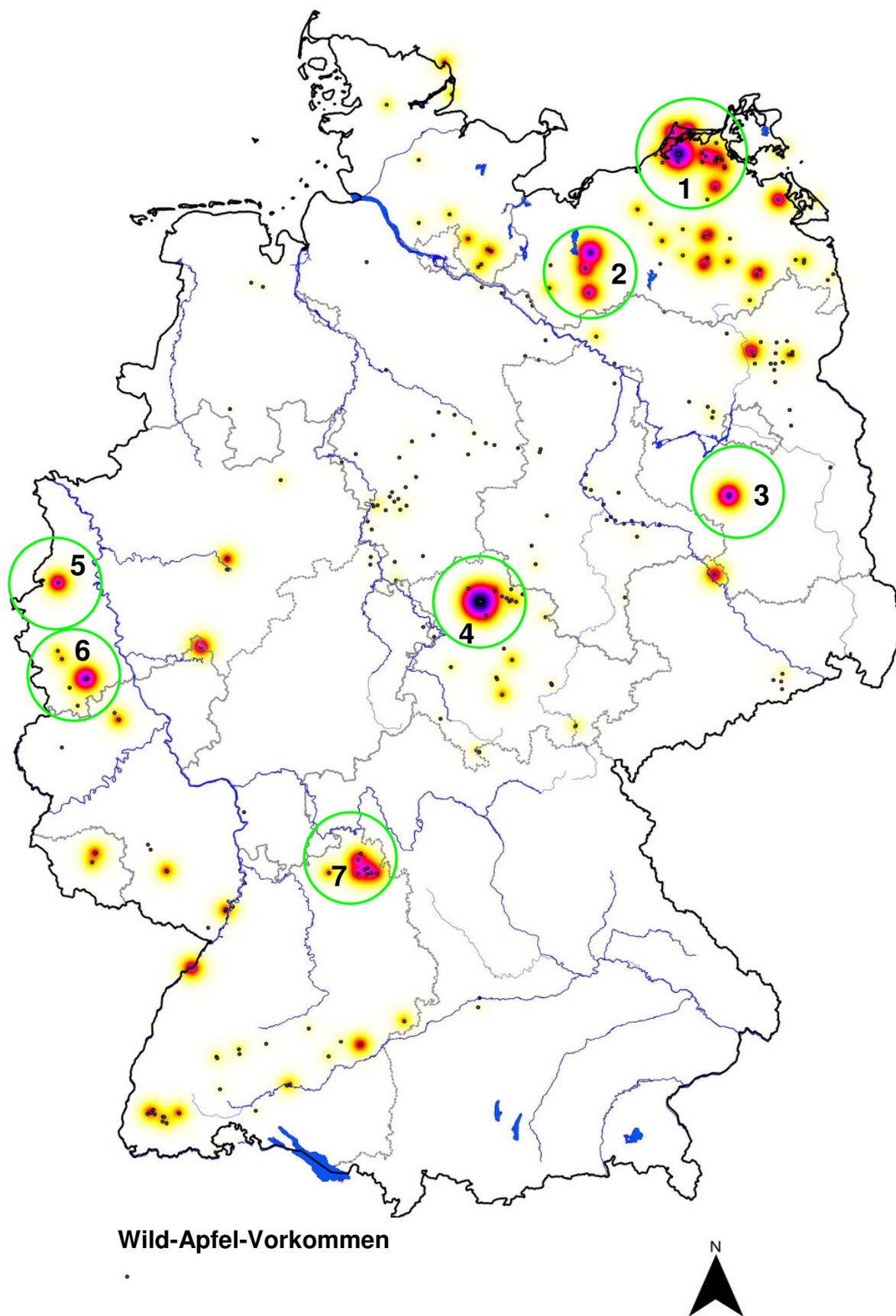


Abb. 5.1.7: Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl pro Hektar Genobjektfläche (ohne *Ex-situ*-Bestände) mit gekennzeichneten Verdichtungsräumen

5.2 Empfehlungen von Monitoringmaßnahmen

Im Kapitel 5.1 wurden die Schwerpunkte künftiger Generhaltungsmaßnahmen ausgewiesen. Angesichts des hohen Gefährdungsgrades des Wild-Apfels müssen Generhaltungsmaßnahmen von Monitoringmaßnahmen zum Vitalitätszustand und zur Funktionsweise des Genetischen Systems begleitet werden. Dies ist insbesondere von Bedeutung, da der Wild-Apfel im Rasternetz der Forstlichen Umweltkontrolle (Level 1) nicht vorkommt, Vitalitätsverluste somit kaum bemerkt werden und Zeitreihen nicht existieren.

Zur Überwachung des genetischen Systems wurde im Auftrag der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen“ ein Konzept zum Genetischen Monitoring entwickelt. Ein entsprechender Handlungsleitfaden zur Umsetzung des Konzeptes wurde erarbeitet und im Herbst 2007 veröffentlicht. Die bisherigen Studien und Umsetzungsaktivitäten konzentrieren sich allerdings auf die Rot-Buche und die Vogel-Kirsche.

Die Entwicklung eines Monitoringprogramms, das auf mindestens ein bis zwei Flächen pro Genzentrum (vgl. Abb. 5.1.5) durchgeführt wird, ist dringend zu empfehlen. Obwohl der Wild-Apfel regelmäßig fruktifiziert, stellt sich kaum natürliche Verjüngung ein. Hier sollte gezielt nach den Ursachen geforscht und ggf. die Verjüngung durch geeignete Maßnahmen gefördert werden. Ein Unterbleiben würde unweigerlich zu einer weiteren Überalterung der Bestände führen, welche mit Verlusten und voranschreitender genetischer Verarmung einhergehen würde.

5.3 Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung

Die Erfassung des Wild-Apfels im Rahmen des Projektes ermöglicht zum ersten Mal einen Gesamtüberblick über die genetischen Ressourcen der Baumart in Deutschland. Erfassungsprojekte, die wie hier mit einheitlichen Methoden und nach abgestimmten Kriterien durchgeführt werden, erlauben eine weitaus sicherere Bewertung des Gefährdungspotenzials als Kartierarbeiten in kleineren Einheiten (z. B. Bundesländer, Schutzgebiete). Handlungsempfehlungen für effiziente Erhaltungsarbeiten erreichen somit eine neue Qualität, die auch für europaweite Erhaltungsstrategien dringend erforderlich sind.

Es ist daher zu empfehlen, auf der Grundlage der vorhandenen Erfahrungen derartige Erhebungen auch auf andere europäische Länder zu übertragen und in einen Kontext zum gesamten Verbreitungsgebiet des Wild-Apfels zu stellen.

Kartierarbeiten in Folgeprojekten sollten unbedingt wieder über zwei Vegetationsperioden ausgedehnt werden. Dabei sollten nicht nur alle Bundesländer/Versuchsanstalten als Projektpartner einbezogen werden, sondern auch Naturschutzorganisationen und Vereine. Andere Erhebungen, wie z. B. die Biotopkartierung, die Bundeswaldinventur oder vegetationskundliche Erhebungen, erwiesen sich als wenig brauchbar, wenn die Erhaltungsfähigkeit und die Erhaltungsdringlichkeit von Populationen seltener Arten bewertet werden sollen. Angesichts des Aufwandes von Freilandkartierungen ist dies bedauerlich. Eine Berücksichtigung populationsbiologischer Parameter z. B. in der Biotopkartierung hätte die Recherche nach Verdachtsflächen wesentlich erleichtert. Gleichzeitig zeigte sich die Notwendigkeit, spezielle Kartierungen wie in diesem Projekt durchzuführen. Das im Rahmen des Projektes entwickelte Methodenspektrum zur Erfassung, Auswertung und Datenhaltung ist mit geringfügigen Änderungen auch für weitere Gehölzarten zu verwenden.

Im konkreten Fall des Wild-Apfels war zunächst die große Anzahl der nachgewiesenen Vorkommen und Individuen überraschend. Nur sehr wenige Populationen sind allerdings *In-situ* erhaltungsfähig und langfristig überlebensfähig. Erhaltungsmaßnahmen - im Wesentlichen einzuleitende künstliche Verjüngungen - sind, wie im Kap. 5.1 beschrieben, dringend geboten und sollten sich (soweit mit Bundesmitteln finanziert) auf die ausgewiesenen fünf Genzentren konzentrieren. Hierfür müssen notwendige finanzielle Mittel akquiriert werden.

Es liegen bis heute keine langfristigen Untersuchungen zur Vermehrung des Wild-Apfels unter *In-situ*-Bedingungen vor. Daher sollten einige wenige Monitoringplots ausgewählt und in einem speziellen Monitoring, das Parameter des forstlichen und des genetischen Monitorings integriert, die Überlebensfähigkeit der Populationen in ihrer zeitlichen Dynamik erfasst werden.

Die Erhaltung des Wild-Apfels ist grundsätzlich an geeignete Standorte geknüpft. Bevorzugt werden Auwälder, lichte Waldbestände, Waldränder und Feldgehölze. Generhaltungsmaßnahmen werden nur dann langfristig erfolgreich sein, wenn sie auf optimalen Standorten durchgeführt werden. Maßnahmen des Naturschutzes und der Generhaltung müssen künftig besser aufeinander abgestimmt werden. Die Potenziale von entsprechenden Lebensraumtypen in FFH-Gebieten bieten hier bisher ungenutzte Möglichkeiten. Durch Flurbereinigung und Waldumbau schwindet der Lebensraum des Wild-Apfels kontinuierlich.

Der Wild-Apfel keimt nur, wenn das Kerngehäuse entfernt wird. Eine mehrmonatige Ruhe im Exkrement wirkt zusätzlich keimungsfördernd. Angesichts dieser Tatsache ist der Wild-Apfel auf die Verbreitung durch Säugetiere und Vögel angewiesen. Überhöhte Wildbestände sorgen aber zugleich dafür, dass die Verjüngung kaum eine Überlebenschance hat. Reine Zäunungsmaßnahmen wären aufgrund der Vermehrungsbiologie des Wild-Apfels nicht zielführend. Empfohlen werden angepasste Jagdstrategien für die fünf Genzentren. Ein gezieltes Einbringen von („echten“) Wild-Äpfeln in Feldgehölze und die Verwendung als Strassenbegleitgrün sollten angestrebt und finanziell gefördert werden.

Bezüglich der Überlebensfähigkeit des Wild-Apfels bestehen einige Kenntnislücken, die weiterer Untersuchungen bedürfen. Dies betrifft insbesondere die natürliche Verjüngung der Baumart. Bundesweit fehlen Bäume jüngeren Alters. Selbst unter scheinbar optimalen Standortbedingungen (Rohboden, Feuchtigkeit, fehlende Konkurrenzvegetation) bleibt die Naturverjüngung aus ungeklärten Gründen aus.

Unter genetischen Gesichtspunkten sind die derzeit verwendeten Marker hinreichend erprobt worden. Wünschenswert wäre eine Methode, die in der Lage ist, nicht nur zwischen Wildform und Kulturform zu unterscheiden, sondern eine noch stärkere Bewertung bezüglich des Grades der Wildnähe von Einzelindividuen vorzunehmen.

Schwerpunktmäßig sollten in den ausgewiesenen Genzentren Bestände zur Gewinnung von Vermehrungsgut ausgewiesen und anerkannt werden. Besonders zu berücksichtigen sind dabei Fragen der genetischen Qualität des Ausgangsmaterials (bestätigte Wildform, genetische Variation innerhalb der Vorkommen), um Klonfamilien und interspezifische Introgression auszuschließen. Zusätzlich könnten von diesen Ausgangspopulationen

Klonarchive und Mutterquartiere angelegt werden, um entsprechende Erhaltungsmaßnahmen nach den zwei dargestellten Strategien durchführen zu können. Die Entwicklung effizienter Vermehrungsstrategien ist grundsätzlich zu empfehlen. Dabei zu beachten ist, dass eine generative Vermehrung immer die Gefahr der Verunreinigung durch Kulturformen birgt. Empfohlen wird eine vegetative Vermehrung von genetisch überprüften Altbäumen.

Der Wild-Apfel wird 2013 Baum des Jahres sein und dementsprechend eine hohe mediale Präsenz erfahren. Diese sollte genutzt werden, um umfassend über die Gefährdung und Seltenheit dieser Baumart zu informieren und Projekte zum langfristigen Erhalt zu initiieren.

6 Zusammenfassung

Der Wild-Apfel (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) ist in seinem Bestand bundesweit als gefährdete Baumart einzustufen. Die Gründe für seine Seltenheit und Gefährdung liegen zum einen in seiner Konkurrenzschwäche gegenüber forstlichen Wirtschaftsbaumarten, durch die er – auch wegen mangelnder waldbaulicher Förderung – aus genutzten Wäldern auf Randlagen und Extremstandorte verdrängt wird. Daraus resultiert unter anderem eine häufig geringe Vitalität auf Einzelbaum- und Populationsebene. Eine zweite Bedrohung ist die genetische Vermischung mit Kulturäpfeln, die im Zuge der generativen Vermehrung auftreten kann. Schließlich tragen auch der Verlust geeigneter Habitats (Feldgehölze, lichte Waldränder, Auengebiete) und die geringe Größe der Vorkommen zur Seltenheit des Wild-Apfels bei.

Eine von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung in Auftrag gegebene Erfassung und Charakterisierung zehn seltener Baumarten hat zum Ziel erstmals bundesweit nach einheitlichem Standard Informationen zur Lage, Populationsgröße, Vitalitätszustand und zur Altersstruktur von Wild-Apfel-Vorkommen sowie über deren genetische Diversität zu erlangen. Die erfassten Vorkommen sollten dokumentiert, hinsichtlich ihrer *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit bewertet und kartographisch dargestellt werden. Auf dieser Grundlage waren Empfehlungen zur räumlichen Ausrichtung und inhaltlichen Umsetzung von Maßnahmen zur Erhaltung und langfristigen Sicherung genetischer Ressourcen dieser Baumart zu formulieren.

Zur Umsetzung dieser Zielstellung wurden mit leichten Anpassungen die Kartieranleitung, Datenbank und Auswerteroutinen verwendet, die bereits in vorangegangenen Projekten zum Beispiel zur Erfassung von Ulmenarten und der Schwarzpappel entwickelt worden waren. Die Projektdurchführung erfolgte in drei Phasen. In der ersten Bearbeitungsphase wurde nach möglichen Vorkommen in verschiedenen Quellen der forstlichen Versuchsanstalten, Forstbetriebe, Naturschutzbehörden, Botanischen Vereine, der Bundeswaldinventur, Betriebsinventuren, Biotopkartierungen, Bundesforsten, Forstsaatgutstellen sowie bei Privatwaldbesitzern recherchiert. Am ergiebigsten erwiesen sich dabei die Rückmeldungen aus den Forstbetrieben und den Forstlichen Versuchsanstalten. In der zweiten Projektphase schloss sich die bundesweite Vor-Ort-Erfassung der identifizierten Vorkommen nach einheitlichen phänotypischen Kriterien an. Neben den räumlichen Lageparametern wurden auch die Anzahl der Bäume, die Durchmesserstruktur, die Begründungsart und die Vitalität erfasst und in die Datenbank übertragen. Die dritte Phase umfasste die genetische Charakterisierung ausgewählter Populationen, die Auswertung und Analyse der Daten sowie deren kartographische Darstellung. Auf Basis von Altersstruktur-Analysen wurde das Verjüngungspotenzial der Vorkommen eingeschätzt. Die Aggregation von Daten zu Populationsgröße, Vitalität und Altersstruktur mündete in die Ableitung der spezifischen *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit. Die Verbreitungsschwerpunkte (Genzentren) der Wild-Apfels in Deutschland sowie Regionen und Vorkommen mit besonderem Erhaltungsbedarf wurden mit Hilfe GIS-gestützter Kernel-Dichteanalysen herausgearbeitet. Zur genetischen Charakterisierung kamen DNA-Marker (Kernmikrosatelliten) auf Basis von Blattproben für sechs Genloci zur Anwendung. Neben der genetischen Variation innerhalb der Vorkommen und zwischen ihnen sollte damit vor allem der mögliche Einfluss von Kulturäpfeln auf das Genmaterial des Wild-Apfels geprüft werden.

Insgesamt wurden im Rahmen des Projekts bundesweit 8.325 Bäume in 251 Vorkommen als geographisch abgrenzbare, vermehrungsfähige Populationen mit mindestens fünf Individuen erfasst (einschließlich *Ex-situ*-Beständen). Bei Ausschluss der künstlichen *Ex-situ*-Bestände ergibt sich für die verbleibenden 5.641 Bäume in 244 Vorkommen eine mittlere Flächengröße je Vorkommen von rund 101 ha mit einer durchschnittlichen Individuenzahl von 23 Wild-Äpfeln. Die meisten der kartierten Wild-Apfel-Vorkommen liegen in Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen und Baden-Württemberg, nur wenige dagegen in Hessen, Bayern und im Saarland. In den Stadtstaaten konnten keine Vorkommen gefunden werden. Die größten Zahlen an Wild-Apfel-Individuen weisen Sachsen-Anhalt, Baden-Württemberg und Brandenburg auf, die Stammzahlen je Vorkommen sind am größten in Sachsen-Anhalt, Hessen und Sachsen. Dort liegen auch die flächenmäßig größten Vorkommen. Verbreitungsschwerpunkte des Wild-Apfels (ohne *Ex-situ*-Bestände) sind dementsprechend die mittlere Elbe in Sachsen-Anhalt, der Nordosten Brandenburgs, Westmecklenburg und der Küstenbereich Vorpommerns, Thüringen, Südost-Niedersachsen sowie die Region vom südlichen Schwarzwald bis auf die Schwäbische Alb. Die Wuchsgebiete mit den deutschlandweit meisten natürlich vorkommenden Wild-Äpfeln sind das „Mittlere nordostdeutsche Altmoränenland“, das „Oberrheinische Tiefland mit Rhein-Main-Ebene“ und das „Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland“. Auffällig sind relativ kleine, oft isolierte Vorkommen in größerer Zahl in Mecklenburg-Vorpommern, entlang der Donau zwischen Schwarzwald und Bayern sowie im westlichen Nordrhein-Westfalen.

Die genetische Charakterisierung erfolgte für 39 Populationen mit insgesamt 783 Probebäumen. Für 49 Bäume stellte sich eine abweichende Gattungszugehörigkeit (*Pyrus*) heraus, acht Bäume waren weder Äpfel noch Birnen. Zwölf Prozent (87 Bäume) der verbleibenden Proben wurden als Kulturäpfel eingeordnet. An den sechs untersuchten Genorten ließen sich jeweils zwischen 18 und 26 Allele nachweisen, insgesamt traten 134 verschiedene Allele auf. In acht der untersuchten Populationen wurden insgesamt 13 Allele gefunden, die nur in diesen Beständen auftreten (private Allele), in weiteren 14 Populationen waren 15 „fast private“ Allele festzustellen, die jeweils nur in zwei Vorkommen auftraten. Die Differenzierung zwischen den Vorkommen entspricht in etwa den regionalen Beziehungen. Es lassen sich Ähnlichkeiten ableiten, die den identifizierten geographischen Verbreitungsschwerpunkten entsprechen. Die relativ hohen genetischen Abstände zwischen den Populationen sind ein Hinweis auf die Isolation der Vorkommen. In einigen Fällen liegen Anhaltspunkte für klonale und Familienstrukturen vor. Die größte allelische Vielfalt zeigt ein Vorkommen aus Thüringen (Ostramondra), das auch wegen seiner hohen Repräsentativität für das Gesamtkollektiv aller Probebäume auffällt. Wegen der zum Teil niedrigen Zahl beprobter Bäume sind Stichprobeneffekte auf einzelne Ergebnisse nicht auszuschließen.

Die Einschätzung der Erhaltungsfähigkeit von Wild-Apfel-Vorkommen ergab Risiken vor allem als Folgen von Verinselung, geringer Größe und Dichte der Vorkommen, Überalterung bei zu geringer Verjüngung sowie ungenügender Vitalität. In Nordrhein-Westfalen, im Osten Baden-Württembergs, in Schleswig-Holstein, aber auch in Mecklenburg-Vorpommern sind eine Reihe von Populationen durch ihre geringe Größe und die räumliche Isolation gefährdet. Die meisten Vorkommen im Bundesmaßstab sind außerdem durch einen Überhang stärkerer, das heißt älterer Bäume geprägt, nur bei etwa 15 % aller erfassten Bäume war der

Brusthöhendurchmesser geringer als 7 cm. Bei rund 80 % der Vorkommen war keine natürliche Verjüngung zu verzeichnen. Nennenswerte Anteile von Vorkommen mit Naturverjüngung finden sich in an der Elbe in Sachsen-Anhalt, im Süden Niedersachsens sowie im Süden von Baden-Württemberg. Die Vitalität der Wild-Äpfel ist nur bei der Hälfte der Bäume als sehr gut einzustufen. 30 % der aufgenommenen Individuen fielen in die zweitbeste Vitalitätsklasse, 6 % in die Stufe „absterbend“. In der Gesamtbewertung der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit als Kombination von Abundanz, Altersstruktur und Vitalität sind 80 % aller Vorkommen als „bedroht“ klassifiziert, nur fünf von 247 Vorkommen weisen eine gute bis sehr gute Erhaltungsfähigkeit auf.

Aus bundesdeutscher Sicht sollten langfristig die mit der Analyse der Kerneldichte identifizierten Verbreitungszentren mit ihren Hauptpopulationen gesichert und mit Monitoringmaßnahmen überwacht werden. Dazu sind eine Reihe waldbaulicher Maßnahmen von der Freistellung existierender Bäume bis zur Förderung der natürlichen Verjüngung zu empfehlen. Darüber hinaus müssen mittelfristig die Lücken innerhalb der und vor allem zwischen den Populationen über Biotop-/Populationsverbünde auf standörtlich geeigneten Flächen soweit geschlossen werden, dass ein Genaustausch gewährleistet ist. Der Gefahr der Einkreuzung von Kulturapfel-Genmaterial könnte durch einen forcierten künstlichen Anbau mit geprüftem Vermehrungsgut begegnet werden. Mit welcher Intensität die als besonders erhaltungsfähig ausgewiesenen natürlichen Vorkommen verjüngt und erhalten werden, muss in der Verantwortung der Bundesländer entschieden werden. Um dies zu unterstützen, gibt der Projektbericht Empfehlungen für weitere Erhebungen, für Maßnahmen zur Erhaltung sowie zum Monitoring und zu Schwerpunkten zukünftiger Forschungsarbeiten.

7 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen

Die ursprünglich geplanten Ziele wurden vollständig erreicht. Auf Basis der zu ihrer Erfüllung nötigen Anstrengungen und der dabei gemachten Erfahrungen sollen für potenzielle Folgeprojekte einige Schlussfolgerungen zum Projektmanagement zusammengeführt werden.

In der ersten Projektphase wurden die Generhaltungsdatenbanken bei den zuständigen forstlichen Versuchsanstalten recherchiert. Die Herausgabe der Daten bereitete teilweise Schwierigkeiten. Die Daten lagen in heterogenen Strukturen vor und ihre Herausgabe wurde teilweise verzögert.

Die Datenbanken der Biotopkartierungen, Betriebsinventuren, FFH-Gebiete, Groß-Schutzgebiete, Naturwaldreservate und Bundeswaldinventuren lagen oft nicht in den forstlichen Versuchsanstalten vor, so dass in weiteren Institutionen recherchiert werden musste. Es war ein ständiger Informationsaustausch mit anderen Personen notwendig. Da die Daten kartografisch ausgewertet wurden, war die Angabe von Koordinaten bzw. die Übersendung von GIS-shapes notwendig, was oft zu einer zusätzlichen Verzögerung führte. Die Projektbearbeitung erfolgte darüber hinaus in einer Phase der bundesweiten Umstrukturierung der Forstverwaltungen mit teilweise fehlenden Zuständigkeiten. Herauszustellen sind die Umstrukturierungen in Brandenburg und Thüringen. Die damit einhergehende organisatorische Unsicherheit und die zusätzlichen Belastungen der örtlichen Bewirtschafter reduzierten die Möglichkeiten und zum Teil auch den Willen zur optimalen Zusammenarbeit.

In der zweiten Projektphase erfolgte die Kartierung der Vorkommen bundesweit mit zuvor geschulten Kartierern der Landesversuchsanstalten und privaten Kartierbüros auf Auftragsbasis. Die in den Vorgängerprojekten zur Schwarz-Pappel und den Ulmen-Arten geforderte Ausdehnung der Kartierungen auf zwei Vegetationsperioden konnte realisiert werden und erwies sich als sehr zweckdienlich.

Nachmeldungen von Genobjekten und Fehler in der Datenbank verursachten in der Phase der Auswertung zum Teil Verzögerungen.

Um die Ergebnisse des Gesamtprojektes und auch der Vorgängerprojekte länderübergreifend weiter zu nutzen, wäre es sinnvoll, die gewonnenen Daten an zentraler Stelle zu bündeln und deren Aktualisierung und Erweiterung sicherzustellen.

Für die Zukunft wäre es empfehlenswert, die bestehende Access-Datenbank in eine Web-basierte und online verfügbare Version zu überführen. Eine von Personal und Ort unabhängige Nutzung durch einen breiten Personenkreis wäre wünschenswert.

8 Literaturverzeichnis

- BORNMANN, L., & WALTMAN, L. (2011): The detection of "hot regions" in the geography of science: A visualization approach by using density maps. arXiv:1102.3862
- EDWARDS, J. (2012): Simple UPGMA clustering. <http://bioware.soton.ac.uk/upgma.html>
- GIANFRANCESCHI, L., SEGLIAS, N., TARCHINI, R., KOMJANC, M., GESSLER, C. (1998): Simple sequence repeats for the genetic analysis of apple. *Theor. Appl. Genet.* 96, 1069-1076
- GILLET, E.M. (2010): GSED – "Genetic Structures from Electrophoresis Data". <http://www.uni-goettingen.de/de/95607.html>
- GREGORIUS, H.-R. (1978): The concept of genetic diversity and its formal relationship to heterozygosity and genetic distance. *Math. Biosciences* 41: 253-271
- GREGORIUS, H.-R. (1987): The relationship between the concepts of genetic diversity and differentiation. *Theor. Appl. Genet.* 74: 397-401
- GREGORIUS, H.-R.; DEGEN, B. (2007): Monitoring genetischer Ressourcen – Prinzipien und Methoden. In: Begemann, F.; Schröder, S.; Wenkel, K.-O.; Weigel, H.-J. (Hrsg.) (2007): Monitoring und Indikatoren der Agrobiodiversität. Tagungsband, Schriftenreihe des Informations- und Koordinationszentrums für Biologische Vielfalt, Bd. 27, Bonn, 39-65.
- GUILFORD, P., PRAKASH, S., ZHU J.M., RIKKERINK, E., GARDINER, S., BASSETT, H., FORSTER, R. (1997): Microsatellites in *Malus x domestica* (apple): abundance, polymorphism and cultivar identification. *Theor. Appl. Genet.* 94, 249-254
- HOKANSON, S.C., LAMBOY, W.F., SZEWC-MCFADDEN A.K., MCFERSON, J.R. (2001): Microsatellite (SSR) variation in a collection of *Malus* (apple) species and hybrids. *Euphytica* 118, 281-294
- KLEINSCHMIT, J., HOSIUS, B., LEINEMAN, L. (2011): Gefährdung von Wildapfelsamenplantagen durch Genfluss (Risk of gene flow in wild apple seed orchards). *Forstarchiv* 83, 19-25
- PEAKALL, R., SMOUSE, P.E. (2006): GenAEx 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Notes* 6, 288-295
- QUANTUM GIS DEVELOPMENT TEAM (2012): GNU General Public License. <http://qgis.osgeo.org>
- ROLOFF, A. (2001): Baumkronen – Verständnis und praktische Bedeutung eines komplexen Naturphänomens. Verlag E. Ulmer, Stuttgart, 164 S.
- WAGNER, I. (2005): *Malus sylvestris* (L.) MILL., 1768. In: Enzyklopädie der Holzgewächse, 42. Erg.Lfg. 12/05

weiterführende Literatur:

- BÜTTNER, R. (1995): Einheimische genetische Ressourcen des Wildobstes. Beispiel: *Malus sylvestris*. In: Begemann, F.; Vogel, R. (Hrsg.): In-situ Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen in der Bundesrepublik Deutschland am natürlichen Standort und on farm. *Schriften Genet. Ressourcen* 2, 224-227
- FELLENBERG, U. (2001): Beurteilung von Wildobst – Voraussetzung für geeignetes Vermehrungsgut zur Erhaltung von Waldgenressourcen. *Forst u. Holz* 56, 50-54.
- GLOWALLA, K.-G. (2003): Morphologische, phänologische und biochemisch-genetische Untersuchungen an zwei Populationen von *Malus sylvestris* (L.) MILL. im Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin. Dipl.-Arbeit FH Eberswalde, FB Forstwirtschaft
- HEYDER, J. (1996): Wildapfel und Wildbirne in Wäldern erhalten. In: *Landwirtschaftliches*

- Wochenblatt Westfalen-Lippe. - 153 (1996) 46, S. 42-43 : Ill.
- HEYMANN, P.; DAUTZENBERG, H. (1988): Wildapfel und Wildbirne. Erhaltungs- und Vermehrungsmöglichkeiten beim heimischen Wildobst. Forst und Holz, Nr. 19, 483-486
- KÄTZEL, R. (2002): Erhaltung forstlicher Genressourcen als Beitrag zur Sicherung der biologischen Vielfalt im Land Brandenburg. Beitr. f. Forstwirtschaft und Landschaftsökologie 36 (2), 61-64.
- KÄTZEL, R.; SCHNECK, D. MÜLLER, K. (1999): Arbeitsrichtlinie zur Erfassung und Sicherung forstlicher Genressourcen im Land Brandenburg. Potsdam und Eberswalde, 30 S.
- KÜHN, R. (1996): Holzapfel und Holzbirne - zwei vergessene Baumarten. Baum-Zeitung 50-73
- KÜHN, R. (1996): Holzapfel und Holzbirne – wie man sie erkennt, sucht, schützt und vermehrt. Heft Nr. 3 des Bundes-Naturschutz Alb-Neckar, Reutlingen
- LOOS, G.H. (1992): Hybriden bei Wildbirnen und Wildäpfeln. Floristische Rundbriefe Nr. 26, 1, 45-47
- LUCKE, R. (1989): Wilde Birn- und Apfelbäume für die Landespflege. Obst und Garten, Nr. 10
- PAUL, M., HINRICHS, T., JANßEN, A., SCHMITT, H.P., SOPPA, B., STEPHAN, B.R., DÖRFLINGER, H., ARENHÖVEL, W., FRANKE, A., KÄTZEL, R., KLEINSCHMIT, J., MUHS, H.-J., NATZKE, E., RUETZ, W., SCHILLING, W., TABEL, U. (2000): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (Neufassung), 2000, 66 S.
- REMMY, K. (1990): Untersuchungen zur Verbreitung und Morphologie des Wildapfels (*Malus sylvestris* (L.) Mill.). Dipl.-Arbeit, Forstl. Fak. Univ. Göttingen
- SÄCHSISCHE LANDESANSTALT FÜR FORSTEN GRAUPA (1995): Erhaltung und Förderung forstlicher Genressourcen. Schriftenreihe, Heft 3, 36 S.
- STEPHAN, B.R.; WAGNER, I; KLEINSCHMIT, J. (2003): EUFORGEN Technical Guidelines for genetic conservation and use of wild apple and pear (*Malus sylvestris* and *Pyrus pyraeaster*). Intern. Plant Genetik Res. Inst. Rome, Italy
- TABEL, U.; MAURER, W.D.; REMMY, K. (2000): Wildapfel und Wildbirne – Taxation der „Wildformnähe“ in Klonsamenplantagen. AFZ/Der Wald 55, 16-17
- WAGNER, I. (1995): Identifikation von Wildapfel (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) und Wildbirne (*Pyrus pyraeaster* L. Burgsd.). Forstarchiv 66, Nr. 2, S. 39-47
- WAGNER, I. (1996): Zusammenstellung morphologischer Merkmale und ihrer Ausprägungen zur Unterscheidung von Wild- und Kulturformen des Apfel- und des Birnbaumes. Mitt. DDG Nr. 82, Ulmer Verlag, S. 87-108
- WAGNER, I. (1998): Artenschutz beim Wildapfel. Forst und Holz, Nr. 2
- WAGNER, I. (2011): Bestimmen von Kulturferne beim Wildobst – Beispiel *Malus sylvestris* (L.) Mill. Mitt. Forsch. Anst. Waldökologie & Forstw. Rheinland-Pfalz 69, 187-194

Weblinks:

- <http://www.baum-des-jahres.de>
<http://www.baum-des-jahres.de/index.php?id=564&L=0>
<http://www.blag-fgr.genres.de>
<http://www.ble.de>
<http://www.bmelv.de>
<http://www.euforgen.org>

<http://www.floraweb.de>

<http://www.holzäppel.de>

<http://www.wald-in-not.de/download13/wildapfel.pdf>

<http://www.wildapfel.info>

9 Anhang

1	Kartieranleitung.....	104
2	Anlagen Kartieranleitung.....	112
3	Tab. A1 bis A6: Allelverteilung an sechs Genorten des Wild-Apfels.....	115
4	Abb. A1 bis A6: Allelische Strukturen von 665 Wild-Äpfeln an 6 Genorten.....	121
5	Abb. A7 bis A13: Allelische Strukturen von 33 Wild-Apfel-Kollektiven an 6 Genorten.....	123

Kartieranleitung

zur

Erfassung und Dokumentation von forstgenetischen Ressourcen

Stand: 11.02.2010

Herausgeber: Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde

Kartierung forstgenetischer Ressourcen

Ziel der Kartierung ist die Erfassung forstgenetischer Ressourcen in der Bundesrepublik Deutschland und die Evaluierung nach den Aspekten „Erhaltungswürdigkeit“, „Erhaltungsfähigkeit“ und „Erhaltungsdringlichkeit“. Die hier vorliegende Kartieranleitung bildet dafür die Grundlage.

Definition „Genobjekt“

Zum Zwecke der Generhaltung werden die Vorkommen von gesuchten Gehölzarten nach den hier vorgegebenen Kriterien erfasst, bewertet und dokumentiert. Ein nach der Kartieranleitung aufgenommenes Vorkommen einer der betreffenden Gehölzarten wird nachfolgend als „Genobjekt“ bezeichnet.

Abgrenzung eines Genobjektes

Im Rahmen dieser Kartierung soll das Hauptaugenmerk auf dem Vorkommen von Populationen liegen, Einzelbäume werden nicht erfasst. Die zahlenmäßige Untergrenze der zu erfassenden Trupps liegt bei 5 Individuen, wobei mehrere Stämme auf einer Wurzel als ein Individuum gelten. Vorkommen mit einer Baumzahl weniger als 5 Individuen werden mittels des Erfassungsbogens erfasst, separat als Papierform abgeheftet und dem Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde übermittelt. Jedoch wird diese Erfassung nicht in die Datenbank eingetragen.

Ein Genobjekt besteht aus einer der genannten Baumarten, kommen z.B. mehrere Gehölzarten im räumlichen Zusammenhang vor, wird jede Art als eigenständiges Genobjekt kartiert.

Ein Genobjekt grenzt sich vom nächsten Genobjekt der gleichen Art durch einen Mindestabstand der Individuen von mindestens 1000 m ab.

Wird ein Genobjekt durch die Grenze eines Bundeslandes geteilt, so werden zwei nach Bundesländern getrennte Genobjekte ausgeschieden und entsprechend kartiert. Weitere Grenzen wie z.B. Schutzgebiets- oder Gemeinde- bzw. Forstamtsgrenzen führen nicht zur weiteren Aufgliederung eines Genobjektes.

Erfassung der Parameter

Die Angabe der einzelnen Parameter erfolgt auf dem Erfassungsbogen „Genetische Ressourcen“. Dieser ist Bestandteil der vorliegenden Kartieranleitung. Wenn nicht ausdrücklich angegeben, ist das Ausfüllen der Parameter auf dem Erfassungsbogen obligatorisch.

Für die spätere Bearbeitung der erfassten Daten werden diese in eine Datenbank eingegeben. Die Auslieferung der Datenbank an die Kartiertrupps erfolgt mit Übergabe der Kartierunterlagen. In der Datenbank finden sich für das jeweilige Bundesland spezifische Schlüssellisten, so z.B. für die Landkreise oder die Forstbehörden. Bei Bedarf können die Schlüssellisten über eine Bericht-Funktion ausgedruckt werden. Zu finden sind die Listen in der Datenbank im Menu „Dokumentation und Hinweise zur Dateneingabe“.

Die Listen sind nicht Bestandteil der Kartieranleitung. Bei der anschließenden Beschreibung der Parameter wird auf existierende Schlüssellisten hingewiesen.

Aufnahmetrupp

Hier wird dokumentiert, welche beauftragten Personen die Kartierung durchgeführt haben. In der Datenbank erfolgt zusätzlich eine Verschlüsselung nach Bundesland und Aufnahmetrupp.

Datum

Datum der Felddatenerhebung des Genobjektes durch den Aufnahmetrupp. Findet keine Erhebung der Daten vor Ort statt, ist das Datum aus den Alt-Unterlagen zu übernehmen.

Bundesland

Im Feld „Bundesland“ erfolgt die Eintragung des entsprechenden Bundeslandes mit seiner zweistelligen Kennziffer. Die Kennziffer wird aus Tabelle 1 entnommen:

Tabelle 1: Kennziffern der Bundesländer

Bundesland	Kennziffer
Baden-Württemberg	BW
Bayern	BY
Berlin	BE
Brandenburg	BB
Hansestadt Bremen	HB
Hansestadt Hamburg	HH
Hessen	HE
Mecklenburg-Vorpommern	MV

Bundesland	Kennziffer
Niedersachsen	NI
Nordrhein-Westfalen	NW
Rheinland-Pfalz	RP
Saarland	SL
Sachsen	SN
Sachsen-Anhalt	ST
Schleswig-Holstein	SH
Thüringen	TH

Laufende Nummer des Genobjektes

Die Genobjekte werden pro Bundesland und Gehölzart durchlaufend nummeriert. Auf dem Erfassungsbogen wird die laufende Nummer rechtsbündig eingetragen. Es sind maximal 9999 Genobjekte pro Bundesland einzutragen. Nehmen unterschiedliche Kartiertrupps in einem Bundesland dieselbe Gehölzart auf, wird durch die Datenbank ein Nummernrahmen vorgegeben.

Artbezeichnung/ Artdetermination

Die kartierte Art ist auf dem Erfassungsbogen einzutragen (Kurzschlüssel). Zur Bestimmung der Arten ist einschlägige Literatur heranzuziehen, siehe dazu den Anhang. Weiterhin wird angekreuzt, ob die Artbestimmung vor Ort erfolgte. Wird hier „nein“ angekreuzt, so wurden bestehende Angaben übernommen.

Etabliertes Generhaltungsobjekt

Im Rahmen der Kartierung soll dokumentiert werden, ob das entsprechende Vorkommen bereits aus einer Generhaltungsmaßnahme hervorgegangen ist. Damit ermöglicht die Kartierung gleichzeitig eine Kontrolle vorangegangener Maßnahmen. Zur Auswahl stehen die Optionen „In-situ“, „Ex-situ“ oder kein altes Genobjekt („nein“).

Koordinaten

Die Angabe der Koordinaten eines Genobjektes bezieht sich auf den Punkt mit der größten Individuendichte eines Vorkommens. Die Koordinaten dienen dem Wiederauffinden kartierter

Genobjekte, ihrer kartenmäßigen Darstellung und dem Herleiten weiterer Parameter. Auf Ihre Erfassung ist daher besonderer Wert zu legen.

Die Angabe erfolgt grundsätzlich in der UTM- Abbildung mit Angabe der Zone, des Ost- und des Nordwertes. Als Kartenbezugssystem ist das Datum WGS84 (Referenzellipsoid GRS80) zu wählen. Werden die Koordinaten von älteren Kartenwerken abgegriffen, ist die Angabe in der Gauß-Krüger- Abbildung mit Angabe des Streifens, des Rechts- und des Hochwertes zulässig (Potsdam-Datum, Referenzellipsoid Bessel 1841).

Am GPS-Empfänger sind die entsprechenden Einstellungen vorzunehmen. In der Abbildung 1 sind diese beispielhaft dargestellt.

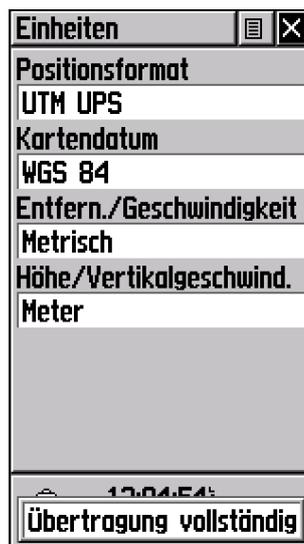


Abbildung 1.: Einstellungen des GPS-Empfängers, hier Garmin eTrex-Reihe im UTM Format

Falls Koordinaten bereits in anderen Bezugssystemen vorliegen, sind diese umzurechnen. Weiterhin ist anzugeben, wie die Koordinaten ermittelt wurden. Zur Auswahl stehen die Optionen „GPS“, „aus Karte entnommen“ oder „aus Unterlagen übernommen“.

Zur Erläuterung der Erhebung der Koordinaten steht ein optionales Bemerkungsfeld zur Verfügung.

Forstbehörde

Die Angabe der für das Genobjekt zuständigen Forstbehörde erfolgt mittels Auswahl aus der für das jeweilige Bundesland hinterlegten Liste in der Datenbank. Die Adressen der Forstbehörden sind in der Datenbank hinterlegt und brauchen nicht gesondert erfasst zu werden.

Reviername/ Reviernummer

Die Angaben zu Reviername und Reviernummer sind obligatorisch. Sie sollen später dazu dienen, bei der zuständigen Forstbehörde schneller einen Ansprechpartner zu ermitteln. Bei mehreren betroffenen Revieren ist das Revier mit dem größten Flächenanteil am Genobjekt zu nennen. Sollte ein Revier in der aktuellen Datenbank nicht hinterlegt sein, steht ein freies Textfeld für den Reviernamen zur Verfügung.

Landkreis/ Gemeinde

Falls bekannt, sollte hier eine entsprechende Eintragung erfolgen. Ansonsten werden die Eintragungen mittels Verschneidung der erhobenen Koordinaten des Genobjektes und der entsprechenden Geometrie des Parameters rechnerisch ermittelt. Bei Bedarf kann eine Schlüsselliste für das jeweilige Bundesland als Bericht ausgedruckt werden.

Bundeswuchsgebiet/ Bundeswuchsbezirk

Die Angabe des Bundeswuchsgebietes erfolgt anhand der Karte und Tabelle im Anhang dieser Kartieranleitung, es genügt die Angabe der zweistelligen Schlüsselnummer. Der Bundeswuchsbezirk wird rechnerisch über die Koordinaten hergeleitet.

Eigentumsart

Die Signierung der Eigentumsart erfolgt durch Ankreuzen. Bei mehreren Eigentumsarten ist die flächenmäßig überwiegende anzugeben.

Angaben zum Genobjekt

Gesamtfläche

In diesem Feld wird die absolute (nicht reduzierte) Fläche des Genobjektes mit einer Genauigkeit von 0,1 Hektar angegeben. Weiterhin muss die Art der Flächenermittlung durch Ankreuzen der entsprechenden Parameter dokumentiert werden.

Anzahl

Hier wird die Gesamtanzahl der Individuen eingetragen, abgestorbene Bäume werden hierbei nicht berücksichtigt. Wie bei der Flächenangabe muss auch hier die Art der Ermittlung des Parameters angekreuzt werden.

Isoenzym-/ DNA-Untersuchungen

Hier sollte angegeben werden, ob bereits früher Isoenzym- oder DNA- Untersuchungen durchgeführt wurden. Die untersuchende Stelle kann im Beschreibungsfeld weiter unten auf dem Erfassungsbogen genannt werden.

Der Kartierer kann ein genetisch noch nicht untersuchtes Genobjekt zur Untersuchung vorschlagen, indem er den Parameter „zur Untersuchung vorgeschlagen“ ankreuzt. Gründe hierfür können z.B. Zweifel hinsichtlich der Artreinheit sein.

Bestandesbeschreibung

Die Bestandesbeschreibung dokumentiert die demografische Struktur des Vorkommens auf der Grundlage der Durchmesserstruktur (BHD). Dabei ist für jede der drei Durchmesserklassen zu unterscheiden, wie die Teilpopulation entstanden ist (Natur- oder Kunstverjüngung, unbekannt). Neben der Durchmesserstruktur (kleiner 7 cm) soll ebenfalls der flächige Anteil der Verjüngung an der Gesamtfläche geschätzt werden und die prozentualen Anteile für die Höhenstufen kleiner bzw. größer 1,5 m erfasst werden. Diese Differenzierung dient zur Bewertung der potenziellen Überlebensfähigkeit der Verjüngung.

Durchmesserstruktur

Zur Beurteilung der Bestandesstruktur eines Genobjektes wird für drei Durchmesserstufen der prozentuale Anteil am gesamten Genobjekt angegeben. Zu beachten ist, dass die Eintragungen in der Spalte in der Summe 100 % ergeben müssen. Zur Ermittlung der

Durchmesserstruktur kann die im Anhang befindliche Zählhilfe benutzt werden, siehe dazu auch den Parameter „Vitalität“.

Begründungsart

Die Begründungsart ist ein Merkmal zur Bestimmung der historischen Begründungsform einer Durchmesserstufe eines Genobjektes. Die Signierung der überwiegenden Begründungsart ist für jede der drei Durchmesserstufen vorzunehmen. Die Begründungsart sollte möglichst aus Unterlagen abgeleitet werden. Fehlen Unterlagen und ist die Art der Begründung im Bestand nicht offensichtlich, wird in das betreffende Feld „3“ = „unbekannt“ eingetragen.

Verjüngung

Hier wird dokumentiert, ob das Vorkommen eine Verjüngung der kartierten Zielbaumart aufweist. Dazu ist das Vorhandensein von Mutterbäumen zwingend erforderlich. Eine *Ex-situ*-Anpflanzung einer der Zielbaumarten zählt nicht zur Verjüngung im Sinne dieser Kartieranleitung. Die Oberhöhe der Verjüngung beträgt 3 Meter, höhere Individuen werden hier nicht als Verjüngung angesprochen, ihre Erfassung erfolgt über die Durchmesserstufen. Zunächst wird der Anteil der Verjüngungsfläche an der Fläche des Genobjektes eingestuft. Zur Beurteilung der weiteren Entwicklung der Naturverjüngung müssen außerdem die Anteile der Höhenstufen unter 1,50 Meter an der Fläche der gesamten Verjüngung geschätzt werden.

Altbäume

Das Vorkommen von vitalen Bäumen mit einem BHD über 50 cm wird durch das Ankreuzen dieses Feldes dokumentiert.

Anteil der Zielbaumart

Das Datenfeld gibt Auskunft über den Anteil der kartierten Baumart (Zielbaumart) am gesamten Bestand. Die Eintragung erfolgt durch Ankreuzen einer der folgenden drei Anteilsgruppen:

- 80 – 100 %
- 30 – 79 %
- < 30 %

Die Art der Ermittlung des Parameters muss angekreuzt werden, zur Auswahl stehen die Attribute „aus Winkelzählprobe“ oder „geschätzt“. Im freien Textfeld sollen die maßgeblich am Bestandaufbau beteiligten Baumarten genannt werden.

Mischbaumarten

Im Feld Mischbaumarten können die die Zielbaumart begleitenden Baumarten aufgeführt werden. Dazu müssen die Kürzel aus der beigefügten Baumartenliste verwendet werden um eine einheitliche Schreibweise zu gewährleisten. Die Baumartenliste ist auch in der Datenbank hinterlegt und kann unter Verwendung verschiedener Sortierkriterien ausgedruckt werden.

Vitalität

Um Sommer- und Winterkartierungen zu ermöglichen, kann mit Hilfe der im Anhang dieser Kartieranleitung enthaltenen Tafel 1 die Vitalität eines Genobjektes angesprochen werden. In der Vegetationsperiode wird dazu der geschätzte Blattverlust herangezogen, im Winterhalbjahr erfolgt die Ansprache nach der Verzweigung bzw. dem Feinastanteil. Zu beachten ist, dass die Vitalitätsstufe 1 bei jungen, wüchsigen und gesunden Exemplaren keine Anwendung finden sollte. Durch das rasche Jugend-Wachstum können die für die Vitalitätsstufe 1 abgebildeten, länglichen Kronenstrukturen ebenfalls entstehen (ROLOFF 2001). Die Vitalitätsstufe 4 dokumentiert den Anteil abgestorbener Bäume.

Der prozentuale Anteil einer der fünf Vitalitäts-Stufen ist für jede der drei Durchmesserstufen gesondert einzuschätzen. Zu beachten ist dabei, dass für jede Zeile, für die bei dem Parameter „Durchmesserstruktur“ Angaben getätigt worden sind, auch Angaben bezüglich der Vitalität gemacht werden müssen. Weiterhin muss jede Zeile in der Summe 100 % ergeben.

In der Anlage findet sich eine Zählhilfe als Vordruck. Werden die ermittelten Werte in die der Zählhilfe zu Grunde liegenden EXCEL-Tabelle eingegeben, werden die entsprechenden Prozentwerte angezeigt und können in das Formular übernommen werden.

Anteil der kreuzbaren Arten

Für die Feststellung der *In-situ*-Erhaltungswürdigkeit eines Genobjektes wird das Vorkommen der kreuzbaren Arten erfasst.

Wird das Vorhandensein kreuzbarer Arten bejaht, muss zusätzlich die Entfernung zum nächsten bekannten Vorkommen einer mit der Zielbaumart kreuzbaren Art eingeschätzt werden (z.B. Siedlungsnähe, Obstplantagen oder Alleen bei Wildobst). Die Angabe erfolgt in Metern. Die Angabe einer Entfernung = 0 signalisiert, dass die kreuzbare Art im selben Bestand wie die Zielbaumart vorkommt.

Beschreibung

An dieser Stelle erfolgt eine textliche Beschreibung des Genobjektes. Alle Angaben, die nicht verschlüsselt werden konnten, dem Kartierer aber wichtig erscheinen, können hier textlich erfasst werden. Als Beispiel wäre der auffällige Befall durch Schaderreger, Gefährdung der Verjüngung durch Wild oder zu starker Überschirmung, Inanspruchnahme durch Bauvorhaben oder andere zu nennen. Weiterhin kann eine Maßnahmenempfehlung für die weitere Behandlung des Genobjektes gegeben werden.

Weitere Parameter

Bearbeitungsstand

Am Fuße des Erfassungsbogens ist der jeweilige Stand der Arbeiten durch Ankreuzen des entsprechenden Parameters zu dokumentieren. Folgende Attribute stehen zur Verfügung:

- Vorklärungsbearbeitung
- zur Feldaufnahme vorgesehen
- bei der Feldaufnahme
- Feldaufnahme abgeschlossen
- geprüftes Genobjekt
- geprüft kein Genobjekt

Da sich das Attribut im Laufe der Bearbeitung ändern kann, z.B. von „zur Feldaufnahme vorgesehen“ zu „Feldaufnahme abgeschlossen“, muss das veraltete Attribut gestrichen werden. Zu diesem Zwecke genügt es, auf dem Aufnahmebogen das betreffende Kästchen zu schwärzen und den aktuellen Bearbeitungsstand anzukreuzen.

EDV

In diesem Feld wird durch Ankreuzen kenntlich gemacht, ob der aktuelle Erfassungsbogen in die Datenbank eingegeben worden ist.

Überprüfte Objekte, die nicht den Status eines Genobjektes im Sinne dieser Kartieranleitung darstellen, sind NICHT in die Datenbank einzugeben (siehe auch den Parameter „Bearbeitungsstand“).

Schutzstatus

Der bundesweit gültige Schutzstatus (z.B. Naturschutzgebiet, Landschaftsschutzgebiet, FFH-Gebiet usw.) eines Genobjektes wird entsprechend der genannten Koordinaten im Nachgang der Kartierarbeiten rechnerisch ermittelt und ist nicht Bestandteil des Erfassungsbogens.

Kartenausschnitt

Auf die Rückseite des Aufnahmebogens wird ein Ausschnitt einer Karte mit einer Kennzeichnung des Genobjektes kopiert. Vorzugsweise ist dabei eine Topographische Karte im Maßstab 1:10.000 zu verwenden, die Bezeichnung des Kartenblattes sollte aus der Kopie oder aus der Beschreibung des Genobjektes hervor

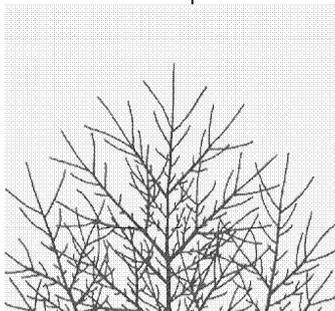
Kartierung genetischer Ressourcen in Deutschland Erfassungsbogen		Aufnahme-trupp: _____ Datum: <table border="1" style="display: inline-table; text-align: center; width: 60px;"> <tr><td> </td><td>T</td><td>T</td><td>M</td><td>M</td><td>J</td><td>J</td></tr> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table>		T	T	M	M	J	J								Bundesland <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> Lfd. Nr. <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> <small>Bitte rechtsbündig eintragen</small>																	
	T	T	M	M	J	J																												
Gehölzart <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> <small>Entsprechend Schlüsselliste</small> Artbestimmung vor Ort? <input type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein					Etabliertes Generhaltungsobjekt? <input type="checkbox"/> <small>Schlüssel</small> 1 in-situ 2 ex-situ 3 nein																													
Koordinaten <table border="1" style="display: inline-table; width: 30px; height: 20px; text-align: center; margin-right: 5px;"> <tr><td>3</td></tr> </table> Gitter (UTM) <table border="1" style="display: inline-table; width: 100px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> Streifen (Gauß/Krüger, nur bei Altdaten!)		3											Ost- (UTM) bzw. Rechtswert (GK) <table border="1" style="display: inline-table; width: 100px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> / Nord- (UTM) bzw. Hochwert (GK) <table border="1" style="display: inline-table; width: 100px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table>																					
3																																		
Koordinatenherkunft <input type="checkbox"/> GPS <input type="checkbox"/> aus Karte entnommen <input type="checkbox"/> aus Unterlagen übernommen		Bemerkung _____																																
Lage Forstbehörde _____ Schlüssel-Nr. <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> Reviernummer _____ Landkreis _____ Schlüssel-Nr. <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> <small>Ermittlung durch Koordinaten</small> Gemeinde _____ Schlüssel-Nr. <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> <small>Ermittlung durch Koordinaten</small> Bundeswuchsgebiet <table border="1" style="display: inline-table; width: 30px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td></tr> </table> Bundeswuchsbezirk <table border="1" style="display: inline-table; width: 30px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td></tr> </table> <small>Ermittlung durch Koordinaten</small>																		Eigentumsart <input type="checkbox"/> Staat - Bund <input type="checkbox"/> Staat - Land <input type="checkbox"/> Körperschaften <input type="checkbox"/> Privat (>200 ha) <input type="checkbox"/> Privat (<=200 ha) <input type="checkbox"/> Treuhand																
Fläche <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> ha <input type="checkbox"/> gemessen <input type="checkbox"/> aus Karte entnommen <input type="checkbox"/> aus Unterlagen übernommen <input type="checkbox"/> geschätzt						Anzahl der Individuen <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> <input type="checkbox"/> gezählt <input type="checkbox"/> Winkelzählprobe <input type="checkbox"/> über Fläche hergeleitet <input type="checkbox"/> geschätzt <input type="checkbox"/> aus Unterlagen übernommen																												
Bestandesbeschreibung Durchmesserstruktur <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> BHD < 7 cm % 7 - 20 cm % > 20 cm % Anteile in %						Begründungsart <small>Schlüssel</small> 1 Naturverjüngung 2 Kunstverjüngung 3 unbekannt																												
Vitalität <small>Anteile der Vitalitätsstufen in % (nach Tafel 1)</small> BHD < 7 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> % 7 - 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> % > 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> %														Verjüngung Anteils% <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> davon < 1,5 m <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> Altbäume > 50 cm BHD ? vorhanden: <input type="checkbox"/>																				
Beschreibung des Genobjektes: (Besonderheiten, Schadensursachen, Gefährdungen usw.) _____ _____ _____ _____		Anteil der Zielbaumart an vorhandenen Mischbaumarten (MBA) <input type="checkbox"/> < 30 % <input type="checkbox"/> Winkelzählprobe geschätzt <input type="checkbox"/> 30 - 79 % <input type="checkbox"/> 80 - 100 % MBA: _____ _____ _____																																
Anteil kreuzbarer Arten <input type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein <input type="checkbox"/> nicht erkennbar falls ja: Entfernung (m) <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 15px;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> <small>(0 = im selben Bestand)</small>						Bearbeitungsstand <input type="checkbox"/> Vorklärbearbeitung <input type="checkbox"/> bei der Felddaufnahme <input type="checkbox"/> zur Felddaufnahme vorgesehen <input type="checkbox"/> Felddaufnahme abgeschlossen <input type="checkbox"/> geprüftes Genobjekt <input type="checkbox"/> geprüft, KEIN Genobjekt EDV ? <input type="checkbox"/>																												

Anlage 2

Erfassung forstgenetischer Ressourcen

Bearbeiter: F. Becker, LFE

Winteransprache

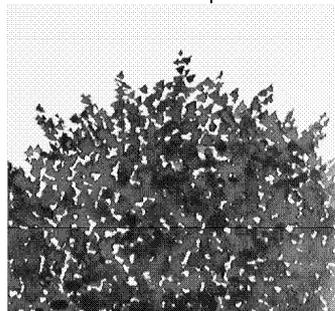


Vitalitätstufen

0
vital

Netzartige,
gleichmäßige,
dichte
Verzweigung.

Sommeransprache



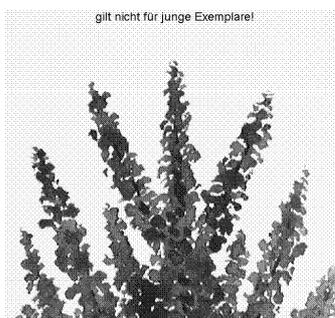
gilt nicht für junge Exemplare!



1
geschwächt

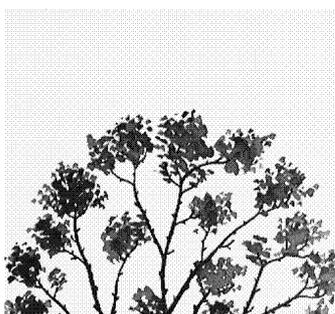
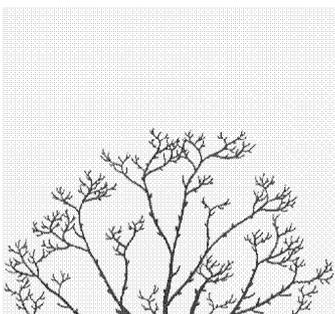
Spieß- oder
flaschenbürstenartige
oder längliche
Kronenstrukturen

gilt nicht für junge Exemplare!



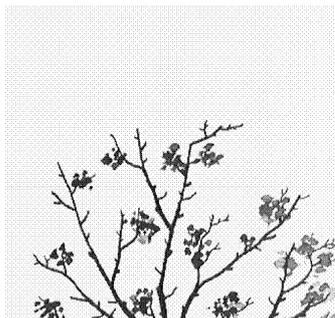
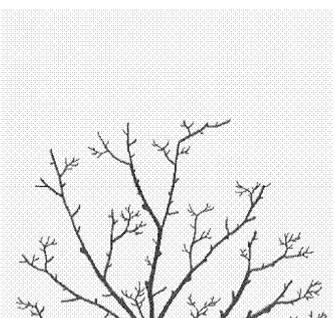
2
merklich
geschädigt

Pinselfartige
Kronenstrukturen, in
der Regel
Kronenabwölbung



3
stark geschädigt,
absterbend

Absterben von
Hauptästen,
skelettartiger
Habitus



4
abgestorben

entnommen aus: Roloff, A. 2001: Baumkronen.

Stand: 11.02.2010

Tab. A1: Genort nz23g4 (18 Allele). Allelverteilung in 31 Vorkommen und 2 Referenzgruppen

	(n)	76	82	86	88	90	92	94	96	98	100	102	104	106	108	110	112	114	116
BB-1	9				33	50	11										6		
BB-2	29				28	43	29												
BB-3	49		1		11	47	41												
BB-4	30		2		7	63	22	3	3										
BW-4	27				61	11	19				7								2
BW-5	15	7			53	30	10												
BY-2	15		3		40	47	7					3							
BY-3	17				29	56	9	6											
HE-1	24			2	52	8	23	8			2			2		2			
HE-2	22		5		23	27	46												
MV-1	24				21	33	44	2											
MV-3	17					41	41	6								3			9
NI-1	20				10	35	48		3										5
NI-2	25		2		6	60	26	2			2		2						
NI-4	27				37	19	41	4											
NI-5	23				24	30	46												
NW-2	11				41	5	41	5	5								5		
NW-3	11				59	9	9		9		9				5				
RP-1	15			3	47	13	27	7		3									
RP-2	13		4		39	12	31	4		4	4								4
SH-1	10			5	5	40	50												
SH-2	15				60	20	20												
SL-1	10				50		15		15								20		
ST-1	22				68	11	18		2										
ST-2	22			2	34	32	25	7											
ST-3	24				46	23	25	4			2								
ST-4	17				47	15	29		3		3	3							
TH-1	25		2		38	30	14	6	6								4		
TH-2	13		4		19	46	23				4								4
TH-3	10				15	35	45	5											
TH-4	30				40	8	47	2											3
DE-1	29		2		35	28	17	3	5	3			2						5
DE-2	15		3		40	20	27		3			3					3		
Summe	665	0	1	0	32	30	29	2	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1

Zahlen auf ganze Prozentwerte gerundet

Geschriebene Null: abgerundeter Wert (>0); fehlender Eintrag: kein Allel beobachtet (=0)

Tab. A2: Genort ch02d12 (26 Allele). Allelverteilung in 31 Vorkommen und 2 Referenzgruppen

	(n)	178	180	182	184	186	190	192	194	196	198	200	202	206	208	210	212	214	216	218	220	222	224	226	228	230	232	
BB-1	9		33							22	11			6	6	11								11				
BB-2	29		16	2				24	5	7				2		19		14					3	7	2			
BB-3	49		2	18				24	5	15						13		18					3	1				
BB-4	30	2		8				27	2	7	3	7	2			10		3	27					2	2			
BW-4	27			7				4	19	13	2					35	9	2	9									
BW-5	15			10		7		17	13	17						3		7	3		7	7	10					
BY-2	15		7	20	3			20	3	37	3						3		3									
BY-3	17			9		3		3	27	47	3					6									3			
HE-1	24			10				29	2	4	17			6	21	4							4	2				
HE-2	22			7				43	5	9	9	7		5	11			2								2		
MV-1	24	2		6				48	2	19	2					17			4									
MV-3	17			29	3			35			3	3				15	3		6						3			
NI-1	20	3		18				68		13																		
NI-2	25			24	4			26	4	2				2	30		2	4							2			
NI-4	27			9				44	19	7						17		2								2		
NI-5	23			15				39	2	2	9	15				17												
NW-2	11			27				23	23	5						23												
NW-3	11			9	9			5	18	18						41												
RP-1	15			10				7	7	17						23	10		13				10	3				
RP-2	13	8		15	4			19	19	4	4	4		8	8				8									
SH-1	10			35				45	10							5		5										
SH-2	15	3		40				27	17							10			3									
SL-1	10			5	10			20	15	5	5					5	5	15	5						10			
ST-1	22			30			2	16	2	21	7					5	2	2						5	2	2	5	
ST-2	22			34				16	2	9				2	23	2		2						2	2	5		
ST-3	24	4		19				29	17	4						13	4							4	6			
ST-4	17			41				18	3	12						6	3		3	3				3	9			
TH-1	25	4		24	4			12	6	12	4	2		4	18	2								4	4			
TH-2	13			35	4			4	4	12	23		4			4	4		8									
TH-3	10			5				5		20						5			30					5	10	20		
TH-4	30	2		8	5			25	8	17	12					7	2	2	5					5	2			2
DE-1	29	5		29				12	2	14	7	2		3	14	2	2	3		2				3				
DE-2	15			17	3			27	3	17				3	3	17			10									
Su.	665	1	0	18	1	0	0	24	1	11	10	2	0	0	1	14	2	1	6	0	0	0	2	2	1	0	0	

Zahlen auf ganze Prozentwerte gerundet

Geschriebene Null: abgerundeter Wert (>0); fehlender Eintrag: kein Allel beobachtet (=0)

Tab. A3: Genort gd162 (22 Allele). Allelverteilung in 31 Vorkommen und 2 Referenzgruppen

	(n)	215	217	219	223	225	227	229	231	233	235	237	239	241	243	245	247	249	251	253	255	257	259	
BB-1	9	17				22				6	39	17												
BB-2	29	22			5	2		5	2	12	17	24						5	3	2				
BB-3	49	14							3	11	36	17				9		1	4	2		1	1	
BB-4	30	20						8	8	12	10	23	12							7				
BW-4	27	7			2		4	4	4	11	41	17	9											2
BW-5	15	10			17		3				17	17	23	3						10				
BY-2	15	10			43					7	27	7	7											
BY-3	17	3			35	6		3			29	15	9											
HE-1	24	19			2	2				10	33	17	4			6			2	2		2		
HE-2	22	25				2	2		2	14	23	23	2			2		2	2					
MV-1	24	23						2		21	25	15	4							8	2			
MV-3	17	38					3			6	29		9							15				
NI-1	20	13				3	8			28	15	10	3		3					15	5			
NI-2	25	30					4	4		22	22	6	4	2					2	4				
NI-4	27	28		2		4				19	20	11	7						2	7				
NI-5	23	20				2	4			28	28	7			4					7				
NW-2	11	18								5	23	23	5				18			9				
NW-3	11	9			5	5				27	27	23								5				
RP-1	15	23				3			3	3	23	20	7	3		3					3	7		
RP-2	13	12			8					23	42	8	4								4			
SH-1	10	20						5		25	25	10	5		5						5			
SH-2	15	13				10				40	23	10								3				
SL-1	10	5								5	45	20	20		5									
ST-1	22	9				2	2			5	32	41			2					5	2			
ST-2	22	14				2	7			9	48	16	2					2						
ST-3	24	15				4	6	4		2	48	15	6											
ST-4	17	9						3		6	56	24								3				
TH-1	25	14	2	2	4	6	2			4	26	24	6								2	4	4	
TH-2	13	19				12				4	31	15	12							4				4
TH-3	10				5					15	40	20	20											
TH-4	30	15				2	3	2	2	2	37	17			2	5		2	5	3	2	3		
DE-1	29	17			5	5		2		19	36	12	2								2			
DE-2	15	27				3	3			13	27	17	3							7				
Su.	665	17	0	0	3	2	1	2	1	12	30	16	5	0	1	1	0	1	4	1	0	1	0	

Zahlen auf ganze Prozentwerte gerundet

Geschriebene Null: abgerundeter Wert (>0); fehlender Eintrag: kein Allel beobachtet (=0)

Tab. A4: Genort ch01h10 (26 Allele). Allelverteilung in 31 Vorkommen und 2 Referenzgruppen

	(n)	86	88	90	98	100	102	104	106	108	110	112	114	116	118	120	122	124	126	128	130	134	136	138	140	142	144	
BB-1	9			6	22				11						50	11												
BB-2	29	7							24	2	2				35	2						7		10	10	2		
BB-3	49	8							7	2		4			26	12						9	1	15	13	2		
BB-4	30	10							2	32	2	8			15		3					2		3	13	10		
BW-4	27	2		2	4		7	19	9	2	4		4	2	28	6		4				2		6	2			
BW-5	15				7				17	10	20			3	10	7					3		3	10	10			
BY-2	15								10	3	27	7	3	7	17	3										10	13	
BY-3	17	3			3	3			3	3	9	21	15	12	18				3			3	3	3				
HE-1	24	4		6	2				35		4				27								2	4	10	2	2	
HE-2	22	7		2					23	2	2	2			34									14	7	7		
MV-1	24								25	4	2				33							2		6	23	4		
MV-3	17			3					12	6	3	3	3		15	3				3						29	15	6
NI-1	20			3	3				13	45	3				18					3				3	5	8		
NI-2	25	2		6		2			14	2	10				22		2					2	2	2	24	10		
NI-4	27	11					2	20	2	11	2	2	2		35									6	6	2		
NI-5	23				7				26	2	22	2			13	2								2	7	17		
NW-2	11	18		5					14						32									18	9	5		
NW-3	11	9		14	14				18		5		9	5			5								9	14		
RP-1	15			3					27		7	10			30					3			3	7	7	3		
RP-2	13	23			4				12	8	8	4		4	8							4		12	15			
SH-1	10								10	20					5	20				5				10	15	15		
SH-2	15			3			7	7	20						40		7							3	10	3		
SL-1	10		5	5	10				30	15					5											10	20	
ST-1	22	7							43	2	2	14			23							2		2	5			
ST-2	22	7		2					25						46									9	7	5		
ST-3	24	10			6				35		2	2			29	2								8	4			
ST-4	17	12		6					35	9			6		21	3									6	3		
TH-1	25	8			14				28	4	6				20	4	4	2					4	2	2	2		
TH-2	13	23				4			19	4	15				12	4									12	8		
TH-3	10	5			20				5	5	5				25		5							10	10	10		
TH-4	30	7							27	3	3	2	38	3							2			12	3			
DE-1	29	9		5	7				17	3	16	3	2		17										16	5		
DE-2	15	3	3		20				23			3	3		27			3				3			7	3		
Su.	665	6	0	2	3	0	1	21	1	7	3	2	1	1	25	2	0	1	0	0	0	0	2	1	6	10	5	1

Zahlen auf ganze Prozentwerte gerundet

Geschriebene Null: abgerundeter Wert (>0); fehlender Eintrag: kein Allel beobachtet (=0)

Tab. A5: Genort ch01h01 (22 Allele). Allelverteilung in 31 Vorkommen und 2 Referenzgruppen

	(n)	106	110	112	114	116	118	120	122	124	126	128	130	132	134	136	138	140	142	144	146	148	152	
BB-1	9					6		61	6			11		11	6									
BB-2	29					3	22		19	17		10	9	14	3			2						
BB-3	49					5	11		19	25	5	11	8	8	2	2					1	2		
BB-4	30				2	5	18	2	20	15	2	20		17										
BW-4	27				6	4	9	13	7	20	2	4	22	4					2	2	4	2		
BW-5	15	17				20				3		7	27	27										
BY-2	15	3				3	13		3	3		47	7	3	10							7		
BY-3	17	6		3		3	18		3	6		32	6	12			3					3	6	
HE-1	24				13	27	8		15	6		19		6	2			2	2					
HE-2	22	2				9		2	16			9	30	7	11					11	2			
MV-1	24	2				8	29		15	13		2	8	19		2						2		
MV-3	17				3	3	35	3		6		9	24	18										
NI-1	20				3	10			3			8	35	28							5	10		
NI-2	25		2		2	4			24	18		14	16	12	6								2	
NI-4	27					9	22		9	4		24	22	7									2	
NI-5	23					11	7	2	4	9		13	26	17	11									
NW-2	11				5	32		5	5	14		18	23											
NW-3	11		14			23	9	9	5			18	9	5									9	
RP-1	15				3	17	23		27	3		10	3	7		3					3			
RP-2	13		4		15	8	15	4	15	4		8	4					4		12	8			
SH-1	10					15		5	20	5		15	30	10										
SH-2	15				7	17			7			23	37	7							3			
SL-1	10					15	10	20	5	5		5		30									10	
ST-1	22					7	11		7	5		11	14	36	5	5								
ST-2	22	5		2		7	7		5	14		16	11	25	9									
ST-3	24					4	6	4	13	13		19	10	31										
ST-4	17	3			3	6			24	9	3	12	15	21			6							
TH-1	25				2	8		4	10	10	2	14	22	18	10									
TH-2	13						8	12	12	4		15	23	15	8	4								
TH-3	10				20		10	5	10	5			5	30		5		10						
TH-4	30						2		10	18	5	15	27	22	2									
DE-1	29	5			2	10	14	5	7	9	2	9	7	19	3		2		2	3			2	
DE-2	15					23	17			10		10	10	10	3			10				7		
Su.	665	1	0	0	2	9	10	2	12	10	1	14	15	15	3	1	0	1	0	1	2	0	0	0

Zahlen auf ganze Prozentwerte gerundet

Geschriebene Null: abgerundeter Wert (>0); fehlender Eintrag: kein Allel beobachtet (=0)

Tab. A6: Genort gd96 (20 Allele). Allelverteilung in 31 Vorkommen und 2 Referenzgruppen

	(n)	152	154	162	164	166	168	170	172	174	176	178	180	182	184	188	190	192	194	196	198
BB-1	9					6		11		28	11		28	17							
BB-2	29							16	2		17	24	5	16	9		7				5
BB-3	49							7	7	4	19	17	4	32	3		1				5
BB-4	30							5		5	20	12	7	33	12		2				5
BW-4	27			2	4	11		19	9		20	22	2		11						
BW-5	15							13	17	3	3	23	3	7	13	3	10	3			
BY-2	15	3				3			3	3	7	43	3	10	3		13	3			3
BY-3	17				3			18	3	6	3	27		9	9		24				
HE-1	24				6			27	13	8	2	15	6	8	4		10				
HE-2	22					2		14		5	32	18	2	18	2	2					5
MV-1	24	2		2				4	4	4	19	23		25	10		2				4
MV-3	17				6			6		3	12	44	3	27							
NI-1	20		3			3		10	15	3	43	3		8	15						
NI-2	25							14	2	6	30	14	10	10	6		2	4			2
NI-4	27							4	11		43	15		15	11		2				
NI-5	23							2	13	7	37	17		15	7	2					
NW-2	11							23	14	5	41	9		5				5			
NW-3	11	9			5	5		27	14	5	27	5					5				
RP-1	15				3			23	13	7	10	23	3	10	3		3				
RP-2	13	15			8			19	8		35	8			4			4			
SH-1	10								15		25	25	10	15	5						5
SH-2	15				3			13			37	7		37			3				
SL-1	10	20			5				20	15	25	5			5		5				
ST-1	22				2	2		14	14		25	14		14	7		2		2	5	
ST-2	22							9	7		27	34	2	9	2		2	2			5
ST-3	24					2		10	15	6	40	4		10			4				8
ST-4	17				3	3		12	9	3	24	18	3	9	3		3	6			6
TH-1	25	2				2		14	12	4	24	14		8	2		4	6		4	4
TH-2	13							23	8	4	8	27	4	15			4	4			4
TH-3	10							30	5		15	5					5	5			35
TH-4	30							15	3	2	43	7	5	7		2	7				10
DE-1	29	3	2		3			22	7		19	21	2	5	7		7				2
DE-2	15	3			7			10	13		30	10		3	7		17				
Su.	665	1	0	0	2	1	0	12	8	3	24	17	3	14	6	0	4	1	0	3	0

Zahlen auf ganze Prozentwerte gerundet

Geschriebene Null: abgerundeter Wert (>0); fehlender Eintrag: kein Allel beobachtet (=0)

Abb. A1 – A6: Allelische Strukturen von 665 Wildäpfeln an 6 Genorten

Abb. A1:
Genort nz23g4
Allelverteilung von
665 Wildäpfeln am
(18 Allele)

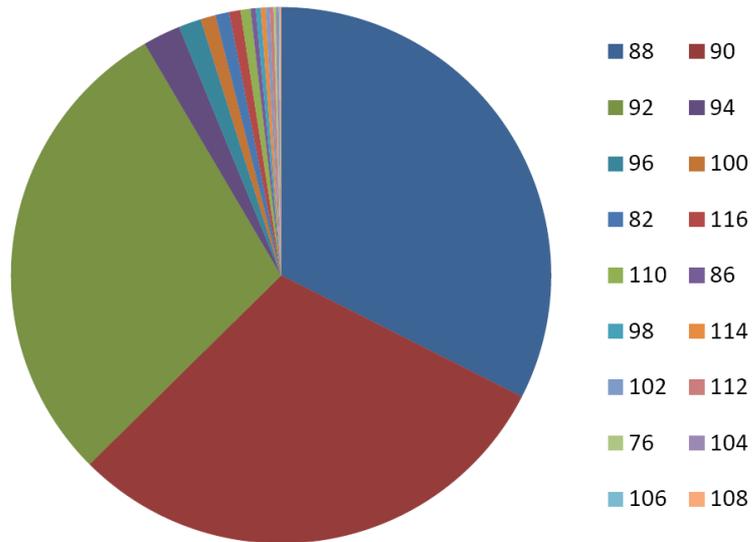


Abb. A2:
Genort ch02d12
Allelverteilung von
665 Wildäpfeln
(26 Allele)

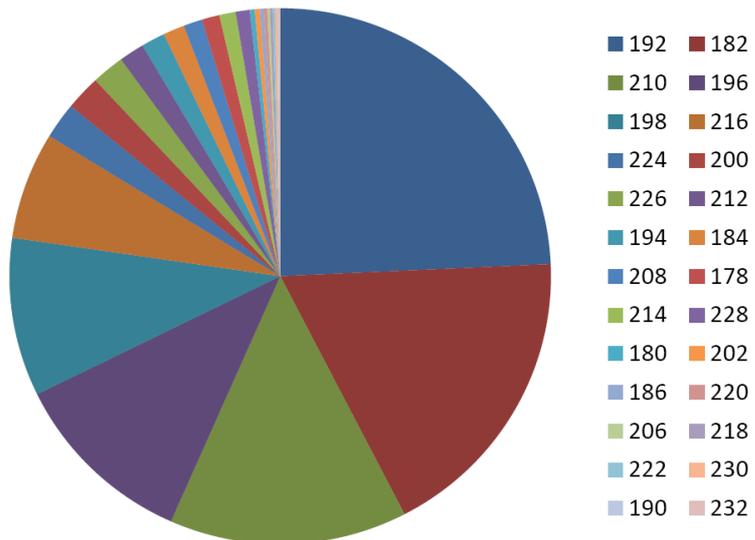


Abb. A3:
Genort gd162
Allelverteilung von
665 Wildäpfeln
(22 Allele)

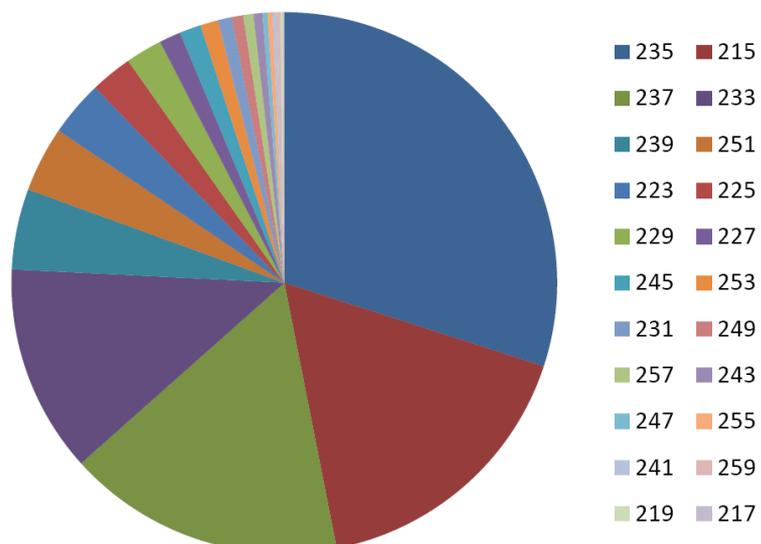


Abb. A4:
Genort ch01h10
Allelverteilung von
665 Wildäpfeln
(26 Allele)

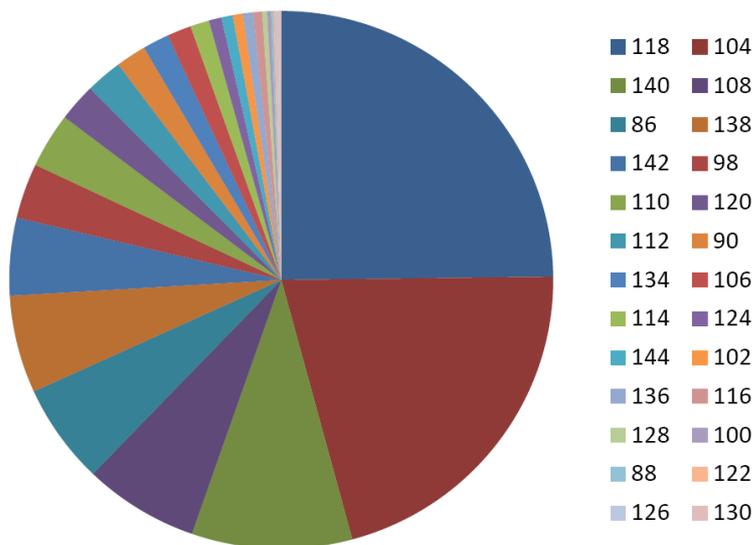


Abb. A5:
Genort ch01h01
Allelverteilung von
665 Wildäpfeln
(22 Allele)

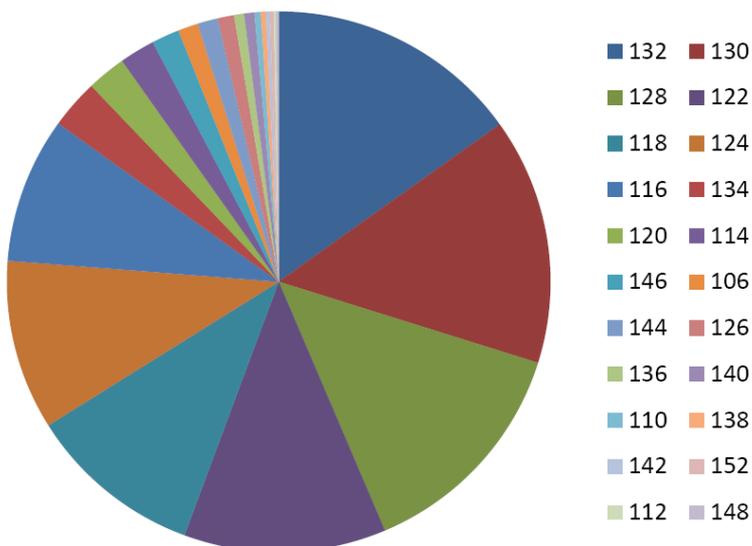


Abb. A6:
Genort gd96
Allelverteilung von
665 Wildäpfeln
(20 Allele)

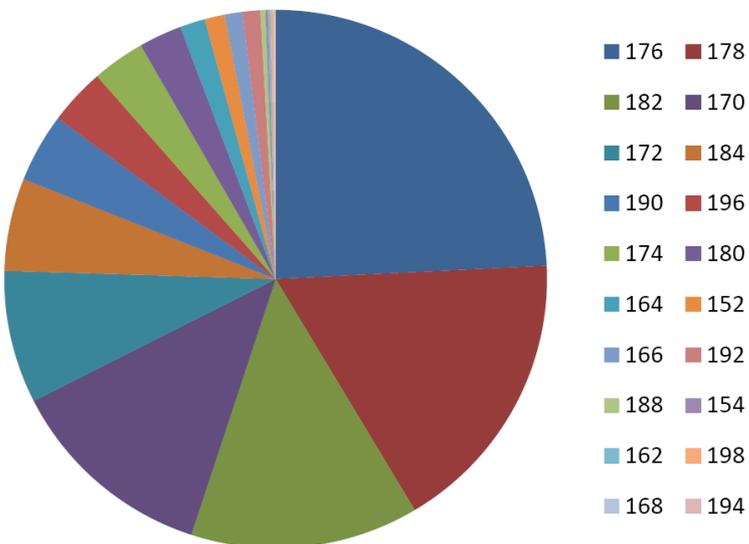


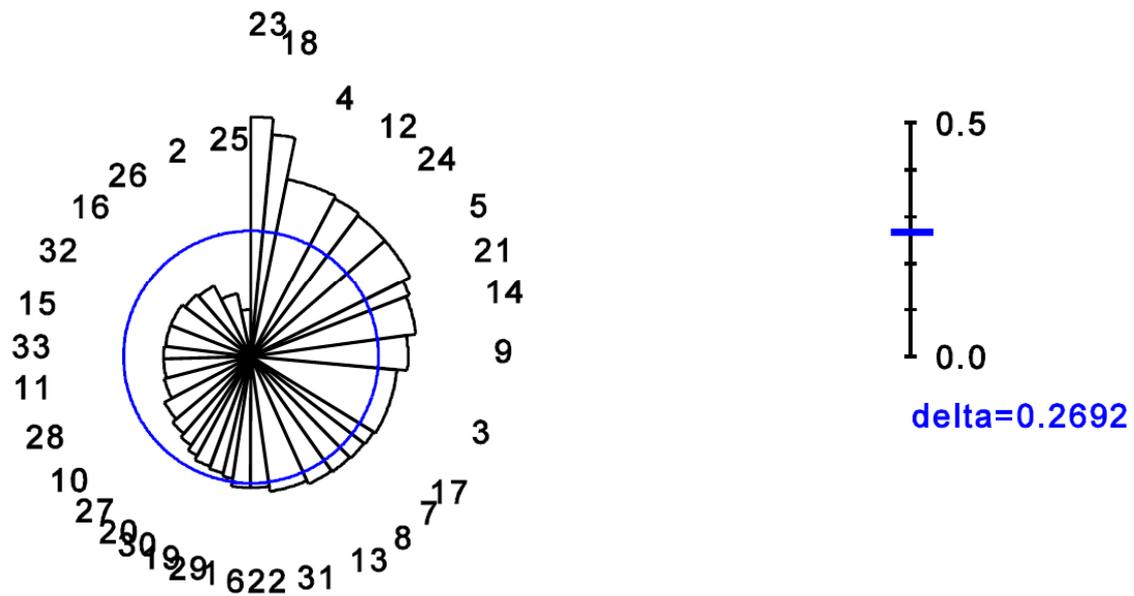
Abb. A7 – A13: Allelische Strukturen von 665 Wildäpfeln an 6 Genorten

Abb. A7: Differenzierung von 33 Wildapfel-Kollektiven am Genort nz23g4.

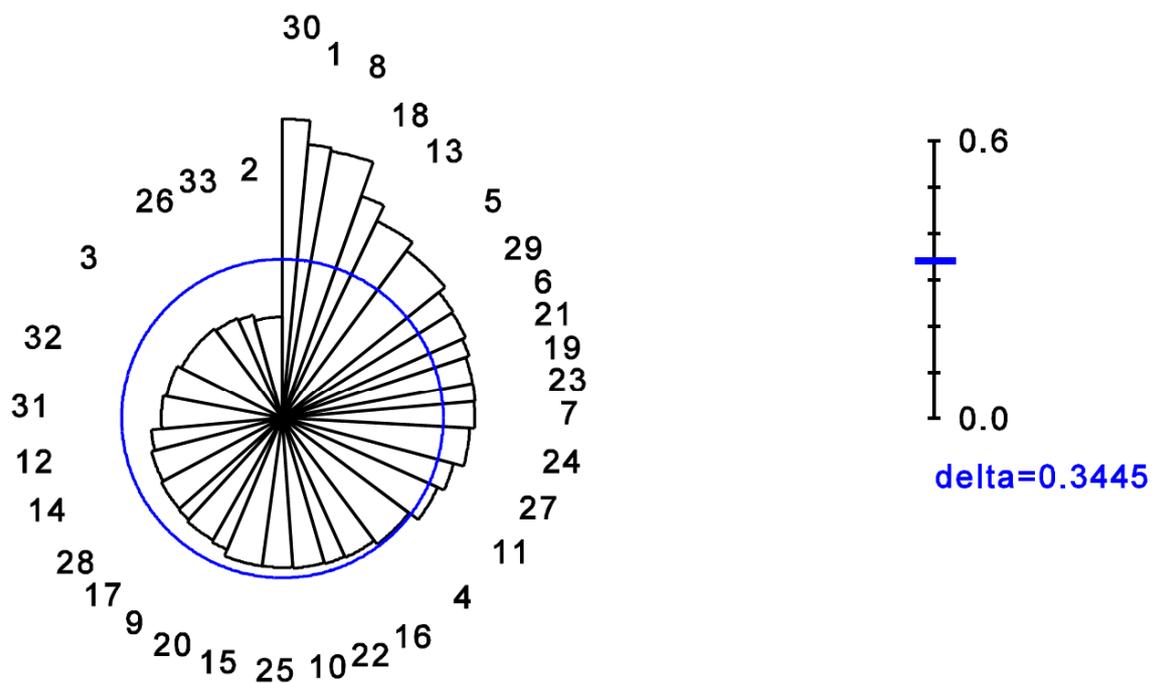


Abb. A8: Differenzierung von 33 Wildapfel-Kollektiven am Genort ch02d12

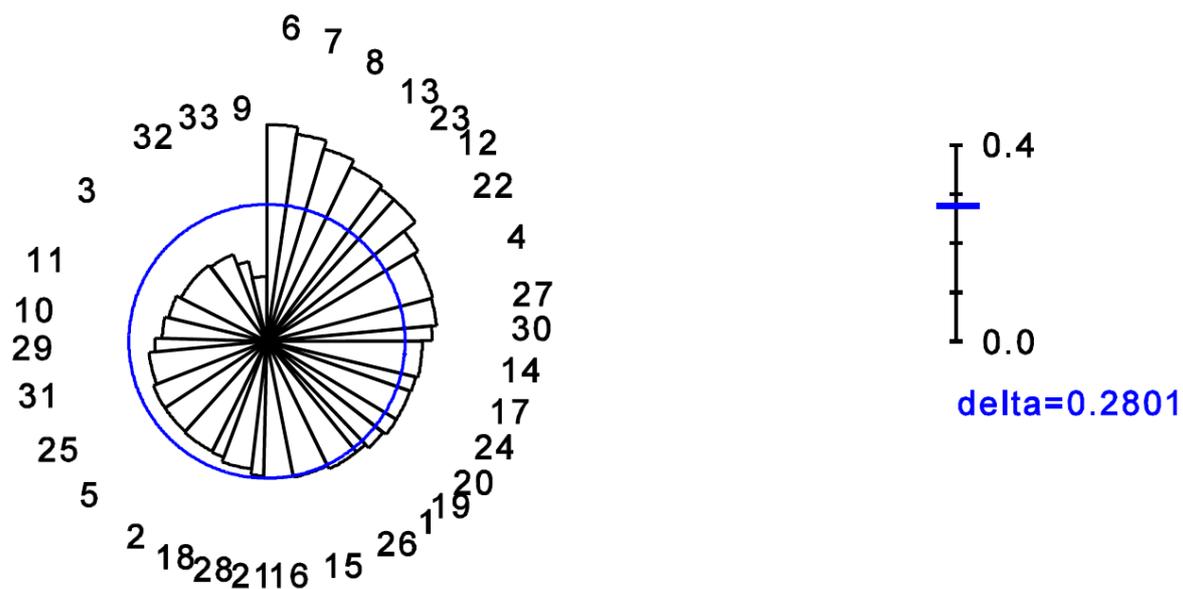


Abb. A9: Differenzierung von 33 Wildapfel-Kollektiven am Genort *gd162*

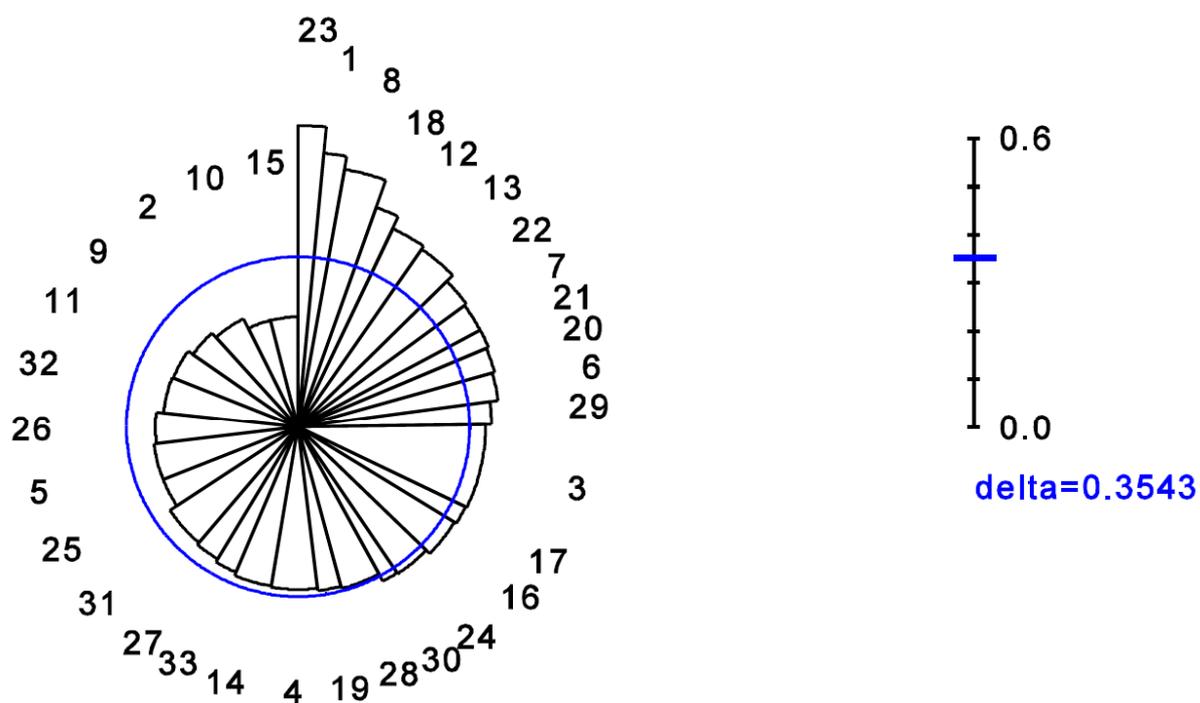


Abb. A10: Differenzierung von 33 Wildapfel-Kollektiven am Genort *ch01h10*

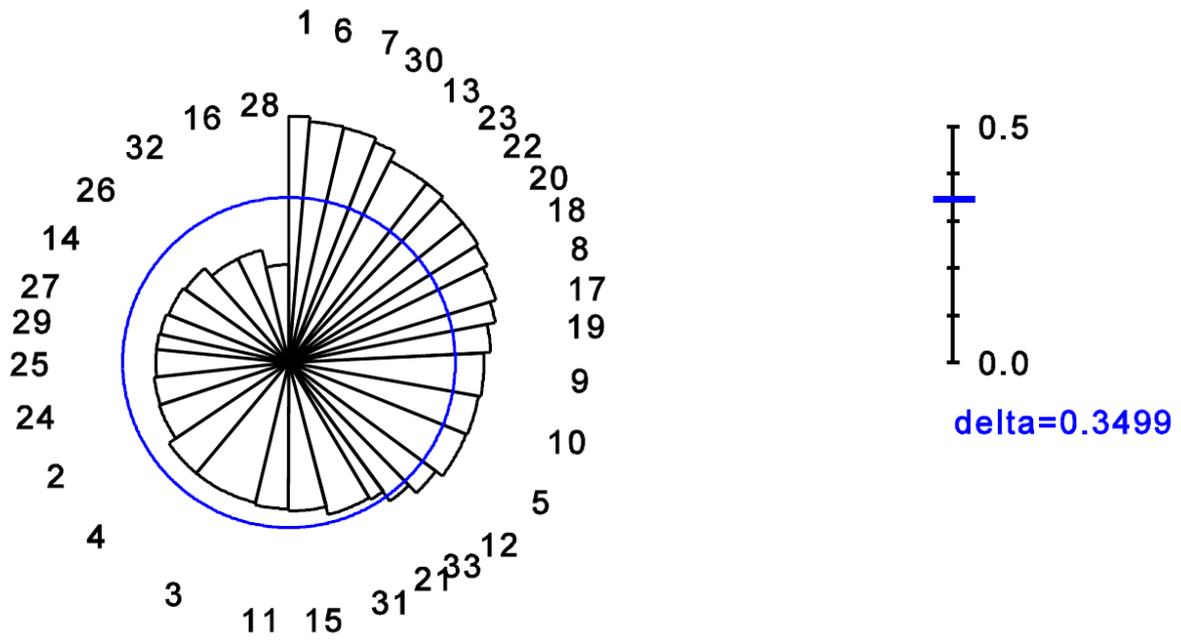


Abb. A11: Differenzierung von 33 Wildapfel-Kollektiven am Genort ch01h01

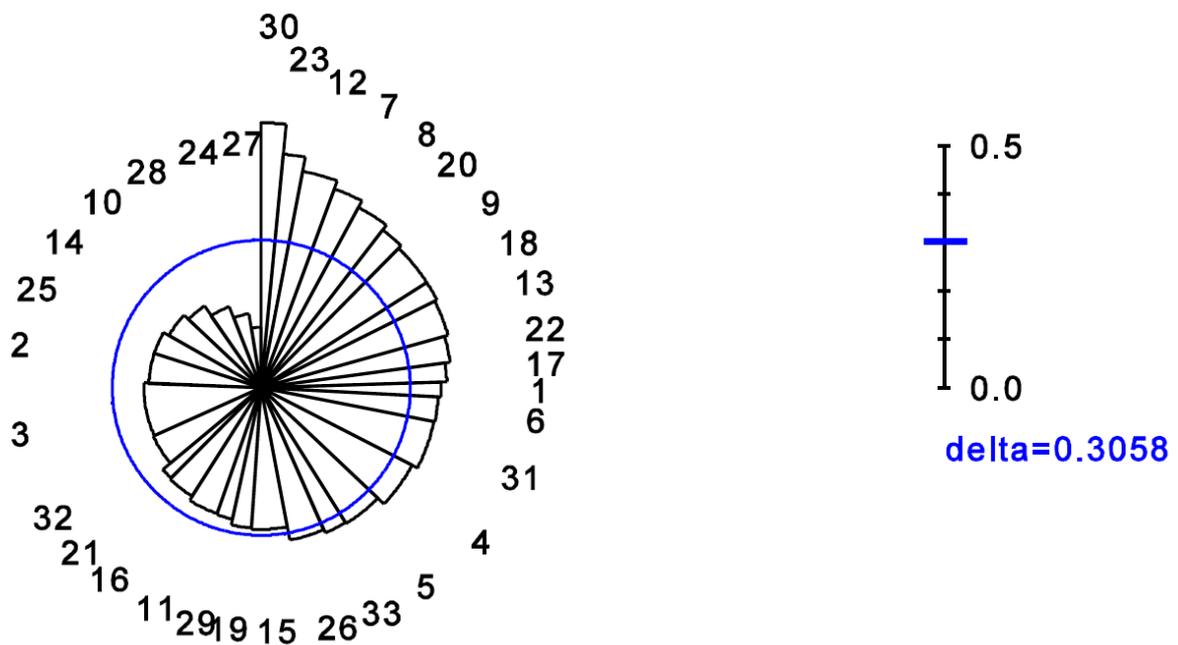


Abb. A12: Differenzierung von 33 Wildapfel-Kollektiven am Genort gd96

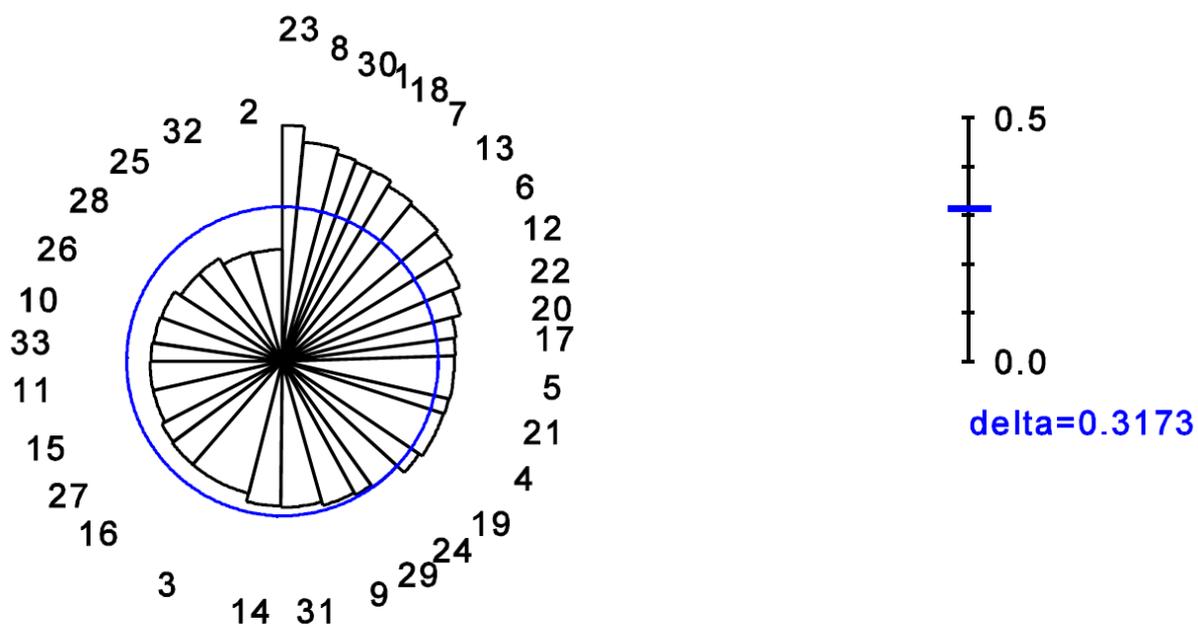


Abb. A13: Differenzierung von 33 Wildapfel-Kollektiven an 6 Genorten