Erhaltung des Wild-Apfels im Leipziger Auenwald

Abschlussbericht zum Forschungsvorhaben

Foto: Hamm/Weidig

Aktenzeichen:	28976
Referat:	33/0
Laufzeit:	3 Jahre
Projektbeginn:	02.05.2011
Projektende:	01.05.2014
Tag der Einreichung:	30.07.2014
Projektleiterin:	Dr. Iris Wagner (Pro Arbore)
Kooperationspartner:	TU-Dresden (Professur für Waldbau), Stadtforstamt Leipzig

Förderung
Deutsche Bundesstiftung Umwelt (DBU)
Sekretariat - Referat Naturschutz
Postfach 1705 / An der Bornau 2
49007 Osnabrück / 49090 Osnabrück
Tel.: 0541-9633-331
Fax: 0541-9633-193
Email: h.knorn@dbu.de

Antragsteller
Forschungsinstitut
Pro Arbore
Dr. Iris Wagner (Inhaberin)
Gustav-Adolf-Str. 3
01219 Dresden
Tel./Fax: 0351 / 4759619
Email: IrisWagner@aol.com

Kooperationspartner
Stadt Leipzig
Amt für Stadtgrün und Gewässer
Abt. Stadtforsten
Stadtforstamt und Forstbehörde
Andreas Sickert (Abteilungsleiter)
04092 Leipzig
Tel.: 0341 / 309410
Fax: 0341 / 3094138
Email: stadtforsten@leipzig.de

Kooperationspartner
Technische Universität Dresden
Fakultät für Forst-, Geo- und Hydrowissenschaften
Fachrichtung Forstwissenschaften, Institut für Waldbau und Forstschutz
Professur für Waldbau
Prof. Dr. Sven Wagner (Lehrstuhlinhaber)
Pienner Str. 8
01737 Tharandt
Tel.: 035203 / 3831300
Fax: 035203 / 3831397
Email: wagner@forst.tu-dresden.de

Inhaltsverzeichnis

1 Anlass und Zielsetzung des Projekts
1.1 Einleitung
1.1.1 Vereinbarungen und rechtliche Verbindlichkeiten
1.1.1.1 Internationale Initiativen
1.1.1.2 Nationale Initiativen
1.1.2 *Malus sylvestris* als Modellbaumart für die „seltenen Baumarten“
1.1.2.1 Seltenheit einer Baumart
1.1.2.2 Gefährdung von *Malus sylvestris*
1.1.2.3 Identifizierung von *Malus sylvestris*
1.2 Naturschutzfachlicher Rahmen
1.2.1 Einordnung in die Förderleitlinien der DBU
1.2.2 Aktueller Stand in Forschung und Praxis
1.2.3 Naturschutzfachliche Bedeutung des Untersuchungsgebietes
1.3 Zielsetzung
2 Darstellung der Arbeitsschritte und der angewandten Methoden
2.1 Pflanzenmaterial
2.2 Biochemische und statistische Analysen
2.3 Morphologische Messungen
2.4 Vitalitätsweiser und Lichtmessungen
3 Ergebnisse
3.1 Genetik
3.1.1 Hybridisierung und genetische Vermischung
3.1.2 Diversität und Differenzierung
3.2 Morphologie
3.2.1 Konstanz der Merkmalsausprägung in verschiedenen Jahren und Zusammenhang mit der Genetik
3.2.2 Verifizierung der genetischen Merkmale durch die Morphologie innerhalb der kulturnahen Gruppen
3.3 Lichtökologie
4 Diskussion
4.1 Genetik
4.1.1 Hybridisierung und genetische Vermischung
4.1.2 Diversität und Differenzierung
4.2 Morphologie
4.3 Lichtökologie
5 Öffentlichkeitsarbeit
6 Fazit
6.1 Entnahme einzelner Bäume
6.2 Freistellung einzelner Bäume
6.3 Verjüngung der Population
Literaturangaben
Anlagen/Anhang

Abbildungsverzeichnis

Abb. 1 Proportionale Zuordnung (q_k) der einzelnen Genotypen in die beiden K=2 abgeleiteten Cluster. Gruppierung der Individuen nach geschätztem Züchtungsalter für *M. domestica* (Grp 2 (alt), 3 (mittel), 4 (neu)) oben und Herkunft für *M. sylvestris* (Grp A - F) unten

Abb. 2 Einzelbaum-Zuordnung von mehreren hundert *Malus*-Individuen in das abgeleitete ‚*domestica*'-Cluster (Kultur-Gruppe) anhand von q_d (0-1). Zunehmende Kulturnähe von links nach rechts

Abb. 3 Herbstliche Blattbehaarungsstufen nach Einzelbäumen für drei aufeinanderfolgende Jahre; links („alle Bäume"), rechts („kontinuierliche Bäume"). Dargestellt ist der prozentuale Anteil an Bäumen in einer Behaarungsstufe an der jeweiligen Stichprobe; von Stufe 0 (kahl) bis Stufe 3 (dicht filzig behaart) zunehmende Behaarung

Abb. 4 Jahresdifferenzen für die Behaarungsstufen auf der Ebene der Einzelbäume, für die jedes Jahr Messwerte vorlagen. Die Darstellung ist folgendermaßen zu lesen: der Balken links von dem jeweiligen Wert auf der X-Achse ist der zugehörige (z.B. 25 Bäume mit einer Differenz von „0" zwischen den Jahren 2012 und 2013)

Abb. 5 Modellvorhersage für die Blattbehaarung 2012 in Abhängigkeit vom q-*domestica* Wert. Gezeigt sind nur die ganzen Behaarungsstufen; Zwischenstufen wurden vernachlässigt und alle dann verbliebenen Bäume berücksichtigt

Abb. 6 Modellvorhersage für die Blattbehaarung 2013 in Abhängigkeit vom q-*domestica* Wert. Gezeigt sind nur die ganzen Behaarungsstufen; Zwischenstufen wurden vernachlässigt und alle dann verbliebenen Bäume berücksichtigt

Abb. 7 Fruchtbreiten in Abhängigkeit von den q-*domestica* Werten der Einzelbäume. Es sind auch die Mehrfachfruktifikationen von Einzelbäumen in unterschiedlichen Jahren mit angegeben. Mit eingezeichnet ist eine Markierung bei 4cm Fruchtbreite

Abb. 8 Fruchtbreiten und q-*domestica* Werte für das Jahr 2012. Mit eingezeichnet ist der rechnerische Ausgleich des Modells für dieses Jahr

Abb. 9 Einzelbaumweiser Zusammenhang zwischen der relativen Beleuchtungsstärke (DIFFSF in Anteilen von 1) und der Blütendichte am Zweig (tatsächliche Zahl Blüten von 20 Knospen), sowie die ermittelten Funktionsausgleiche für das Gesamtmodell (fixed) und den Einzelbaum (Baumnummer). Baumnummern größer als 15 repräsentieren die Leipziger Bäume

Abb. 10 Histogramm des Strahlungsgenusses von Einzelbäumen in Leipzig (DIFFSF in %)

Abb. 11 Sämlinge, etwa 2 Monate nach der Keimung

Abb. 12 Diskussion zum Zaunbau (07.11.2013)

Abb. 13a Nach Freistellung und Zäunung im Sommer 2014

Abb. 13b Nach Freistellung und Zäunung im Sommer 2014

Abb. 14 Teilansicht des Mittelwaldprojektes; frisch aufgelichtete Parzelle

Tabellenverzeichnis

Tab. 1 Untersuchungsbäume im Leipziger Auenwald

Tab. 2 Untersuchungsbäume im Leipziger Auenwald und GPS-Koordinaten

Tab. 3 q-Werte von 120 vermeintlichen Wildäpfeln im Leipziger Auenwald

Tab. 4 q-Werte von 120 Äpfeln im Leipziger Auenwald; q-sylvestris absteigend sortiert

Tab. 5 Zusammenfassung der Ergebnisse einer modellbasierten Cluster-Analyse mit Multilocus-Genotyp-Daten (Software STRUCTURE mit ‚linkage model'). Angegeben sind die Anteile der geschätzten Zugehörigkeit von Genotypen einer vorgegebenen Kategorie zu einem der beiden abgeleiteten Genpools (Cluster). Daten auf der Basis von Isoenzymen und 10 Gen-orten (TPI-5, AAT-1, AAT-2, PGM-1, PGM-5, DIA-2, DIA-4, 6PGD-1, MDH-4, IDH-1)

Tab. 6a Ergebnisse der Clusteranalyse für vermeintliche Wildäpfel in Teilgebieten des Leipziger Auenwaldes. Mittlere q-Werte (Artintegrität) und ihre Varianz

Tab. 6b Ergebnisse der Clusteranalyse für Äpfel in Teilgebieten des Leipziger Auenwaldes. Vermeintliche Hybriden/wildlebende Sorten (Schwellenwert $q_s = 0.8$)

Tab. 6c Ergebnisse der Cluster-Analyse für Äpfel in Teilgebieten des Leipziger Auenwaldes. Vermeintlich wildlebende Sorten (Schwellenwert $q_s = 0.2$)

Tab. 7 Genetische Variation innerhalb der Wildäpfel aus Sachsen, Leipzig, (SN-L) ohne und mit Hybrid-/Kulturbereinigung bei einem Schwellenwert für q von 0.2 im Vergleich zu Kulturäpfeln als Referenz. Angegeben sind die Anzahl der Individuen (N), mittlere Anzahl von Allelen je Genort (A/L), mittlere Anzahl von Genotypen je Genort (G/L), Anteil polymorpher Genorte (P', P 0.95 Kriterium), Genpool-Diversität (v_{pool}), hypothetisch gametische Multilocus-Diversität (v_{gam}), beobachtete Heterozygotie ($H_{a=o}$), erwartete Heterozygotie bzw. Gesamtdifferenzierung des Genpools (H_e/δ_T) und Fixierungsindex (F)

Tab. 8 Genetische Variation zwischen den Wildäpfeln aus Sachsen, Leipzig (SN-L) und Kulturäpfeln (Sorten) sowie zwischen den Wildäpfeln aus Sachsen, Leipzig, und anderen Wild-Apfel-Vorkommen (alle Wildäpfel bereinigt: $Wild_{pur}$). Für den paarweisen Vergleich wird der genetische Abstand (d_0) angegeben

Tab. 9 Ergebnis des gemischten linearen Modells. Für die festen Effekte sind die Schätzwerte für die Parameter angegeben („value"), sowie das Signifikanzniveau („p-value"). Das Referenzjahr für die Fruchtbreite der Wildäpfel ist 2011

Tab. 10 Verifizierung der genetischen Merkmale – komprimiert auf den q_d-Wert – durch morphologische Merkmale in den genetischen (nach STRUCTURE-Analyse) Hybrid (H)- und Kultur (K)-Gruppen

Tab. 11 Ergebnis des gemischten linearen Modells. Für die festen Effekte sind die Schätzwerte für die Parameter angegeben („value“), sowie das Signifikanzniveau („p-value“). Der Referenzstandort für die Blütendichte der Wildäpfel ist Leipzig. Einbezogen wurden Bäume mit Einzelstrahlungswerten von bis zu 25%

Tab. 12 Ergebnis der Strahlungsmessung an 58 Bäumen im Leipziger Auenwald. Die beiden Spalten „DIFFSFmean“ und „DIFFSFmedian“ geben die diffuse Himmelsstrahlung in Prozent von Freiland an, die am Standort des jeweiligen Baumes herrschte. Da mehrere Messungen pro Baum durchgeführt wurden, sind dies Mittel- bzw. Medianwerte

Tab. 13 Verifizierung der genetischen Merkmale – komprimiert auf den q_d-Wert – durch morphologische Merkmale in den genetischen (nach STRUCTURE-Analyse) Hybrid (H)- und Kultur (K)-Gruppen und Vorschlag für die Maßnahme ‚Baumentnahme’

Zusammenfassung

Im Leipziger Auenwald in Sachsen sind in einem Zeitraum von drei Jahren (Projektlaufzeit: 02.05.2011 bis 01.05.2014) insgesamt 126 vermeintliche Wildäpfel (*Malus sylvestris*) untersucht worden. Es wurden genetische, morphologische und lichtökologische Messungen durchgeführt, um bestmöglich Erhaltungsmaßnahmen für das Wild-Apfel-Vorkommen im Leipziger Stadtforst entwickeln zu können.

Biochemisch sind 10 Isoenzym-Genorte analysiert worden. Einhundertzwanzig verschiedene Genotypen aus dem Untersuchungsgebiet konnten mit Hilfe einer modellbasierten Clusteranalyse (Software STRUCTURE) auf ihren Wildcharakter überprüft werden. Geschätzt wurde ein genotypischer Anteil von 0.183, der dem abgeleiteten Kultur-Apfel-Genpool zuzuordnen war. Auf Individuenebene erwiesen sich 22.5% der Bäume als mehr oder weniger kulturbeeinflusst, 12.5% als Hybriden und 10% als (verwilderte) Kultursorten.

Die genetische Variation der rechnerisch bereinigten Äpfel ($Wild_{pur}$) im Leipziger Forst war groß: P= 90%, A/L=2.6, H_e=0.366. Die Subpopulationsdifferenzierung (d_j) des Vorkommens betrug 0.073 und ist verglichen mit anderen bekannten Populationen gering. Der paarweise genetische Abstand d_0 zu fünf weiteren Vorkommen in verschiedenen Regionen lag zwischen 0.068 und 0.139; zu dem Vorkommen ‚Sachsen-Bahretal' besteht die größte Nähe. Tendenziell ließ sich eine Übereinstimmung zwischen genetischem und geographischem Abstand von Populationen beobachten.

Während die mittlere Fruchtgröße von Jahr zu Jahr schwankte ($Wild_{pur}$ 2011: 3.58cm, 2012: 3.12cm, 2013: 2.82cm; Breite überwiegend <= 4cm), erwies sich die herbstliche Blattbehaarung im Untersuchungszeitraum als umweltstabil ($Wild_{pur}$: Stufe 0-1). Es ließen sich jeweils signifikante Beziehungen zwischen zwei für die Charakterisierung bedeutenden morphologischen Merkmalen (Fruchtbreite, Blattbehaarung im Herbst) auf der einen Seite und dem genetischen Merkmal des ‚q-Wertes'(Ergebnis der STRUCTURE-Analyse) auf der anderen Seite nachweisen. ‚q-Wert' und ausgewählte morphologische Kenngrößen können zusammen eine Entscheidungshilfe für die Ausweisung von Erhaltungsobjekten darstellen. Die Entscheidungsfindung zur Erhaltungswürdigkeit eines Baumes kann zusätzlich unterstützt werden durch Informationen über die räumliche Verteilung.

Die lichtökologischen Untersuchungen zeigten, dass unter 30% der Freilandstrahlung die Blütenbildung der Apfelbäume nicht sehr intensiv war. Den Grenzwert von 30% erreichten nur etwa 53% der untersuchten Bäume. Freistellungsmaßnahmen sind hier dringend gefordert.

1 Anlass und Zielsetzung des Projekts

1.1 Einleitung

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

1.1.1 Vereinbarungen und rechtliche Verbindlichkeiten

1.1.1.1 Internationale Initiativen

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

1990 in Straßburg: Erhaltung der genetischen Ressourcen des Waldes

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

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

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

1994 erließ der Rat der Europäischen Gemeinschaft in Brüssel eine Verordnung über Erhaltung, Beschreibung, Sammlung und Nutzung der genetischen Ressourcen der Landwirtschaft unter Einbeziehung der Forstwirtschaft. Seit 1995 existieren Europäische Netzwerke über vorhandene Ressourcen bei bestimmten Baumarten (EUFORGEN); zuständige Institutionen sind IPGRI und FAO in Rom.

1.1.1.2 Nationale Initiativen

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

Die Ergebnisse der Rio-Konvention zur Biodiversität wurden in Deutschland 1994 gesetzlich verankert. Weitere Rechtsgrundlagen für die Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressour-

cen bilden die Waldgesetze des Bundes und der Länder, die Rechtsvorschriften über forstliches Saat- und Pflanzgut sowie die Naturschutzgesetzgebung.

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

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

1.1.2 *Malus sylvestris* als Modellbaumart für die „seltenen Baumarten“

1.1.2.1 Seltenheit einer Baumart

Seltene Baumarten sind nach einer Definition von MAURER und TABEL (2002) mit weniger als 1 % an der Waldfläche beteiligt. Es handelt sich meistens um verinselte Vorkommen geringer Individuenzahl oder sogar Einzelbaumvorkommen, die nur sehr begrenzte Möglichkeiten zum genetischen Austausch haben. Man geht daher davon aus, dass sie existenziell bzw. durch Inzuchtdepressionen stark gefährdet sind. Bei Wildobst kommt als weitere Gefährdungsursache die Kontamination mit Fremdpollen aus der Kulturlandschaft in Frage. Die vorherrschende Besiedlungsdichte in Mitteleuropa und die geschichtliche Entwicklung in der Obstzüchtung lassen vermuten, dass der nächste Pollenspender immer eher eine Kultursorte ist, wegbereitend für Hybridisierung. Die genetische Konstitution gerade der seltenen Baumarten ist noch weitgehend unbekannt. Laut Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen

haben neben anderen „ ... die gezielten Erhaltungsmaßnahmen, insbesondere für gefährdete, wertvolle und seltene Vorkommen von Baum- und Straucharten, ... Priorität“ (PAUL at al., 2000). Die Prioritätsstufe für Wild-Apfel und Wild-Birne wird mit „3 (notwendig)“ angegeben (ANONYMUS, 1989). Bei den seltenen Arten greift vorrangig das Konzept-Ziel „Erhaltung der Artenvielfalt“. Es geht grundsätzlich darum, eine ganze Baumart mit geeigneten Methoden vor dem Aussterben zu retten und für die Nachwelt zu erhalten. Der wirksame Schutz einer Baumart ist nicht zuletzt deswegen so dringend, weil gerade Mitteleuropa eiszeitlich bedingt sehr baumartenarm ist und jede einheimische Art zu einer Bereicherung der Vielfalt in unserer Natur und zu Stabilität von Ökosystemen beiträgt. Eine geeignete Erhaltungsmaßnahme für seltene Arten, die oft nur noch sehr vereinzelt vorkommen, ist z.B. die Anlage von Erhaltungsflächen (Samenplantagen, Samengärten) *ex situ* mit vegetativ vermehrtem Pflanzenmaterial (PAUL et al., 2000; MAURER und TABEL, 2002).

1.1.2.2 Gefährdung von *Malus sylvestris*

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

Für die starke Gefährdung des Wild-Apfels gibt es mehrere Ursachen. Die Baumart kommt in Folge von interspezifischer Konkurrenz und Mangel an Förderung oft nur noch vereinzelt, in Form von weit voneinander entfernten Einzelexemplaren, oder in zu kleinen Gruppen in der Landschaft vor. Der Fortbestand der Art ist *in situ* nach dem Ableben eines Individuums nicht mehr gesichert oder aber es besteht das Risiko von Inzucht bei einer generativen Weiterentwicklung vor Ort. Als lichtbedürftige Art und Baum 3. Ordnung ist der Wild-Apfel vor allem gegenüber Schattbaumarten ausgesprochen konkurrenzschwach und scheidet ohne massive Fördermaßnahmen aus. Seine natürliche Konkurrenzschwäche gegenüber anderen Baumarten und seine wirtschaftliche Bedeutungslosigkeit (schlechte Holzqualität), welche nie zu einer Förderung Anlass gab, haben wohl maßgeblich dazu geführt, dass er schleichend aus dem Landschaftsbild verschwunden ist. Er wurde auf heutige Reliktstandorte verdrängt. Das wohl größte zusammenhängende Vorkommen von Wild-Apfel in Deutschland liegt im Biosphärenreservat Mittelelbe und wird aktuell auf über 1.162 Exemplare geschätzt (PATZAK,

KRUMMHAAR, mündl. Mittlg.). Zur ökologischen Bedeutung des Wild-Apfels sei an dieser Stelle auf WAGNER (2005) verwiesen.

Als große Gefahr für die Wildart gilt die Hybridisierung mit dem Kultur-Apfel. Dies ist jedenfalls eine weit verbreitete Meinung und darf auch bei einer jahrhundertelangen Züchtungsaktivität beim Obst zunächst angenommen werden. Wie weit eine genetische Vermischung zwischen Wild-Apfel und Kultur-Apfel und damit eine Verunreinigung des ursprünglichen Wild-Apfel-Erbgutes tatsächlich stattgefunden hat, ist jedoch weitgehend unbekannt, weil diese Fragestellung wissenschaftlich bisher kaum untersucht worden ist. Es gibt weder ausreichende Erkenntnisse über die genetische Struktur rezenter Wildäpfel, noch über Genfluss zwischen Wild-Apfel (*Malus sylvestris*) und Kultur-Apfel (*Malus* × *domestica*). Erste Arbeiten, die sich mit diesem Thema beschäftigen, sind die von WAGNER und WEEDEN (2000 und 2001), MAURER et al. (2002), HÄBER (2002), GLOWALLA (2003), COART et al. (2003), WAGNER et al. (2004a), WAGNER et al. (2004b). Bei allen Baumarten (SCHMITT, 2004), insbesondere natürlich bei den sehr gefährdeten, sind vermehrte Untersuchungen zur Erfassung der natürlichen Variabilität dringend erforderlich.

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

1.1.2.3 Identifizierung von *Malus sylvestris*

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

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

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

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

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

Mit der Untersuchung der „Art"-Frage bei *Malus sylvestris* sind auch die vielen Theorien zur Entstehungsgeschichte von *Malus* × *domestica* zu berücksichtigen (vgl. hierzu ROBINSON et al., 2001). Jüngste molekulargenetische Untersuchungen deuten an, dass *Malus* × *domestica* ausschließlich oder wesentlich auf eine einzige Wildart, nämlich *Malus sieversii*, zurückgeht und dass *Malus sylvestris* mit großer Wahrscheinlichkeit nicht oder kaum an der Entstehung der Apfelsorten beteiligt war (JUNIPER, 2000). Wenn dem tatsächlich so ist,

dann hätte Genfluss in erster Linie von dem „*domestica*“-Genpool in den „*sylvestris*“-Genpool hinein stattgefunden und der genetische Abstand wäre ein Maß dafür; er wäre kein absolutes, aber ein relatives Maß für Introgression/Hybridisierung.

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

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

1.2 Naturschutzfachlicher Rahmen

1.2.1 Einordnung in die Förderleitlinien der DBU

Da bei jedem Partner dieses Projektes ein großes Interesse an unserem seltenen heimischen Wild-Apfel besteht und nachdem auf Exkursionen und in Gesprächen bekannt geworden war, dass es im Leipziger Auenwald ein beachtliches Vorkommen dieser Art gibt, wurde die Idee eines gemeinsamen Projektes pro Wild-Apfel geboren.

Im übergeordneten Rahmen geht es um die Baumart *Malus sylvestris*, die in ganz Mitteleuropa die einzige heimische Wild-Apfel-Art ist. Sie gilt im gesamten Verbreitungsgebiet als sehr selten und stark gefährdet. Es ist daher ein europäisches Anliegen, diese Art vor dem Aussterben zu schützen. Dieses übergeordnete Ziel ist umso dringlicher, als Mitteleuropa eiszeitlich bedingt und verglichen mit Nordamerika und Asien extrem baumartenarm ist, und weitere Verluste nicht hinnehmbar sind. Das Vorhaben dient im weitesten Sinne der Bewahrung der Biodiversität und berührt den Teilbereich der Artenvielfalt ebenso wie den der genetischen Vielfalt.

1.2.2 Aktueller Stand in Forschung und Praxis

Der Wild-Apfel zählt zu den sogenannten „vergessenen“ Baumarten (SCHUMANN, 1989) und gilt als existenziell bedroht. Als wesentliche Gefährdungsursachen gelten:

- seine natürliche Konkurrenzschwäche gegenüber schattenspendenden Baumarten. Als lichtbedürftige Baumart 3. Ordnung läuft der Wild-Apfel schnell Gefahr, unter einem mehr oder weniger dichten Kronendach auszudunkeln bzw. zu verhungern und damit abzusterben.
- seine genetische Verunreinigung durch den Kultur-Apfel, der seit Jahrhunderten im gesamten natürlichen Verbreitungsgebiet der Wildart angebaut wird und die entscheidende Hybridisierungsquelle darstellt.

- sein oft nur noch einzelbaumweises Vorkommen und damit verbundener Mangel an geeigneten Bestäubungspartnern. (wahrscheinlich weniger relevant im Leipziger Stadtwald)

In der naturschutzfachlichen Praxis stellt es sich als schwierig heraus, diese drei Gefährdungen erfolgreich abzuwenden.

Zu 1 'Konkurrenz': Zwar ist es grundsätzlich immer möglich und wird in der Praxis auch durchgeführt (wenn etwas gemacht wird ...), Einzelindividuen durch Entnahme von Bedrängern freizustellen. In der Praxis fehlt es jedoch an technischen Möglichkeiten oder Erfahrungen, die Intensität der konkurrenzerleichternden Maßnahmen gezielt zu steuern und auf ein angemessenes Maß einzustellen.

Zu 2 'Hybridisierung': Bisher werden in der Praxis nach wie vor hauptsächlich morphologische Merkmale benutzt, um den Einfluss von Kulturäpfeln am Individuum 'Wild-Apfel' abzuschätzen (REMMY und GRUBER, 1993; WAGNER, 1996 und 1998; TABEL et al., 2000; jüngstes Beispiel: BINDER, 2010). Die phänotypische Variabilität - bedingt durch Umwelt, Ontogenese, individuelle Jahreszyklen, interne Alternanz - ist enorm und die daraus resultierenden Schwierigkeiten sind hinlänglich bekannt. Obwohl es mittlerweile genetische Verfahren gibt (COART et al., 2006; LARSEN et al., 2006), den Kultureinfluss auf Einzelbaumebene zu quantifizieren, sind sie kaum bekannt und werden noch weniger eingesetzt. In Deutschland wurde dieses Vorgehen erstmalig von WAGNER (2011) für Apfel angewandt und auf luxemburgische Äpfel ausgedehnt (WAGNER et al., in press).

Zu 3 'Isolation/Verinselung': In der Praxis stellt sich die natürliche generative Verjüngung dann als Problem dar, wenn die Wildäpfel nur noch sehr vereinzelt vorkommen und geeignete Bestäubungspartner fehlen. Durch das Zusammenführen abgepfropfter Individuen auf Erhaltungsklonsamenplantagen versucht man hier in der praktischen Erhaltungsarbeit Abhilfe zu schaffen. Da es sich im Leipziger Stadtwald in weiten Teilen um ein zusammenhängendes, reproduktionsfähiges Vorkommen handelt, ist dieser Punkt für das geplante Projekt weniger relevant. Der Umstand, dass es hier im wesentlichen nicht um isolierte Einzelbaumvorkommen geht, macht das Untersuchungsmaterial gerade so wertvoll.

1.2.3 Naturschutzfachliche Bedeutung des Untersuchungsgebietes

Das FFH-Gebiet und das SPA im Leipziger Stadtwald werden durch eine Vielzahl von Fließgewässern geprägt, die in historischer Zeit ein hohes Maß an Dynamik aufwiesen und zur Entstehung großer zusammenhängender Auenlebensräume geführt haben. Durch die eingreifenden Maßnahmen der Flussregulierung vor allem seit Beginn des 20. Jh. sind bis zum heu-

tigen Tag nur noch Relikte der alten, ursprünglich deltaähnlich aufgefächerten Fließe und Flutrinnen erhalten geblieben, welche das einstige Auenregime erahnen lassen. Auch viele auetypische Lebensräume weisen heute einen Reliktcharakter auf und sind vom Verschwinden bedroht.

Das „Leipziger Auensystem“ erstreckt sich im Wesentlichen entlang der Flussauen von Elster, Pleiße und Neuer Luppe. Im südlichen Teil des SCI tritt die Weiße Elster in süd-nördlicher Richtung ins Untersuchungsgebiet ein und teilt sich im Stadtgebiet von Leipzig in mehrere kleinere Nebengewässer und Mühlgräben auf. Gemeinsam mit den Nebengewässern Pleiße und Parthe bildet die Weiße Elster den so genannten „Leipziger Wasserknoten“. Unterhalb des Elsterbeckens teilt sich das Gewässer in die Weiße Elster, die Neue Luppe, in welche weiter westlich der Zschampert aufgenommen wird, sowie in die Nahle auf. Letztere fließt ebenfalls der Neuen Luppe zu. Aus dieser tritt, sofern das Wehr geöffnet wird, bei Kleinliebenau der Restlauf der Alten Luppe aus.

Die Auen des beschriebenen Flusssystems weisen vor allem im Nordwesten ausgedehnte naturnahe Hartholzauwaldbestände mit Übergängen zu Eichen-Hainbuchenwäldern auf, wie sie im mitteldeutschen Raum kaum noch zu finden sind. Weite Teile der südlichen Flussaue werden hingegen von Eichen-Hainbuchenwäldern mit teilweise hohem Bestandsalter geprägt. Zudem ist ein kleinräumig gegliedertes Landschaftsbild erhalten mit einem Mosaik aus:

- zum Teil in hervorragendem Zustand bewahrtem Frischgrünland,
- Stromtalwiesen von überregionaler naturschutzfachlicher Bedeutung,
- Lehmlachen und Altwässern mit artenreicher Herpeto- und Wirbellosenfauna,
- Gebüschen,
- Säumen,
- Gräben und
- Weichholzauen.

Das FFH-Gebiet setzt sich aus 3 nahe beieinander liegenden Teilgebieten zusammen.

Das nördliche Teilgebiet des SCI erstreckt sich entlang des Auensystems der Flüsse Elster und Neue Luppe von Südwest-Schkeuditz über den Westen Leipzigs bis ins Leipziger Stadtgebiet hinein (Elster-Luppe-Aue). Die westliche Grenze befindet sich an der Mündung der Neuen Luppe in die Weiße Elster. Die Südgrenze verläuft nördlich von Klein-Liebenau und Gundorf bis zum Elsterbecken, welches die Ostgrenze der Teilfläche 1 bildet. Im Norden wird die Teilfläche 1 vom Stadtgebiet Leipzig West und Schkeuditz begrenzt. Der urban geprägte Bereich um den Auensee (zwischen Weißer Elster und Neuer Luppe) ist kein Bestandteil des SCI.

Ein weiteres kleines Teilgebiet liegt in der Südvorstadt im Bereich der Rennbahn Scheibenholz.

Das dritte Teilgebiet erstreckt sich vom Stadtteil Connewitz in nord-südlicher Richtung entlang der Flüsse Weiße Elster und Pleiße und wird im Süden (Knauthain) begrenzt vom Elsterstausee bzw. von dem durch Braunkohleabbau geprägten Südraum von Leipzig. Die Westgrenze verläuft in etwa entlang der Linie Elsterflutbett, Weiße Elster und Elstermühlgraben Knauthain. Im Osten bildet der urban geprägte Bereich des Stadtteils Connewitz die Grenze.

Die 3 Teilgebiete unterscheiden sich naturräumlich, geologisch und standörtlich kaum bzw. nur nuanciell und können diesbezüglich gemeinsam betrachtet werden. Klimatische und pflanzengeografische Differenzierungen sind vorhanden.

Wegen der vielfältigen Biotoptypenausstattung stellt die Leipziger Auenlandschaft ein deutschlandweit bedeutendes Refugium für eine große Anzahl bedrohter Tier- und Pflanzenarten dar. Deshalb genießt das Gebiet eine überregionale naturschutzfachliche Bedeutung und zählt zu den Schwerpunkten der sächsischen Naturschutzarbeit. So wurde das Leipziger Auensystem im Jahr 1994 vom Freistaat Sachsen zum Landesschwerpunktprojekt „Leipziger Auensystem“ erklärt, was die finanzielle und organisatorische Grundlage für die Durchführung verschiedener Projekte zum Schutz und zur Entwicklung der Leipziger Auen darstellte.

Ein Charakteristikum des SCI „Leipziger Auensystem“ und des SPA „Leipziger Auwald“ ist neben naturschutzfachlichen Aspekten auch in der ungewöhnlichen soziogeografischen Lage zu sehen, da die Gebiete weit in den urban geprägten Raum der Stadt Leipzig hineinreichen. Vorrangig in den Randbereichen der Aue treten auch Streuobstwiesen auf. Hieraus ergeben sich besondere Anforderungen an die Managementplanung (HELLRIEGEL-INSTITUT, 2009 unveröff.). Einen schnellen Überblick zum Leipziger Stadtwald gibt SICKERT (2002).

1.3 Zielsetzung

Das Hauptziel ist es, die Wildäpfel im Leipziger Stadtwald nachhaltig zu sichern und damit gleichzeitig etwas Positives für die Gesamtsituation von *Malus sylvestris* in Deutschland zu erreichen.

Teilziele sind:

(a) Genetische und morphologische Beschreibung der lokalen vermeintlichen Wild-Apfel-Population, um Kenntnisse über das Ausmaß von Hybridisierung und über die genetische Konstitution (genetischeVielfalt etc.) auch im Vergleich zu anderen Vorkommen in Deutschland zu erlangen.

(b) Entscheidungsfindung über die Erhaltungswürdigkeit der rezenten Population.

Variante 1: Nicht erhaltungswürdig, d.h. Abbruch des vorgeplanten Projektes und ggf. Erarbeitung eines neuen Behandlungskonzeptes für das Vorkommen.

Variante 2: Erhaltungswürdig, d.h. Fortfahren in der Projektplanung (s. (c))

(c) Bereinigung und Vitalisierung der verbleibenden Population;
Entfernung offensichtlicher Hybriden/Verwilderungen und Verbesserung der Konkurrenzsituation (Freistellung) der einzelnen Bäume, die zukünftig die rezente Wild-Apfel-Population im Leipziger Wald repräsentieren.

2 Darstellung der Arbeitsschritte und der angewandten Methoden

2.1 Pflanzenmaterial

Gegenstand der biochemischen Untersuchungen waren 126 Bäume vermeintlicher Wildäpfel aus den Stadtforsten Leipzig, bevorzugt aus dem Leipziger Auenwald. Einzelne Bäume erwiesen sich bei Austrieb beziehungsweise nach ersten Analysen des Probenmaterials nicht als Wild-Apfel sondern als Wild-Birne und mussten von den weiteren Untersuchungen ausgeschlossen werden. Dies waren die Individuen mit den Nummern 46, 47 und 48.

Die Untersuchungsbäume sind seitens des Stadtforstamtes Leipzig ausgewählt und in den Wintermonaten der Jahre 2011-2013 beprobt worden. Da im ersten Projektjahr nicht alle Bäume wiederzufinden waren, wurden Suche und biochemische Analysen auch bis ins dritte Projektjahr ausgedehnt. Es handelt sich weitestgehend um adulte Individuen und in einigen Fällen um gepflanzte Jungbäume. Die Wildäpfel decken 9 verschiedene Teilgebiete/Orte ab, in denen sie unterschiedlich repräsentiert sind. Bei den Teilgebieten handelt es sich um die B2 (Nähe zur Autobahn), Burgaue, Connewitz, Gundorf, Hasenholz, Küchenholz, Nonne, Prinz Eugen Straße und Teichstraße (bei Forstamt). Von jedem Baum wurden 2 Zweige - mit Winterknospen - von ca. 30-50 cm Länge geschnitten. Die Reiser sind feucht verpackt an das Labor von Pro Arbore in Dresden geliefert worden. Dort angenommen, wurden sie bis zur Analyse nach dem üblichen Verfahren in Kühlschränken zwischengelagert. Vor der biochemischen Analyse sind die Zweige in Wassereimern und bei ausreichend Wärme- und Lichtgenuss angetrieben worden.

Für die Kennzeichnung der Bäume in den Tabellen sind diejenigen Nummern verwendet worden, mit denen die Proben bei Lieferung original beschriftet waren (alte Baumnummer). In Ergänzung dazu wurden auch neue Baumnummern mitgeteilt, die am Ende der Feldarbeiten für fortlaufend neu gefundene Bäume vergeben werden konnten. Eine exakte Einmessung der Bäume mittels GPS-Koordinaten, die Erstellung der Karten sowie die bildliche Dokumentation einiger ausgesuchter Erhaltungsobjekte erfolgten durch das Stadtforstamt. Die geogra-

phische Beschreibung des Untersuchungsmaterials findet sich in den Tabellen 1 und 2 sowie in den Karten im Anhang.

2.2 Biochemische und statistische Analysen

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

Zur besseren Differenzierung einiger Muster mussten auf jedem Gel Standards, d.h. Proben bestimmter Kultursorten mit bekannten Mustern, verwendet werden. Diese Standards wurden u.a. von dem Bundessortenamt (BSA) in Wurzen in Form von Zweigen bezogen. Der Färbetechnik und Interpretation von Isoenzymmustern liegen die Arbeiten von WEEDEN und LAMB (1985), WENDEL und WEEDEN (1989) sowie WAGNER und WEEDEN (2000) zugrunde. Dreizehn polymorphe Genorte/Zonen wurden bewertet. Drei Zonen waren hilfreich, die Identität von Klonen abzusichern. Zehn Genorte (Genloci) bildeten die Grundlage für weiterführende populationsstatistische Berechnungen.

Die Multilocus-Genotypdaten sind mit einer modellgestützten Clusteranalyse (PRITCHARD et al., 2000 und 2007) ausgewertet worden, um die relative „Kulturferne“ von Einzelbäumen quantitativ zu beschreiben. Integrierter Bestandteil dieser statistischen Analyse (Software STRUCTURE ‚linkage model’) waren Referenzdaten von Kulturäpfeln aus der Datenbank von Pro Arbore (Namensliste s. Anhang), von denen 406 diploide Äpfel zum Vergleich genutzt worden sind. Das methodische Vorgehen ist bei WAGNER (2011) skizziert. Referenzen stellten auch die genetischen Daten vermeintlicher Wildäpfel in anderen Regionen, vorwiegend in Deutschland, dar, mit denen die Äpfel im Leipziger Auenwald verrechnet werden

konnten. Die populationsstatistischen Maße sind bei HATTEMER et al. (1993) erklärt und mit Hilfe des Programms GSED (GILLET, 2001) berechnet worden.
Die Datenverarbeitung wurde unterstützt durch ACCESS (1997) und EXCEL (1997), die Textverarbeitung durch WORD (1997).

2.3 Morphologische Messungen

Ausgesuchte morphologische Merkmale wurden durch Pro Arbore über den gesamten Projektzeitraum von 3 Jahren gemessen. Für eine gewisse Schnittmenge von Bäumen ergab sich somit die Möglichkeit für Jahresvergleiche. Morphologische Parameter dienten der Verifizierung von genetischen Ergebnissen. Wichtige Merkmale zur Identifizierung sind die unterseitige Blattbehaarung im Frühjahr und vor allem im Herbst nach Verkahlungsprozessen, die Blütenbehaarung (Kelchblatt, Blütenbecher, Blütenstiel), die Fruchtgröße (hier Breite) und der Langtriebdurchmesser. Details zur Bedeutung und Messmethodik der Merkmale finden sich bei WAGNER (1996b) und BINDER (2010).

2.4 Vitalitätsweiser und Lichtmessungen

Eine Stichprobe von Bäumen zur Parametrisierung einer Blütendichte-Lichtgenuss-Beziehung wurde durch die TU Dresden, Waldbauprofessur, etabliert. Der Zusammenhang zwischen Strahlung und Knospenbildung ist in Anlehnung an BINDER (2010) und BINDER et al. (2011) überprüft worden. Die Strahlung wurde mit Hilfe hemisphärischer Fotos (WAGNER et al., 2004) durch die TU Dresden, Waldbauprofessur, gemessen.
Die Messungen zur Apfelblüte und zu den dafür förderlichen Strahlungsbedingungen wurden an 15 Bäumen und jeweils 5 Zweigen durchgeführt. Die Zählung der Blütenknospen erfolgte im Mai 2011 und die korrespondierenden Strahlungsmessungen erfolgten im Juli 2011 sowie im Sommer 2012. Als Vitalitätsweiser bewährte sich die ‚Anzahl Blütendolden von 20 Knospen rund um den Messpunkt' (vgl. dazu BINDER, 2010). Da die Messungen bei konventioneller Auswertetechnik keine sehr klaren Zusammenhänge ergaben, wurden ambitioniertere Verfahren angewandt. Dazu zählt das Verfahren von gemischten linearen und nichtlinearen Modellen. Diese Modelle erlauben die Berücksichtigung der baumindividuellen Zusammenhänge bei der Berechnung eines Gesamtmodells. Weil damit auch das Problem von „Pseudoreplikationen" behandelt werden kann (also von Messwerten, deren Unabhängigkeit im statistischen Sinne nicht a priori gegeben ist), ergeben die Berechnungen vertrauenswürdige Ergebnisse.

Die von Binder (2010) im Erzgebirge erhobenen Daten zur Lichtökologie sind mit in eine gemeinsame Analyse einbezogen worden.

3 Ergebnisse

3.1 Genetik

In dem gesamten Datensatz von N = 126 erwiesen sich jeweils zwei Individuen von 5 Pärchen als genetisch identisch. Da auch die räumliche Anordnung der betreffenden beiden Individuen im Gelände die Möglichkeit vegetativer Vermehrung (Klone) zulässt, wurden genetisch identische Nachbarn vor weiteren Berechnungen bereinigt. Die Bäume mit den Nummern (alt) 19 (Dopplung von 16), 98b (Dopplung von 98a), 134a (Dopplung von 134), 145b3 (Dopplung von 145b2) und 200k (Dopplung von 200g) sind aus dem Datensatz entfernt worden. Als polyploider Baum konnte auch die Nummer 141 an der Auffahrt zur B2 rechnerisch nicht weiter berücksichtigt werden. Dieser wahrscheinlich triploide Apfel zeigte einen deutlichen Kultureinfluss.

Als seltene private Allele von *M. sylvestris* kamen AAT-2'd' und PGM-1'e' vor. Das Allel AAT-2'd' war zuvor nur an einem einzigen Apfelbaum im Biosphärenreservat Mittelelbe bei Dessau beobachtet worden. Im Leipziger Auenwald trat es bei zehn Wildäpfeln - 16, 19a, 28a, 160, 161, 165, 166, 167, 168, 169 - in Gundorf, Forstadr. 171a2/a3, auf. PGM-1'e' wurde bisher nur in östlichen Vorkommen von Wild-Apfel beobachtet. Im Leipziger Auenwald hatte ein Baum in Connewitz dieses Merkmal.

Die Tabellen 3 und 4 im Anhang geben für alle 120 Genotypen im Leipziger Auenwald deren Gruppenzugehörigkeit nach Clusterung (vgl. Kap. 3.1.1) an.

3.1.1 Hybridisierung und genetische Vermischung

Die STRUCTURE-Analyse ist eine modellbasierte Clusteranalyse. Sie ist eine Methode, die genetische Strukturen in Populationen aufdeckt - auch solche, die auf Anhieb nicht gleich zu erkennen sind -, und die einzelbaumweise gut differenziert. Auch mit einer geringen Anzahl von Loci wird eine hohe Genauigkeit der Gruppenzuordnung erreicht. Auf der Basis von Multilocus-Genotyp-Daten kann für jeden Baum seine Zugehörigkeitswahrscheinlichkeit (q) in jedes abgeleitete Cluster angegeben werden. Dabei kommen grundsätzlich verschiedene Markertypen in Frage. Hier wurden Enzym-Genmarker verwendet und die Genorte TPI-5, AAT-1, AAT-2, PGM-1, PGM-5, DIA-2, DIA-4, 6PGD-1, MDH-4, IDH-1 quantitativ analysiert.

Berechnet wurden die Anteile der Zugehörigkeit der Genotypen zur abgeleiteten 'Wild'-Gruppe und zur abgeleiteten 'Kultur'-Gruppe (K = 2). Für jeden einzelnen Baum sind die Wahrscheinlichkeiten (q), sowohl der einen (Genpool 1 mit q-*sylvestris* [q_s]) als auch der anderen (Genpool 2 mit q-*domestica* [q_d]) Gruppe anzugehören, tabellarisch mitgeteilt (Tab. 3 und 4 i. Anhang). Tabelle 5 fasst die Aufteilung der Genotypanteile auf die beiden abgeleiteten Genpools für Vorkommen bekannter Herkunft (vermeintliche Wildäpfel) bzw. nach dem Züchtungsalter (Kulturäpfel) zusammen. Die Äpfel aus dem Leipziger Auenwald in Sachsen konnten somit nicht nur mit Kulturäpfeln als Referenz, sondern auch mit bisher untersuchten Wildäpfeln aus anderen Gebieten hauptsächlich in Deutschland verglichen werden. Neben dem ersten wichtigen Ergebnis, dass sich die Genotypanteile in ihrer Gesamtheit klar auf zwei Gruppen verteilen ließen, wurden Unterschiede zwischen den Vorkommen rezenter Wildäpfel deutlich erkennbar. In Tabelle 5 sind die Populationen und Klonsammlungen in der Reihenfolge ihrer geschätzten Zugehörigkeit sortiert. Danach gehört die Gruppe aus Sachsen, Leipzig (Vorkommen E), wie alle anderen Gruppen rezenter Wildäpfel auch, größtenteils zum abgeleiteten *sylvestris*-Genpool (Genpool 1). Gleichzeitig weist sie einen Anteil von 0.183 am abgeleiteten *domestica*-Genpool (Genpool 2) auf. Sie steht damit dem Vorkommen D am nächsten.

Tab. 5 Zusammenfassung der Ergebnisse einer modellbasierten Cluster-Analyse mit Multilocus-Genotyp-Daten (Software STRUCTURE mit ‚linkage model'). Angegeben sind die Anteile der geschätzten Zugehörigkeit von Genotypen einer vorgegebenen Kategorie zu einem der beiden abgeleiteten Genpools (Cluster). Daten auf der Basis von Isoenzymen und 10 Gen-orten (TPI-5, AAT-1, AAT-2, PGM-1, PGM-5, DIA-2, DIA-4, 6PGD-1, MDH-4, IDH-1)

Kategorie Herkunft/Alter	Anzahl Bäume (N)	Genpool 1 (*M. sylvestris*)	Genpool 2 (*M. domestica*)
M. sylvestris Vorkommen A	86	0.951	0.049
M. sylvestris Vorkommen B	290	0.908	0.092
M. sylvestris Vorkommen C	108	0.849	0.151
M. sylvestris Vorkommen D	100	0.821	0.179
M. sylvestris Vorkommen E (Leipzig)	120	0.817	0.183
M. sylvestris Vorkommen F	59	0.739	0.261
***M. sylvestris* Gesamt**	**763**	**0.848**	**0.152**
M. domestica alte Sorten (Grp 2)	223	0.103	0.897
M. domestica mittelalte Sorten (Grp 3)	60	0.066	0.934
M. domestica neue Sorten (Grp 4)	123	0.060	0.940
***M. domestica* Gesamt**	**406**	**0.076**	**0.924**
***Malus* Gesamt**	**1169**		

A: Rheinland-Pfalz (RP) B: Sachsen-Anhalt (ST) C: Sachsen, Bahretal (SN-B) D: Nordrhein-Westfalen (NW) E: Sachsen, Leipzig (SN-L) F: Luxembourg (L) (vgl. WAGNER et al. (in press), modifiziert durch Vergrößerung der Stichprobe)

Tabelle 6a gibt die mittleren Zuordnungskoeffizienten q_s beziehungsweise die mittlere Artintegrität für 9 (10) Teilgebiete im Leipziger Auewald an. Das Teilgebiet ‚Unbekannt' steht für eine Zusammenfassung von Wildäpfeln ohne bisherige Ortsangabe. Die mittleren Koeffizienten schwanken zwischen 0.032, geringste Wildnähe, auf der Prinz Eugen Str. und 0.964, höchste Wildnähe, in Hasenholz. Hohe Variationskoeffizienten weisen auf eine größere Heterogenität im Teilgebiet hin. Maximal heterogen ist das Gebiet an der B2 mit sowohl sehr niedrigen als auch sehr hohen q_s–Werten. Die Gruppe ‚Unbekannt' hat eine sehr geringe Streuung, die neun Werte liegen zwischen 0.954 und 0.983, so dass eine spätere Aufteilung der Bäume auf die bekannten Gebiete deren mittlere q_s-Werte in den meisten Fällen erhöhen sollte.

Tab. 6a Ergebnisse der Clusteranalyse für vermeintliche Wildäpfel in Teilgebieten des Leipziger Auenwaldes. Mittlere q-Werte (Artintegrität) und ihre Varianz

Kategorie Gebiet Teil-/Gesamt	Anzahl Bäume N	Mittelwert q_s	Standard-abweichung ± s	Variations-koeffizient v (%)	Spanne für q_s Min - Max
Unbekannt (kA)	9	0.972	0.0098	1.0	0.954-0.983
B2	12	0.411	0.4814	117.1 (!)	0.017-0.976
Burgaue	6	0.733	0.3412	46.5 (!)	0.182-0.980
Connewitz	21	0.932	0.1106	11.9	0.590-0.984
Gundorf	50	0.925	0.1009	10.9	0.435-0.984
Hasenholz	3	0.964	0.0057	0.6	0.959-0.970
Küchenholz	4	0.802	0.1091	13.6	0.727-0.963
Nonne	4	0.915	0.0979	10.7	0.770-0.983
Prinz Eugen Str.	4	0.032	0.0153	47.8 (!)	0.018-0.052
Teichstr. 20	7	0.613	0.2919	47.6 (!)	0.217-0.904
Gesamt	120	0.817	0.2959	36.2	0.017-0.984

Unbekannt: keine Angabe (kA) zum Gebiet

Tabelle 6b benennt die Apfelbäume in jedem Teilgebiet, die bei einem Schwellenwert von 0.8 für q_s als Hybriden (12.5%) bzw. wildlebende Kultursorten (10%) bezeichnet werden. Dies sind insgesamt 22.5%.

Tab. 6b Ergebnisse der Clusteranalyse für Äpfel in Teilgebieten des Leipziger Auenwaldes. Vermeintliche Hybriden/wildlebende Sorten (Schwellenwert $q_s = 0.8$)

Kategorie Gebiet Teil-/Gesamt	Anzahl Bäume $N_{ges.}$	Anzahl Bäume $Nq_{s < 0.8}$	Baum (Nr.)
Unbekannt (kA)	9	0	-
B2	12	7	(137, 138, 139, 142, 146, 147, 147a)
Burgaue	6	2	(152, 153)
Connewitz	21	2	(90, 107)
Gundorf	50	4	(102, 154, 163, 173a)
Hasenholz	3	0	-
Küchenholz	4	3	(84, 86, 88)
Nonne	4	1	(80)
Prinz Eugen Str.	4	4	(145, 145a, 145b1, 145b2)
Teichstr. 20	7	4	(132, 133, 133a, 134)
Gesamt	120	27 (22.5 %)	

Unbekannt: keine Angabe (kA) zum Gebiet

Tabelle 6c benennt die Apfelbäume in jedem Teilgebiet, die per Definition bei einem Schwellenwert von 0.2 für q_s als wildlebende Kultursorten bezeichnet werden. Dies sind insgesamt 10%. Das gesamte Vorkommen der Prinz Eugen Str., 4 Bäume, ist als sehr kulturnah einzustufen. Ebenfalls können 7 von 12 Äpfeln an der B2 als Kulturäpfel betrachtet werden. Ein Apfel in Burgaue gilt als deutlich kulturgeprägt; von dem Baum 152 ist zusätzlich bekannt, dass er gepflanzt worden ist.

Tab. 6c Ergebnisse der Cluster-Analyse für Äpfel in Teilgebieten des Leipziger Auenwaldes. Vermeintlich wildlebende Sorten (Schwellenwert $q_s = 0.2$)

Kategorie Gebiet Teil-/Gesamt	Anzahl Bäume $N_{ges.}$	Anzahl Bäume $Nq_{s < 0.2}$	Baum (Nr.)
Unbekannt (kA)	9	0	-
B2	12	7	(137, 138, 139, 142, 146, 147, 147a)
Burgaue	6	1	(152)
Connewitz	21	0	-
Gundorf	50	0	-
Hasenholz	3	0	-
Küchenholz	4	0	-
Nonne	4	0	-
Prinz Eugen Str.	4	4	(145, 145a, 145b1, 145b2)
Teichstr. 20	7	0	-
Gesamt	120	12 (10 %)	

Unbekannt: keine Angabe (kA) zum Gebiet

In Abbildung 1 ist für jeden einzelnen Baum die proportionale Zuordnung seines Genotyps in die zwei abgeleiteten Gruppen dargestellt. Es handelt sich um die graphische Darstellung der beiden Zugehörigkeitskoeffizienten (q-Werte) für jedes Individuum. Die Koeffizienten können Werte zwischen 0 und 1 annehmen. Mit q-*domestica* (q_d) bzw. q-'Kultur' wird die Wahrscheinlichkeit angegeben, mit der ein Baum zur abgeleiteten Kultur-Apfel-Gruppe gehört und mit q-*sylvestris* (q_s) bzw. q-'Wild' wird die Wahrscheinlichkeit angegeben, mit der ein Baum zur abgeleiteten Wild-Apfel-Gruppe zählt. Bei der Herkunft mit dem Buchstaben E handelt es sich um die vorgegebene Gruppe der Äpfel aus dem Leipziger Auenwald in Sachsen. Es ist ersichtlich, dass es einzelne Individuen gibt, die proportional mehr auf der Seite der Kulturäpfel stehen, also vergleichsweise hohe q_d-Werte bzw. geringe q_s-Werte aufweisen.

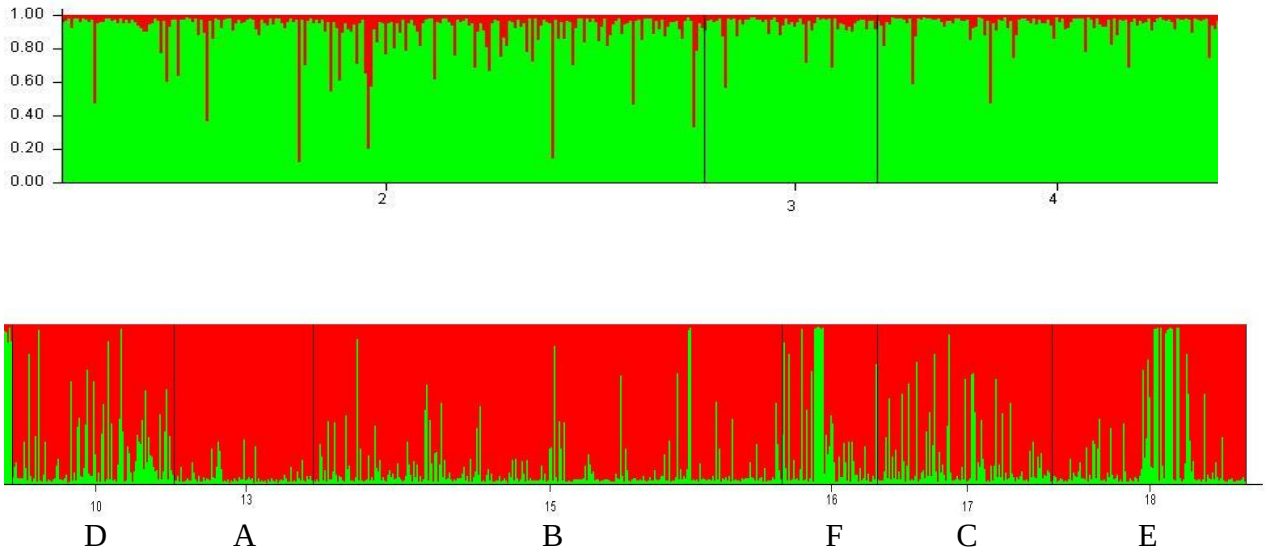

Abb. 1 Proportionale Zuordnung (q_k) der einzelnen Genotypen in die beiden K=2 abgeleiteten Cluster. Gruppierung der Individuen nach geschätztem Züchtungsalter für *M. domestica* (Grp 2 (alt), 3 (mittel), 4 (neu)) oben und Herkunft für *M. sylvestris* (Grp A - F) unten

Neben der bisher dargestellten Zweiteilung, der Aufteilung der genotypischen Anteile auf zwei Gruppen, ist auch eine intermediäre Zuordnung möglich. Es kann auch eine Hybrid-Zone betrachtet werden. Grundlage dafür sind die durch das Statistikprogramm mittels MCMC-Methoden (Markov chain Monte Carlo) berechneten Zugehörigkeitskoeffizienten (q) für jeden einzelnen Baum. Die q-Werte für die Äpfel im Leipziger Auenwald sind einzel-

baumweise in den Tabellen 3 und 4 (Tabellen-Anhang) mitgeteilt. In Tabelle 4 sind sie auf- bzw. absteigend sortiert und ist die nachfolgend beschriebene Grenzziehung nachvollziehbar. Legt man einen Grenzwert für q von 20% fest (vgl. COART et al., 2006), wobei die Grenzziehung eine Ermessenssache ist, dann fallen 27 (22.5%) der beurteilbaren Leipzig-Äpfel in eine intermediäre 'Hybrid'zone (N=15, 12.5%) bzw. in das 'Kultur'-Cluster (N=12, 10%). Zwölf Bäume (10%) haben demnach genetisch einen starken Kulturcharakter (Tab. 4).

In der nachfolgenden Abbildung 2 wurden beispielhaft Individuen nach aufsteigenden q_d-Werten sortiert. Die Darstellung von genetischen Ergebnissen hinsichtlich Introgression auf der Basis von Isoenzymgenmarkern (diese Arbeit) erscheint fast identisch mit der entsprechenden Darstellung auf der Basis von Mikrosatelliten-Markern (COART et al., 2006, Fig. 2). Eine alternative Darstellung findet sich bei LARSEN et al. (2006, Fig. 3).

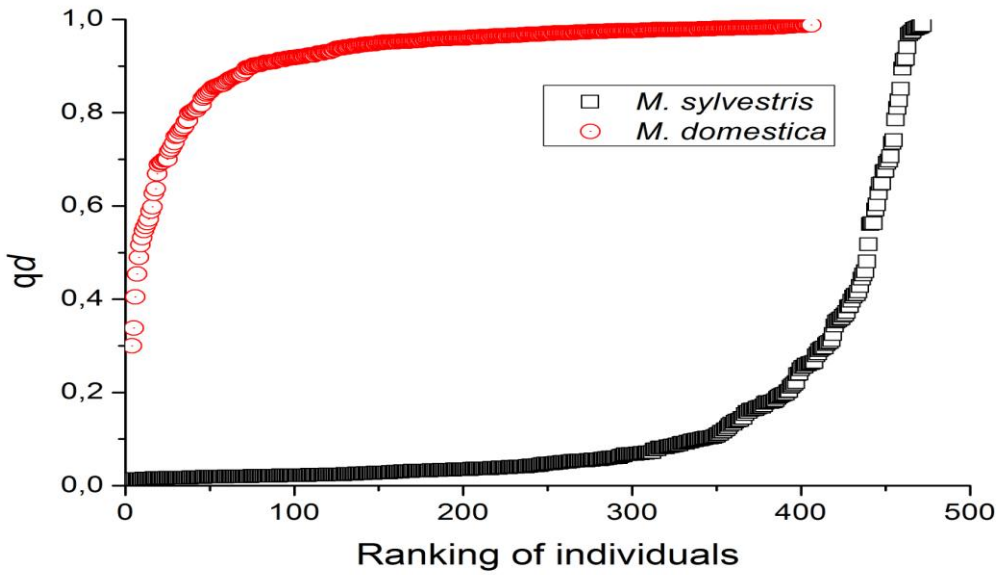

Abb. 2 Einzelbaum-Zuordnung von mehreren hundert *Malus*-Individuen in das abgeleitete ‚*domestica*'-Cluster (Kultur-Gruppe) anhand von q_d (0-1). Zunehmende Kulturnähe von links nach rechts

3.1.2 Diversität und Differenzierung

Die populationsgenetischen Maße sind mit dem Programm GSED zur Berechnung von genetischen Strukturen auf der Basis elektrophoretisch gewonnener Daten (GILLET, 2001) für verschiedenen Varianten der Gruppenzusammensetzung ermittelt worden. Für die Wildäpfel aus Sachsen, Leipziger Auenwald, (SN-L) wurden diese Maße für die gesamte Gruppe von 120 Individuen sowie für die hybrid/kulturbereinigte Gruppe, $Wild_{pur}$ mit 93 Individuen, errechnet. Für die als Referenz benutzten Kulturäpfel wurden diese Maße für die gesamte Gruppe von 406 Individuen sowie für alte (vor 1900 entstanden), mittelalte und neue (nach 1900 entstanden) Sorten errechnet. Die nachfolgenden Tabellen fassen die Ergebnisse der genetischen Variation innerhalb von Gruppen (Tabelle 7) und zwischen Gruppen (Tabelle 8) zusammen.

Tab. 7 Genetische Variation innerhalb der Wildäpfel aus Sachsen, Leipzig, (SN-L) ohne und mit Hybrid-/Kulturbereinigung bei einem Schwellenwert für q von 0.2 im Vergleich zu Kulturäpfeln als Referenz. Angegeben sind die Anzahl der Individuen (N), mittlere Anzahl von Allelen je Genort (A/L), mittlere Anzahl von Genotypen je Genort (G/L), Anteil polymorpher Genorte (P', P 0.95 Kriterium), Genpool-Diversität (v_{pool}), hypothetisch gametische Multilocus-Diversität (v_{gam}), beobachtete Heterozygotie ($H_{a=o}$), erwartete Heterozygotie bzw. Gesamtdifferenzierung des Genpools (H_e/δ_T) und Fixierungsindex (F)

Kategorie	N	A/L	G/L	P', $P_{0.95}$	v_{pool}	v_{gam}	$H_a=H_o$	δ_T (H_e)	F
M. sylvestris									
SN-L $_{alle}$	120	2.9	5.1	1.0, 1.0	1.699	357	0.380	0.413	0.0799
SN-L $_{pur}$	93	2.6	4.1	0.9, 0.9	1.573	170	0.363	0.366	0.0082
M. domestica									
Sorten $_{alle}$	406	2.8	5.1	1.0, 0.9	1.637	302	0.386	0.390	
Sorten $_{alt}$	223	2.8	4.8	1.0, 0.9	1.628	278	0.389	0.387	
Sorten $_{mittel-alt}$	60	2.6	4.1	1.0, 0.8	1.630	310	0.379	0.390	
Sorten $_{neu}$	123	2.7	4.2	1.0, 0.9	1.628	278	0.385	0.387	

Die genetische Vielfalt der bisher insgesamt untersuchten Wildäpfel aus Sachsen-Leipzig (SN-L $_{alle}$) ist hoch. Auch im Vergleich zu allen Sorten (Sorten $_{alle}$) zeigen einige Vielfaltsmaße Maximumwerte. Deutlich wird dies insbesondere bei den Merkmalen A/L mit 2.9, v_{pool} mit 1.699, v_{gam} mit 357 und H_e mit 0.413. Die mittlere Anzahl der Genotypen je Locus (G/L) ist mit 5.1 bei allen untersuchten Äpfeln aus Leipzig und allen Kultursorten identisch. Die rechnerisch bereinigte $Wild_{pur}$-Gruppe weist bei allen Parametern z.T. auffällig niedrigere Werte auf.

Tab. 8 Genetische Variation zwischen den Wildäpfeln aus Sachsen, Leipzig (SN-L) und Kulturäpfeln (Sorten) sowie zwischen den Wildäpfeln aus Sachsen, Leipzig, und anderen Wild-Apfel-Vorkommen (alle Wildäpfel bereinigt: $Wild_{pur}$). Für den paarweisen Vergleich wird der genetische Abstand (d_0) angegeben

		SN-L	SN-B	ST	NW	L	RP
d_0	Sorten $_{alt}$	0.305					
	Sorten $_{alle}$	0.320					
	Sorten $_{neu}$	0.347					
d_0	SN-L		0.068	0.075	0.098	0.130	0.139

SN-L: Sachsen, Leipzig SN-B: Sachsen, Bahretal ST: Sachsen-Anhalt NW: Nordrhein-Westfalen L: Luxembourg RP: Rheinland-Pfalz

Der genetische Abstand (d_0) nach GREGORIUS (1974) zwischen dem Wild-Apfel-Vorkommen aus Sachsen, Leipzig, und der größten Kultur-Apfel-Gruppe, d.h. der gesamten Sorten-Referenz, beträgt 0.320 (32%). Zu neuen Sorten ist der Abstand etwas größer (0.347), zu alten Sorten ist er etwas geringer (0.305).

In Tabelle 8 sind auch genetische Abstände (d_0) zu fünf anderen Wild-Apfel-Vorkommen hauptsächlich in Deutschland mitgeteilt. Das Vorkommen Sachsen-Leipzig steht genetisch dem Vorkommen Sachsen-Bahretal im Unteren Osterzgebirge am nächsten. Es ist genetisch am weitesten von dem Vorkommen Rheinland-Pfalz entfernt. Die größte Nähe besteht zu anderen östlichen Vorkommen (Sachsen und Sachsen-Anhalt), die größte Entfernung besteht zu westlichen Vorkommen (Rheinland-Pfalz und Luxembourg).

Die Subpopulationsdifferenzierung (d_j) des Vorkommens in Leipzig beträgt 0.073. Im Vergleich dazu sind die entsprechenden Werte in Sachsen-Anhalt 0.074, Sachsen-Bahretal 0.067, Nordrhein-Westfalen 0.081, Luxembourg 0.099 und Rheinland-Pfalz 0.119.

Die Häufigkeiten (%) *Ms*-spezifischer Allele sind folgende:

PGM-1'e': 0.8 (gesamte Gruppe), 1.1 (W_{pur}-Gruppe)

AAT-2'd': 4.2 (gesamte Gruppe), 5.4 (W_{pur}-Gruppe)

TPI-5'c': 9.6 (gesamte Gruppe), 11.3 (W_{pur}-Gruppe)

DIA-4'a': 37.5 (gesamte Gruppe), 41.9 (W_{pur}-Gruppe)

PGM-1'c': 42.1 (gesamte Gruppe), 48.9 (W_{pur}-Gruppe)

Die Häufigkeiten privater Allele sind in der $Wild_{pur}$-Gruppe höher als in der gesamten Gruppe vermeintlicher Wildäpfel in Leipzig.

3.2 Morphologie

3.2.1 Konstanz der Merkmalsausprägung in verschiedenen Jahren und Zusammenhang mit der Genetik

In den drei Jahren des Projektes wurden die Bäume auf verschiedenste morphologische Merkmale hin beobachtet. Für die Merkmale „Blattbehaarung im Herbst“ und „Fruchtbreite“, die als zwei entscheidende Parameter für die Charakterisierung gelten, werden hierzu einige Ergebnisse mitgeteilt. Dabei gilt das Augenmerk zum Einen der Frage, ob die Merkmalsausprägung am Einzelbaum über die drei Jahre konstant geblieben ist. Eine solche Konstanz wäre z.B. Voraussetzung für die Tauglichkeit des Merkmals als Bestimmungsmerkmal. Zum Anderen sollte untersucht werden, ob es zu den ermittelten genetischen Merkmalen, zusammengefasst in der Größe „q-*domestica*“, klare Beziehungen in der Ausprägung der morphologischen Merkmale gibt. Um solche Beziehungen aufzuzeigen, wäre die Konstanz des morphologischen Merkmals über die drei Beobachtungsjahre eine ideale Voraussetzung.

Methodisch war das Problem zu handhaben, dass nicht jedes Jahr jedes Merkmal an allen Bäumen beobachtet werden konnte, z.B. weil ein einzelner Baum nicht in jedem Jahr blühte und Früchte trug. Weiterhin sind im Laufe des Projektes neue Bäume gefunden worden, für die im ersten Beobachtungsjahr naturgemäß dann keine Daten vorlagen. Aus diesem Grund werden im Folgenden die beiden Kollektive „alle Bäume“ und „kontinuierliche Bäume“ unterschieden.

Blattbehaarung im Herbst

Die folgenden Abbildungen geben getrennt nach den beiden Kollektiven „alle Bäume“ und „kontinuierliche Bäume“ (42 Stück) die Einstufung der herbstlichen Blattbehaarung für die Jahre 2011 bis 2013 wieder.

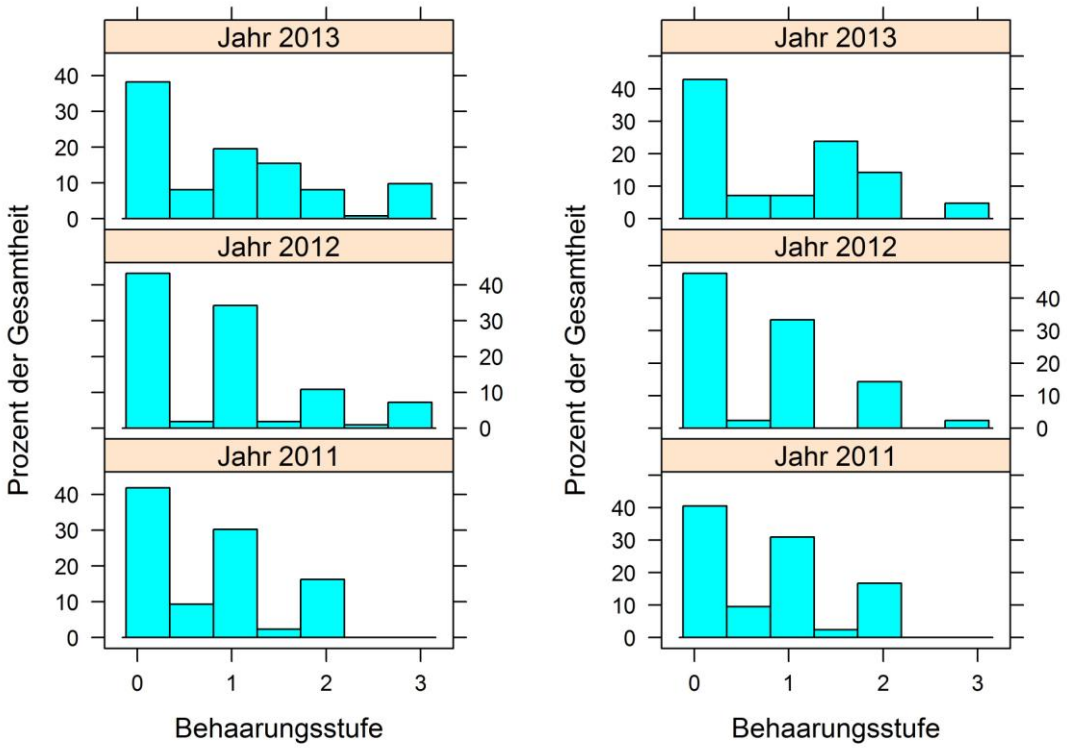

Abb. 3 Herbstliche Blattbehaarungsstufen nach Einzelbäumen für drei aufeinanderfolgende Jahre; links („alle Bäume“), rechts („kontinuierliche Bäume“). Dargestellt ist der prozentuale Anteil an Bäumen in einer Behaarungsstufe an der jeweiligen Stichprobe; von Stufe 0 (kahl) bis Stufe 3 (dicht filzig behaart) zunehmende Behaarung

Wie aus dieser Abbildung zu erkennen ist, unterscheiden sich die beiden Kollektive kaum. Auffällig ist weiterhin die weitgehende Übereinstimmung der Verteilungen in den Jahren 2011 und 2012, während zum Jahr 2013 etwas größere Unterschiede auftreten. Diese Unterschiede lassen sich in einem höheren Anteil von Bäumen in der Behaarungsstufe „1.5“ in 2013 im Verhältnis zu 2012/2011 festmachen. Dafür ist der Anteil der Behaarungsstufe „1.0“ in 2013 entsprechend geringer.

Auf der Ebene des Einzelbaumes lassen sich die Differenzen zwischen den Jahren zu einem Maßstab für eine Konstanz über die Jahre erklären: Je größer diese Differenz ist, umso weniger konstant scheint das Merkmal zu sein. Dabei wird eine Abweichung um bis zu eine halbe Behaarungsstufe als akzeptabel angenommen.

Diese Differenzen werden in der folgenden Abbildung gezeigt.

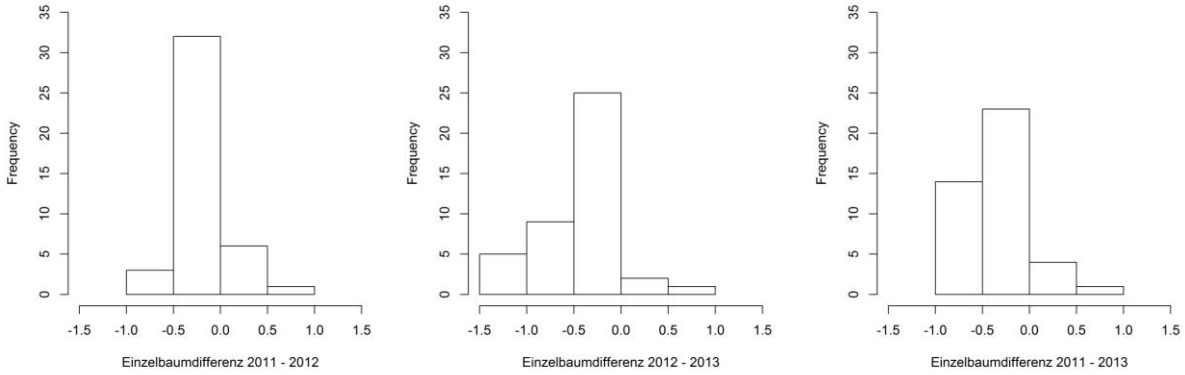

Abb. 4 Jahresdifferenzen für die Behaarungsstufen auf der Ebene der Einzelbäume, für die jedes Jahr Messwerte vorlagen. Die Darstellung ist folgendermaßen zu lesen: der Balken links von dem jeweiligen Wert auf der X-Achse ist der zugehörige (z.B. 25 Bäume mit einer Differenz von „0“ zwischen den Jahren 2012 und 2013)

In jedem Fall der drei Differenzen lag der Median bei einem Wert von „0“. Die Auswertung der Differenzen zwischen 2011 und 2012 wies lediglich einen Baum mit einem Differenzwert von „1.0“ auf (entspricht 2.4% aller Bäume), für die Jahre 2012 und 2013 waren es 6 Bäume (entspricht 14.3% aller Bäume) und für die Jahre 2011 und 2013 war wiederum 1 Baum mit einem Differenzwert von „1“ zu beobachten (entspricht 2.4% aller Bäume). Dieses Ergebnis zeigt, dass die Behaarung der Blätter im Herbst ein sehr stabiles und sehr gut reproduzierbares Merkmal für den Apfel in dieser Untersuchung darstellte.

Die zweite Frage, inwieweit das morphologische Merkmal „Blattbehaarung im Herbst“ durch den q-*domestica* Wert abgebildet werden kann, wurde mit dem Verfahren einer kategorialen multinomialen Analyse („Probability Odds Logistic Regression“, FARAWAY, 2006) geprüft. Diese Analyse stellt fest, ob und ggf. wie die Anteile einzelner Blattbehaarungsstufen an der Baumpopulation in Abhängigkeit vom q-*domestica* Wert schwanken. Es wird deutlich, welche Anteile der Blattbehaarungsstufen bei verschiedenen q-*domestica* Werten beobachtet werden können. Für das Jahr 2012 zeigt die Abbildung 5 das signifikante Ergebnis für das Kollektiv „alle Bäume“:

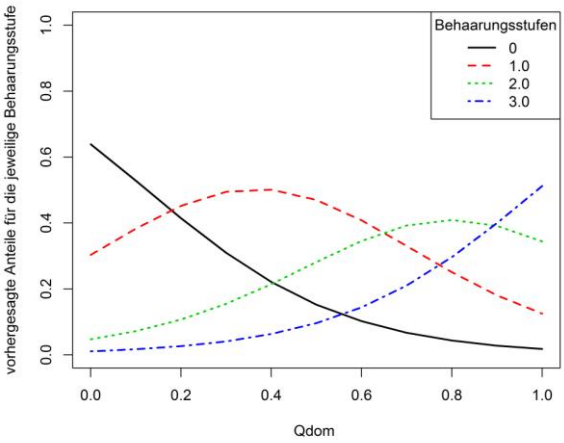

Abb. 5 Modellvorhersage für die Blattbehaarung 2012 in Abhängigkeit vom q-*domestica* Wert. Gezeigt sind nur die ganzen Behaarungsstufen; Zwischenstufen wurden vernachlässigt und alle dann verbliebenen Bäume berücksichtigt

Diese Abbildung zeigt eindeutige graduelle Unterschiede der Blattbehaarungsstufenanteile, die dem q-*domestica* Wert folgen. Es wird deutlich, dass genetisch

- wildnahe (0 <= q-*domestica* <= 0.2) Bäume ausschließlich durch Blattbehaarungsstufen „0“ und „1“ charakterisiert sind.
- kulturnahe (0.8 <= q-*domestica* <= 1.0) Bäume überwiegend durch Blattbehaarungsstufen „2“ und „3“ charakterisiert sind und seltener auch durch Stufe „1“.
- intermediäre (0.2 < q-*domestica* < 0.8) Bäume alle Blattbehaarungsstufen aufweisen können.

Dieses Ergebnis ist auch über die verschiedenen Beobachtungsjahre stabil: Die folgende Abbildung zeigt das gleiche Phänomen für das Jahr 2013.

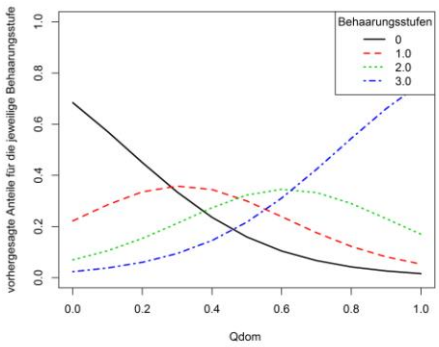

Abb. 6 Modellvorhersage für die Blattbehaarung 2013 in Abhängigkeit vom q-*domestica* Wert. Gezeigt sind nur die ganzen Behaarungsstufen; Zwischenstufen wurden vernachlässigt und alle dann verbliebenen Bäume berücksichtigt

Fruchtbreite

Die Fruchtbreite konnte an weniger Bäumen ermittelt werden als die Blattbehaarung, aus dem einfachen Grund weil nicht jeder Baum jedes Jahr Früchte trug. Tatsächlich blühten die Bäume in unterschiedlichen Jahren. Es schien so zu sein, dass vor allem in 2012 die kulturnahen Bäume am besten blühten und fruktifizierten.

Wie dem Zwischenbericht zu diesem Projekt aus dem Jahre 2013 bereits entnommen werden konnte, ist das Merkmal „Fruchtbreite“ nicht so umweltstabil wie die Blattbehaarung. Die Bäume, die jedes der drei Jahre Früchte trugen, hatten in jedem dieser drei Jahre unterschiedliche Fruchtbreiten. Lässt man diesen Befund zunächst unberücksichtigt, so können für insgesamt 94 Bäume Werte für Fruchtbreiten angegeben werden – teilweise für unterschiedliche Jahre. So ergeben sich insgesamt 157 Fruchtbreitewerte. In der folgenden Abbildung sind diese 157 Fruchtbreitewerte gegen die q-*domestica* Werte der Einzelbäume abgetragen.

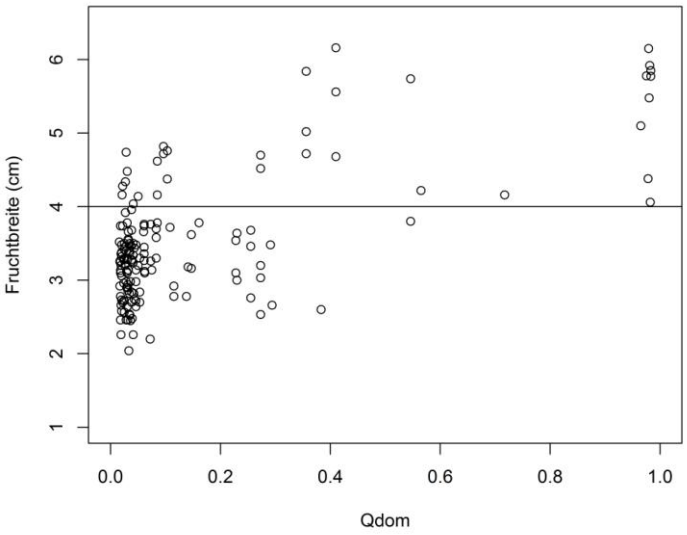

Abb. 7 Fruchtbreiten in Abhängigkeit von den q-*domestica* Werten der Einzelbäume. Es sind auch die Mehrfachfruktifikationen von Einzelbäumen in unterschiedlichen Jahren mit angegeben. Mit eingezeichnet ist eine Markierung bei 4cm Fruchtbreite

Aus Abbildung 7 ist ersichtlich, dass die größeren Apfelfrüchte in der Tendenz bei größeren q-*domestica* Werten auftreten. Das Kollektiv genetisch wildnaher Äpfel (q-*domestica* <= 0.2) weist dagegen überwiegend Fruchtbreiten unter 4.0cm auf. Leider sind nicht sehr viele Beobachtungen im intermediären Bereich des q-*domestica* Wertes (0.2 < q-domestica < 0.8) zu verzeichnen. Hier ist keine klare Tendenz erkennbar.

Eine Analyse, die sowohl die unterschiedlichen Jahre, als auch die q-*domestica* Werte als erklärende Variable mit einbezog, wurde mit Hilfe eines gemischten linearen Modells („Linear

Mixed Model“, PINHEIRO & BATES, 2000) durchgeführt. Das Ergebnis dieser Analyse ist in der folgenden Tabelle angegeben.

Tab. 9 Ergebnis des gemischten linearen Modells. Für die festen Effekte sind die Schätzwerte für die Parameter angegeben („value“), sowie das Signifikanzniveau („p-value“). Das Referenzjahr für die Fruchtbreite der Wildäpfel ist 2011

Variable	value	Std.Error	DF	t-value	p-value
Intercept	3.582740	0.09195984	92	38.95984	0
q-domestica	2.246543	0.24545261	92	9.15265	0
Jahr 2012	-0.455693	0.08631588	61	-5.27937	0
Jahr 2013	-0.761975	0.08715213	61	-8.74305	0

Wie aus Tabelle 9 ersichtlich, sind sowohl der Jahreseffekt, als auch der q-*domestica* Effekt sicher (p-value = 0). Die Werte sind wie folgt zu interpretieren:

- Im Jahr 2011 haben wildnahe Bäume mit einem q-*domestica* Wert von „0“ Äpfel mit einer Fruchtbreite von 3.58cm erzeugt.
- Für eine Einheit des q-*domestica* Wertes steigt die Fruchtbreite der Äpfel linear um 2.25cm; d.h., dass im Jahr 2011 die Fruchtbreite der kulturnahen Äpfel mit einem q-*domestica* Wert von „1.0“ etwa 5.83cm (= 3.58 + 2.25) betrug.
- Die wildnahen Bäume hatten im Jahr 2012 etwa 3.12cm (= 3.58 – 0.46) breite Früchte.
- Die wildnahen Bäume hatten im Jahr 2013 etwa 2.82cm (= 3.58 – 0.76) breite Früchte.

Für das Jahr 2012 sind diese Zusammenhänge nochmals in einer Abbildung zusammengefasst.

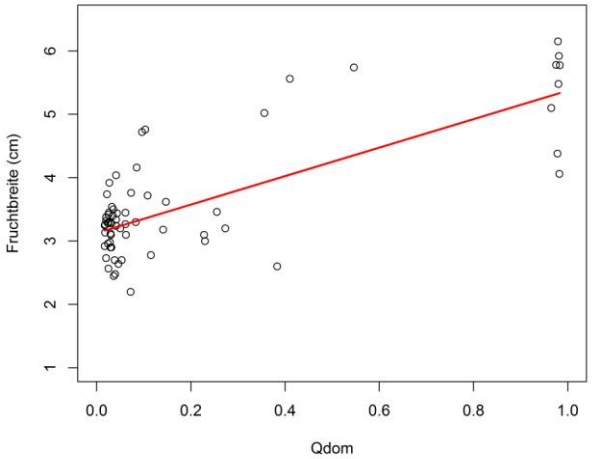

Abb. 8 Fruchtbreiten und q-*domestica* Werte für das Jahr 2012. Mit eingezeichnet ist der rechnerische Ausgleich des Modells für dieses Jahr

Dieses Modell liefert also erstmals den Beleg dafür, dass die Fruchtbreite des Wild-Apfels am Einzelbaum nicht umweltstabil ist. Es gibt Jahre mit größerer und solche mit geringerer Fruchtbreite. Die Differenz zwischen dem „besten“ und dem „schwächsten“ Jahr in unserer Untersuchung beträgt immerhin fast 0.8cm. Dies macht deutlich, dass es eine feste Grenze für dieses Merkmal beim Wild-Apfel nicht geben kann.
Weiterhin wird deutlich, dass die Übergänge zu kulturnahen Formen fließend sind, wie der Zusammenhang zum q-*domestica* Wert belegt.

3.2.2 Verifizierung der genetischen Merkmale durch die Morphologie innerhalb der kulturnahen Gruppen

In den Gruppen, die nach genetischer Analyse (STRUCTURE) als kulturnäher bzw. kulturnah ausgewiesen wurden, stellt sich die Frage, welche Bäume entfernt werden sollten. Eine Entfernung von Bäumen bezweckt, weiteren Fremdpolleneintrag in wildnahe Gruppen für die Zukunft zu unterbinden bzw. einen genetischen Austausch zwischen wildnahen und kulturnahen Individuen ganz zu verhindern. Eine Entscheidungshilfe hierfür können die folgenden in Tabelle 10 zusammengefassten genetischen und morphologischen Informationen sein.
Für die genetische Information steht der q-*domestica* Wert (q_d), in den die Aussage von zehn Genorten, die Relation zu *Malus domestica* als ‚Kultur’-Referenz und die Relation zu mehreren hundert vermeintlichen Wildäpfeln aus anderen Regionen einfließen. Für die morphologische Information wurden die Parameter Blattbehaarung im Frühjahr und im Herbst, Blütenkelchbehaarung, Blütenbehaarung gemittelt von Kelch, Becher und Stiel der Blüte, Fruchtbreite sowie Langtriebdurchmesser ausgewählt. Die Messwerte sind beispielhaft für das Jahr 2012 angegeben; wegen der nachgewiesenen Umweltabhängigkeit der Fruchtbreite ist jene auch für die Jahre 2011 und 2013 mitgeteilt worden (Tab. 10).

Tab. 10 Verifizierung der genetischen Merkmale – komprimiert auf den q_d-Wert – durch morphologische Merkmale in den genetischen (nach STRUCTURE-Analyse) Hybrid (H)- und Kultur (K)-Gruppen

$Baum_{alt}$	$Baum_{neu}$	q_d	20%-‚cut'	BlHF 2012 Stufe	BlHH 2012 Stufe	BKH 2012 Stufe	BHΣ 2012 Stufe	FB 2011 cm	FB 2012 cm	FB 2013 cm	LTD 2012 cm
88	88	0.228	H	0	0	0	0	3.54	3.10	-	-
80	80	0.230	H	1	0	0	0.33	3.64	3.00	-	1.45
86	86	0.255	H	0	0	1	0.67	3.68	3.46	2.76	1.70
154	154	0.273	H	0	0	0	0.33	3.03	3.20	2.53	1.63
84	84	0.273	H	2	1	-	-	4.52	-	4.70	2.35
133	133	0.291	H	-	0	-	-	-	-	3.48	2.39
173a	195	0.294	H	-	-	-	-	-	-	2.66	1.40
102	102	0.356	H	2	2	2	2	5.84	5.02	4.72	2.25
107	107	0.383	H	1	1	1	1.33	-	2.60	-	1.28
90	90	0.410	H	2	1	3	3	6.16	5.56	4.68	2.33
134	134	0.546	H	1	1	-	-	-	5.74	3.80	2.41
163	163	0.565	H	1.5	1	2	1.67	-	-	4.22	1.24
153	153	0.567	H	2	2	-	-	-	-	-	1.73
132	132	0.717	H	1	1	-	-	-	-	4.16	1.91
133a	179	0.783	H	1.5	1	-	-	-	-	-	2.34
152	152	0.818	K	1	1	2	2.33	-	-	-	1.84
145	145	0.948	K	2.5	2.5	3	3	-	-	-	2.80
145a	181	0.965	K	3	2	3	3	-	5.10	-	2.10
138	138	0.975	K	2	2	3	2.67	-	-	-	2.60
146	146	0.975	K	3	3	3	3	-	5.78	-	2.53
137	137	0.978	K	3	3	3	3	-	-	-	3.70
145b1	182	0.978	K	-	2	-	-	-	4.38	-	2.21
139	139	0.979	K	2	2	3	2.67	-	6.15	-	3.50
142	142	0.980	K	3	3	3	3	-	5.48	-	3.34
147a	185	0.981	K	3	3	3	3	-	5.92	-	2.26
145b2	212	0.982	K	-	3	-	-	-	4.06	-	2.38
147	147	0.983	K	3	3	3	3	-	5.78	5.85	2.98

BlHF: Blattbehaarung Frühjahr 2012 BlHH: Blattbehaarung Herbst 2012 BKH: Blütenbehaarung Kelchblatt 2012 BHΣ: Blütenbehaarung-Summe/3 (Kelch, Becher, Stiel) 2012 FB: Fruchtbreite 2011-2013 LTD: Langtriebdurchmesser 2012; Behaarung: Stufe 0-3 (Bonitur nach REMMY, 1990)

Es ist ersichtlich, dass über den statisch festgelegten Schwellenwert von q_d=0.2 hinaus eine sehr gute Übereinstimmung zwischen einem noch relativ niedrigen q-*domestica* Wert und niedrigen morphologischen Werten existiert. Bis zu einem genetischen Wert von etwa q_d=0.27 liegen in dem hier untersuchten Pflanzenmaterial morphologisch wildnahe Ausprägungen vor (keine bis sehr geringe Behaarung von Blatt und Blüte; Fruchtbreiten unter 4.0cm bzw. auch unter 3.5cm, wenn man von dem Jahr 2011 absieht). Und zwar sind die verschiedenen morphologischen Merkmale in ihrer Ausprägung konsistent „wild“, d.h. sie weisen alle

in ein und dieselbe Richtung, nämlich Wildnähe. Dies betrifft die vier Apfelbäume 88, 80, 86 und 154, die - mit Blick auf q - quasi Schwellenkandidaten darstellen mögen.

Ab demselben Wert von q_d=0.27 kann offenbar auch beobachtet werden, dass die morphologischen Ausprägungen nicht mehr so konsistent sind und übereinstimmend in eine Richtung weisen. Z.B. kann an einem Baum die herbstliche Blattbehaarung mit „1“ auf Wildnähe hindeuten, während die Fruchtbreite einen als „wild“ tolerierten Wert von 4cm überschreitet oder eine Blütenbehaarung mit „2“ oder „3“ deutlich sichtbar ist, was sie bei Wildnähe nicht sein sollte. Bei steigenden q_d-Werten in der Hybrid-Gruppe fehlen eine Reihe von morphologischen Informationen, die zu einer besseren Klärung auf Individuenebene beitragen würden. Die beiden Bäume, die einen vollständigen Datensatz aufweisen, der auch übereinstimmend in diesem Fall Kulturnähe signalisiert, sind die mit den Nummern 102 und 90. Hier besteht an der Plausibilität der Beziehung zwischen Genetik und Morphologie kein Zweifel.

Plausibel erscheint der Zusammenhang zwischen Genetik und Morphologie fast ohne Einschränkung in der Kultur-Gruppe. Bei einem q_d>=0.95, also bei einer sehr hohen Wahrscheinlichkeit genetisch zum Kultur-Apfel-Genpool zu gehören, zeigen die morphologischen Merkmale (mittlere „2“ bis starke „3“ Behaarung an Blatt und Blüte, Fruchtbreite meistens deutlich größer 4cm) ebenfalls den Kultur-Charakter der betreffenden Individuen an. Eine gewisse Ausnahme bildet der Baum 152, bei dem die vorhandenen Merkmalsausprägungen in ihrer Bedeutung für den Wildcharakter divergieren und der q_d-Wert in Höhe von 0.818 möglicherweise auch wieder einen Schwellenkandidaten ausweist, der inhaltlich eher noch der Hybrid-Gruppe zuzuordnen ist. Eine ergänzende Angabe zur Fruchtgröße wäre hier hilfreich.

Der Langtriebdurchmesser wurde wegen der großen Heterogenität der Messwerte, bedingt durch messtechnische Probleme, nicht weiter bewertet.

3.3 Lichtökologie

Unter Einbeziehung der lichtökologischen Daten von BINDER (2010) lässt sich zeigen, dass bei besserer Strahlungsversorgung am Einzelzweig innerhalb der Apfel-Baumkronen auch die Zahl der Blüten an diesem Zweigsegment höher ist als bei geringerer Strahlungsversorgung. Dazu wurde ein gemischtes lineares Modell („Linear Mixed Model“, PINHEIRO & BATES, 2000) mit den zwei festen Effekten „diffuse Strahlung“ und „Standort“ (Leipzig = 1, Erzgebirge = 2) erstellt. Dieses Modell bestätigt die Unterschiede zwischen den Standorten und belegt den Einfluss der diffusen Strahlung.

Tab. 11 Ergebnis des gemischten linearen Modells. Für die festen Effekte sind die Schätzwerte für die Parameter angegeben („value“), sowie das Signifikanzniveau („p-value“). Der Referenzstandort für die Blütendichte der Wildäpfel ist Leipzig. Einbezogen wurden Bäume mit Einzelstrahlungswerten von bis zu 25%.

Variable	**value**	**Std.Error**	**DF**	**t-value**	**p-value**
Intercept	5.71702	1.217767	97	4.694677	0.0000
DIFFSF	46.27260	11.633176	97	3.977641	0.0001
Standort Erzgebirge	-3.26030	1.206753	23	-2.701712	0.0127

Das Modell belegt, dass sowohl die zwei Standorte verschieden in ihrer Wirkung auf die Blühwilligkeit sind (p = 0.0127) als auch den Effekt der diffusen Strahlung (p = 0.0001).

Die weiteren Aussagen sind, dass

- von 20 möglichen blühenden Knospen bei einem Strahlungswert von „0“ 5.7 Knospen tatsächlich Blüten zeigen am Standort Leipzig.
- für eine Einheit des DIFFSF steigt die Blütenzahl linear um 46 Stück; d.h., dass bei einem Strahlungswert von „0.3“ etwa 19.59 Blüten (= 5.71 + 13.88) aus 20 Knospen entstehen. Der Strahlungswert von 0.3 gilt damit als Sättigungswert für die Blütendichte in diesem Modell.
- der Standort Erzgebirge bei „0“ Strahlung 2.45 Blüten (= 5.71 – 3.26) auf 20 Knospen zeigt.

Diese Zusammenhänge zeigt auch nochmals die folgende Abbildung.

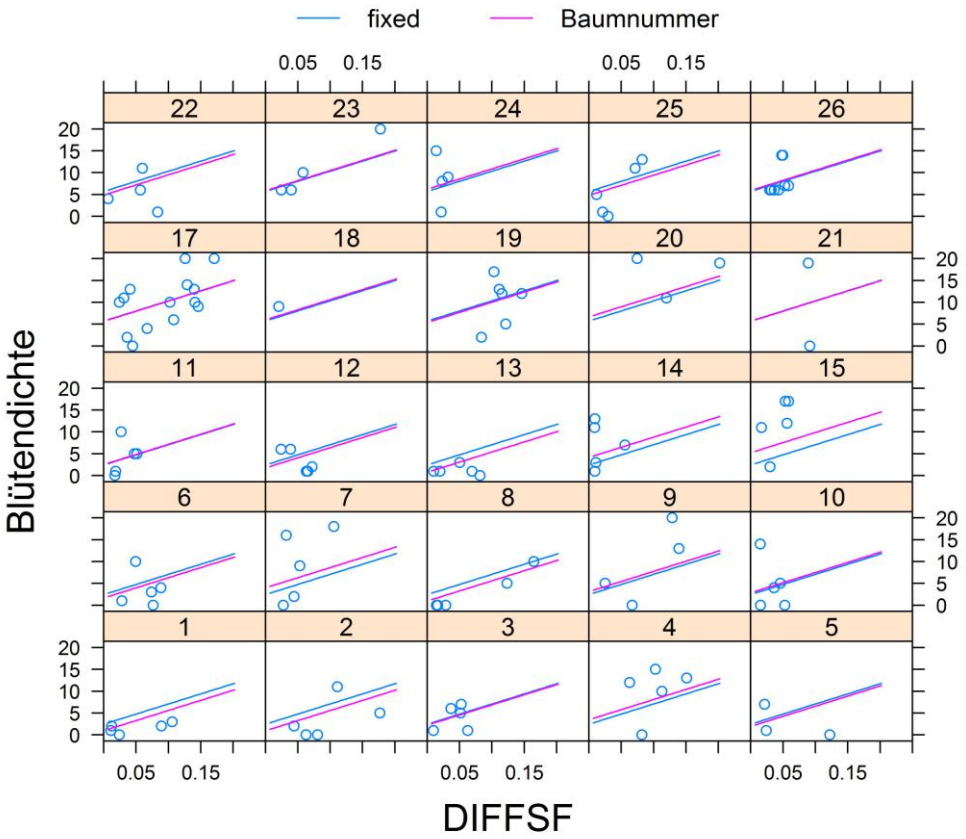

Abb. 9 Einzelbaumweiser Zusammenhang zwischen der relativen Beleuchtungsstärke (DIFFSF in Anteilen von 1) und der Blütendichte am Zweig (tatsächliche Zahl Blüten von 20 Knospen), sowie die ermittelten Funktionsausgleiche für das Gesamtmodell (fixed) und den Einzelbaum (Baumnummer). Baumnummern größer als 15 repräsentieren die Leipziger Bäume

Dieses Modell zeigt, dass es im Rahmen der Messwerte für den Diffuse Site Faktor (DIFFSF <= 0.3) keine Sättigung der Blühbereitschaft gibt. Ein dazu geprüftes Modell einer Sättigungsfunktion war signifikant schlechter als das hier dargestellte lineare Modell ($p = 0.0354$). Daraus ist umgekehrt der Schluss zu ziehen, dass volle Blühbereitschaft erst bei Strahlungswerten von über 30% von Freilandwerten erreicht wird.

Die folgende Abbildung 10 zeigt nun für die 58 Leipziger Bäume, für die eine Messung im Gelände möglich war, den Strahlungsgenuss.

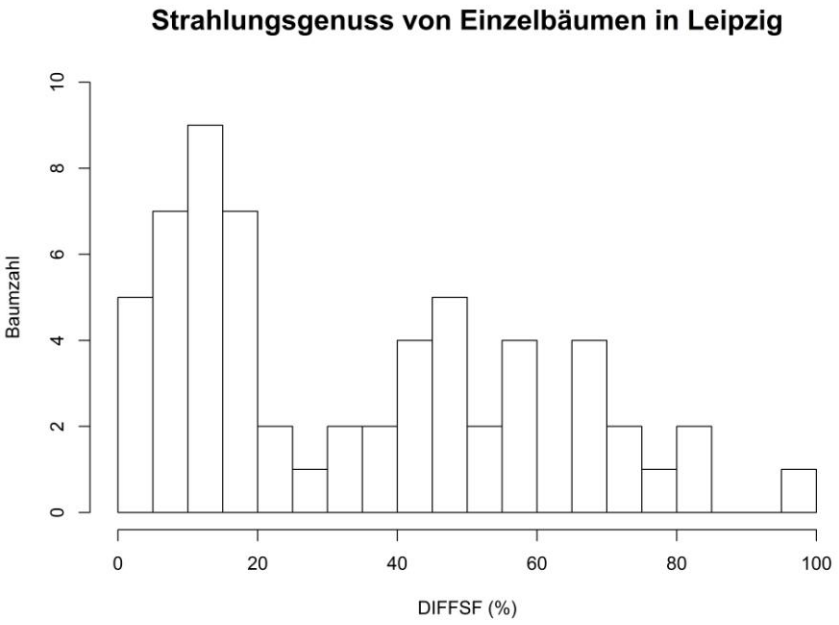

Abb. 10 Histogramm des Strahlungsgenusses von Einzelbäumen in Leipzig (DIFFSF in %)

Demnach haben 31 von insgesamt 58 Bäumen Strahlungsgenusswerte von 30% und weniger, 28 haben Werte unter 20%. Dies sind wichtige Informationen für die Umsetzung, d.h. für vorgesehene Erhaltungsmaßnahmen.

In der Tabelle 12 sind die konkreten Daten der Strahlungsmessung zusammengefasst. Die daraus abgeleitete Maßnahme der Freistellung (30%-Grenze) wird in Kap. Diskussion und Fazit erläutert werden.

Tab. 12 Ergebnis der Strahlungsmessung an 58 Bäumen im Leipziger Auenwald. Die beiden Spalten „DIFFSFmean“ und „DIFFSFmedian“ geben die diffuse Himmelsstrahlung in Prozent von Freiland an, die am Standort des jeweiligen Baumes herrschte. Da mehrere Messungen pro Baum durchgeführt wurden, sind dies Mittel- bzw. Medianwerte

LfdNr	Baum (alt)	DIFFSFmean	DIFFSFmedian	Baum Nr. neu	Frei-stellung
1	1	5.33	5.00	1	ja
2	10	15.80	15.80	10	ja
3	100	56.85	56.85	100	nein
4	101	81.03	80.80	101	nein
5	102	78.26	83.00	102	nein
6	11	11.60	11.60	11	ja
7	131	56.53	57.10	131	nein
8	132	39.80	47.30	132	nein
9	133	25.06	18.10	133	ja
10	133a	24.30	24.30	179	ja
11	134	43.40	43.40	134	nein
12	134a	51.00	51.00	180	nein
13	143	52.60	74.30	143	nein

14	148	16.30	16.30	148	ja
15	149	18.20	18.20	149	ja
16	150	10.60	10.60	150	ja
17	151	19.50	19.50	151	ja
18	152	8.10	8.10	152	ja
19	155	33.20	33.20	155	nein
20	162	43.53	46.10	162	nein
21	163	53.50	58.60	163	nein
22	164	17.65	17.65	164	ja
23	165	42.80	42.80	165	nein
24	166	40.13	38.40	166	nein
25	167	45.70	45.70	167	nein
26	170	8.00	8.00	170	ja
27	172	6.76	4.90	172	ja
28	173	7.73	6.10	173	ja
29	174	18.86	19.20	174	ja
30	175	21.50	12.90	175	ja
31	176	44.53	44.60	176	nein
32	19	13.16	13.50	19	ja
33	19a	28.60	29.60	197	ja
34	28	67.25	67.25	28	nein
35	42	32.30	33.00	42	nein
36	71	43.03	46.10	71	nein
37	72	52.15	52.15	72	nein
38	72a	58.40	58.40	199	nein
39	106	10.79	11.00	106	ja
40	108	14.80	11.68	108	ja
41	109	11.48	13.07	109	ja
42	110	9.60	7.20	110	ja
43	111	12.91	13.48	111	ja
44	113	4.53	4.52	113	ja
45	130	5.60	6.07	130	ja
46	132a	2.53	2.53	178	ja
47	135	41.76	41.76	135	nein
48	137	65.92	65.92	137	nein
49	138	66.46	66.46	138	nein
50	139	75.47	75.47	139	nein
51	140	69.24	69.24	140	nein
52	141	6.21	6.21	141	ja
53	142	73.98	73.98	142	nein
54	144	17.25	13.41	144	ja
55	145	3.35	1.85	145	ja
56	145a	7.11	7.11	181	ja
57	145b1	21.58	21.58	182	ja
58	147	47.19	49.56	147	nein
59	Freifläche	100.00	100.00		
60	Spielplatz	38.49	37.88		

4 Diskussion

4.1 Genetik

4.1.1 Hybridisierung und genetische Vermischung

Die zwölf Apfelbäume, die eine 'Kultur'-Zuordnung erfahren haben, sollten aus Erhaltungsprogrammen für Wild-Apfel entfernt werden. Wegen meist fließender Übergänge zwischen den q-Werten und auch eines gewissen Ermessens, vgl. COART et al. (2006), sind die Grenzbereiche zwischen den Gruppen 'Wild', 'Hybrid' und 'Kultur' immer noch einmal zu überprüfen. Grundsätzlich liegt es natürlich nahe, auch die ermittelten Hybriden von Erhaltungsmaßnahmen für den Wild-Apfel auszuschließen, jedenfalls dann, wenn ausreichend wildnahe/kulturferne Bäume im untersuchten Kollektiv vorhanden sind. Hier errechnen sich für die bereinigte 'Wild'-Gruppe 93 Individuen (N=93, 77.5%).

Diese genetisch als 'wild' (W, $Wild_{pur}$) ausgewiesenen Äpfel sollten, ggf. nach Verifizierung mit der Morphologie, bevorzugt mittels geeigneter Erhaltungsmaßnahmen gesichert werden. Die vermeintlichen Hybriden können ebenfalls mit den gemessenen morphologischen Merkmalen verifiziert werden, um für den Einzelbaum eine Entscheidung über seine Erhaltungswürdigkeit zu treffen.

Bei den Bäumen, die als sehr kulturnah eingruppiert worden sind, kann es sich tatsächlich um Kultursorten handeln, die versehentlich mit in das Untersuchungsmaterial gelangt waren. Bei einem Stadtforstamt, wie dem in Leipzig, wäre das auch nicht verwunderlich. Der Anteil von 10% in der 'Kultur'-Gruppe ist vergleichsweise hoch (RP: 0%, ST: 0.8%, SN-B: 1.9%, NW: 4.0%, SN-L: 10%, L: 15.3%, s. WAGNER et al., in press).

Der rechnerisch ermittelte Anteil von 12.5% Hybriden im Leipziger Auenwald liegt im Vergleich zu anderen Vorkommen in Deutschland und Luxembourg etwa im Durchschnitt und ist dem Anteil in Sachsen-Anhalt, BR ME, und dem in Luxembourg sehr ähnlich (RP: 2.3%, ST: 11.3%, SN-L: 12.5%, L: 13.5%, SN-B: 19.4%, NW: 21.0%, s. WAGNER et al., in press).

Zu einigen der Äpfel in Leipzig gab es eine Zusatzinformation bezüglich Pflanzung (Tab. 3 und 4). Elf Bäume der 120 verschiedenen Genotypen waren gepflanzt worden. Wenn man davon ausgeht, dass alle anderen 109 Bäume, zu denen keine konkreten Angaben gemacht wurden, aus Naturverjüngung hervorgegangen sind, dann kann die Information ‚gepflanzt' ein Indiz für den Wild- bzw. Kulturcharakter eines Individuums sein. In den Gruppen 'Hybrid' und 'Kultur' gab es zusammen 5 gepflanzte Äpfel, das entspricht 18.5% (5:27). In der 'Wild'-Gruppe beziehungsweise der '$Wild_{pur}$'-Gruppe gab es 6 gepflanzte Äpfel, das entspricht 6.5%

(6:93). Der Anteil gepflanzter Bäume ist demnach innerhalb der kulturnahen Gruppen größer als innerhalb der wildnahen Gruppe.
Von den Pflanzungen erwiesen sich 45.5% (5:11) der jungen Bäume als Hybriden oder Kulturäpfel. Das ist etwa 3mal so viel wie sich durchschnittlich in natürlichen adulten Vorkommen in Deutschland (15.6%) nachweisen lässt (WAGNER et al., in press). Hiermit wird das Problem von Pflanzgut deutlich.

4.1.2 Diversität und Differenzierung

Die genetische Vielfalt aller vermeintlichen Wildäpfel im Leipziger Stadtforst ist hoch und liegt bei P = 100%, A/L = 2.9 und H_e = 0.413 (Tab. 7). Die für langlebige Holzgewächse angegebenen klassischen Parameter der mittleren Diversität auf Populations/[Art]-Ebene (P = 49.3% [65.0%], A/L = 1.76 [2.22], H_e = 0.148 [0.177], HAMRICK et al., 1992) werden damit deutlich übertroffen.
Die von Hybriden und Verwilderungen rechnerisch bereinigte Gruppe (SN-L_{pur}) hat mit P = 90%, A/L = 2.6 und H_e = 0.366 erwartungsgemäß etwas niedrigere Vielfaltsmaße; genetische Varianten, die typisch sind für Kultur-Apfel, fallen weg. Auch diese Parameter der genetischen Vielfalt übersteigen die von HAMRICK et al. (1992) angegebenen Werte. Darüber hinaus liegen sie etwa in der Größenordnung anderer Vorkommen von *M. sylvestris* (W_{pur}) in verschiedenen Regionen Zentraleuropas, P = 80-100%, A/L = 2.4-2.9 und H_e = 0.345-0.374. Im Vergleich zu 5 Vorkommen in Rheinland-Pfalz, Sachsen-Anhalt, Nordrhein-Westfalen, Sachsen (Bahretal) und Luxembourg (WAGNER et al., in press) liegt der Fixierungsindex am nächsten zu Null (F = 0.008). Inzuchteffekte spielen im Leipziger Auenwald wahrscheinlich keine Rolle.

Andere Wild-Apfel-Arten haben einen ähnlichen A/L-Wert, *M. sieversii* mit 2.75 (LAMBOY et al., 1996), oder einen deutlich niedrigeren A/L-Wert, *M. fusca* und *M. ioensis* mit 2.08 sowie *M. coronaria* und *M. angustifolia* mit 1.75 (DICKSON et al., 1991).
Besonders auffällig ist die hohe mittlere Heterozygotie bei *M. sylvestris* (0.360/36%, WAGNER et al., in press); durchschnittlich liegt der Heterozygotenanteil für Waldbaumarten bei 20-23% (KONNERT, mündl. Mittlg.).

Der genetische Abstand (d_0) zwischen dem Wild-Apfel-Vorkommen im Leipziger Stadtforst und dem Kultur-Apfel, der gesamten Sorten-Referenz, beträgt 0.320. Zu neuen Sorten ist der Abstand erwartungsgemäß größer (0.347) als zu alten Sorten (0.305). Dies entspricht etwa

früheren Angaben aus anderen Gebieten Deutschlands (WAGNER et al., 2004 und WAGNER, 2011).

Die in Tabelle 8 mitgeteilten genetischen Abstände zwischen Wild-Apfel-Vorkommen deuten auf Herkunftsunterschiede hin. Das Vorkommen in Sachsen-Leipzig steht genetisch, ohne den Störfaktor von Erstgeneration-Hybriden sowie verwilderten Kultursorten, einem weiteren Vorkommen in Sachsen am nächsten. Es ist genetisch am weitesten von westlich gelegenen Vorkommen entfernt. Ein Ost-West/West-Ost-Gradient ist erkennbar. Ein geographisches Muster zeichnet sich auch bei der Subpopulationsdifferenzierung ab. Östliche Vorkommen repräsentieren das Ganze am ehesten. Das Vorkommen in Rheinland-Pfalz ist maximal differenziert. Abweichungen der d_j-Werte von denjenigen bei WAGNER et al. (in press) erklären sich durch die Hinzunahme einer neuen Gruppe, der des Leipziger Auenwaldes.

Die Allelhäufigkeiten der häufigen Allele in der $Wild_{pur}$–Gruppe des Leipziger Auenwaldes ähneln denjenigen eines weiteren Vorkommens in Sachsen, ‚Bahretal' im Osterzgebirge, sowie denjenigen eines Vorkommens in Sachsen-Anhalt, BR ME. Im Vergleich zu bisher untersuchten Vorkommen in Luxembourg, Rheinland-Pfalz, Nordrhein-Westfalen und Sachsen-Anhalt ist die Häufigkeit der für *Malus sylvestris* (*Ms*) privaten Allele an den Genorten TPI-5, DIA-4 und PGM-1 in Leipzig am geringsten (WAGNER et al., in press).

Die Befunde unterschiedlicher Hybridisierungsgrade und unterschiedlicher genetischer Distanzen zwischen Vorkommen weisen darauf hin, dass Erhaltungsmaßnahmen für den Wild-Apfel auf der lokalen Ebene angepasst und durchgeführt werden sollten.

4.2 Morphologie

Die mittleren Fruchtbreiten der Wildäpfel im Leipziger Auenwald liegen, wenn man das von kulturnahen Formen bereinigte Vorkommen ($Wild_{pur}$) betrachtet, etwa zwischen 2.8 und 3.6cm. Diese Schwankungen erklären sich dadurch, dass die Fruchtgröße am Einzelbaum ganz offensichtlich von Jahr zu Jahr variieren kann und damit kein umweltstabiles Merkmal darstellt. In den drei Jahren der Projektlaufzeit wurden Früchte gemessen, die durchschnittlich 3.58cm in 2011, 3.12cm in 2012 und 2.82cm in 2013 breit waren. Für diesen Beobachtungszeitraum ergibt sich also eine Spanne von etwa 0.8cm, die für eine insgesamt kleine Frucht nicht unerheblich ist und vergleichende Studien erschwert. Eine absolute oder ganz feste Grenze kann es also für das Merkmal der Fruchtgröße beim Wild-Apfel nicht geben. Wenn

man Früchte von Baum zu Baum in einem Vorkommen vergleichen will, kann man Daten demnach nicht oder kaum über mehrere Jahre ansammeln, sondern sollte Messungen innerhalb ein und desselben Jahres durchführen. Dies führt zwangsläufig zu Konflikten, weil in einem Vorkommen niemals alle Bäume gleichzeitig blühen und fruktifizieren.

Stellt man die Fruchtgrößen der Leipziger Wildäpfel in den Zusammenhang mit anderen Vorkommen, dann zeigt sich, dass sie sich sehr gut in ein Gesamtbild (maximale Variation über verschiedene Standorte und Jahre) einfügen:

Sachsen, Leipzig:	2.82cm
Sachsen-Anhalt:	2.91cm
Rheinland-Pfalz:	3.12cm
Sachsen, Leipzig:	3.12cm
Luxembourg:	3.12cm
Sachsen, Bahretal:	3.38cm
Sachsen, Leipzig:	3.58cm

Bei diesen Angaben handelt es sich um die mittleren Fruchtbreiten der reinen ($Wild_{pur}$) Wildäpfel in den jeweiligen Vorkommen; das Minimum liegt bei 2.1cm und das Maximum liegt bei 4.0cm (vgl. WAGNER et al., in press).

Weiterhin hat der Zusammenhang mit dem q-*domestica* Wert belegt, dass die Übergänge zu kulturnahen Formen fließend sind.

Im Gegensatz zur Fruchtgröße hat sich die Blattbehaarung als umweltstabiles Merkmal erwiesen. Für die praktische Erhaltungsarbeit bedeutet dies, dass Daten zu diesem Merkmal über mehrere Jahre angesammelt und Standorte direkt miteinander verglichen werden können. Auch kommt der Konflikt nicht auf, dass das Blatt in einem Jahr (Vegetationszeit) einmal nicht vorhanden sein könnte.

In reinen Wildäpfeln ($Wild_{pur}$) variiert die Behaarung auf der Blattunterseite im Herbst von Stufe 0 bis Stufe 1. Im genetisch intermediären Bereich sind alle Stufen zu beobachten. Und im Kulturbereich (q*d*=0.8-1) kommen neben wenigen „1“ vor allen Dingen die Stufen 2 und 3 vor. Dieses Ergebnis entspricht weitgehend den an anderer Stelle beschriebenen Beobachtungen (a.a.O.).

Behaarung von Pflanzenorganen beeinflusst das Trockenresistenzverhalten von Pflanzen; die Blattbehaarung wie auch die Blütenbehaarung sind wahrscheinlich im Zusammenhang mit

dem xeromorphen Formenkreis zu sehen, aus dem *Malus sylvestris* in seiner Evolutionsgeschichte hervorgegangen ist (LANGENFELD, 1971).

Es ließen sich jeweils signifikante Beziehungen zwischen zwei für die Charakterisierung des Wild-Apfels bedeutenden morphologischen Merkmalen (Fruchtbreite, Blattbehaarung im Herbst) auf der einen Seite und dem genetischen Merkmal des ‚q-Wertes' (Ergebnis der STRUCTURE-Analyse, Quantifizierung genetischer Vermischung) auf der anderen Seite nachweisen. Ein solcher Nachweis des Zusammenhangs zwischen Morphologie und Genetik ist, nach unserer Kenntnis, bisher noch nicht erbracht worden. Er ist wahrscheinlich deshalb so gut möglich, weil die Kultur-Gruppe im Leipziger Vorkommen zahlenmäßig gut vertreten ist.

4.3 Lichtökologie

Die Methode, die angewandt wurde, um ein für Wildäpfel günstiges Beleuchtungsregime zu definieren, sollte als Hilfsmittel verstanden werden. Diese Methode hat einige Parallelen zu Untersuchungen, die an anderer Stelle durchgeführt wurden.

Im Kern besteht das Verfahren daraus, die Intensität der Blütenbildung als Indikator für die Vitalität des Baumes zu verwenden. Im Obstbau beim Kultur-Apfel (WÜNSCHE & LASKO, 2000) aber auch z.B. bei der wilden Kaffeepflanze am natürlichen Standort (AERTS et al., 2011) hat man den Fruchtertrag als einen solchen Indikator und seine Abhängigkeit von der einfallenden Strahlung zur Ableitung von Freistellungsmaßnahmen verwendet. Die Verwendung des Fruchtertrages als Indikator liegt im Fall einer auf Ertrag ausgelegten Bewirtschaftung jener Pflanzen sehr nahe, denn der Ertrag wird in der Menge oder der Qualität der Früchte gemessen.

In den zitierten Untersuchungen wurden die Erträge ganzer Bäume untersucht, es handelte sich nicht um den Ertrag am einzelnen Astabschnitt. Auch darin liegt ein Unterschied zu den hier durchgeführten Untersuchungen. In beiden o.g. Fällen zeigten sich klare Abhängigkeiten im Ertrag von den dominierenden Beleuchtungsverhältnissen mit direkten Schlussfolgerungen für gezielte Freistellungsmaßnahmen für die Pflanzen.

BINDER (2010) hat bereits viele Unzulänglichkeiten der von uns angewandten Methode bzw. die Einflüsse, die die Blütenbildung am Zweig beeinflussen, genannt. Witterung im Vorjahr, Fruchtbildung im Vorjahr und internes Alternieren der Blütenbildung innerhalb des Baumes seien nochmals herausgegriffen.

Trotz der erwähnten Unterschiede zu den genannten Untersuchungen (Früchte statt Blüten und Untersuchung ganzer Pflanzen statt einzelner Zweigabschnitte) und der großen Streuung in den Datensätzen, scheint auch unser Vorgehen zu interessanten Einblicken zu führen. Es ist nun ziemlich klar, dass unter 30% der Freilandstrahlung die Blütenbildung nicht die größte Intensität erreichen kann. Wählt man eine möglichst große Blühintensität der Wildäpfel zu einem wichtigen Kriterium, das immerhin mit der Fruchtbildung und damit mit der ökologischen Fitness der Individuen gekoppelt ist, dann sind die Schlussfolgerungen für die Leipziger Äpfel in vielen Fällen ganz klar. Diese Bäume müssen freigestellt werden, denn in geschlossenen Hochwäldern der europäischen Baumarten, die die Wildäpfel am Waldstandort „begleiten“, ist grundsätzlich weniger Strahlung als 30% in den unteren Bestandesschichten verfügbar. Das belegen sehr schön die Untersuchungen von HAGEMEIER (1997), aus denen hervorgeht, dass selbst unter Reinbeständen von Birke und Kiefer (zwei ausgesprochen kronen-transparente Lichtbaumarten) lediglich 22 bzw. 10% der Freilandstrahlung verfügbar sind. Unter Eichen und Eschen, das sind die Baumarten, die im Leipziger Auewald dominieren, sind es nach HAGEMEIER lediglich 8 bis 10%.
Überträgt man diese Werte auf den Strahlungsgenuss, den die Leipziger Wildäpfel nach unseren Untersuchungen (Abbildung 10) tatsächlich genießen, dann ist offensichtlich, dass die Wildäpfel bisher schon an bevorzugt hellen Standorten stehen. Dennoch erreichen nur etwa 53% der untersuchten Bäume den Grenzwert von 30%.

5 Öffentlichkeitsarbeit

Teilergebnisse der Untersuchungen an dem Wild-Apfel-Vorkommen im Leipziger Auenwald sind im vergangenen Jahr auf zwei Tagungen zum „Baum des Jahres 2013“ im Rahmen eines Vortrags (Dr. Iris Wagner, Pro Arbore) vorgestellt worden:
- 20.06.2013: NRW – Waldinformationszentrum Hammerhof, 34414 Warburg-Scherfede;
Vortragsthema: Wild-Apfel (*Malus sylvestris*). Selten und gefährdet – Was tun?
- 25.09.2013: Sachsen – TU Dresden, Tharandt;
Vortragsthema: Wild-Apfel (*Malus sylvestris*). Wie halten wir den Wild-Apfel in seinem Paradies? - Naturwissenschaftliche Grundlagen - .

Teilaspekte des Wild-Apfel-Projektes in Leipzig waren auch jeweils Gegenstand des Mastermoduls (MF15) „Seltene(re) Gehölze“ (TU Dresden, Forstbotanik), das im Sommersemester zum Thema ‚Wildobst’ im Seminarraum bei Pro Arbore (Dr. Iris Wagner) stattfindet; Semi-

nartermine für Forststudenten seit Projektbeginn: 27.05.2011, 15.06.2012, 05.07.2013, 27.06.2014.

Geplant ist eine Veröffentlichung von Hauptergebnissen in einer wissenschaftlichen Fachzeitschrift.

6 Fazit

Das erste zu Beginn (Kap. 1.3) formulierte Teilziel dieses Vorhabens betraf die Frage, ob die rezente Wild-Apfel-Population insgesamt überhaupt erhaltungswürdig sei. Im Projektverlauf wurde sehr schnell klar, dass die größten Teile des Vorkommens im Leipziger Stadtforst sich als erhaltungswürdig erwiesen, so dass das Projekt von der ursprünglichen Konzeption her planmäßig verlief.

Das eigentliche Hauptziel des Vorhabens betraf die „Bereinigung und Vitalisierung der verbleibenden Population“.
Die Entscheidung zur Entnahme von Bäumen wird anhand von drei Kriterien getroffen: (a) genetisch definierte Wildnähe, (b) morphologisch definierte Wildnähe und (c) räumliche Nähe zu den nächsten wildnahen Bäumen.
Die Vorschläge zur Vitalisierung der verbleibenden Population betreffen (a) die Freistellung von Bäumen und (b) die Verjüngung der Population.

6.1 Entnahme einzelner Bäume

Die heute verfügbaren genetisch-statistischen Möglichkeiten zur Erkennung wildnaher und nicht wildnaher Apfelindividuen legen es nahe, diese Methoden als erstes Kriterium bei der Definition zu entnehmender Bäume einzusetzen. Genetische Merkmale sind auch diejenigen, die jederzeit an jedem Baum zu messen sind. Als weiteres – vor allem für die Praxis – bedeutungsvolles Kriterium gilt die Morphologie der Apfelbäume. Da diese beiden Merkmalstypen oftmals divergieren und nicht eindeutig in ein und dieselbe Richtung weisen, ist eine Entscheidung am sichersten, wenn phänotypisches und genetisches Erscheinungsbild eines Individuums übereinstimmen. In einer jüngsten Studie (WAGNER et al., 2014 in press) wurde nachgewiesen, dass innerhalb der genetischen ‚Wild’-Gruppe eine Übereinstimmung zwischen komplexen genetischen und komplexen morphologischen Merkmalen von 90-93% besteht.

Dieser Zusammenhang wird in der vorliegenden Studie zugrunde gelegt und ein Baum mit einem niedrigen q_d-Wert (0-0.2) pragmatisch als $wild_{pur}$ eingestuft. Für die $Wild_{pur}$-Gruppe im Leipziger Auenwald errechnen sich 77.5% aller 120 Bäume. Die betreffenden 93 Individuen (s. Tab. 4) sind in der nachfolgenden Tabelle 13 nicht mehr mit aufgelistet.

In der genetisch definierten Hybrid-Gruppe wird der Zusammenhang zwischen Morphologie und Genetik unsicherer (vgl. WAGNER et al., 2014 in press), wie auch die hier vorliegende Untersuchung zeigt (Tab. 13). Plausibel ist der Zusammenhang mehr oder weniger nur bei 3 Exemplaren; bei Baum 84, 90 und 102 weist fast alles darauf hin, dass es sich um Hybriden handelt. Die Konsequenz für diese Bäume ist, dass sie aus ‚genetisch-morphologischer' Sicht in die Kategorie „zu entnehmen" eingestuft werden.

Die Verbindung der Informationen „Genetik (q_d)" und „Morphologie" zu einer Annahme der Kulturnähe und damit „zu entnehmen" erfolgte dann, wenn bei q_d-Werten größer 0.2 und kleiner 0.5 Behaarungsstufen (insbesondere des Blattes im Herbst) von 2-3 und/oder Fruchtbreiten größer 4.0cm vorlagen. Alle jene Bäume, die diese Merkmale nicht aufwiesen aber dennoch q_d-Werte größer 0.2 und kleiner 0.5 besitzen, werden nicht explizit zur Entnahme empfohlen. Hier besteht die Annahme, dass die erhobenen genetischen Informationen möglicherweise nicht ausreichten, um den wahren Charakter des Baumes zu erkennen. Wegen der Bedeutung eben dieser (vollständigen und mit den verwendeten 10 Genorten u.U. nicht erfassten) genetischen Information jedes einzelnen Baumes für die Arterhaltung des Wild-Apfels im Leipziger Wald sind wir der Meinung, dass im Zweifel der Baum belassen werden sollte. Auch ein ‚vollständiger' Datensatz bei den ausgewählten morphologischen Merkmalen, das betrifft vor allem die H-Gruppe, würde die Charakterisierung natürlich verbessern. Alle Bäume mit q_d-Werten größer 0.5 werden zur Entnahme empfohlen. Das Ergebnis dieses Vorgehens lässt sich aus Tabelle 13 (Spalte „Vorschlag 'q_d+Morpho' Entnahme") ersehen.

Der abschließende Schritt zu einer Entnahmeempfehlung wurde anhand des Kriteriums „räumliche Nähe zu den nächsten wildnahen Bäumen" getan. Wenn ein als wildnah eingestufter Baum im Umkreis von maximal 300m zu dem fraglichen Baum steht, so wurde eine Entnahmeempfehlung ausgesprochen, weil das Risiko eines Genaustausches als zu hoch angesehen wird. Dies trifft die im Wald stehenden Einzelbäume mit den $Nummern_{neu}$ 90, 102, 145, 181, 182, 163 und 212.

Besondere Beachtung verdienen gepflanzte Bäume; in künstlich begründeten Vorkommen in der Burgaue und unmittelbar am Forstamtsgebäude stehen eindeutig wildnahe Exemplare direkt neben klar zu entnehmenden Bäumen. Hier empfehlen wir die vollständige Entnahme der

genetisch-morphologisch eindeutig nicht wildnahen Exemplare (Burgaue Pflanzung: 152, 153; Forstamt Pflanzung: 132, 134, 179).
Das Vorkommen an der Bundesstraßenauffahrt (B2, Wundtstraße) enthält 7 Bäume, deren Entnahme nicht nur morphologisch-genetisch empfohlen werden muss (Bäume mit den $Nummern_{neu}$: 137, 138, 139, 142, 146, 147, 185; polyploider Baum 141). Denn die anderen 5 Bäume dieses Vorkommens werden als wildnah eingestuft und die wildnahen Bäume 136 und 144 stehen in Bestäuber-erreichbarer Distanz.

Kompensieren könnte man den Verlust eines Apfelbaumes (durch Entnahme) an einem bisher besetzten Standplatz durch Neuanpflanzung genau an der betreffenden Stelle. Das Pflanzmaterial dafür sollte aus dem ‚eigenen' Gebiet stammen. Gebietseigenes Material aus Gundorf (dichteste Pollenwolke) wird derzeit am Versuchs- und Lehrobjekt in Hetzdorf, Waldbauinstitut TU Dresden, Tharandt, *ex situ* angezogen (s. Bereisungsprotokoll vom 07.11.2013, Anhang). Es steht ab Herbst 2014 für die Rückführung, auch für den Zweck der ‚Nach'- oder ‚Ersatz'-Pflanzung zur Verfügung. Um die Chancen dafür zu erhöhen, dass der bisherige Standplatz auch weiterhin von ‚Wild-Apfel' besetzt bleibt, könnten nicht nur eine sondern mehrere *ex situ* angezogene Sämlingspflanzen zusammen an den betreffenden Platz gepflanzt werden. Man verbindet damit die Hoffnung, dass sich eine Pflanze davon etabliert und den konkreten Standplatz für die seltene Baumart behalten kann.

Tab. 13 Verifizierung der genetischen Merkmale – komprimiert auf den q_d-Wert – durch morphologische Merkmale in den genetischen (nach STRUCTURE-Analyse) Hybrid (H)- und Kultur (K)-Gruppen und Vorschlag für die Maßnahme ‚Baumentnahme'

$Baum_{alt}$	$Baum_{neu}$	q_d	20%-‚cut'	BlHF 2012 Stufe	BlHH 2012 Stufe	BKH 2012 Stufe	BHΣ 2012 Stufe	FB 2011 cm	FB 2012 cm	FB 2013 cm	Vorschlag 'q_d+Morpho' Entnahme	Bildet Gefahr durch Nähe	Empfehlung zur Baum-entnahme (letztendlich)
88	88	0.228	H	0	0	0	0	3.54	3.10	-	nein		nein
80	80	0.230	H	1	0	0	0.33	3.64	3.00	-	nein		nein
86	86	0.255	H	0	0	1	0.67	3.68	3.46	2.76	nein		nein
154	154	0.273	H	0	0	0	0.33	3.03	3.20	2.53	nein		nein
84	84	0.273	H	2	1	2*	2*	4.52	-	4.70	ja	nein	nein
133	133	0.291	H	-	0	-	-	-	-	3.48	nein		nein
173a	195	0.294	H	-	1*	-	-	-	-	2.66	nein		nein
102	102	0.356	H	2	2	2	2	5.84	5.02	4.72	ja	ja	ja
107	107	0.383	H	1	1	1	1.33	-	2.60*	-	nein		nein
90	90	0.410	H	2	1	3	3	6.16	5.56	4.68	ja	ja	ja
134	134	0.546	H	1	1	-	-	-	5.74	3.80	ja	ja	ja
163	163	0.565	H	1.5	1	2	1.67	-	-	4.22	ja	ja	ja
153	153	0.567	H	2	2	-	-	-	-	-	ja	ja	ja
132	132	0.717	H	1	1	-	-	-	-	4.16	ja	ja	ja
133a	179	0.783	H	1.5	1	-	-	-	-	-	ja	ja	ja
152	152	0.818	K	1	1	2	2.33	-	-	-	ja	ja	ja
145	145	0.948	K	2.5	2.5	3	3	-	-	-	ja	ja	ja
145a	181	0.965	K	3	2	3	3	-	5.10	-	ja	ja	ja
138	138	0.975	K	2	2	3	2.67	-	-	-	ja	ja	ja
146	146	0.975	K	3	3	3	3	-	5.78	-	ja	ja	ja
137	137	0.978	K	3	3	3	3	-	-	-	ja	ja	ja
145b1	182	0.978	K	-	2	-	-	-	4.38	-	ja	ja	ja
139	139	0.979	K	2	2	3	2.67	-	6.15	-	ja	ja	ja
142	142	0.980	K	3	3	3	3	-	5.48	-	ja	ja	ja
147a	185	0.981	K	3	3	3	3	-	5.92	-	ja	ja	ja
145b2	212	0.982	K	-	3	-	-	-	4.06	-	ja	ja	ja
147	147	0.983	K	3	3	3	3	-	5.78	5.85	ja	ja	ja

* BlHH, BKH und BHΣ ersatzweise aus Jahr 2013; FB-Wert basiert auf nur 2 Früchten

6.2 Freistellung einzelner Bäume

Die verbleibenden Wildäpfel ($Wild_{pur}$) sollen durch Freistellung vitalisiert werden. Konkurrenzdruck durch begleitende Baumarten soll von den seltenen Exemplaren fort genommen werden. Als Hilfsmittel zur Konkurrenzbeurteilung sind an 58 technisch erreichbaren Baumkronen Licht- und Blütenmessungen durchgeführt worden. Das Ergebnis ist in Tabelle 12 zusammengefasst worden. Einunddreißig dieser Äpfel erwiesen sich danach als freistellungsbedürftig. Mit der Freistellung dieser Bäume sollte begonnen werden, weil der durchführende

Kollege der Praxis an diesem Kollektiv eine Vorstellung (optisch) von der Lichtsituation bekommt, bei der ein Baum freigestellt werden soll. Diese Vorstellung ist dann auf alle anderen Wildäpfel zu übertragen, an denen keine direkten Lichtmessungen erfolgt sind, die aber dennoch lichtbedürftig und zu stärken sind. In Anlehnung an das Kollektiv der 58 Individuen sollen alle Bäume (pur) daraufhin überprüft werden, ob die hier besprochene Erhaltungsmaßnahme nötig ist. In Gundorf sind Maßnahmen zur Freistellung im November letzten Jahres besprochen (s. Bereisungsprotokoll, Anhang) und z.T. auch bereits durchgeführt worden.
Sinn und Zweck der Maßnahme ist die Kräftigung des Individuums, die Anregung zur Blüte und Fruktifikation und damit die Schaffung guter Chancen auf eine nachhaltige Sicherung der nächsten Generation.

6.3 Verjüngung der Population

Zur Vitalisierung der gesamten Population beziehungsweise des gesamten Vorkommens ($Wild_{pur}$) ist eine erfolgreiche Verjüngung der heute lebenden adulten Individuen erforderlich. Es ist erwünscht, dass die nächste Wild-Apfel-Generation entsteht, heranwachsen kann und im Gebiet des Leipziger Auenwaldes die Existenz der seltenen Wildart nachhaltig sichert. Neben der Anregung der Blühwilligkeit der Mutterbäume (s. Kap. 6.2) sind Maßnahmen förderlich, die der Etablierung und dem Aufwachsen der Nachkommen dienen.

Das relativ gute Blütejahr 2013 wurde genutzt, um in dem vergleichsweise abgelegenen und baumzahlmäßig größten Teilvorkommen in Gundorf Saatgut zu gewinnen. Da die meisten Bäume geblüht hatten, war eine gute genetische Vielfalt im Vermehrungsgut zu erwarten. Die Früchte der Bäume, die wegen ihrer Kulturnähe zur Entnahme vorgeschlagen werden (Tabelle 13), kamen dabei natürlich nicht zur Beerntung und Aussaat.
Nach der Vermessung der Früchte im Herbst 2013, der anschließenden Samengewinnung und der Keimlingsphase, konnten in Hetzdorf, TU-Dresden, Tharandt, *ex situ* Sämlingspflanzen angezogen werden (Abb. 11).

Abb. 11 Sämlinge, etwa 2 Monate nach der Keimung

Das generative Vermehrungsgut aus dem vergleichsweise großen Teilvorkommen in Gundorf steht nun ab Herbst 2014 für die Rückführung in den Leipziger Auenwald zur Verfügung. Ein Vorteil dieser Sämlinge ist u.a., dass es sich um vitale, kräftige Pflanzen handelt, die gute Aussichten aufs Überleben im Gebiet haben.

Zu den Maßnahmen, die die Verjüngung der Population fördern sollen, zählt auch die Zäunung ausgewählter Bereiche in Mutterbaumnähe. Ein solcher Zaunbau soll dazu genutzt werden, die Naturverjüngungschancen im Gebiet auszuloten. Im Herbst 2013 wurde eine Bereisung des Reviers Gundorf von den Projektpartnern zu dem Zweck vorgenommen, geeignete Mutterbäume und Teilflächen für die Zäunung auszuwählen (Abb. 12).

Abb. 12 Diskussion zum Zaunbau (07.11.2013)

Ende Januar 2014 wurden aus diesem Grund vom Forstbetrieb 3 Kleinzäune im Revier Gundorf angelegt. Die Zäune umfassen einzelne Mutterbäume, binden aber auch größere Flächenteile ohne Mutterbäume mit ein.

Abb. 13a Nach Freistellung und Zäunung im Sommer 2014

Abb. 13b Nach Freistellung und Zäunung im Sommer 2014

Die Zäune sind nicht auf die unmittelbare Baumnachbarschaft begrenzt, weil von einer Ausbreitung der Baumfrüchte (und Samen) durch kleine Säugetiere und Vögel auszugehen ist. Je nach dem Erfolg dieser Maßnahme können die Flächen auch genutzt werden, um in den nächsten Jahren das angezogene Pflanzenmaterial (s.o.) per Kunstverjüngung auszubringen.
Es ist zwischen den Projektpartnern vereinbart, dass große Teile der angezogenen Pflanzen im so genannten „Mittelwaldprojekt“ ausgebracht werden sollen. Dieses Mittelwaldprojekt stellt einen Versuch dar, die Strukturvielfalt im Auwald zu erhöhen und damit auch lichtbedürfti-

gen Baumarten wieder Lebensräume zu schaffen (Webseite: Monitoring zur Waldbewirtschaftung; http://www.leipziger-auwald.de/front_content.php?idcat=31).

Abb. 14 Teilansicht des Mittelwaldprojektes; frisch aufgelichtete Parzelle

Die Zusammenarbeit der Kooperationspartner gestaltete sich ausgesprochen konstruktiv. In den Folgejahren wird die Entwicklung in den gezäunten Kleinflächen sorgfältig vom Forstbetrieb und von Mitarbeitern der TU-Dresden weiter beobachtet.

Relevante Literatur

AERTS, R.; HUNDERA, K.; BERECHA, G.; GIJBELS, P.; BAETEN, M.; VAN MECHELEN, M.; HERMY, M.; MUYS, B.; HONNAY, O.; 2011: Semi-forest coffee cultivation and the conservation of Ethiopian Afromontane rainforest fragments. *Forest Ecology and Management* (261) 1034-1041

BERGMANN, F.; HOSIUS, B.; 1996: Genetische Variation innerhalb und zwischen Waldbaumarten: Biochemische und populationsgenetische Determinanten der Isoenzympolymorphismen. In: MÜLLER-STARCK (Hrsg.): Biodiversität und nachhaltige Forstwitschaft. Ecomed, Landsberg

BINDER, M.; 2010: Morphologische und lichtökologische Untersuchungen an einem Wild-Apfelvorkommen (Malus sylvestris (L.) Mill.) im unteren Osterzgebirge. Diplomarbeit TU Dresden, Fakultät Forst-, Geo- & Hydrowissenschaften, Fachrichtung Forstwissenschaften, Institut für Waldbau und Forstschutz

BINDER, M.; WAGNER, I. und WAGNER, S.; 2011: Lichtökologische und morphologische Untersuchungen an Wild-Apfel (*Malus sylvestris* [L.] MILL., *Rosaceae*). Mitt. Deutsch. Dendrol. Ges. (MDDG), 96, 119-124

BÜTTNER, R.; 1999: *Malus sylvestris* (L.) Mill. – eine potenzielle Quelle für Mehltauresistenz in der Apfelzüchtung. Erwerbsobstbau 41, 100-101

COART, E.; VEKEMANS, X.; SMULDERS, M.J.M.; WAGNER, I.; VAN HUYLENBROECK, J.; VAN BOCKSTAELE, E.; ROLDAN-RUIZ, I.; 2003: Genetic variation in the endangered wild apple (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) in Belgium as revealed by AFLP and microsatellite markers. Molecular Ecology 12, 845-857

COART, E.; VAN GLABEKE, S.; DE LOOSE, M.; LARSEN. A. S. and ROLDÁN-RUIZ, I. ; 2006: Chloroplast diversity in the genus *Malus*: new insights into the relationship between the European wild apple (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) and the domesticated apple (*Malus domestica* Borkh.). Molecular Ecology 15, 2171-2182

CHEVREAU, E.; LEULIETTE, S.; GALLET, M. ; 1997 : Inheritance amd linkage of isozyme loci in pear (*Pyrus communis* L.). Theoretical and Applied Genetics 94, 498-506

DICKSON, E. E., S. KRESOVICH and N. F. WEEDEN; 1991: Isozymes in North American *Malus* (Rosaceae): Hybridization and Species Differentiation. Systematic Botany 16 (2), 363-375

FARAWAY, J.J.; 2006: Extending the Linear Model with R. *Texts in Statistical Science.* Chapman & Hall; Boca Raton, London, New York; 301S.

GILLET, E.M.; 2001: GSED „Genetic Structures from Electrophoresis Data“. User´s Manual, Version 1.1h – August 2001; http://www.uni-forst.gwdg.de/forst/fg/software.htm

GLOWALLA, K.-G.; 2003: Morphologische, phänologische und biochemisch-genetische Untersuchungen an zwei Populationen von *Malus sylvestris* Mill. im Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin. Diplomarbeit im Fachbereich Forstwirtschaft der Fachhochschule Eberswalde

GREGORIUS, H.R.; 1974: Genetic distance between populations. The concept of measurement of genetic distance. Silvae Genetica 23, 22-27

HÄBER, F.; 2002: Erfassung und genetische Charakterisierung von Wildformen des Apfels (*Malus sylvestris* Mill.) und der Birne (*Pyrus communis* L.) an der mittleren Elbe. Diplomarbeit an der Fakultät Forst-, Geo- und Hydrowissenschaften der Technischen Universität Dresden, Institut für Forstbotanik und Forstzoologie

HAGEMEIER, M.; 1997: Kronenstruktur und Schattenwurf verschiedener Pionier- und Schlußwald-Baumarten. *Diplomarbeit* Albrecht-von-Haller-Institut für Pflanzenwissenschaften Abteilung Ökologie und Ökosystemforschung der Uni Göttingen

HAMRICK, J. L., M. J. W. GODT and S. L. SHERMAN-BROYLES; 1992: Factors influencing genetic diversity in woody plant species. New Forests 6, 95-124

HATTEMER, H.H.; BERGMANN, F.; ZIEHE, M.; 1993: Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaften. – J.D. Sauerländer´s Verlag. –Frankfurt am Main

HELLRIEGEL-INSTITUT (2009): Managementplan für das FFH-Gebiet Landesmeldenummer 050 E „Leipziger Auensystem“ (SCI 4639-301) und das SPA V05 „Leipziger Auwald“ (SCI 4639-451), vorläufiger Endbericht. – unveröff. Arbeit im Auftrag des LfUG

JUNIPER, B.; 2000: Prehistoric Pippins. Oxford Today, The University Magazine, vol. 13, no. 1: pp. 28-30

KORBAN, S.S.; 1986: Interspecific hybridization in Malus. HortScience 21: 41-48

LAMBOY, W. F., J. YU, P. L. FORSLINE and N. F. WEEDEN; 1996: Partitioning of allozyme diversity in wild populations in *Malus sieversii* L. and implications for germplasm ollections. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 121, 982-987

LANGENFELD**, W.;** 1971: Die Evolution der Gattung Malus MILL.. Wissenschaftliche Zeitschrift der Universität Rostock. Mathematisch-Naturwissenschaftliche Reihe, 20, 1, 49-51

LARSEN, A.S. ; ASMUSSEN, C.B. ; COART, E. ; OLRIK, D.C. ; KJÆR, E.D. ; 2006 : Hybridization and genetic variation in Danish populations of European crab apple (*Malus sylvestris*). Tree Genetics & Genomes 2, 86-97

LESPINASSE, Y.; DUREL, C.-E.; LAURENS, F.; CHEVALIER, M.; PINET, C.; PARISI, L.; 2000: A European project: D.A.R.E. – Durable apple resistance in Europe (FAIRS CT97-3898). Durable resistance of apple to scab and powdery-mildew: One step more towards an environmental friendly orchard. Acta Hort. 538, 197-200

MAURER, W.D.; TABEL, U.; 1995: Erhaltung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. AFZ 50, 2, 102-104

MAURER, W.D.; REMMY, K.; TABEL, U.; WAGNER, I.; 2002: Einleitende morphologische und genetische Untersuchungen an ´Wildäpfeln´ zur Frage ihrer Wildformnähe zur Art *Malus sylvestris* (L.) Mill. Berichte des Forschungszentrums Waldökosysteme, Reihe B, Bd. 68, S. 162 (+ Poster)

MAURER, W.D.; TABEL, U.; 2002: Das „Genressourcen-Programm“ – Maßnahmen zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. Forst und Holz, 57, 25-29

MAURER, W.D.; TABEL, U.; 2003: Erhaltung und Nutzung seltener Baumarten und heimischer Straucharten in Rheinland-Pfalz. Forst und Holz, 58, 507-512.

MAURER, W.D.; 2003: Zwei Jahrzehnte Genressourcen-Forschung in Rheinland-Pfalz. Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, 52/04, 230 S.

PAUL, M.; HINRICHS, A.; JANSSEN, A.; SCHMITT, H.P.; SOPPA, B.; STEPHAN, B.R.; DÖRFLINGER, H.; 2000: Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (Neufassung 2000). Sächs. Landesanstalt für Forsten (Hrsg.). ISBN 3-932967-25-9, 66 S.

PINHEIRO, J.C.; BATES, D.M.; 2000: Mixed-Effects Models in S and S-PLUS. *Statistics and Computing.* Springer; New York; 528S.

PRITCHARD, J.K.; STEPHENS, M. and DONNELLY, P.; 2000: Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. Genetics 155, 945-959

PRITCHARD, J.K.; WEN, X.; FALUSH, D.; 2007: Documentation for *structure* software: Version 2.2. Software from http://pritch.bsd.uchicago.edu/software

REMMY, K.; 1990: Untersuchungen zur Verbreitung und Morphologie des Wild-Apfels (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) Dipl.arbeit, Forstl. Fak. Uni. Göttingen

REMMY, K.; GRUBER, F., 1993: Untersuchungen zur Verbreitung und Morphologie des Wild-Apfels (*Malus sylvestris* (L.) MILL.). Mitt. Dtsch. Dendrol. Ges., 81, 71-94

ROBINSON, J.P.; HARRIS, S.A. and JUNIPER, B.E.; 2001: Taxonomy of the genus *Malus* Mill. (Rosaceae) with emphasis on the cultivated apple, *Malus domestica* Borkh. Plant Syst. Evol. 226: 35-58

SCHLOSSER, S.; REICHHOFF, L.; HANELT, P.; 1991: Wildpflanzen Mitteleuropas. Nutzung und Schutz. DLV Berlin

SCHMITT, H.P; 2004: Das Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der BRD – Perspektiven für die Zukunft? Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, 52/04, 28-37.

SCHUMANN, K.; 1989: Obstgehölze und Nußbäume – die vergessenen Baumarten. AFZ 38-39: 1036-1039

SICKERT, A.; 2002: Der Leipziger Stadtwald. (Hrg.: Stadt Leipzig, Der Oberbürgermeister, Grünflächenamt) Faltblatt

STEPHAN, B.R.; WAGNER, I.; KLEINSCHMIT, J.; 2003: EUFORGEN Technical Guidelines for genetic conservation and use for wild apple and pear (Malus sylvestris and Pyrus pyraster). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy. 6 pages. http://www.ipgri.cgiar.org/network/euforgen/euf_home.htm. ISBN 92-9043-604-2.

TABEL, U.; 1987: Forstliche Erhaltungsmaßnahmen in Rheinland-Pfalz. Der Forst- und Holzwirt 42, 15, 405-408.

TABEL, U.; MAURER, W.D.; REMMY, K.; 2000: Wild-Apfel und Wildbirne: Taxation der „Wildformnähe“ in Klonsamenplantagen. AFZ/Der Wald 16, 846-849

WAGNER, I.; 1995: Identifikation von Wild-Apfel (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) und Wildbirne (*Pyrus pyraster* (L.) Burgsd.). Voraussetzung zur Generhaltung des einheimischen Wildobstes. Forstarchiv 66 (2), 39-47

WAGNER, I.; 1996a: Kurzmitteilung über den Stand der Generhaltungsarbeiten bei Wildobst in Niedersachsen und Schleswig-Holstein. Forst u. Holz 51 (1), 10-11.

WAGNER, I.; 1996b: Zusammenstellung morphologischer Merkmale und ihrer Ausprägungen zur Unterscheidung von Wild- und Kulturformen des Apfel- (*Malus*) und des Birnbaumes (*Pyrus*). Mitt. Dtsch. Dendrol. Ges., 82, 87-108 (Übersichtsartikel)

WAGNER, I.; 1998: Artenschutz bei Wild-Apfel. Die Blattbehaarung von 116 Apfelklonen auf zwei Samenplantagen. Forst und Holz 53 (2), 40-43

WAGNER, I.; 1999: Schutz und Nutzen von Wildobst – Probleme bei der direkten Nutzung von Wildobstrelikten. Forstarchiv 70, 23-27.

WAGNER, I.; 2005: Malus sylvestris. In : SCHÜTT P., WEISGERBER H., LANG U., ROLOFF A., STIMM B. (Hrsg.): Enzyklopädie der Holzgewächse 42. Erg.Lfg. 12, Kap. III-2, 1-16, Ecomed, Landsberg/Lech.

WAGNER, I.; 2006: Genetische Untersuchungen an Wildäpfeln im Biosphärenreservat „Mittlere Elbe“ in Sachsen-Anhalt sowie Kulturäpfeln zur besseren Identifizierbarkeit von *Malus sylvestris* (L.) Mill. Studie für den FÖLV Biosphärenreservat „Mittelelbe“ e.V., 28.6.2006

WAGNER, I.; 2008: Genetische Analysen an Wild-Äpfeln im Biosphärenreservat Mittelelbe. Berichte des Landesamtes für Umweltschutz Sachsen-Anhalt. Sonderheft 2/2008, 29-36

WAGNER, I.; 2011: Bestimmen von Kulturferne bei Wildobst - Beispiel *Malus sylvestris* (L.) Mill. 28. Internationale Tagung der Arbeitsgemeinschaft (ARGE) für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, 4.-6.11.2009, Treis-Karden (Mosel), Kurzvortrag + Poster. Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, 69/11, 187-194

WAGNER, I.; KLEINSCHMIT, J.; 1995: Erhaltung von Wildobst in Nordwestdeutschland. AFZ/Der Wald 26, 1458-1462.

WAGNER, I.; WEEDEN, N.F.; 2000: Isozymes in *Malus sylvestris*, *Malus domestica* and in related *Malus* species. Acta Hort. 538, pp. 51-56

WAGNER, I.; WEEDEN, N.F.; 2001: Genetische Identifizierung von *Malus sylvestris* als Voraussetzung für seine nachhaltige Nutzung. Schriftenreihe aus der Sächsischen Landesanstalt für Forsten, pp. 145-150

WAGNER, I.; SCHMITT, H.P.; MAURER, W.; TABEL, U.; 2004a: Isozyme polymorphism and genetic structure of *Malus sylvestris* (L.) Mill. native in western areas of Germany with respect to *Malus* × *domestica* Borkh. Acta Horticulturae 663, 545-550 (Symposium EUCARPIA 1.-5.9.2003 in Angers, Frankreich)

WAGNER, I.; TABEL, U.; SCHMITT, H.P.; MAURER, W.D.; 2004b: Genetische Struktur von Wildäpfeln (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) aus Rheinland-Pfalz und Nordrhein-Westfalen im Vergleich zu Kulturäpfeln (*Malus* × *domestica* Borkh.). Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, 52/04, 224-230

WAGNER, I.; MAURER, W.D.; LEMMEN, P.; SCHMITT, H.P.; WAGNER, M.; BINDER, M.; PATZAK, P.; (2014, in press): Hybridization and Genetic Diversity in Wild Apple (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) from Various Regions in Germany and from Luxembourg. Silvae Genetica (accepted 08.07.2014)

WAGNER, S.; KÜßNER, R.; AMMER, C.; DOHRENBUSCH, A.; 2004: Hinweise zur Erfassung von Strahlung und Kronenraumstruktur in Waldbeständen im Rahmen waldbaulicher Untersuchungen. Forstarchiv, Vol.75, No.3, 110 – 121

WEEDEN, N.F.; LAMB, R.C.; 1985: Identification of Apple Cultivars by Isozyme Phenotypes. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 110(4): 509-515

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

WÜNSCHE, J. N.; LAKSO, A. N.; 2000: Apple Tree Physiology - Implications for Orchard and Tree Management. In: The Compact Fruit Tree, Jg. 33, H. 3, S.82–88

Anlagen/Anhang

gefördert durch

DBU

Deutsche Bundesstiftung Umwelt

gefördert durch

DBU

Deutsche Bundesstiftung Umwelt