

Abschlussbericht

zum Projekt

‘Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen’

4. Juli 2012 bis 3. Juli 2017



Grüne Liga Osterzgebirge e.V., Große Wassergasse 9, 01744 Dippoldiswalde, Tel.: 03504 618585, email: osterzgebirge@grueneliga.de, Anke Proft, Frank Lochschmidt, Förderkennzeichen: 2810BM018

Staatsbetrieb Sachsenforst, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna OT Graupa, Tel.: +49 3501 542 220, Fax: +49 3501 542 213, email: heino.wolf@smul.sachsen.de, Dr. Stefanie Reim, Heike Wolf, Dr. Heino Wolf
Förderkennzeichen: 2810BM025

Gefördert durch:



aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung



Inhalt

| | | |
|-----------|--|-----------|
| I | Hintergrund und Zielstellung des Projektes | 1 |
| 1. | Projektgebiet | 3 |
| 2. | Kartierung potentieller Erntevorkommen | 4 |
| 2.1. | Auswertung nutzungsrelevanter Parameter | 6 |
| 2.2. | Erfassung der Bestandesstruktur | 9 |
| 2.2.1. | Bestandesstruktur Alpen-Johannisbeere | 9 |
| 2.2.2. | Bestandesstruktur Eberesche | 11 |
| 2.2.3. | Bestandesstruktur Wildapfel | 12 |
| 2.2.4. | Bestandesstruktur Wildbirne | 13 |
| 2.2.5. | Bestandesstruktur Wacholder | 13 |
| 3. | Morphologische Untersuchungen der Modellarten | 16 |
| 3.1. | Morphologische Charakterisierung Alpen-Johannisbeere | 16 |
| 3.2. | Morphologische Charakterisierung Eberesche | 17 |
| 3.3. | Morphologische Charakterisierung Wildapfel | 20 |
| 3.4. | Morphologische Charakterisierung Wildbirne | 21 |
| 3.5. | Morphologische Charakterisierung Wacholder | 24 |
| 4. | Phänologische Charakterisierung der Modellarten | 25 |
| 4.1. | Bestände und Pflanzenmaterial <i>In situ</i> | 25 |
| 4.2. | Pflanzenmaterial <i>Ex situ</i> | 26 |
| 4.3. | Durchführung der Bonitur | 27 |
| 4.4. | Witterungsverlauf Frühjahr 2014 bis Frühjahr 2016 | 28 |
| 4.5. | Phänologische Bonitur der <i>In situ</i> -Bestände | 29 |
| 4.5.1. | Blattaustrieb | 29 |
| 4.5.1.1. | Blattaustrieb Alpen-Johannisbeere | 29 |
| 4.5.1.2. | Blattaustrieb Eberesche | 30 |
| 4.5.1.3. | Blattaustrieb Wildapfel | 31 |
| 4.5.1.4. | Blattaustrieb Wildbirne | 32 |
| 4.5.2. | Blüte | 33 |
| 4.5.2.1. | Blüte Alpen-Johannisbeere | 33 |
| 4.5.2.2. | Blüte Eberesche | 34 |
| 4.5.2.3. | Blüte Wildapfel | 35 |
| 4.5.2.4. | Blüte Wildbirne | 35 |
| 4.6. | Phänologische Bonitur der <i>Ex situ</i> -Bestände | 35 |

| | | |
|-----------|--|-----------|
| 4.7. | Vergleich der phänologischen Daten zwischen <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Beständen | 37 |
| 4.7.1. | Pflanzenmaterial | 37 |
| 4.7.2. | Statistische Analyse | 38 |
| 4.7.3. | Vergleich der <i>In situ</i> und <i>Ex situ</i> -Bonitur beim Wildapfel | 40 |
| 4.7.3.1. | Variation der mittleren Boniturdaten nach Vorkommensgebiet | 40 |
| 4.7.3.2. | Variation der mittleren Boniturdaten nach Population | 41 |
| 4.7.3.3. | Variation der mittleren Boniturdaten nach Jahren | 41 |
| 4.7.3.4. | Variation der mittleren Boniturdaten nach <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Standort | 42 |
| 4.7.4. | Vergleich der <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Bonitur bei der Wildbirne..... | 43 |
| 4.7.4.1. | Variation der mittleren Boniturdaten nach Vorkommensgebiet | 44 |
| 4.7.4.2. | Variation der mittleren Boniturdaten nach Population | 44 |
| 4.7.4.3. | Variation der mittleren Boniturdaten nach Jahren | 44 |
| 4.7.4.4. | Variation der mittleren Boniturdaten zwischen <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Standort | 45 |
| 4.7.5. | Vergleich der <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Bonitur bei der Alpen-Johannisbeere | 46 |
| 4.7.5.1. | Variation der mittleren Boniturdaten nach Vorkommensgebiet | 47 |
| 4.7.5.2. | Variation der mittleren Boniturdaten nach Population | 47 |
| 4.7.5.3. | Variation der mittleren Boniturdaten nach Jahren | 47 |
| 4.7.5.4. | Variation der mittleren Boniturdaten nach <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Standort | 48 |
| 4.7.6. | Zusammenfassung der vergleichenden Auswertung zwischen der phänologischen Bonitur <i>In situ</i> und <i>Ex situ</i> | 49 |
| 5. | Genetische Charakterisierung der Individuen der Modellbestände | 52 |
| 5.1. | Genetische Analysemethoden und statistische Auswertung | 52 |
| 5.1.1. | DNA Extraktion | 52 |
| 5.1.2. | Mikrosatelliten Analysen | 52 |
| 5.1.3. | Genetische Analyse mit Chloroplasten DNA (cpDNA) Markern..... | 52 |
| 5.1.4. | Genetische Analyse von SNP im Chloroplastengenom | 53 |
| 5.1.5. | Statistische Auswertung..... | 54 |
| 5.2. | Genetische Analyse beim Wildapfel (<i>M. sylvestris</i>)..... | 56 |
| 5.2.1. | Pflanzenmaterial <i>M. sylvestris</i> | 56 |
| 5.2.2. | Identifizierung von Hybriden..... | 56 |
| 5.2.3. | Genetische Diversität innerhalb der <i>M. sylvestris</i> Populationen..... | 58 |
| 5.2.4. | Genetische Distanz zwischen den <i>M. sylvestris</i> Populationen..... | 59 |
| 5.2.5. | cpDNA Untersuchungen beim <i>M. sylvestris</i> | 62 |
| 5.2.6. | Bestimmung der Pollentransportdistanzen beim Wildapfel..... | 65 |

| | | |
|-----------|---|------------|
| 5.2.6.1. | Probenmaterial | 65 |
| 5.2.6.2. | Ergebnisse der genetischen Analyse der Sämlinge | 66 |
| 5.3. | Genetische Analyse bei der Wildbirne (<i>P. pyraeaster</i>) | 68 |
| 5.3.1. | Pflanzenmaterial Wildbirne | 68 |
| 5.3.2. | Identifizierung von Klonen | 68 |
| 5.3.3. | Identifizierung von Hybriden | 68 |
| 5.3.4. | Genetische Diversität innerhalb der <i>P. pyraeaster</i> Populationen | 69 |
| 5.3.5. | Genetische Distanz zwischen den <i>P. pyraeaster</i> Populationen | 70 |
| 5.3.6. | cpDNA Untersuchungen bei <i>P. pyraeaster</i> | 72 |
| 5.4. | Genetische Analyse bei der Gemeinen Eberesche (<i>Sorbus aucuparia</i>) | 74 |
| 5.4.1. | Pflanzenmaterial <i>S. aucuparia</i> | 74 |
| 5.4.2. | Genetische Diversität innerhalb der <i>S. aucuparia</i> Populationen | 74 |
| 5.4.3. | Genetische Distanz zwischen <i>S. aucuparia</i> Populationen | 75 |
| 5.4.4. | cpDNA Untersuchungen bei <i>S. aucuparia</i> | 78 |
| 5.5. | Genetische Analyse der Alpen-Johannisbeere (<i>Ribes alpinum</i>) | 80 |
| 5.5.1. | Pflanzenmaterial <i>R. alpinum</i> | 80 |
| 5.5.2. | Identifizierung von Klonen | 81 |
| 5.5.3. | Genetische Diversität innerhalb der <i>R. alpinum</i> Populationen | 82 |
| 5.5.4. | Genetische Distanz zwischen den <i>R. alpinum</i> Populationen | 83 |
| 5.5.5. | Bestimmung der Pollentransportdistanzen bei <i>R. alpinum</i> | 85 |
| 5.6. | Genetische Analyse bei <i>Juniperus communis</i> | 88 |
| 5.6.1. | Pflanzenmaterial Wacholder | 88 |
| 5.6.2. | Identifizierung von Klonen | 89 |
| 5.6.3. | Genetische Diversität innerhalb der <i>J. communis</i> Populationen | 89 |
| 5.6.4. | Genetische Distanz zwischen den <i>J. communis</i> Populationen | 90 |
| 5.6.5. | SNP-Analyse im Chloroplastengenom beim Wacholder | 93 |
| 5.6.6. | Bestimmung der Pollen- und Samentransportdistanzen bei <i>J. communis</i> | 95 |
| 5.7. | Zusammenfassung der genetischen Untersuchungen | 97 |
| 5.7.1. | Hybride | 97 |
| 5.7.2. | Vegetative Vermehrung | 98 |
| 5.7.3. | Genetische Diversität und genetische Struktur | 99 |
| 5.8. | Fazit | 102 |
| 6. | Etablierung gebietseigener, seltener Wildobstarten als Baumschulware | 103 |
| 6.1. | Bereitstellung von herkunftsgesichertem Saat- und Pflanzgut | 103 |

| | | |
|------------|--|------------|
| 6.1.1. | Durchführung der Saatguternte und Aufbereitung..... | 103 |
| 6.1.2. | Saatgutprüfung..... | 104 |
| 6.1.3. | Pflanzenanzucht..... | 105 |
| 6.2. | Etablierung von Samenplantagen und Erntehecken..... | 105 |
| 6.2.1. | Etablierung der Ernteanlagen für Wildapfel und Wildbirne..... | 105 |
| 6.2.2. | Etablierung einer Ernteanlage für die Gewöhnliche Ebersche..... | 107 |
| 6.2.3. | Etablierung von Erntehecken für die Alpen-Johannisbeere und Wacholder..... | 107 |
| 6.3. | Pflanzmaßnahmen in der freien Landschaft..... | 108 |
| 6.3.1. | Landschaftshecken / Erntehecken..... | 108 |
| 6.3.2. | Waldrandgestaltung..... | 109 |
| 6.3.3. | Einzel- und Verdichtungspflanzungen..... | 109 |
| 6.4. | Ausweisung von <i>In situ</i> -Vorkommen als Erntevorkommen..... | 110 |
| 6.5. | Ernteablauf und Dokumentation..... | 111 |
| 7. | Öffentlichkeitsarbeit..... | 113 |
| 7.1. | Internetseite..... | 113 |
| 7.2. | Broschüre/ Faltblatt..... | 113 |
| 7.3. | Webbasierte Datenbank..... | 114 |
| 7.4. | Kommunikation mit anderen Institutionen..... | 114 |
| 7.4.1. | Auftaktveranstaltung..... | 114 |
| 7.4.2. | Informationsveranstaltung für Baumschulen..... | 114 |
| 7.4.3. | Kommunikation mit weiteren Akteuren..... | 115 |
| 7.5. | Auszeichnung Wildobstprojekt..... | 116 |
| 7.6. | Sonstige öffentlichkeitswirksame Aktionen..... | 117 |
| II | Vergleich der durchgeführten Projektarbeiten mit dem Arbeitsplan..... | 123 |
| III | Zusammenfassung und Schlußfolgerung..... | 124 |
| IV | Weiterer Handlungsbedarf..... | 127 |
| V | Verzeichnisse der Tabellen, Abbildungen und Anlagen..... | 129 |
| 1. | Tabellenverzeichnis..... | 129 |
| 2. | Abbildungsverzeichnis..... | 131 |
| 3. | Anlagenverzeichnis..... | 134 |
| 4. | Literatur..... | 135 |
| VI | Anlagen..... | 137 |

I Hintergrund und Zielstellung des Projektes

Das Hauptaugenmerk des Modell- und Demonstrationsvorhabens war die modellhafte Etablierung von Erntevorkommen *in situ* für seltene Wildobstarten. Hintergrund des Projektes war die Neuregelung des Bundesnaturschutzgesetzes (§ 40 Abs. 4 Satz 4 BNatSchG). Dieser Paragraph besagt, dass ab dem 1. März 2020 das Ausbringen von Gehölzen und Saatgut in freier Landschaft außerhalb ihrer Vorkommensgebiete genehmigungspflichtig ist. In der Übergangszeit bis 2020 sollen Gehölze und Saatgut vorzugsweise nur innerhalb ihrer Vorkommensgebiete ausgebracht werden.

Bisher konnte die in Baumschulen produzierte Pflanzware auch aus weit entfernten Regionen stammen, so dass das Pflanzgut meist nicht an die regionalen Klima- und Standortgegebenheiten angepasst war. Häufig wurde das Saatgut für die Pflanzenproduktion auch nur von wenigen Elternbäumen geerntet, wodurch es auf Dauer zu einer Einschränkung der genetischen Diversität kommen kann. Das birgt wiederum die Gefahr, dass die Anpassungsfähigkeit der Population abnimmt und diese sich nicht mehr ausreichend auf Veränderungen von biotischen und/oder abiotischen Standortbedingungen einstellen kann. Um dieser Entwicklung entgegenzuwirken, wird die ausschließliche Verwendung gebietseigener Herkünfte für Pflanzgut zur Ausbringung in die freie Landschaft ab 2020 gesetzlich bindend. Für eine Bereitstellung von gebietseigenem Saatgut zur Pflanzenanzucht in den Baumschulen müssen eine Reihe von grundlegenden Voraussetzungen geschaffen werden, wie zum Beispiel eine fachlich fundierte Ausweisung von Erntevorkommen in den einzelnen Vorkommensgebieten, allgemeingültig anwendbare Standards zur Saatgutgewinnung in Wildbeständen ect..

Ziel des Projektes war daher die Ausweisung und Beerntung von *In situ*-Erntevorkommen modellhaft an fünf seltenen Wildobstarten in Sachsen zu erproben. Neben der modellhaften Etablierung von Erntevorkommen *in situ* für seltene Wildobstarten waren die wesentlichen Ziele des Projektes:

- (I) Die vorhandenen Bestände seltener Wildobstarten an ihrem natürlichen Standort langfristig zu erhalten und gegebenenfalls zu verdichten,
- (II) *Ex situ*-Generhaltungsplantagen und Erntehecken anzulegen
- (III) Seltene Wildobstarten als Baumschulware zu etablieren und damit für Aufforstungsmaßnahmen oder Pflanzungen in die offene Landschaft (z. B. auf Ausgleichsflächen) zur Verfügung zu stellen und
- (IV) Saat- oder Pflanzgut bereit zu stellen, das den ökologischen und klimatischen Gegebenheiten der Region angepasst ist.

Für die Durchführung des Projektes wurden geographisch und klimatisch unterschiedliche Landschaftsräume in Sachsen als Modellregionen ausgewählt. Diese befanden sich in Vorkommensgebiet 2 (Mittel- und Ostdeutsches Tief- und Hügelland) und Vorkommensgebiet 3 (Südostdeutsches Hügel- und Bergland). Als Modellarten wurden für das Projekt die Wildobstarten Wildbirne (*Pyrus pyraeaster* L.), Wildapfel (*Malus sylvestris* Mill.), Gewöhnliche Eberesche (*Sorbus aucuparia* L.), Alpen-Johannisbeere (*Ribes alpinum* L.) und Gewöhnlicher Wacholder (*Juniperus*

communis L.) bearbeitet. Diese Modellarten repräsentieren verschiedene Befruchtungssysteme (insekten- und windbestäubt) und sind ein- bzw. zweihäusig (d.h. es gibt weibliche und männliche Pflanzen bei Alpen-Johannisbeere und Wacholder). Weiterhin waren die ausgewählten Arten gut mit genetischen Markern identifizierbar und charakterisierbar. Allen gemein war eine Konkurrenzschwäche infolge hoher Lichtbedürftigkeit sowie ihre Seltenheit im Projektgebiet Sachsen. Bei der Eberesche waren insbesondere im sächsischen Tiefland kaum fruchttragende Bäume zu finden. Vorhandene Individuen dieser Modellarten wurden in den Beständen kartiert, morphologisch charakterisiert und mit Hilfe von genetischen Markern untersucht. Die genetischen Daten dienten als Grundlage, um artspezifische Besonderheiten, wie vorhandene Hybride (Wildapfel und Wildbirne) oder Klone (Alpen-Johannisbeere, Wildbirne) in den Wildobst-Vorkommen zu identifizieren. Weiterhin wurden Aussagen zur genetischen Diversität und Struktur der untersuchten Populationen getroffen. Nachkommenschaftsanalysen beim Wildapfel, der Alpen-Johannisbeere und dem Gewöhnlichen Wacholder gaben Aufschluss über den genetischen Austausch durch Pollen und Samen. Es wurden begleitend phänologische Untersuchungen durchgeführt, um Aussagen über die Variation des Blattaustriebs der jeweiligen Art bei unterschiedlichen klimatischen Verhältnissen treffen zu können.

Die Gesamtheit der gewonnenen Daten bildete die Grundlage für die Festlegung der notwendigen Bestandesgröße für die Aufrechterhaltung eines Vorkommens sowie die erforderliche Anzahl von Genotypen in einer Ernteplantage zur repräsentativen Erhaltung der artspezifischen genetischen Vielfalt. In Anlehnung an das Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) und der „Methode zur Bestimmung und Erfassung von Erntebeständen gebietseigener Gehölze“ nach Seitz et al. (2008) wurden die Kriterien für die Ausweisung von Erntebeständen evaluiert und daraus Kriterien für die Identifikation geeigneter Erntevorkommen für seltene Arten abgeleitet. Das abschließende Ziel des Modell- und Demonstrationsvorhabens war die Erstellung eines Leitfadens für die Beerntung von seltenen Arten. Diese Methode soll als allgemeingültige Vorgehensweise auch auf andere seltene Baum- und Straucharten in anderen Regionen Deutschlands anwendbar sein.

1. Projektgebiet

Das Projektgebiet umfasste die gesamte Fläche des Freistaates Sachsen und hat Anteil an zwei Vorkommensgebieten: Mittel- und Ostdeutsches Tief- und Hügelland (Vorkommensgebiet 2) sowie Südostdeutsches Hügel- und Bergland (Vorkommensgebiet 3), entsprechend der Einteilung Deutschlands in sechs Vorkommensgebiete durch das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit (BMU 2012). Nach Abschluss der Bestandesaufnahmen lassen sich folgende Schwerpunktreionen für die Vorkommen der meisten Modellarten benennen (Abbildung 1):

- Vogtland
- Osterzgebirge
- Elbtal im Bereich Meißen - Pirna
- Biosphärenreservat ‚Oberlausitzer Heide- und Teichlandschaft‘ sowie südliche Niederlausitz
- Leipziger Auwald
- Raum Torgau / Mühlberg

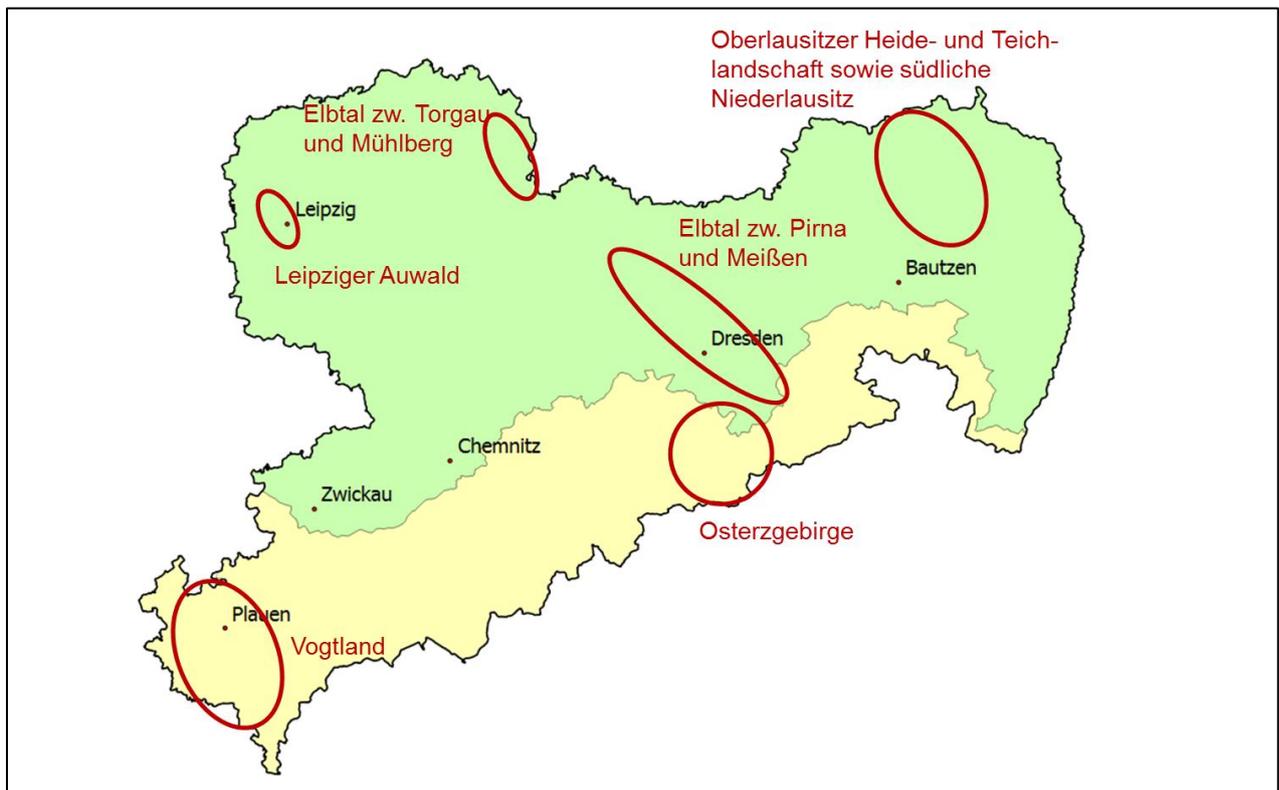


Abbildung 1: Schwerpunktreionen der Vorkommen der fünf Modellarten in Sachsen

2. Kartierung potentieller Erntevorkommen

Zunächst wurde eine Vorauswahl von Gebieten, die für eine nähere Untersuchung hinsichtlich geeigneter, potentieller Bestände in Frage kommen, durchgeführt. Die Auswahl erfolgte auf Grundlage folgender Daten- bzw. Kartenbestände:

- Atlas der Farn- und Samenpflanzen Sachsens (Hardtke & Ihl 2000)
- Kartierdaten der Waldbiotopkartierung, Staatsbetrieb Sachsenforst, 1. und 2. Durchgang (Daten 1994 – 2011)
- Generhaltungsdatenbank, Staatsbetrieb Sachsenforst
- Artdatenbank ‚Multibase‘, Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie (LfULG)
- Kartierdaten des Projektes ‘Erhaltung von *Malus sylvestris* unter *In situ*-Bedingungen im Osterzgebirge’, BLE-Förderkennzeichen 06BM002/2

Zum Teil war die räumliche Auflösung der Datengrundlagen für eine Vor-Ort-Untersuchung nicht ausreichend, so dass diese Daten durch den Kontakt mit Akteuren vor Ort (Naturschutzverbände, Forstreviere, bekannte Gebietskenner, ...) präzisiert wurden. Damit konnte eine zeiteffiziente Bestandenserfassung ohne großen Suchaufwand vor Ort gewährleistet werden. Im Idealfall lagen bereits konkrete Kartierungsdaten von den Einzelindividuen oder Beständen mit einer geographischen Verortung vor, die für die Bearbeitung des Projektes zur Verfügung gestellt werden konnten.

Die Bestände wurden von den Projektmitarbeitern im Anschluss aufgesucht, die vorgefundenen Individuen wurden mittels GPS-Gerät eingemessen sowie wesentliche Parameter des Vorkommens erfasst (Anlage 1).

Die Vorkommen wurden vorwiegend in den ersten beiden Projektjahren aufgesucht, aber auch später wurden noch einzelne Vorkommen nacherfasst und bearbeitet. In Summe wurden 42 Modellbestände mit insgesamt 1886 Einzelpflanzen erfasst und beschrieben (Tabelle 1).

Tabelle 1: Anzahl kartierter Modellbestände nach Arten und Lage in den beiden Vorkommensgebieten.

| Art | Anzahl Bestände | | | Anzahl Individuen | | |
|---|-----------------|--------|--------|-------------------|--------|--------|
| | VKGII | VGKIII | gesamt | VKGII | VGKIII | gesamt |
| Alpen-Johannisbeere <i>Ribes alpinum</i> | 2 | 3 | 5 | 161 | 216 | 377 |
| Eberesche <i>Sorbus aucuparia</i> | 6 | 7 | 13 | 198 | 242 | 440 |
| Wildapfel <i>Malus sylvestris</i> | 4 | 3 | 7 | 95 | 212 | 307 |
| Wildbirne <i>Pyrus pyraster</i> | 6 | 2 | 8 | 254 | 65 | 319 |
| Wacholder <i>Juniperus communis</i> | 5 | 4 | 9 | 269 | 174 | 443 |
| Summe | 23 | 19 | 42 | 977 | 909 | 1.886 |

Die Verteilung der Bestände zwischen den beiden sächsischen Vorkommensgebieten ist weitgehend ausgewogen (Abbildung 2).

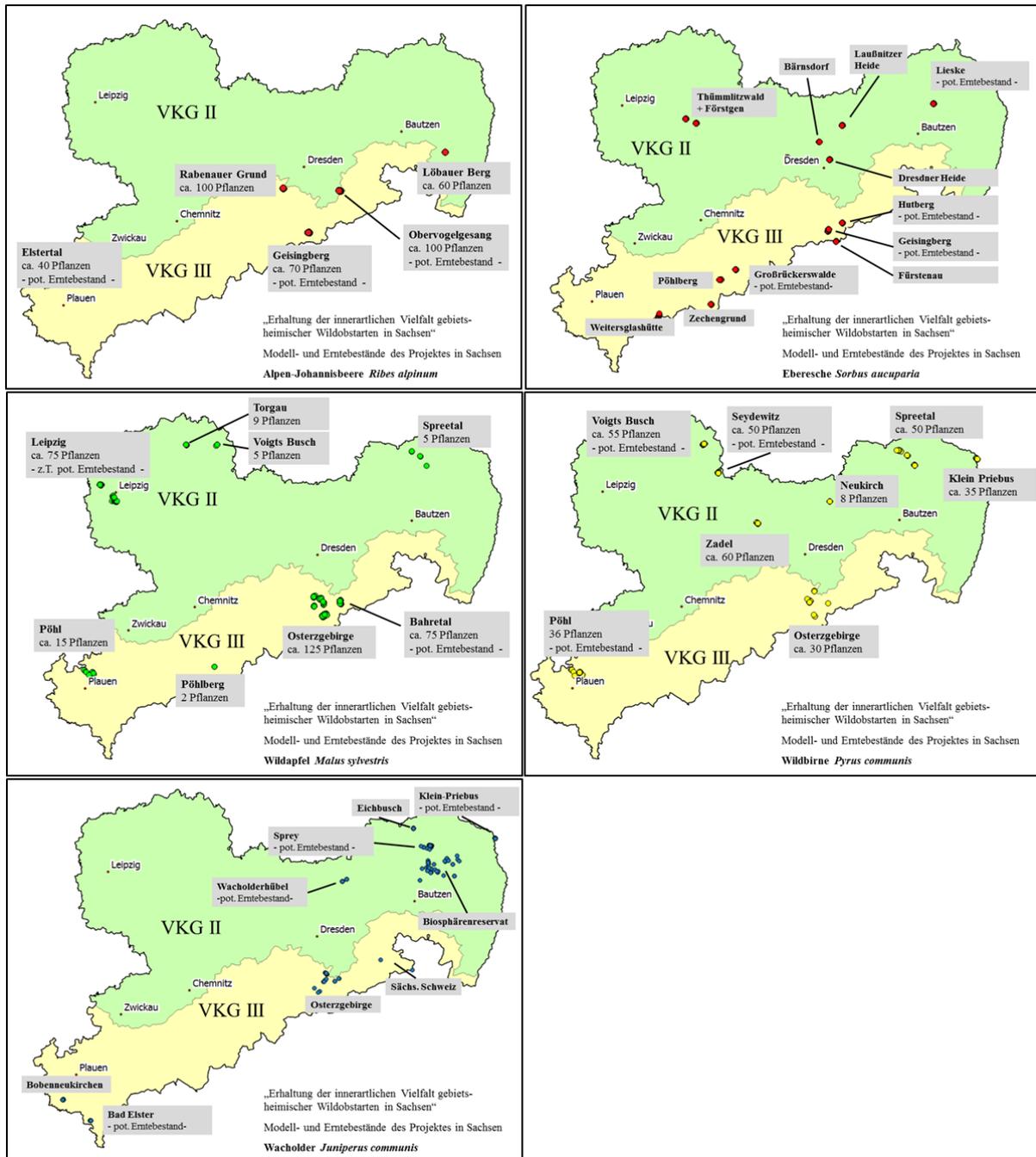


Abbildung 2: Lage der Modellbestände der fünf Modellarten innerhalb Sachsens. VKG: Vorkommensgebiete nach BMU (2012)

2.1. Auswertung nutzungsrelevanter Parameter

Für eine langfristige Nutzung potentieller Erntevorkommen sind Faktoren, wie eine Zuordnung zu Verantwortlichkeiten (Forstverwaltung, Naturschutzbehörden), Eigentumsverhältnisse oder Schutzstatus (Restriktionen einer Gebietsbegehung oder Beerntung aufgrund eines bestimmten Schutzstatus, z. B. Naturschutzgebiet) von wesentlicher Bedeutung. Diese wurden durch eine Verschneidung der kartierten Bäume bzw. Sträucher mit der Datenkulisse von Waldeigentumsformen und Schutzgebieten mittels Geografischer Informationssysteme (GIS) ermittelt. Etwa dreiviertel der Vorkommen wurden im Wald bzw. entlang von Waldrändern erfasst und fallen damit in die Zuständigkeit des Staatsbetriebes Sachsenforst bzw. der Forstbehörden (Abbildung 3).

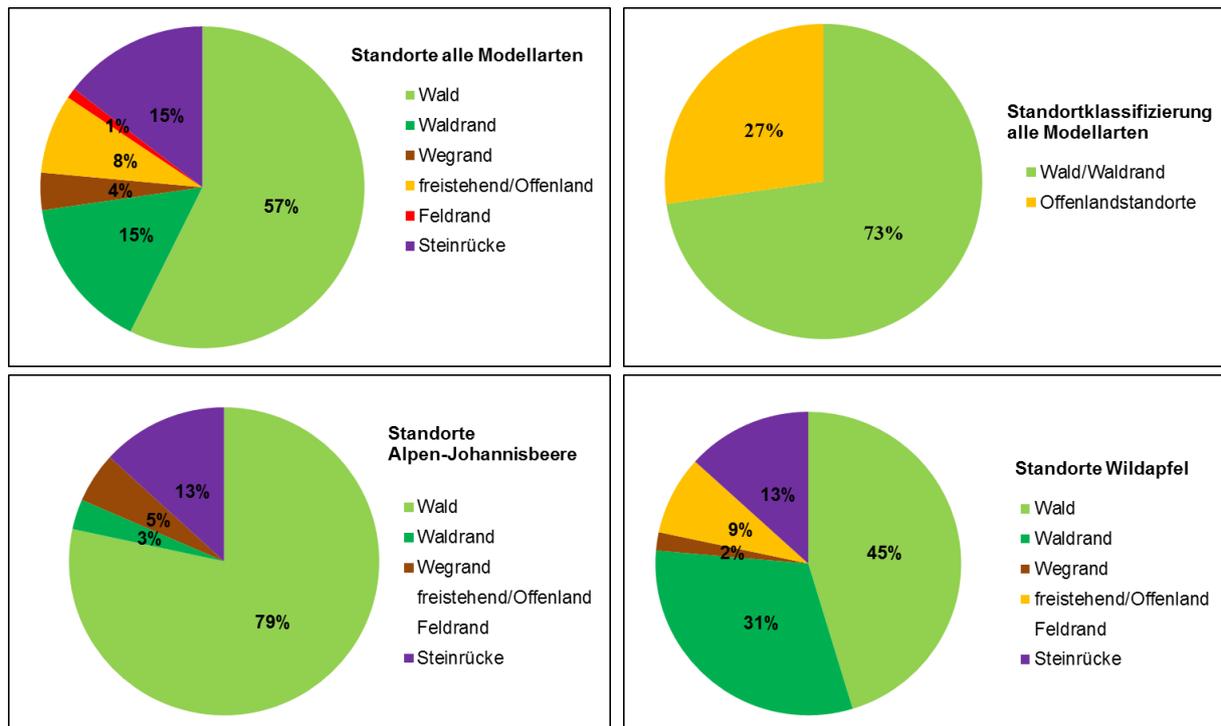


Abbildung 3: Standorttypen sowie Standortklassifizierung der untersuchten Vorkommen aller Modellarten (oben) sowie von Alpen-Johannisbeere und Wildapfel im Vergleich (unten).

Bei den als 'Offenland' zusammengefassten Standorten sind insbesondere Steinrücken hervorzuheben. Diese stellen in den Mittelgebirgslagen charakteristische Landschaftselemente dar und sind aufgrund ihres verhältnismäßig lichten Bewuchses bevorzugte Wildobststandorte. Sie haben damit auch eine Schlüsselfunktion in der Erhaltung seltener Wildobstarten *in situ*. Als wirklich 'freistehend' wurden insbesondere Wacholder in Wacholderheiden erfasst. Alle sonstigen Modellarten waren in ihrem Vorkommen an meist sonstige, gehölzbestandene Landschaftsstrukturen gebunden. Ausnahmen bildeten hierbei lediglich freistehende und meist landschaftsprägende Einzelbäume von Wildapfel oder Wildbirne. Zwischen der einzelnen Modellarten gab es auffällige Unterschiede hinsichtlich des bevorzugten Standortes (Abbildung 3, unten). Die Alpen-Johannisbeere wuchs beispielsweise bevorzugt in der Strauchschicht von Wäldern. Lediglich das Vorkommen 'Geisingberg' befand sich

im Offenland, dort wuchs die Pflanze vorzugsweise auf Steinrücken. Demgegenüber wurden Vorkommen des Wildapfels sowohl in geschlossenen Waldbeständen ('Leipziger Auwald', 'Bahretal') und entlang von Waldrändern, aber auch in Offenlandstrukturen (insbesondere Mittelgebirgsbestände – 'Osterzgebirge', 'Vogtland') gefunden.

Ähnlich differenziert war die Zuordnung der Besitzformen in den Modellbeständen (Abbildung 4). Hier waren grundsätzlich Waldstandorte und Offenlandstandorte zu unterscheiden. Für Waldstandorte waren Eigentumsdaten des Staatsbetrieb Sachsenforst verfügbar. Für Offenlandstandorte war die Eigentumsform nur in Ausnahmefällen bekannt. Bei den meisten Offenlandstandorten handelte es sich jedoch um Privatland.

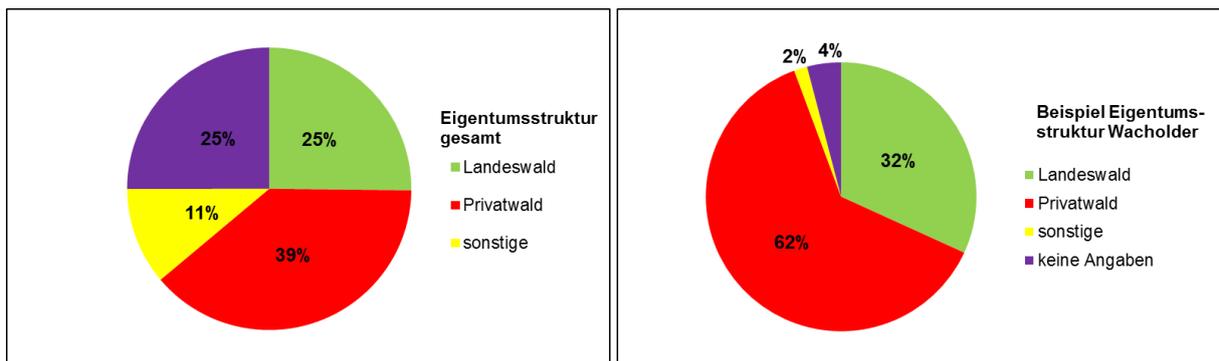


Abbildung 4: Eigentumsstruktur der erfassten Modellbestände gesamt und am Beispiel der Modellart Wacholder.

Sonstige: Körperschaften, Kommunen, Kirchen, der Bund sowie Treuhandnachfolgeformen
keine Angaben: Privatbesitz im Offenland

Insgesamt standen ein Viertel der Modellarten auf Flurstücken im Eigentum des Staatsbetriebs Sachsenforst. Etwa 40 % lagen im Privatwald, weitere 25 % befanden sich als Offenlandstandorte höchstwahrscheinlich ebenfalls in privater Hand. Im Gegensatz zu Flächen in öffentlicher Hand bedeuteten private Eigentumsformen in der Praxis oftmals langwierigere Kommunikationswege bei geplanten Erhaltungs- oder Erntemaßnahmen. Bei der Modellart Wacholder (Abbildung 4, rechtes Bild) waren die Eigentumsformen weitgehend bekannt. Die Art wächst in Sachsen vorzugsweise in Wäldern. Insbesondere in seinem Vorkommensschwerpunkt in Ostsachsen, wo Waldgebiete meist sehr kleinteilig in Privateigentum sind, war dieser Umstand in der praktischen Arbeit spürbar. *In situ*-Maßnahmen innerhalb eines Vorkommens bedurften dort wegen der Vielzahl der Eigentümer umfangreicher Aufklärungs- und Abstimmungsarbeit.

Der überwiegende Teil der Modellbestände (>99 %) lag in einem unter naturschutzfachlichen Aspekten geschützten Gebiet (Abbildung 5). Etwa 20 % der Vorkommen befanden sich auf Flächen, die als Naturschutzgebiete bzw. als Flächennaturdenkmale ausgewiesen waren, und unterlagen somit besonderen Restriktionen. 36 % der Vorkommen waren als FFH-Gebiete innerhalb einer EU-weit einheitlichen Gebietskulisse geschützt. Knapp die Hälfte der Vorkommen waren zumindest als Landschaftsschutzgebiet geschützt. Die Lage in Naturschutzgebieten, Flächennaturdenkmalen oder speziellen Schutzzonen innerhalb von Biosphärenreservaten konnte konkrete Einschränkungen auf mögliche *In situ*-Maßnahmen wie beispielsweise Nachpflanzung, Freistellung, Entnahme von

Hybriden oder Erntemaßnahmen haben. Der Schutzstatus als FFH-Gebiet oder Landschaftsschutzgebiet hatte dagegen keine wesentlichen Auswirkungen in Bezug auf Erhaltung und Beerntung, bietet allerdings auch den seltenen Wildobstarten einen geringeren Schutz.

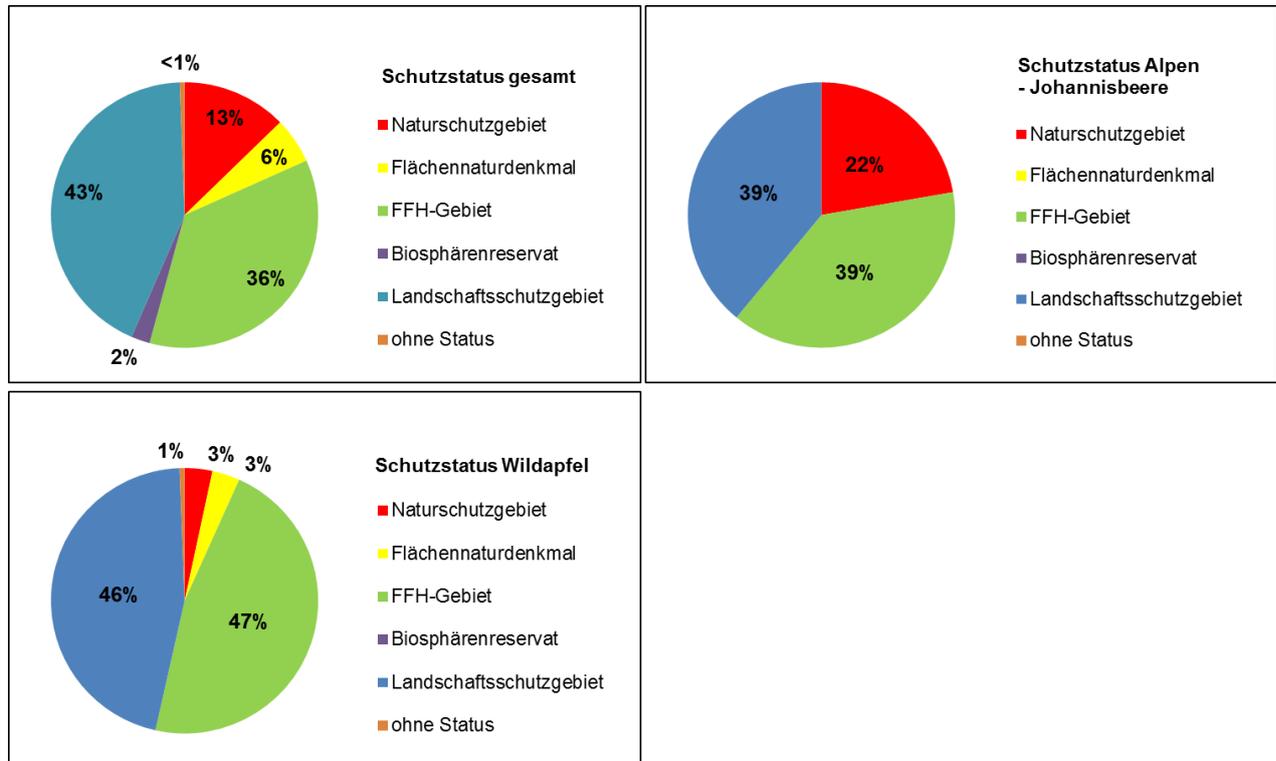


Abbildung 5: Schutzstatus der Modellbestände entsprechend der Kategorisierung nach Naturschutzrecht.

Konnte eine Fläche mehreren Kategorien zugeordnet werden (beispielsweise Naturschutzgebiet innerhalb eines Landschaftsschutzgebietes) ist jeweils die höchste Schutzgebietskategorie dargestellt.

Die Verteilung der Vorkommen in Schutzgebieten verschiedener Kategorien unterschied sich je nach erfasster Modellart beträchtlich. Knapp ein Viertel der sächsischen Vorkommen der Alpen-Johannisbeere (Abbildung 5, oben rechts) unterlag innerhalb von Naturschutzgebieten strengen gesetzlichen Auflagen hinsichtlich einer Nutzung. Dagegen 'genossen' diese jedoch auch einen strengen Schutz ihrer Lebensräume. 39 % der Vorkommen waren, meist als Lebensraumtyp der Schlucht- und Hangmischwälder, als FFH-Gebiet geschützt. Im Sinne des FFH-relevanten Verschlechterungsgebotes besteht für die ausgewiesenen Lebensraumtypen ebenfalls ein Schutz der Standorte.

Dagegen waren nur 6 % der Vorkommen des Wildapfels als Naturschutzgebiet oder Flächennaturdenkmal streng geschützt (Abbildung 5, unten). Zwar standen knapp die Hälfte der Bäume innerhalb von FFH-Gebieten, allerdings dort außerhalb ausgewiesener Lebensraumtypen, wodurch der Schutz des Standorts nur eingeschränkt gegeben war.

Praktische Bedeutung hatte der Schutzstatus der Vorkommen insbesondere für eine Beerntung zur Gewinnung von Vermehrungsgut. Innerhalb des hier dokumentierten Modell- und Demonstrationsvorhabens konnten im Rahmen von Ausnahmegenehmigungen zumeist auch Vorkommen in Naturschutzgebieten oder Flächennaturdenkmälen beerntet werden. Für eine *In situ*-

Beerntung durch Baumschulen oder private Erntebetriebe sind jedoch Einschränkungen bei der Ernte zu erwarten, um empfindliche Biotopstrukturen zu langfristig zu schützen.

2.2. Erfassung der Bestandesstruktur

Für eine Bewertung der Bestandesstruktur wurden Strukturparameter wie Baum/Strauchhöhe, Anzahl der Stämmlinge, Brusthöhendurchmesser, Naturverjüngung im Bestand, Vitalität sowie das Geschlecht der Einzelpflanzen bei den zweihäusigen Arten Alpen-Johannisbeere und Wacholder bestimmt.

Hinsichtlich der Bestandesdichte zeigten die kartierten Wildobstvorkommen sehr starke Schwankungen. Auch innerhalb der Art gab es bemerkenswerte Unterschiede. Es befanden sich durchschnittlich zwischen 32 (Wildbirne) und 58 (Wacholder) Individuen im Bestand. Während die Bestandesgrößen bei der Gemeinen Eberesche oder der Alpen-Johannisbeere relativ ausgeglichen waren, variierten die Bestandesgrößen beim Wildapfel zwischen 3 und 90 Bäumen je Vorkommen. Dabei ist zu beachten, dass die Anzahl der Individuen je Vorkommen nicht die räumliche Verteilung berücksichtigt. Sehr dichte und zusammenhängende Vorkommen (mit 20 Bäumen in einer Gruppe) wurden in der Regel bei der Alpen-Johannisbeere und der Gemeinen Eberesche gefunden. Der Abstand zu den 19 nächsten Nachbarpflanzen betrug bei der Alpen-Johannisbeere durchschnittlich 65 m und bei der Gemeinen Eberesche durchschnittlich 270 m. Stark fragmentiert waren dagegen die Vorkommen der Wildbirne und des Wildapfels. Selbst bei scheinbar großen Vorkommen, wie beispielsweise den 90 Wildapfelbäumen im Vorkommen ‚Osterzgebirge‘, standen die einzelnen Bäume oftmals sehr weit auseinander. In den Wildapfelvorkommen waren die nächsten 19 Wildapfelbäume in durchschnittlich 3.740 m Entfernung zu finden. In den Wildbirnenvorkommen betrug die durchschnittliche Distanz zu den nächsten 19 Nachbarbäumen 1.380 m. Damit waren insbesondere für den Wildapfel und die Wildbirne die Vorkommen häufig stark fragmentiert.

2.2.1. Bestandesstruktur Alpen-Johannisbeere

Im Gegensatz zu den Modellarten Wildapfel oder Wildbirne zeichneten sich die Vorkommen der Alpen-Johannisbeere durch eine vergleichsweise hohe Stückzahl an Individuen je Erntebestand aus. Die Vorkommen waren häufig klein mit einer hohen Strauchdichte/ Fläche. Lediglich das Vorkommen ‚Geisingberg‘ war weitläufiger. Dort wuchsen die Pflanzen vorwiegend auf Steinrücken mit dazwischenliegenden, größeren Grünland- und Waldbereichen (Abbildung 6). Das Geschlechterverhältnis in den bonitierten Beständen war im Mittel mit 52 % männlichen Individuen zu 43 % weiblichen Individuen leicht verschoben. Bei 5 % der untersuchten Pflanzen konnte das Geschlecht nicht abschließend bestimmt werden. Betrachtet man die Geschlechterproportionen in den Einzelbeständen, so waren die Unterschiede beträchtlich (siehe Abbildung 7).

Weitgehend ausgeglichen war das Verhältnis der Geschlechter im Vorkommen ‚Geisingberg‘ (vgl. Kapitel 3.1). Dort war auch der Anteil Klone am Bestand (vgl. Kapitel 5.5.2.) am geringsten. In allen anderen Vorkommen waren die Anteile an Klonen unterschiedlich stark ausgeprägt. Diese vegetative

Vermehrung erfolgte entweder durch die Bewurzelung von den Boden berührenden, stark überhängenden Zweigen oder durch Wurzeläusläufer.



Abbildung 6: Standortmerkmale bei Alpen-Johannisbeere.
 I: Standort von Einzelsträuchern auf Steinrücken im Bestand 'Geisingberg'
 II 'Felder' mehrerer Sträucher auf steilen, stark blockhaltigen Waldstandorten (hier Bestand 'Löbauer Berg'). Durch Ausläuferbildung sind die einzelnen Sträucher schwer zu identifizieren, es gibt einen hohen Anteil an Klonen.

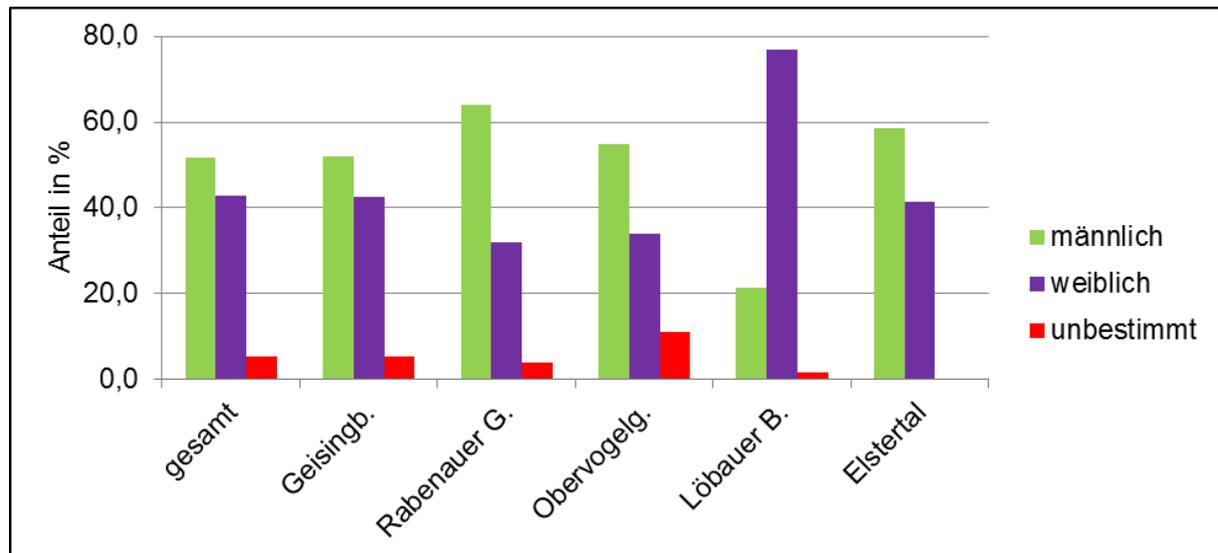


Abbildung 7: Geschlechterverhältnis in den Einzelbeständen der Alpen – Johannisbeere.
 Geisingb. = Geisingberg, Rabenauer G. = Rabenauer Grund, Obervogelg. = Obervogelgesang, Löbauer B. = Löbauer Berg.

Eine generative Naturverjüngung konnte im Untersuchungszeitraum in keinem der Vorkommen beobachtet werden. Im Vorkommen 'Geisingberg' wurde starker Wildverbiss festgestellt, was eine Verjüngung durch Sämlinge zusätzlich erschwert.

Die Vitalität war bei dem überwiegenden Teil der Pflanzen sehr gut. Nur vereinzelt wurden Sträucher mit Schädigungen von bis 50 % kartiert. Schädigungen durch Verbiss oder Ausbrechen einzelner Triebe (Schneelast etc.) werden bei dieser Art durch ein gutes Stockausschlagsvermögen kompensiert. Auf eine Klassifizierung der Vorkommen hinsichtlich Höhe, Durchmesser oder Anzahl der Stämmlinge wurde aufgrund des strauchförmigen Habitus verzichtet.

2.2.2. Bestandesstruktur Eberesche

Hinsichtlich der Bestandesstrukturparameter der Ebereschenvorkommen muss prinzipiell zwischen Vorkommen innerhalb von geschlossenen Wäldern und Vorkommen des Offenlandes (Steinrücken, Wegränder, Feldgehölze) unterschieden werden. In Wäldern war die Eberesche meist als Naturverjüngung oder zweite Baumschicht vertreten, teilweise auch als Begleitbaumart in Jungbeständen oder entlang von Waldinnenrändern, an Bestandesgrenzen oder Ähnlichem. Sie erreichte nur selten ihr mögliches, arttypisches Alter. Meist wird sie vorher durch Kronenschluss des Hauptbestandes ausgedunkelt. Solche Ebereschenvorkommen wurden vorwiegend im Tiefland des Vorkommensgebietes II gefunden.

Dagegen erreichte die Eberesche im Offenlandbereich bei vollem Lichtgenuss ihren arttypischen Habitus und Durchmesser. Durch regelmäßiges Auf-den-Stock-setzen zur Brennholzwerbung sind diese Bäume oft vielstämmig. Solche Ebereschenvorkommen wurden vor allem in den Gebirgsregionen bzw. Hochlagen des Erzgebirges (Vorkommensgebiet 3) kartiert. Dort können sie als lichter Reinbestand (größere Feldgehölze) erstaunlich stabile Zwischenwaldstadien bilden (Tabelle 2). In den Hochlagen des Erzgebirges ist die Eberesche Charakterart und landschaftsprägend, insbesondere auf Steinrücken.

Tabelle 2: Parameter zur Beschreibung der Bestandesstruktur der untersuchten Ebereschenvorkommen

| Vorkommens- gebiet (BMU 2012) | Stichproben- umfang | Durchschnittliche Baumhöhe (in m) | Durchschnittlicher Brusthöhen- durchmesser (BHD)* in cm | Anzahl Stämmlinge | Vitalität** |
|-------------------------------------|------------------------|---|--|----------------------|-------------|
| 2 | 198 | 7,74 | 10,3 | 1,4 | 1,3 |
| 3 | 242 | 7,47 | 19,2 | 2,3 | 2,1 |

*BHD des stärksten Stämmlings; **Stufe 1: bis 25 % Schädigung, Stufe 2: bis 50 % Schädigung, Stufe 3: bis 75 % Schädigung, Stufe 4: bis 100 % Schädigung

Auffällig waren eine höheren Anzahl der Stämmlinge sowie größere Durchmesser der Bäume in Vorkommensgebiet 3. Dagegen war die absolute Höhe der Bäume in Vorkommensgebiet 2 höher als in den Offenlandstandorten der Mittelgebirge. Durch eine ausgeprägte Lichtkonkurrenz werden die Bäume im Bestand durch Begleitbäume "mitgezogen", d.h. sie wachsen trotz eines geringen Alters und Stammdurchmessers stark in die Höhe, um an Licht zu kommen.

Auffällig war die geringere Vitalität der Bäume in den Mittelgebirgsbeständen. Bei einem Großteil der Bäume waren bis zu 50 % des Baumes geschädigt. Diese waren möglicherweise wegen extremer Witterungseinflüsse in den Hochlagen geschädigt (Sturm-, Schnee- und Eisbruch) bzw. einem starken Schaderregerdruck ausgesetzt. Auch das Alter der Bäume könnte eine Rolle für die geringe Vitalität spielen. Die genauen Ursachen sind derzeit nicht bekannt und müssten genauer untersucht werden.

Innerhalb von Waldbeständen konnte regelmäßig eine Naturverjüngung beobachtet werden. Allerdings war die Schädigung durch Wildverbiss oder Fegen der Jungpflanzen beträchtlich. In

Offenlandstandorten fehlte dagegen eine Verjüngung durch Sämlinge aufgrund des massiven Wildverbisses fast gänzlich. Bei Bäumen des Offenlandes dominiert (meist ebenfalls stark verbissener) Stockausschlag. Die Wurzelstöcke sind aufgrund regelmäßigem Auf-den-Stock-Setzen meist Jahrzehnte bis Jahrhunderte alt. Möglicherweise liegt darin auch eine Ursache für die beobachteten Vitalitätsverluste.

2.2.3. Bestandesstruktur Wildapfel

Die kartierten Bestände an Wildäpfeln waren im Vergleich zu denen an Alpen-Johannisbeere bzw. Wacholder weitläufiger. Die Baumabstände waren größer, die Individuenanzahl je Bestand war meist deutlich geringer. Teilweise wurden Gebiete mit einer Größe von mehreren Quadratkilometern mit darin enthaltenen Einzelvorkommen zu einem Bestand zusammengefasst (Beispiel Osterzgebirge, Vogtland). Kompakte Vorkommen mit mehr als 50 Einzelindividuen in einem engen räumlichen Verbund gibt es in Sachsen nur noch im Leipziger Auwald und dem Bahretal im östlichen Osterzgebirge. Die kartierten Bäume wurden vor allem in strukturreichen, lichten Wäldern oder entlang von Waldrändern, Steinrücken oder sonstigen offenen Landschaftsstrukturen gefunden.

Tabelle 3: Strukturmaße der untersuchten Wildapfelbestände

| Bestand | Stichprobe (n) | Durchschnittliche Baumhöhe (in m) | Durchschnittlicher Brusthöhen-durchmesser (BHD)* in cm | Anzahl Stämmlinge | Vitalität** |
|---------------|----------------|-----------------------------------|--|-------------------|-------------|
| Leipzig | 75 | 14,50 | 24,40 | 1,5 | 1,4 |
| Osterzgebirge | 123 | 7,52 | 18,90 | 1,9 | 1,5 |
| gesamt | 307 | 9,97 | 20,80 | 1,6 | 1,5 |

*BHD des stärksten Stämmlings; **Stufe 1: bis 25 % Schädigung, Stufe 2: bis 50 % Schädigung, Stufe 3: bis 75 % Schädigung, Stufe 4: bis 100 % Schädigung

Die Bäume erreichten im Mittel Höhen von etwa 10 m, bei einem mittleren Brusthöhendurchmesser von 20,8 cm. Es überwogen mehrstämmige Bäume (Tabelle 3). Eine Besonderheit bildete hierbei der Bestand 'Leipzig' im Leipziger Auwald, einem einer Hartholzaue vergleichbaren, dichtkronigen Waldbestand. Aufgrund der Lichtkonkurrenz wuchsen die Wildäpfel oft bis in den Kronenraum des Hauptbestandes und erreichten Höhen bis zu geschätzten 25 m (Mittelwert 14,5 m) und mittlere Durchmesser von 24,4 cm. Dagegen waren die Wildäpfel im Bestand 'Osterzgebirge' mit einer mittleren Höhe von 7,52 m und einem mittleren Brusthöhendurchmesser von 18,9 cm wesentlich kleiner. Im Osterzgebirge wuchsen die Wildapfelbäume meistens auf Steinrücken oder lichten Wald(rand)- Standorten. Die Vitalität wurde vor allem infolge der Ausdunkelung durch die Begleitvegetation sowie aufgrund einer altersbedingten Vergreisung der Bäume negativ beeinflusst. Eine Naturverjüngung wurde nur in den Vorkommen 'Leipzig' und 'Bahretal' mit wenigen Einzelpflanzen beobachtet und fehlte ansonsten gänzlich. Als Hauptursache wurde Wildverbiss jeglicher auflaufender Verjüngung vermutet.

2.2.4. Bestandesstruktur Wildbirne

Die vorgefundenen Bestände lagen, bis auf zwei Ausnahmen ('Vogtland', 'Osterzgebirge'), alle im sächsischen Tiefland (Vorkommensgebiet 2 'Mittel- und ostdeutsches Tief- und Hügelland'). Sie waren, verglichen mit Beständen des Wildapfels, kompakter und räumlich enger begrenzt. Meist wuchsen die Wildbirnen in lichten Waldbeständen, entlang von Waldrändern, steilen Böschungen oder Hängen. Freistehende Einzelbäume als prägende Landschaftselemente waren selten. Im Mittel erreichten die Bäume eine Höhe von 7,49 m, wobei die Werte in den Vorkommen zwischen 5,15 m mittlerer Höhe in 'Zadel' (ausgeprägt trockener, felsdurchsetzter und südexponierter Steilhang) und 8,25 m mittlerer Höhe im Bestand 'Voigtsbusch' (gut wasserversorgter, lichter Waldbestand) schwankten (Tabelle 4). Geschätzte Maximalhöhen lagen bei 17,0 m. Die gemessenen Durchmesser waren mit mittleren 16,5 cm verhältnismäßig gering, es wurden allerdings auch Wildbirnen mit 60 cm Stammdurchmesser gefunden (Vorkommen 'Seydewitz').

Tabelle 4: Strukturmaße der untersuchten Wildbirnenbestände

| Vorkommen | Stichproben- umfang | Baumhöhe (in m) | Brusthöhen- durchmesser (BHD)* in cm | Anzahl Stämmlinge | Vitalität** |
|-------------|------------------------|--------------------|--|----------------------|-------------|
| Zadel | 61 | 5,15 | 13,3 | 1,3 | 1,8 |
| Voigtsbusch | 57 | 8,25 | 16,6 | 1,9 | 1,1 |
| gesamt | 319 | 7,49 | 16,5 | 1,5 | 1,3 |

*BHD des stärksten Stämmlings; **Stufe 1: bis 25 % Schädigung, Stufe 2: bis 50 % Schädigung, Stufe 3: bis 75 % Schädigung, Stufe 4: bis 100 % Schädigung

Viele der Bäume wuchsen mehrstämmig. Insbesondere auf Extremstandorten wie im Bestand 'Zadel' waren viele mehrstämmige Bäume zu finden. Vitalitätseinschränkende Faktoren waren eine starke Beschattung durch einen dichten Oberstand sowie die Überalterung der Bestände. Eine Naturverjüngung wurde in den individuenreichen Beständen 'Voigtsbusch', 'Seydewitz', 'Spreetal' und 'Klein Priebus' vorgefunden, allerdings nur in sehr geringer Stückzahl. Dagegen fehlte eine Naturverjüngung in individuenchwachen und weitläufigen Vorkommen (Beispiel 'Vogtland') bzw. auf Grenzstandorten (Beispiel 'Zadel') gänzlich.

2.2.5. Bestandesstruktur Wacholder

Wacholder wurden in Sachsen überwiegend in lichten Wäldern oder Waldrandbereichen gefunden. Lediglich zwei Vorkommen ('Neukirch', der sogenannte Wacholderhübel und 'Sprey') ähnelten in ihrer Struktur typischen Wacholderheiden. Der Habitus der Pflanzen war vorwiegend strauchförmig. Säulenförmige Wacholder waren selten und ihr Vorhandensein auf offene Standorte begrenzt. Je nach Kronenschlussgrad des Oberstandes, Geländebeziehungen und Höhenlage (Schneelast) waren die Sträucher in unterschiedlichem Maße verzweigt und zeigten bisweilen sogar einen 'kriechenden' Wuchs, z.B. auf dem Müglitzhang bei Schlottwitz im Bestand 'Osterzgebirge' (Abbildung 8). Die

mittlere Höhe aller kartierten Wacholder betrug 252 cm, schwankte jedoch wie erwähnt stark. Während in der Wacholderheide 'Sprey' die mittlere Höhe bei 316 cm lag, erreichten Pflanzen im Bestand 'Bobeneukirchen' im Mittel lediglich 82 cm, im Bestand 'Osterzgebirge' 142 cm.



Abbildung 8: Wuchsformen beim Wacholder.
I: kriechender Habitus in felsdurchsetzten Steilhängen des Müglitztales bei Schlottwitz (Bestand 'Osterzgebirge'), II: aufrechte und deutlich höhere Wuchsformen in der Wacholderheide 'Sprey'.

Der Wacholder war neben der Alpen-Johannisbeere die zweite zweihäusige Modellart. Daher wurden beim Wacholder ebenfalls die Geschlechter der Individuen bestimmt und deren Verhältnis zueinander ausgewertet (vgl. Kapitel 3.5). Die Geschlechterproportion aller kartierten Pflanzen war weitgehend ausgeglichen ($m/w = 46\% / 44\%$, 10% unbestimmt, Abbildung 9). Dagegen schwankten das Geschlechterverhältnis in den einzelnen Modellbeständen ähnlich wie bei der Alpen-Johannisbeere, wobei in vier Fällen der Anteil männlicher Pflanzen überwog. Lediglich in zwei der dargestellten Vorkommen dominierten weibliche Pflanzen. Vergleichbare Untersuchungen in Wacholdervorkommen außerhalb Sachsens zeigten meist eine Dominanz männlicher Pflanzen, was mit einer höheren Lebensdauer männlicher Wacholderpflanzen erklärt wird (Clifton et al. 1996).

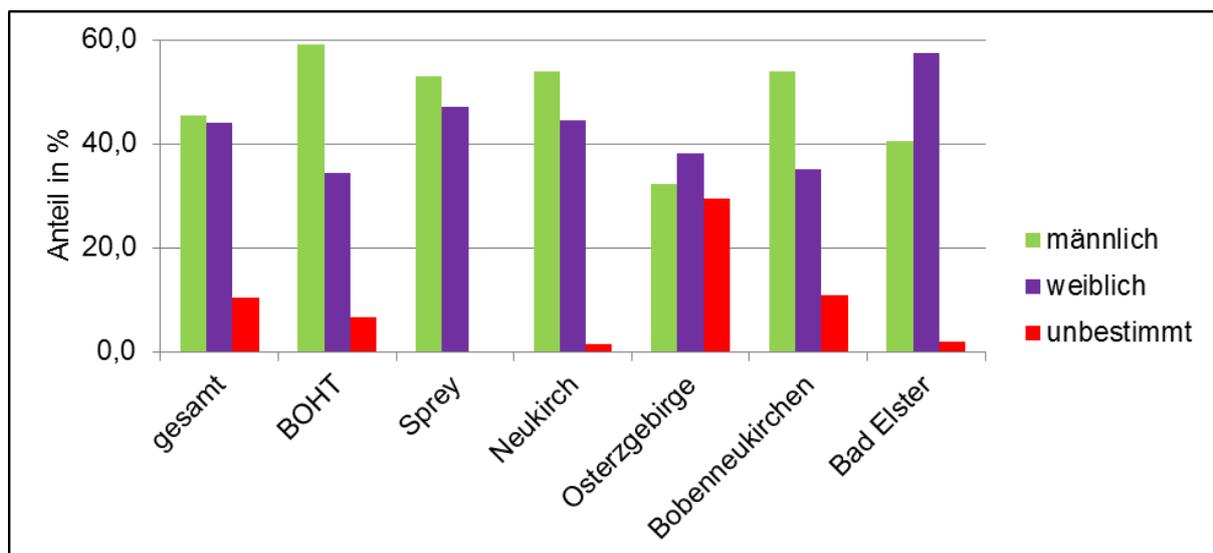


Abbildung 9: Geschlechterverhältnis in ausgewählten Beständen des Wacholders

Die Vitalität der untersuchten Vorkommen war im Mittel gut. Nadelvergilbung sowie Nadel- und Feinstverluste lagen meist im Bereich bis 25 %. Als Hauptursachen wurden hier augenscheinlich starke Überschirmung und infolgedessen Lichtmangel festgestellt, wobei selbst stärker überschirmte Sträucher teilweise noch erstaunlich vital wirkten. Eine Naturverjüngung wurde lediglich in den individuenreichen Beständen der Oberlausitz beobachtet. Kleinere Vorkommen wie ‘Osterzgebirge’ oder ‘Bobenneukirchen’ sowie Vorkommen, die vorwiegend aus entfernt voneinander stehenden Einzelwacholdern bestanden (‘Biosphärenreservat’) zeigten keine Verjüngung. Entsprechend stark überaltert wirkten diese Vorkommen.

Die Ergebnisse der Untersuchungen zur Bestandesstruktur der Wacholderbestände in der Oberlausitz sind in folgender Veröffentlichung zusammengefasst:

Reim, S., Lochschmidt, F. (2015): Charakterisierung von Vorkommen des Gewöhnlichen Wacholders (*Juniperus communis* L.) im Gebiet des Biosphärenreservates „Oberlausitzer Heide- und Teichlandschaft“. Berichte der Naturforschenden Gesellschaft der Oberlausitz, 23: 95 – 105.

3. Morphologische Untersuchungen der Modellarten

Das wesentliche Ziel morphologischer Untersuchungen an den fünf Modellarten bestand in der Abgrenzung der Art zu nah verwandten Wildarten bzw. Hybridformen mit Kultursorten, insbesondere bei Wildapfel und Wildbirne. Bei der Alpen-Johannisbeere und dem Wacholder als zweihäusige Arten wurde anhand der Blütenmorphologie das Geschlecht bestimmt.

Im Voraus der Bonitur wurden nach einer Literaturrecherche die wesentlichen, artspezifischen Merkmale ausgewählt (Tabelle 5). Zusätzlich wurde die Artzugehörigkeit mit Hilfe von genetischen Analysen überprüft (vgl. Kapitel 1).

Die Erfassung der morphologischen Merkmale erfolgte während der gesamten Projektlaufzeit, jedoch insbesondere in den ersten Projektjahren. Teilweise mussten einzelne Individuen mehrfach aufgesucht werden. Das galt vor allem für stark überschirmte oder wenig vitale Pflanzen, die nur wenig oder nicht jährlich blühten und fruktifizierten.

Tabelle 5: Untersuchte morphologische Abgrenzungskriterien der fünf Modellarten

| Art | untersuchte, morphologische Abgrenzungskriterien | Abgrenzung |
|---|---|--|
| Alpen-Johannisbeere <i>Ribes alpinum</i> | Blattlappigkeit, Behaarung Blattunterseite, Fruchttraubenform, Fruchtgeschmack, Form Blütenstand | <ul style="list-style-type: none"> • Rote Johannisbeere (<i>Ribes rubrum</i>) • männliche und weibliche Pflanzen |
| Eberesche <i>Sorbus aucuparia</i> | Behaarung Unterseite Fiederblättchen, Blatt- und Blütenstiel, Knospe sowie Fruchtgröße und Fruchtform | <ul style="list-style-type: none"> • Kahle Eberesche (<i>Sorbus aucuparia</i> subsp. <i>glabrata</i>) |
| Wildapfel <i>Malus sylvestris</i> | Behaarung Blatt- und Blütenstiel, Fruchtgröße, Fruchtdeckfarbe | <ul style="list-style-type: none"> • Kulturapfel (<i>Malus domestica</i>) sowie Hybridformen |
| Wildbirne <i>Pyrus pyraster</i> | Blattlänge, Blattbreite, Blattform, Blattstiellänge, Fruchtstiellänge, Fruchtlänge, Fruchtbreite, Fruchtdeckfarbe, Dornigkeit | <ul style="list-style-type: none"> • Kulturbirne (<i>Pyrus communis</i>) sowie Hybridformen |
| Wacholder <i>Juniperus communis</i> | Blütenmorphologie | <ul style="list-style-type: none"> • männliche und weibliche Pflanzen |

3.1. Morphologische Charakterisierung Alpen-Johannisbeere

Eine Artidentifizierung der Alpen-Johannisbeere anhand der morphologischen Merkmale zur Abgrenzung gegenüber anderen *Ribes*-Arten war gut möglich. Bei allen untersuchten Einzelpflanzen konnten die artspezifischen Einzelmerkmale vollständig nachgewiesen werden. Insbesondere die glänzenden, unbehaarten Blattunterseiten sowie die Fruchttraubenform (lediglich einzelne Beeren je Fruchtstand) und Fruchtgeschmack (fad bis seifig) waren charakteristisch und für die Artidentifizierung praxistauglich. Es wurden keine Pflanzen beobachtet, die bei einzelnen

morphologischen Merkmale Ausprägungen anderer *Ribes*-Arten zeigten und auf eine mögliche Hybridisierung der *Ribes*-Arten hindeuteten. Anhand der morphologischen Merkmale wurden alle untersuchten Einzelpflanzen eindeutig als *Ribes alpinum* identifiziert. Die Bestimmung des Geschlechtes bei der Alpen-Johannisbeere erfolgte im Frühjahr anhand der Blütenmorphologie (Abbildung 10).



Abbildung 10: Blütenmerkmale der männlichen (Bild A) und weiblichen Pflanzen (Bild B) der Alpen-Johannisbeere

In einer studentischen Arbeit wurde die Variabilität blattmorphologischer Merkmale (Blattlänge, Blattbreite, Blattform) in den Modellbeständen sowie ein möglicher Zusammenhang zur genetischen Variabilität innerhalb dieser Vorkommen untersucht (L. Panitz 2014, Studiengang Forstwissenschaften TU Dresden). Hintergrund dieser Arbeit war die Beobachtung, dass im Vorkommen ‘Geisingberg’ die morphologische Variabilität der Blattgröße und Blattform stärker ausgeprägt war als in den anderen Modellbeständen. Da die genetische Variabilität im Vorkommen ‘Geisingberg’ ebenfalls deutlich höher war als in den sonstigen Vorkommen (vgl. Kap.5.5.3), lag die Vermutung nahe, dass es einen Zusammenhang zwischen der morphologischen und genetischen Variabilität gibt. Für die blattmorphologische Untersuchung wurden in vier Modellbeständen jeweils 15 Blätter von je 25 Sträuchern nach einem standardisierten Verfahren vermessen.

Zwar wurde im Vorkommen ‘Geisingberg’ die größte Streuung der Blattgrößen ermittelt, signifikante Unterschiede zu den anderen Vorkommen wurden jedoch nicht festgestellt. Ein Zusammenhang zwischen der genetischen Variabilität und der morphologischen Variation konnte daher anhand dieser Untersuchung nicht bestätigt werden. Vielmehr ist anzunehmen, dass standörtliche Einflüsse, wie z.B. Beschattung/Besonnung einen starken Einfluss auf die Blattmorphologie haben (Rumpf 2002).

3.2. Morphologische Charakterisierung Eberesche

Die Gewöhnliche Eberesche (*Sorbus aucuparia* L.) ist nach derzeitigem Wissensstand in Mitteleuropa mit zwei Unterarten vertreten: subsp. *aucuparia* und subsp. *glabrata* (Kahle Eberesche oder Gebirgseberesche).

Intensiv bearbeitet wurde die Frage, inwieweit in den Kammlagen des (West-)Erzgebirges noch Vorkommen der subsp. *glabrata* existieren. Verschiedene Quellen benennen diesbezüglich ein Restvorkommen im Zechengrund bei Oberwiesenthal (Hardtke & Ihl 2000, Gutte et al. 2013).

Zur Klärung dieser Fragestellung wurden innerhalb Sachsens vier Ebereschenvorkommen verschiedener Höhenstufen sowie als Referenz ein Vorkommen im tschechischen Teil des Riesengebirges hinsichtlich blatt- und fruchtmorphologischer Merkmale untersucht. In Summe wurden 113 Bäume nach einem festgelegten Boniturschema bewertet. Im Umfeld des Zechengrundes Oberwiesenthal wurden darüber hinaus reichlich 100 weitere Ebereschen begutachtet, ob sie morphologische Merkmale aufwiesen, die auf die Unterart *glabrata* hindeuten.

Abgrenzungsmerkmale von subsp. *glabrata* sind insbesondere eine fehlende Behaarung von Knospen, jungen Trieben, Blattstängeln, Blütenstängeln und Blattunterseiten, während subsp. *aucuparia* an diesen Pflanzenteilen dicht bis filzig behaart ist. Hinsichtlich der Fruchtform unterscheiden sich Früchte von subsp. *glabrata* durch eine längliche, fässchenförmige Gestalt, während subsp. *aucuparia* weitgehend kugelige Früchte besitzt (Abbildung 11).



Abbildung 11: Abgrenzung der Eberesche *Sorbus aucuparia* subsp. *aucuparia* von der Kahlen Eberesche subsp. *glabrata*.

Bild I: Untersuchungsgebiet im oberen Zechengrund bei Oberwiesenthal / Westerzgebirge. Bild II: filzige Behaarung junger Triebe, Blattstiele und Blattunterseiten bei subsp. *aucuparia*. Bild III: kahle Knospen und Blattstiele bei subsp. *glabrata*, die Früchte sind länger als breit (fässchenförmig). Bild IV: typischer Habitus einer Kahlen Eberesche im Riesengebirge, vielstämmig und niederliegende Zweige

Die morphologische Bonitur zeigte, dass bei den untersuchten Bäumen eine klare Abgrenzung zwischen den beiden Unterarten anhand der genannten morphologischen Merkmale nicht möglich war. Im 'Zechengrund Oberwiesenthal' wurden gar keine typischen Formen von subsp. *glabrata* gefunden. Im Riesengebirge konnten gänzlich kahle Ausprägungen, auch in Kombination der charakteristischen Fruchtform gefunden werden. Allerdings wurden auch 'normal' behaarte Individuen mit typisch

länglicher Fruchtform bzw. kahle Individuen mit kugeligen Früchten beobachtet. Während im Tieflandsbestand 'Dresdner Heide' ausschließlich filzig behaarte Bäume bonitiert wurden, sind die Mittelgebirgsstandorte hinsichtlich der Behaarung wesentlich variabler (Abbildung 12). Es wurden signifikante Korrelationen zwischen den Merkmalen Behaarung Blattstiel und Behaarung Knospe, Behaarung Blattstiel und Behaarung Fruchtstandsachse sowie eine geringe, signifikante Korrelation zwischen Behaarung Blattstiel und Fruchtform gefunden.

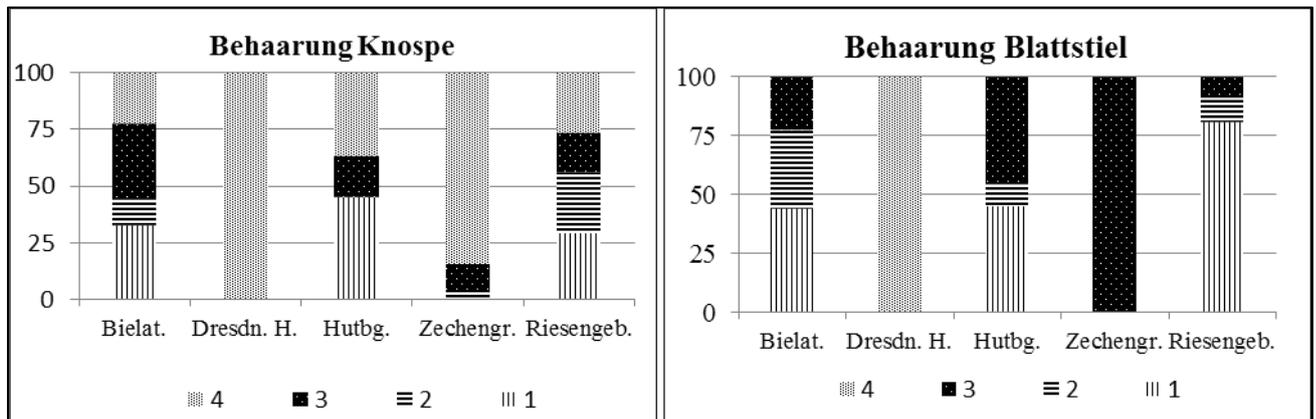


Abbildung 12: Behaarungsmerkmale (Angaben in Prozent) der untersuchten Ebereschen in den untersuchten Beständen ‚Bielatal‘ (Bielat.), ‚Dresdner Heide‘ (Dresdn. H.), ‚Hutberg Löwenhain‘ (Hutbg.), ‚Zechengrund Oberwiesenthal‘ (Zechengr.) und ‚Riesengebirge‘ (Riesengeb.).

Stufe 1: bis 25 % behaart (kahl), Stufe 2: bis 50 % behaart (leicht behaart), Stufe 3: bis 75 % behaart (normal behaart), Stufe 4: bis 100% behaart (filzig behaart).

Anhand der in der Literatur angegebenen Abgrenzungsmerkmale konnten im Zechengrund bei Oberwiesenthal keine Individuen der subsp. *glabrata* nachgewiesen werden. Generell ist eine morphologische Trennung beider Unterarten schwierig. In der Regel existieren vielmehr fließende Übergangsformen bzw. Hybride in den potentiellen Vorkommensgebieten der Kahlen Eberesche. Diese Schlussfolgerungen decken sich auch mit den Ergebnissen anderer Untersuchungen zum Thema.

Die Ergebnisse der morphologischen Untersuchungen bei *Sorbus* sind zusammengefasst in:

Lochschmidt F., Proft A., Reim S. : Morphologische Charakterisierung ausgewählter Bestände der Eberesche (*Sorbus aucuparia* L.) in Sachsen unter besonderer Berücksichtigung der Subspezies *Sorbus aucuparia* ssp. *glabrata* (Kahle Eberesche). Berichte der Arbeitsgemeinschaft sächsischer Botaniker (Manuskript eingereicht).

3.3. Morphologische Charakterisierung Wildapfel

Wesentliche Abgrenzungsmerkmale des 'echten' Wildapfels gegenüber der Kulturform (*Malus x domestica*) sind insbesondere Behaarungsmerkmale von Blättern, Blatt- und Blütenstiel sowie Kelchblättern und fruchtmorphologische Merkmale wie Fruchtgröße und Fruchtdeckfarbe (Reim et al. 2011). Die morphologische Charakterisierung von Wildapfelvorkommen erfolgte anhand der Merkmale ‚Behaarung Blattstiel‘, ‚Behaarung Blütenstiel‘, ‚Fruchtgröße und Fruchtdeckfarbe‘ (Tabelle 6 und Abbildung 13). Anhand dieser Kriterien wurden die Bäume als augenscheinlich echt oder Hybrid eingeordnet.

Tabelle 6: Erfassungskriterien zur morphologischen Abgrenzung des Wildapfels

| Abgrenzungsmerkmal | Boniturstufen |
|-----------------------|---|
| Behaarung Blattstiel | 1: kahl 2: vereinzelt Haare 3: behaart |
| Behaarung Blütenstiel | 1: kahl 2: vereinzelt Haare 3: behaart |
| Fruchtgröße | ≤35 mm: echt >35 mm: Kultureinfluss |
| Fruchtdeckfarbe | 1: keine 2: roter Hauch 3: Streifen 4: Marmorierung 5: komplett gefärbte Frucht |



Abbildung 13: Morphologische Abgrenzungskriterien beim Wildapfel.

Bild I: Behaarung Blütenstiel (links: kahl, Mitte: vereinzelt Haare, rechts: behaart) Bild II: Fruchtdeckfarbe (links: keine, Mitte: roter Hauch, rechts: ausgeprägte Marmorierung), Bild III: Fruchtgröße (der Apfel rechts unten überschreitet bereits den Grenzwert von 35mm Fruchtbreite)

Behaarungsmerkmale wurden vorwiegend in den Monaten Mai und Juni aufgenommen, da es im weiteren Jahresverlauf zu einer Verkahlung und damit Verzerrung der Kartierergebnisse kommt.

Einige Bäume mussten mehrfach aufgesucht werden, da sie nicht jedes Jahr blühen und fruktifizieren. Von einigen Bäumen konnten gar keine Blüten- und/oder Fruchtmerkmale erfasst werden, da die Blüten im Kronenbereich nicht erreichbar waren oder die Bäume aufgrund starker Überschildung, mangelnder Vitalität o.ä. gar nicht blühten.

Von den kartierten Wildapfelbäumen hatte ein Großteil der Bäume kahle Blatt- und Blütenstiele bzw. zeigten diese nur vereinzelt Haare (82 % bzw. 86 %), was auf eine ‚echte‘ Wildapfelart hindeutete (Abbildung 14). Lediglich 18 % der untersuchten Blattstiele und 24 % der untersuchten Blütenstiele wurden als ‚behaart‘ eingestuft und gaben damit Hinweise auf einen Einfluss des Kulturapfels. Die Fruchtbreite war bei 79 % der untersuchten Bäume kleiner als 35 mm und deutete damit ebenfalls auf eine ‚echte‘ Wildform hin. Auch die Fruchtdeckfarbe war bei einem Großteil der Bäume arttypisch: 75 % der Bäume hatten Früchte ohne jegliche Fruchtdeckfarbe, 15 % wiesen einen roten Hauch auf. Nur etwa 10 % der Früchte zeigten Streifen, eine Marmorierung oder eine komplette Fruchtfärbung, weshalb sie augenscheinlich als ‚nicht echt‘ eingestuft wurden.

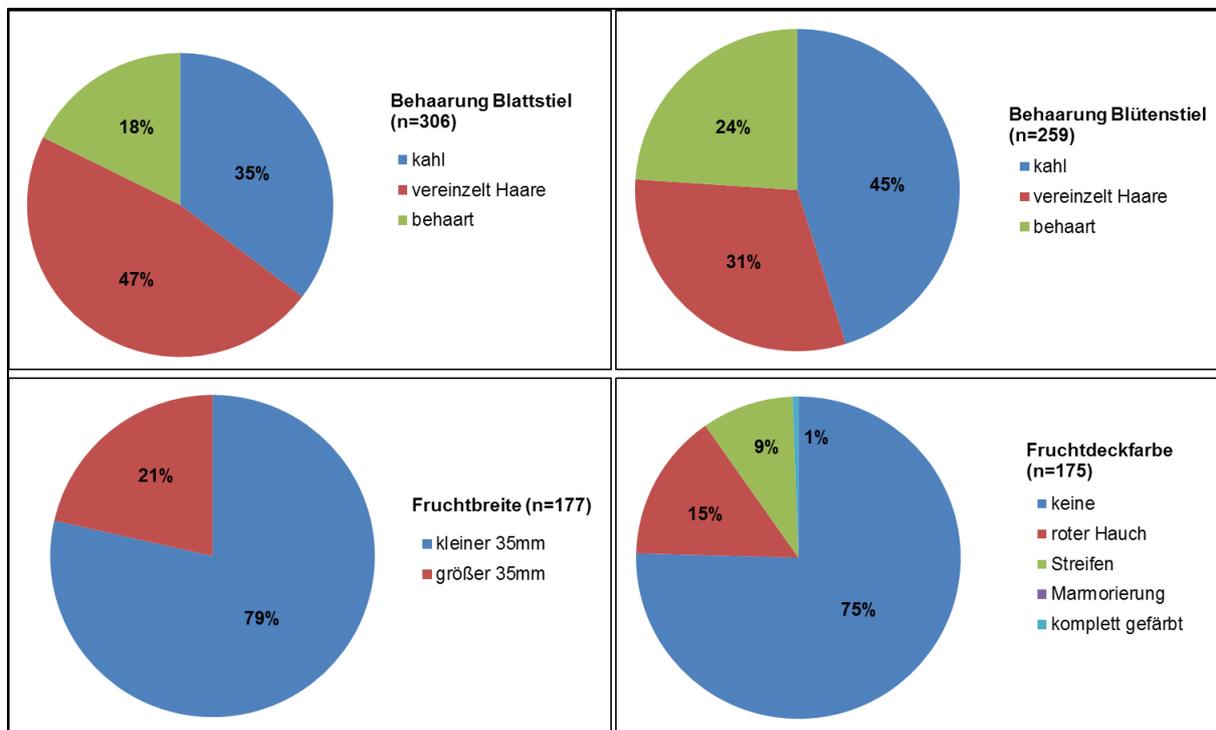


Abbildung 14: Verteilung morphologischer Abgrenzungskriterien in allen Modellbeständen

3.4. Morphologische Charakterisierung Wildbirne

Die morphologischen Merkmale zur Artunterscheidung zwischen der Wildbirne (*Pyrus pyraster*) und der Kulturbirne (*Pyrus communis*) wurden aus verschiedener Fachliteratur ausgewählt (Wagner 1995, Hofmann 1993, Rotach und Baume 2004, Glässer und Wissemann 2005) und anhand der Merkmale ‚Blattlänge‘, ‚Blattstiellänge‘, ‚Blattform‘, ‚Dornigkeit‘ und ‚Fruchtform‘ (Tabelle 7) beschrieben. Generell zeigten die morphologischen Merkmale bei der Wildbirne eine starke Variabilität, die auch

innerhalb eines Baumes sehr ausgeprägt sein kann (Abbildung 15). Es ist daher zu empfehlen, für die Bonitur der Blattmerkmale Schattenblätter aus dem unteren Teil des Baumes zu verwenden.

Tabelle 7: Verwendete morphologische Kriterien für die Abgrenzung von *P. pyraster* von *P. communis* und Hybridformen.

| Abgrenzungsmerkmal | Boniturstufen |
|--------------------|--|
| Blattlänge | 1: <5 cm 2: 5-7 cm 3: >7 cm |
| Blattstiellänge | 1: <3,5 cm 2: >3,5 cm |
| Blattform | 1: rundlich 2: eiförmig 3: länglich |
| Dornigkeit | 1: vorhanden 2: nicht vorhanden |
| Fruchtform | 1: rund 2: kreiselförmig 3: länglich |



Abbildung 15: Variabilität morphologischer Merkmale bei der Wildbirne: Fruchtgröße, Fruchtform und Fruchtsiellänge, Blattgröße, Blattstiellänge und Blattform.

89 % der Bäume hatten jeweils kleine (bis etwa 5 cm) Blätter mit einer zumeist runden bis eiförmigen Form (83 %) (Abbildung 16). Sehr variabel in der Ausprägung war das Merkmal Blattstiellänge. Sie hatten zumeist längere Blattstiele (>3,5 cm), allerdings war das Merkmal stark von der Stellung des Blattes am Trieb und innerhalb des Baumes beeinflusst. Lediglich 64 % der untersuchten Bäume zeigten hier eine 'arttypische' Ausprägung mit Blattstiellängen größer als 3,5 cm. Ebenfalls sehr variabel war das Merkmal 'Dornigkeit'. Zwar waren bei 92 % der bonitierten Bäume Dornen vorhanden, allerdings kamen diese meist nur an jungen bis mittelalten Trieben (und Bäumen) vor. Im Laufe des Projektes zeigte sich, dass sich das Merkmal 'Dornigkeit' nicht für die Artidentifizierung der Wildbirne eignet. Auch offensichtliche Hybridformen oder durchgewachsene Unterlagen von Kultursorten sind im Jugendstadium stark bedornt, während die Bedornung bei augenscheinlich echten, aber sehr alten Wildbirnen fehlte. Die Fruchtform war bei 93 % der Bäume rund bis maximal kreiselförmig ausgebildet und damit arttypisch.

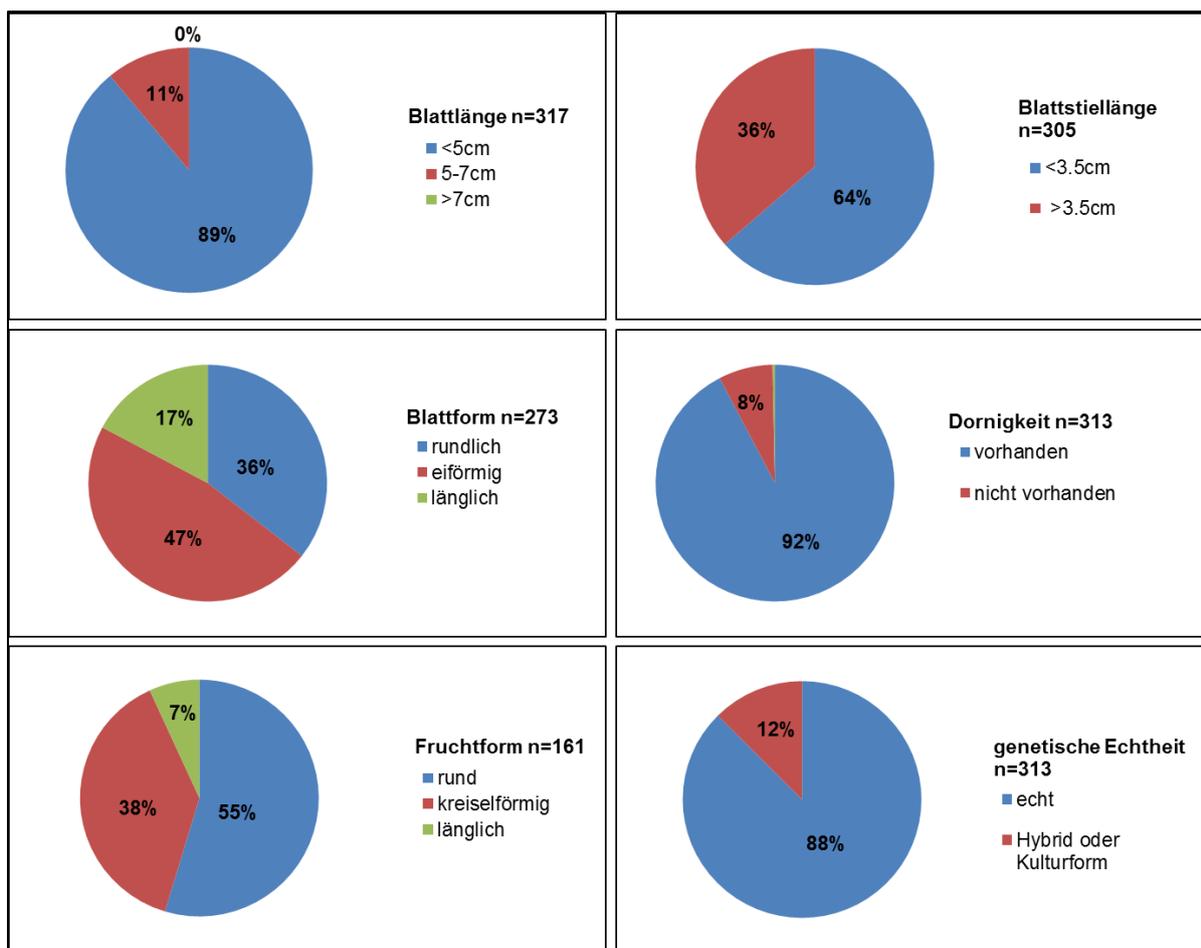


Abbildung 16: Verteilung morphologischer Ausprägungsformen der Abgrenzungsmerkmale

Für eine Auswahl an Wildbirnen wurde zusätzlich eine exakte Vermessung von Blättern (jeweils 5 Blätter von 201 Bäumen) und Früchten (jeweils 5 Früchte von 130 Bäumen) durchgeführt, um diese morphologischen Merkmale als Abgrenzungskriterium besser bewerten zu können. Die erfassten Merkmale wurden statistisch ausgewertet und mit den genetischen Daten verglichen.

Die Ergebnisse der morphologischen Untersuchungen bei *Pyrus* sind zusammengefasst in:

Lochschmidt, F., Proft, A., Wolf, H., Reim, S.: Untersuchung sächsischer Wildbirnenbestände (*Pyrus pyraster* (L.) Burgsd.) nach genetischen und morphologischen Gesichtspunkten. Mitteilungen der Deutschen Dendrologischen Gesellschaft (Manuskript eingereicht).

3.5. Morphologische Charakterisierung Wacholder

Beim Gewöhnlichen Wacholder erfolgte eine morphologische Bonitur nur an den Blüten, um im Frühjahr das Geschlecht dieser zweihäusigen Art bestimmen zu können (Abbildung 17). Eine Bonitur von Blattmerkmalen zur Identifizierung von Hybriden war nicht notwendig, da *J. communis* nicht mit verwandten Wacholderarten hybridisiert.



Abbildung 17: Männliche (links) und weibliche (rechts) Blüten beim Gewöhnlichen Wacholder (*J. communis*).

4. Phänologische Charakterisierung der Modellarten

Zusätzlich zu den genetischen Analysen sollten mit Hilfe der phänologischen Bonituren Aussagen über mögliche innerartliche Unterschiede zwischen Populationen der gleichen Art aus verschiedenen Regionen getroffen werden. Dazu wurden in drei aufeinanderfolgenden Jahren phänologische Bonituren zum Blattaustrieb und zur Blüte an ausgewählten *In situ*-Vorkommen der Modellarten Wildapfel, Wildbirne, Gemeine Eberesche und Alpen-Johannisbeere durchgeführt. Die Modellart Wacholder besitzt kein eigentliches Knospenstadium. Die Pflanzen wachsen vielmehr ‘ununterbrochen’, wenn die Witterungsverhältnisse (Temperatur, Wasserversorgung) ein Wachstum erlauben. Der Blühverlauf bei den männlichen Blüten ist auf eine sehr kurze Zeit beschränkt und nicht immer klar abgrenzbar. Aus diesem Grund war eine phänologische Bonitur beim Wacholder im Rahmen dieses Projektes nicht möglich.

Ausgewählte Genotypen der Modellarten Wildapfel, Wildbirne und der Alpen-Johannisbeere wurden zusätzlich einmalig in einer *Ex situ*-Anlage phänologisch bonitiert, um mögliche Effekte der Standortverhältnisse auf das Austriebsverhalten zu evaluieren. Mit den Untersuchungen sollte weiterhin festgestellt werden, ob sich die untersuchten Modellarten auch für die Anpflanzung in einem anderem Vorkommensgebiet eignen.

4.1. Bestände und Pflanzenmaterial *In situ*

Von 2014 bis 2016 wurden phänologische Aufnahmen an vier Modellarten *In situ* an möglichst 20 Pflanzen je Vorkommen durchgeführt (Tabelle 8).

Tabelle 8: Phänologisch untersuchte Bestände der Modellarten *In situ*

| Modellart | VKG | Population | Anzahl phänologisch bonitierter Pflanzen |
|---|-----|-----------------|--|
| Alpen-Johannisbeere <i>Ribes alpinum</i> | 2 | Obervogelgesang | 29 |
| | | Löbauer Berg | 27 |
| | 3 | Geisingberg | 66 |
| | | Rabenauer Grund | 37 |
| Eberesche <i>Sorbus aucuparia</i> | 2 | Dresdner Heide | 18 |
| | | Bärnsdorf | 18 |
| | 3 | Geisingberg | 25 |
| | | Kesselhöhe | 20 |
| Wildapfel <i>Malus sylvestris</i> | 2 | Torgau | 8 |
| | | Leipzig | 26 |
| | 3 | Bahretal | 20 |
| | | Kohlachtal | 21 |
| Wildbirne <i>Pyrus pyraeaster</i> | 2 | Voigtsbusch | 26 |
| | | Zadel | 27 |
| | 3 | Osterzgebirge | 15 |
| | | Gesamt | 383 |

In den Vorkommen ‘Torgau’ (Wildapfel) und ‘Osterzgebirge’ (Wildbirne) standen nicht genügend Individuen zur Verfügung, so dass dort entsprechend weniger bonitiert wurden. Bei der Eberesche

verringerte sich die Anzahl der bonitierten Bäume im Vorkommen ‘Dresdner Heide’ nach Durchforstungsmaßnahmen im Winter 2015/2016. Im Vorkommen ‘Bärnsdorf’ standen für die letzte Bonitur ebenfalls nur noch 18 Ebereschen zur Verfügung, da 2 Bäume abgestorben waren. Es konnten daher nicht gleich viele Bäume in allen drei Boniturjahren bewertet werden. Je nach Modellart wurden jährlich 68 bis 159 Einzelindividuen phänologisch bonitiert. Insgesamt standen phänologische Daten von 383 Einzelindividuen zur Verfügung.

4.2. Pflanzenmaterial *Ex situ*

Die 2015 angelegten Erhaltungsplantagen für die Modellarten Wildapfel und Wildbirne (Reiserveredlungen) sowie die Stecklingsanzuchten der Alpen-Johannisbeere wurden neben der *In situ*-Bonitur zusätzlich einmalig für eine phänologische Bonitur genutzt. Die Erhaltungsplantagen befinden sich auf Flächen des Zentrums für forstliches Vermehrungsgutes des Sachsenforstes am Standort Pirna OT Graupa. Ziel dieser Bonitur war es, das Austriebsverhalten gleicher Genotypen der verschiedenen Herkünfte des Wildapfels, der Wildbirne und der Alpen-Johannisbeere unter gleichen Witterungsverhältnissen zu untersuchen und weiterführend mit dem Austriebsverhalten *In situ* zu vergleichen. Aufgrund der beschränkten Projektlaufzeit konnten diese Bonituren nur einmalig durchgeführt werden. Die *Ex situ*-Bonitur erfolgte an 362 verschiedenen Genotypen mit insgesamt 1248 Pflanzen aus 18 verschiedenen Herkünften (Tabelle 9).

Tabelle 9: Phänologisch untersuchte Herkünfte sowie die Anzahl der Genotypen und die Gesamtpflanzenzahl (inklusive Wiederholungen) im Jahr 2016 auf den Generhaltungsanlagen der Forstbaumschule Sachsenforst Graupa (*Ex situ*).

| Art | Vorkom- mens- gebiet | Population | Anzahl Genotypen | Anzahl Gesamtpflanzen (inklusive Wiederholungen) |
|---|----------------------------|-----------------|---------------------|---|
| Alpen- Johannisbeere <i>Ribes alpinum</i> | II | Obervogelgesang | 28 | 108 |
| | | Löbauer Berg | 18 | 21 |
| | III | Geisingberg | 32 | 93 |
| | | Rabenauer Grund | 31 | 93 |
| Wildapfel <i>Malus sylvestris</i> | II | Torgau | 5 | 17 |
| | | Leipzig | 38 | 128 |
| | | Voigtsbusch | 2 | 3 |
| | III | Bahretal | 31 | 101 |
| | | Osterzgebirge | 58 | 226 |
| | | Pöhl | 10 | 37 |
| Wildbirne <i>Pyrus pyraeaster</i> | II | Voigtsbusch | 13 | 61 |
| | | Zadel | 20 | 76 |
| | | Spreetal | 9 | 45 |
| | | Seydewitz | 17 | 52 |
| | | Klein Priebus | 9 | 30 |
| | III | Vogtland | 11 | 52 |
| | | Osterzgebirge | 8 | 32 |

4.3. Durchführung der Bonitur

Für die Durchführung der Bonitur wurde zu Beginn des Projektes für alle Modellarten (mit Ausnahme des Wacholders) eine Bonituranleitung mit Beschreibung und Fotos für die einzelnen Austriebs (A) - und Blütstadien (B) erstellt. Die Erfassung des Blattaustriebs und des Blütenaustriebs erfolgte mit Hilfe eines fünfstufigen bzw. sechsstufigen Boniturschemas (Abbildung 18) (Anlage 2). Die Boniturnote 0 wurde vergeben, wenn noch kein Austrieb zu erkennen war. Die phänologischen Aufnahmen am natürlichen Standort wurden erstmalig im Jahr 2014 durchgeführt und im Frühjahr 2015 und 2016 wiederholt. Die phänologische Bonitur an Wildapfel, Wildbirne und Alpen-Johannisbeere auf der Erhaltungsplantage in Graupa (*ex situ*) wurde einmalig 2016 durchgeführt.

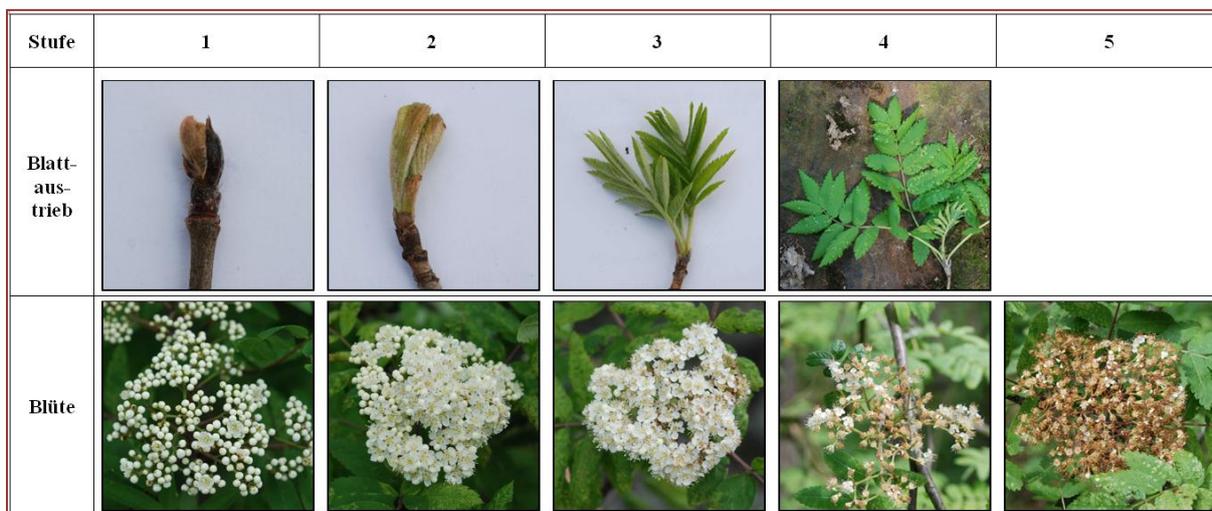


Abbildung 18: Phänologische Stufen zum Austrieb und Blühverlauf am Beispiel der Eberesche

Für die Bonitur wurden wöchentlich die ausgewählten Einzelbäume bzw. Sträucher aufgesucht und entsprechend des Blattaustriebs eine Boniturnote vergeben. Beginn des Boniturzeitraumes war in allen Jahren beim Wildapfel die erste Märzwoche, Boniturrende war jeweils Mitte Mai, so dass der Blattaustrieb insgesamt über 11 Wochen erfasst wurde. Waren die Bäume noch nicht ausgetrieben, bekamen sie bis zu Beginn des Blattaustriebs die Boniturnote 0. Bei vollständigem Blattaustrieb wurde die Boniturnote 4 vergeben. Nach Erreichen der Boniturnote 4 wurde bis zum Ende des Boniturzeitraumes weiter die Note 4 vergeben. Tabelle 10 zeigt anhand des Beispiels von 2 Bäumen je Jahr die Vergabe der Boniturnoten. Dieser einheitliche Zeitraum erlaubt den statistischen Vergleich der Boniturnoten zwischen den Jahren. Für die Auswertung wurde für jede Einzelpflanze pro Jahr der Mittelwert aus den Boniturnoten berechnet. Je höher der Mittelwert, desto schneller war der Verlauf des Blattaustriebs; je geringer der Mittelwert desto länger dauerte der Blattaustrieb der Einzelpflanze.

Tabelle 10: Vergabe der Boniturnoten am Beispiel von 2 Bäumen in den Jahren 2014, 2015 und 2016

| | Baum | März | | | | April | | | | Mai | | |
|------|------|------|----|-----|----|-------|----|-----|----|-----|----|-----|
| | | I | II | III | IV | I | II | III | IV | I | II | III |
| 2014 | 1 | 1 | 1 | 2 | 3 | 4 | 4 | 4 | 4 | 4 | 4 | 4 |
| | 2 | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 4 | 4 | 4 | 4 | 4 | 4 |
| 2015 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 2 | 3 | 3 | 3 | 4 | 4 | 4 |
| | 2 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 4 | 4 | 4 |
| 2016 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 1 | 2 | 3 | 3 | 3 | 4 |
| | 2 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 2 | 2 | 3 | 3 | 4 | 4 |

4.4. Witterungsverlauf Frühjahr 2014 bis Frühjahr 2016

In den drei Untersuchungsjahren 2014, 2015 und 2016 gab es deutliche Schwankungen hinsichtlich des Temperaturverlaufs und des Vegetationsbeginns. In Abbildung 19 ist der Verlauf der Tagesmitteltemperatur von Jahresbeginn bis Mitte April jeweils für einen Modellbestand der Hochlagen (Beispiel Geisingberg) und des Tieflandes (Beispiel Elbtal bei Zadel) dargestellt. Die Temperaturen wurden ab dem 1. Januar mit Hilfe eines Temperaturdatenloggers erfasst.

Das Jahr 2014 begann mit einer milden Periode, die von Dauerfrost zwischen etwa 20. Januar und 5. Februar abgelöst wurde. Danach lagen die Tagesmitteltemperaturen fast durchwegs im positiven Bereich. Selbst in den Hochlagen waren Frosttage die Ausnahme. Die Schneebedeckung beschränkte sich auch im Erzgebirge auf wenige Tage. Im Mittel begann die Vegetationsperiode etwa 2-3 Wochen früher als in 'durchschnittlichen' Jahren. Entsprechend zeitig begann bei den meisten Arten der Blattaustrieb.

Auch das Jahr 2015 begann mit einer sehr milden Witterungsperiode. Erst um den 20. Januar lagen die Tagesmitteltemperaturen in allen Modellbeständen um null Grad Celsius. Bis Mitte Februar herrschte in den Gebirgslagen Frost. Die tiefsten Temperaturen wurden dabei Anfang Februar erreicht. Im Tiefland wurde diese frostige Periode von Tagen mit Mitteltemperaturen > 0 °C unterbrochen. Ab Mitte Februar waren Frosttage auch in den Mittelgebirgslagen die Ausnahme. Ab etwa dem 10. März wurden immer wieder Tage mit mittleren Temperaturen nahe oder über 10 °C verzeichnet. Allerdings kam es auch zu Beginn der Vegetationsperiode immer wieder zu Kaltlufteinbrüchen.

Die Monate Januar bis April des Jahres 2016 verliefen mit Ausnahme des Februars weitgehend entsprechend der langjährigen Mittelwerte mit ausgeprägten Dauerfrostperioden im Januar. Der Februar war sachsenweit etwa 3 °C wärmer als das langjährige Mittel (Referenzperiode 1981-2010, Quelle: Deutscher Wetterdienst). Der März und April waren mit geringen Abweichungen dagegen teilweise eher kälter als im langjährigen Mittel. Die Monate Januar bis April waren im Jahr 2016 die 'normalsten' der vergangenen drei betrachteten Jahre.

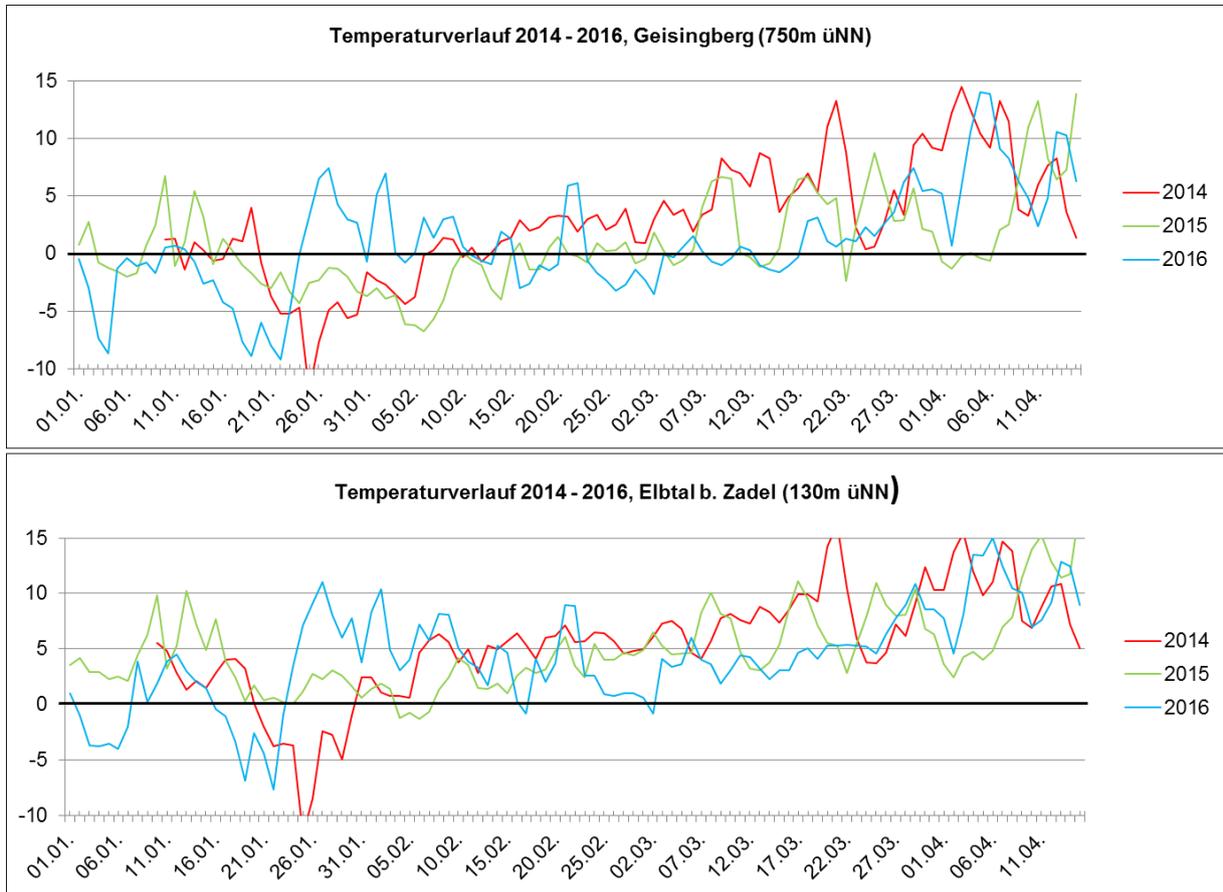


Abbildung 19: Verlauf der Tagesmitteltemperaturen von Jahresbeginn bis Mitte April der Jahre 2014-2016.

Die dargestellten Bestände repräsentieren je einen Standort der Mittelgebirgslagen und des Tieflandes.

4.5. Phänologische Bonitur der *In situ*-Bestände

4.5.1. Blattaustrieb

Für die Charakterisierung des Blattaustriebs wurden in den drei Beobachtungsjahren die Zeiträume von Beginn des Blattaustriebs (erste Pflanzen Boniturstufe A1 – Blattspitzen werden sichtbar) bis zum Abschluss des Blattaustriebs (alle Pflanzen Stufe A4, Blätter sind vollständig entfaltet) in den verschiedenen Vorkommen je Modellart verglichen. Weiterhin wurde innerhalb der drei Beobachtungsjahre ein gleicher Zeitpunkt festgelegt und zu diesem die prozentuale Verteilungen der Boniturstufen verglichen. Dabei wurde je nach Modellart die Woche ausgewählt, in der der Austrieb in allen untersuchten Vorkommen bereits begonnen hatte und in keinem der untersuchten Vorkommen schon vollständig abgeschlossen war. Da jeweils Tieflands- und Gebirgslagen (mit entsprechenden Witterungsunterschieden) gleichzeitig betrachtet werden, blieb meist nur eine einzige Woche im jährlichen Verlauf des Blattaustriebs, die diese Rahmenbedingungen erfüllte.

4.5.1.1. Blattaustrieb Alpen-Johannisbeere

Wie entsprechend der Höhenlage und klimatischer Verhältnisse zu erwarten war, begann der Blattaustrieb der Alpen-Johannisbeere in Vorkommen der Tieflagen (Beispiel Obervogelgesang) deutlich früher (drei bis fünf Wochen) als in denen der Mittelgebirgslagen (Beispiel Geisingberg)

(Abbildung 20). Dagegen ist der Zeitversatz zum Abschluss der Blattformung nicht mehr so ausgeprägt (im Mittel zwei Wochen). Vorkommen der Mittelgebirgslagen scheinen im Vergleich zu den Tieflandsherkünften ihre Blattformung schneller abzuschließen (in diesem Fall im Mittel eine Woche). Insbesondere bei der Alpen-Johannisbeere trieben erste Knospen bei entsprechenden Witterungsverhältnissen, d.h. Temperaturen über einen längeren Zeitraum um oder größer 5°C, bereits im Januar oder Februar an (beobachtet auch nach längerer milder Phase um Weihnachten). Sie konnten dann aber auch über mehrere Wochen in diesem frühen Stadium verharren. Selbst bei nachfolgenden Perioden mit ausgeprägtem Frost nahmen die austreibenden Knospen keinen Schaden und setzen ihre Entwicklung später fort.

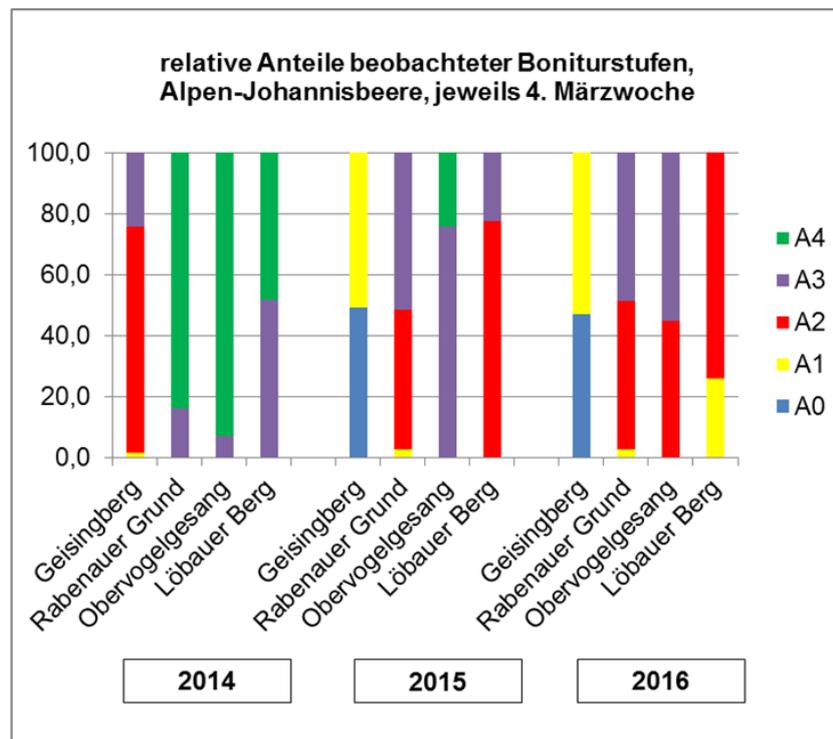


Abbildung 20: Prozentuale Verteilung beobachteter Blattformungsphasen zum jeweils gleichen Boniturstadium im Untersuchungszeitraum 2014-2016 bei der Modellart Alpen-Johannisbeere.

Die Verteilung einzelner Boniturstufen innerhalb der Bestände zu einem jeweils gleichen Termin war recht homogen. Meist konnten zwei Austriebsstadien in ähnlicher Verteilung parallel beobachtet werden.

4.5.1.2. Blattaustrieb Eberesche

Die Unterschiede zwischen den Populationen im Beginn des Blattaustriebes sowie der Dauer der Blattformung waren bei der Eberesche weniger stark ausgeprägt als bei der Alpen-Johannisbeere. Zwischen dem Beginn des Blattaustriebes im Vorkommen der Mittelgebirgslagen und Vorkommen aus dem Tiefland lagen jeweils lediglich eine Woche (Abbildung 21). Auffällig war das verzögerte Austriebsverhalten im Vorkommen 'Dresdner Heide', obwohl es sich bei diesem Vorkommen um

einen Tieflandsstandort handelt. Möglicherweise spielten dabei kleinklimatische Verhältnisse eine Rolle.

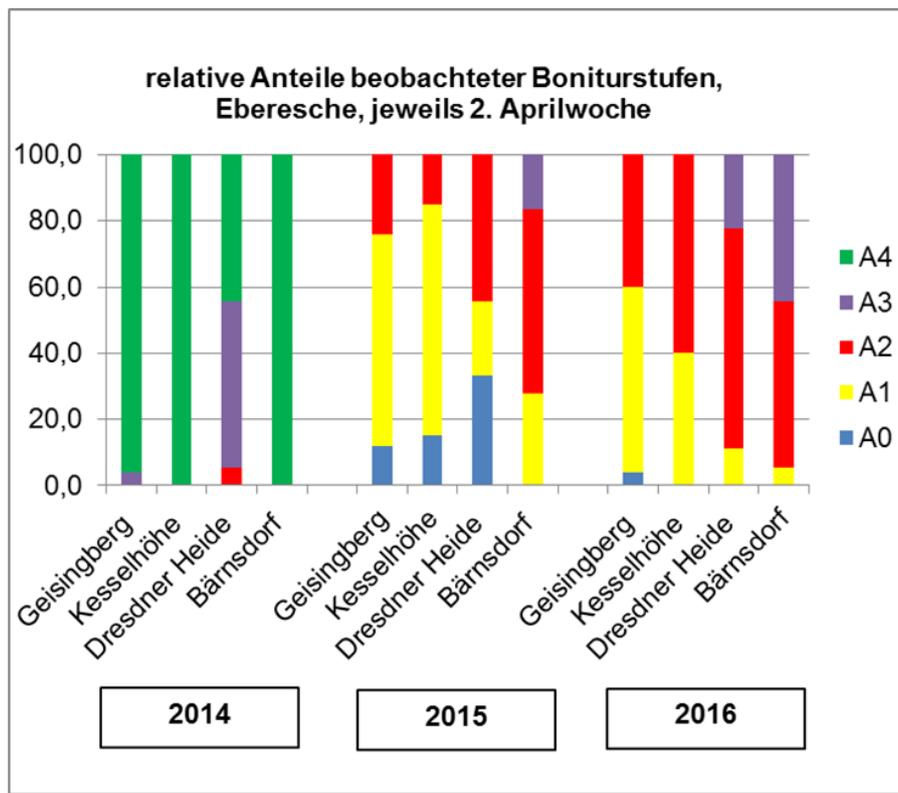


Abbildung 21: Prozentuale Verteilung beobachteter Blattentwicklungsphasen zum jeweils gleichen Boniturtermin im Untersuchungszeitraum 2014-2016 bei der Modellart Eberesche.

4.5.1.3. Blattaustrieb Wildapfel

Die Reihenfolge des Blattaustriebbeginnes war zwischen den untersuchten Vorkommen im Beobachtungszeitraum immer gleichbleibend. Der Bestand 'Torgau' war durch eine deutlich verzögerte Blattentwicklung gekennzeichnet, obwohl er ähnliche klimatische Verhältnisse aufweist wie der Bestand 'Leipzig' (auch vergleichbare Meereshöhe) und lediglich in etwa 40 km Entfernung lag (Abbildung 22).

Die Verteilung einzelner Blattentwicklungsphasen zum gleichen Zeitpunkt war in den Beständen des Mittelgebirges heterogener ausgeprägt als im Flachland (Abbildung 22). Möglicherweise wirken sich dort kleinräumige, standörtliche Unterschiede (Schatthang versus besonnener Standort, Ober – und Unterhang) stärker aus als in den homogen strukturierten Tieflandbeständen 'Leipzig' und 'Torgau'.

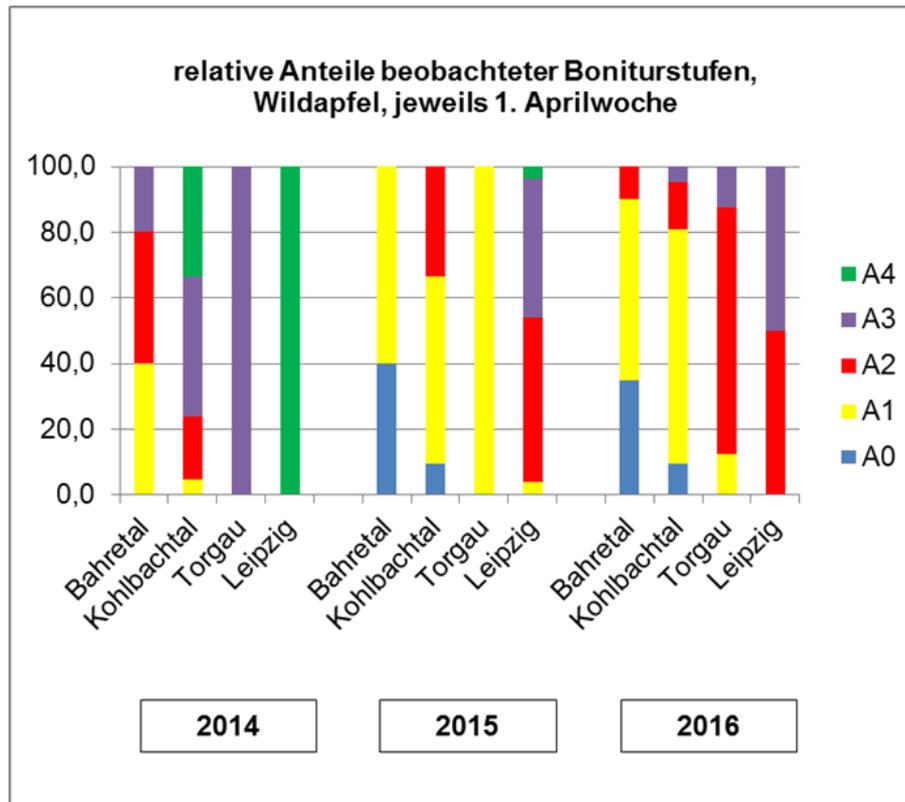


Abbildung 22: Prozentuale Verteilung beobachteter Blattentwicklungsphasen zum jeweils gleichen Boniturtermin im Untersuchungszeitraum 2014-2016 bei der Modellart Wildapfel.

4.5.1.4. Blattaustrieb Wildbirne

Der Bestand 'Zadel' war, bedingt durch seine südexponierte Hanglage im wärmebegünstigten Elbtal, durch einen frühen Austriebsbeginn gekennzeichnet. Dagegen waren die Unterschiede zwischen 'Osterzgebirge' und dem Tieflandsbestand 'Voigtsbusch', entgegen der klimatischen Unterschiede zwischen den Standorten, lediglich gering (Abbildung 23). In der Dauer zwischen Beginn und Abschluss der Blattentfaltung sind keine Unterschiede zwischen den Beständen erkennbar. Auch das Austriebsverhalten innerhalb und zwischen den Beständen (Abbildung 23) war ähnlich.

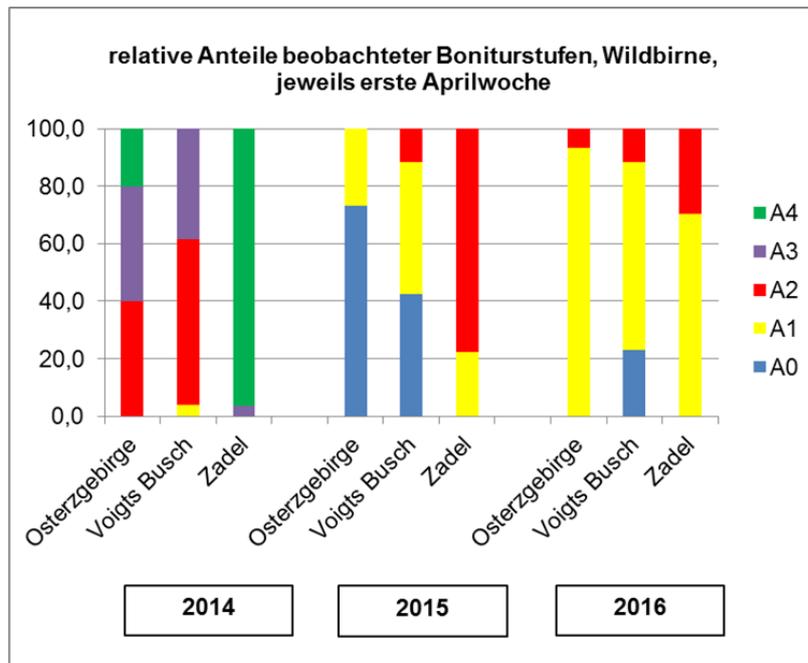


Abbildung 23: Prozentuale Verteilung beobachteter Blattentwicklungsphasen zum jeweils gleichen Boniturtermin im Untersuchungszeitraum 2014-2016 bei der Modellart Wildbirne.

4.5.2. Blüte

Zur Beschreibung des Blühverlaufes wurde der Zeitraum von Blühbeginn bis zum Ende der Blüte bestimmt und für die drei Beobachtungsjahre dargestellt. Als Blühbeginn wurde dabei gewertet, wenn die ersten Pflanzen Boniturstufe B1 (erste Blüten soweit geöffnet, dass Staubgefäße sichtbar waren) erreicht hatten. Ende des Blühzeitraumes war, wenn alle Pflanzen mindestens Stufe B4 (Spätblüte, ein Großteil der Blüten hat Blütenblätter bereits verloren) erreicht hatten. Damit konnte verglichen werden, inwieweit sich Blühzeiträume einzelner Populationen (unter Berücksichtigung der klimatischen Verhältnisse) überschneiden.

Desweiteren wurde der Anteil im jeweiligen Jahr blühender Individuen an der Gesamtzahl der bonitierten Pflanzen eines Bestandes bestimmt. Dieser Wert gibt Auskunft über die zu erwartende Fruktifikation im jeweiligen Bestand, was für eine Ausweisung als Erntebestand von zentraler Bedeutung ist. Für die Erhebung der Blühphasen wurde, wie auch bei der Bonitur des Blattaustriebes, wöchentlich eine Bewertung der Pflanzen durchgeführt. Allerdings war, bei entsprechender Witterung (sonnige, warme Tage über den Zeitraum einer Woche) der Zeitraum zwischen den Begehungen so lang, dass zum Teil mehrere Blühphasen 'übersprungen' wurden. Für eine exaktere Erhebung hätten die Abstände zwischen den jeweiligen Bonituren verkürzt werden müssen, was jedoch aus Kostengründen und wegen des hohen Arbeitsaufwandes in diesem Projekt nicht möglich war.

4.5.2.1. Blüte Alpen-Johannisbeere

Der Blühbeginn schwankte zwischen Ende März und Mitte April und der Blühzeitraum erstreckte sich in allen Beständen über jeweils drei bis vier Wochen (Abbildung 24). Aufgrund des langen

Blühzeitraumes standen auch für besonders früh oder spät blühende Individuen Bestäubungspartner zur Verfügung. Der Anteil blühender Individuen am Gesamtbestand war mit mindestens 70 % außergewöhnlich hoch (Abbildung 24).

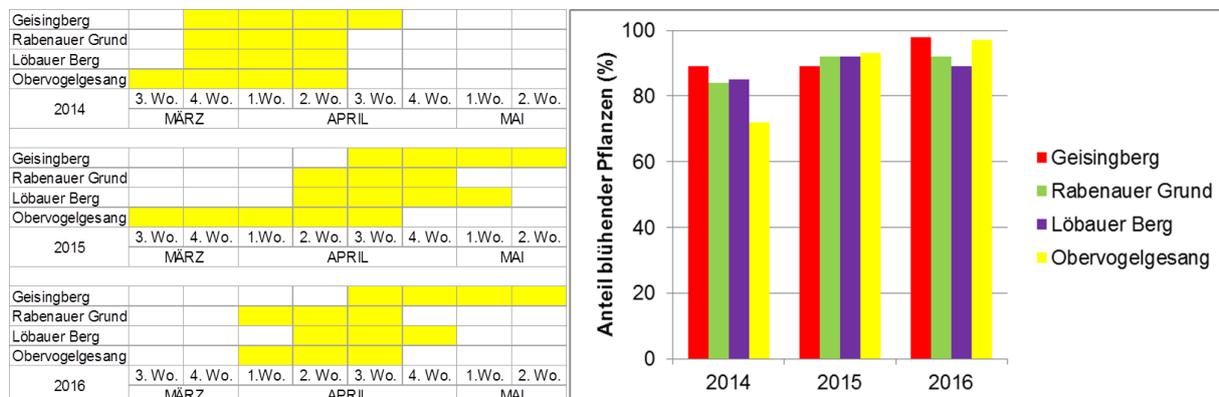


Abbildung 24: Zeitlicher Verlauf der Blüte bei der Alpen-Johannisbeere (linkes Bild) und prozentualer Anteil blühender Pflanzen am Gesamtbestand (rechtes Bild) im Boniturzeitraum 2014-2016.

4.5.2.2. Blüte Eberesche

Die Unterschiede des Blühverlaufes zwischen Gebirgsbestand und Tiefland sind deutlich stärker ausgeprägt als bei der Blattentwicklung (eine Woche Versatz). Im Vergleich zu den Vorkommen im Tiefland ('Bärnsdorf') begannen die Vorkommen der Mittelgebirgslagen etwa 3 Wochen später mit der Blüte und schlossen die Blüte schneller ab (Abbildung 25, linkes Bild).

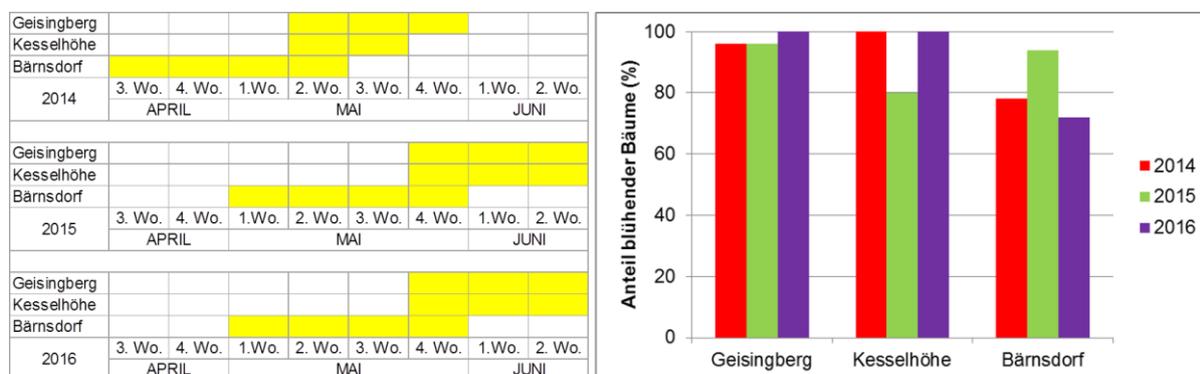


Abbildung 25: Zeitlicher Verlauf der Blüte bei der Eberesche (linkes Bild) und prozentualer Anteil blühender Pflanzen am Gesamtbestand (rechtes Bild) im Boniturzeitraum 2014-2016.

Der Anteil blühender Pflanzen war bei der Eberesche sehr stark standortabhängig. Vorkommen mit vorwiegend freistehenden Bäume zeigten eine regelmäßige Blüte bei einem Großteil der Bäume (Geisingberg in Abbildung 25 rechts). Bei Vorkommen im Wald, in denen ein Großteil der Bäume überschirmt war, sank der Anteil blühender Bäume deutlich. Bei stark überschirmt Vorkommen fehlte die Blüte vollständig (Beispiel Waldbestand 'Dresdner Heide', hier nicht dargestellt). Im Hinblick auf eine Eignung von Vorkommen als Erntevorkommen ist daher eine ausreichende, auch langfristig gesicherte Besonnung von Bedeutung.

4.5.2.3. Blüte Wildapfel

Der Blühverlauf beim Wildapfel war zwischen den einzelnen Beobachtungszeiträumen relativ homogen. Der Blühbeginn schwankte dabei je nach Witterung um bis zu 2 Wochen (Abbildung 26). Die Anteile blühender Wildäpfel am Gesamtbestand war mit 40% bis 87% hoch, zeigte allerdings stärkeren Schwankungen zwischen den Beobachtungsjahren (Abbildung 26 rechts).

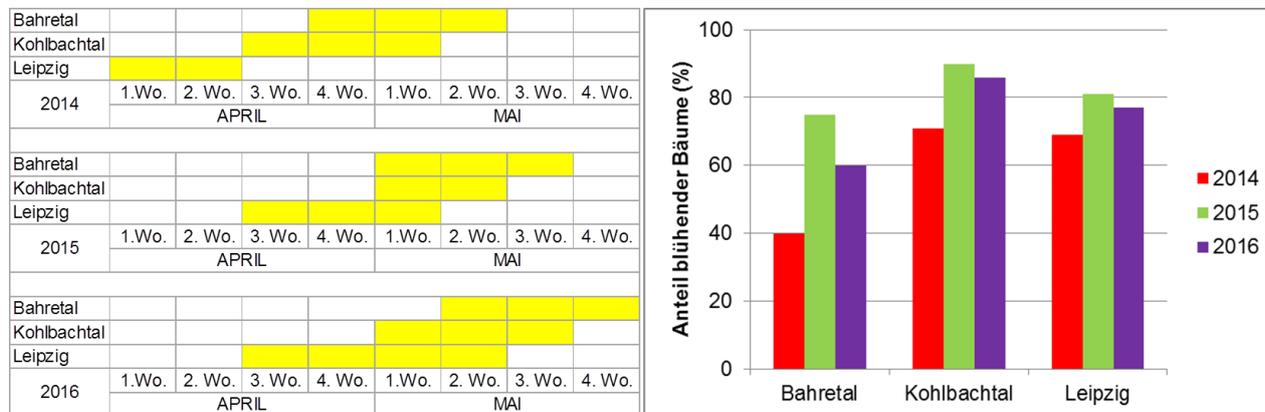


Abbildung 26: Zeitlicher Verlauf der Blüte beim Wildapfel (linkes Bild) und prozentualer Anteil blühender Pflanzen am Gesamtbestand (rechtes Bild) im Boniturzeitraum 2014-2016.

4.5.2.4. Blüte Wildbirne

An allen Standorten betrug die Blühdauer in den Jahren 2014 und 2015 drei, im Jahr 2016 hingegen vier Wochen. Wildbirnen blühten auch im Wald trotz Überschildung zu hohen Anteilen und regelmäßig (Abbildung 27, linkes und rechtes Bild). Auch weniger vitale Bäume zeigten eine teils starke Blüte.

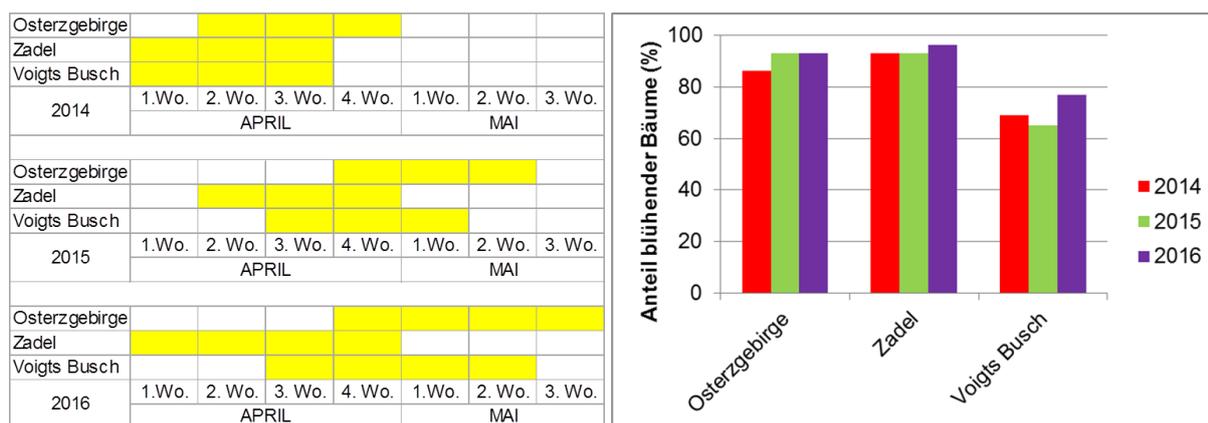


Abbildung 27: Zeitlicher Verlauf der Blüte bei der Wildbirne (linkes Bild) und prozentualer Anteil blühender Pflanzen am Gesamtbestand (rechtes Bild) im Boniturzeitraum 2014-2016.

4.6. Phänologische Bonitur der *Ex situ*-Bestände

Für die drei Modellarten Alpen-Johannisbeere, Wildapfel und Wildbirne wurde, neben der phänologischen Beurteilung *in situ*, auch eine *Ex situ*-Bonitur des Blattaustriebes auf den Versuchsflächen des Staatsbetrieb Sachsenforst in Pirna OT Graupa durchgeführt.

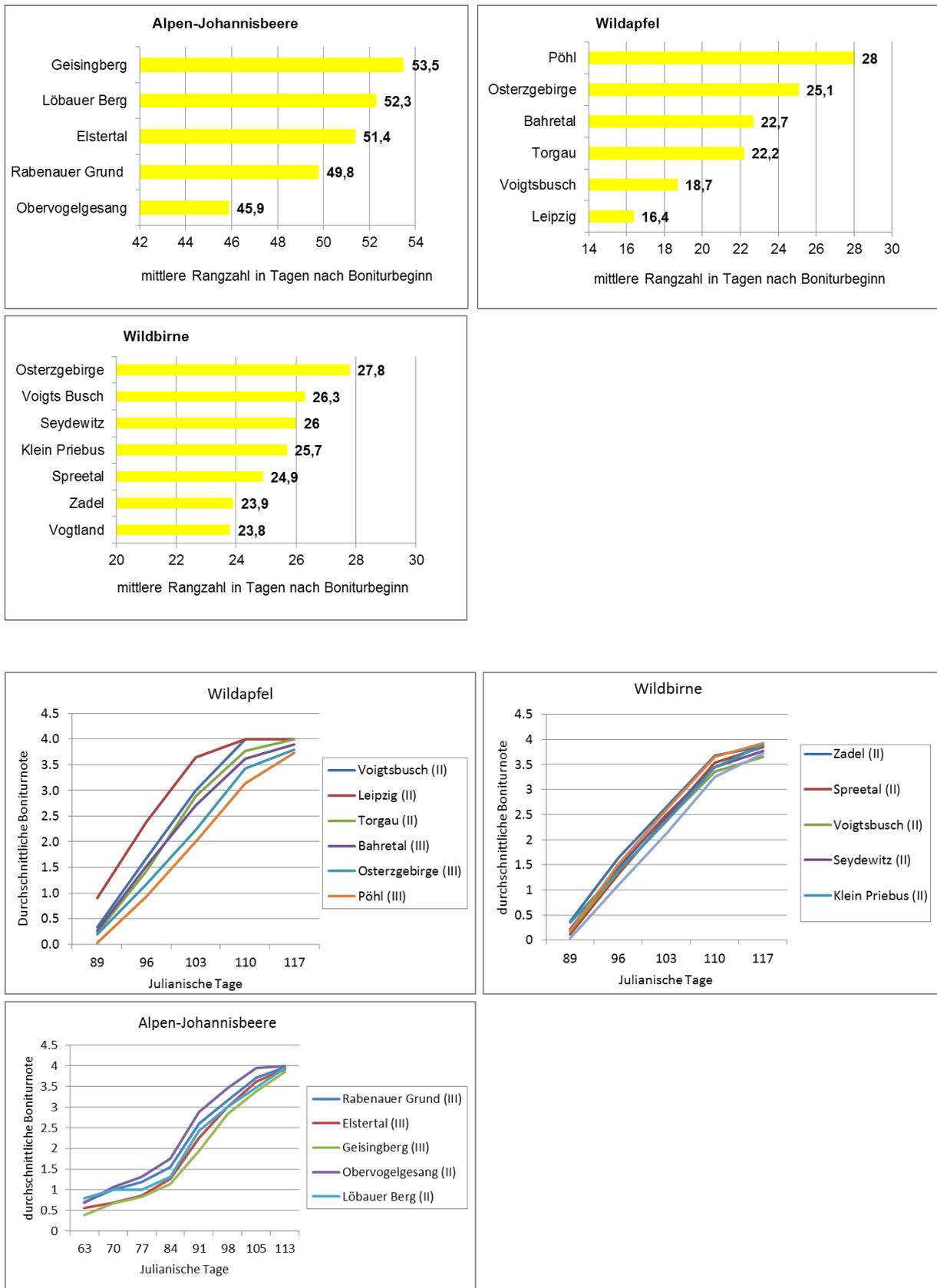


Abbildung 28: Mittlere Rangzahlen nach Bonitur der *Ex situ*-Bestände im Jahr 2016 für die Modellarten Alpen-Johannisbeere, Wildapfel und Wildbirne (oben) und Austriebsverlauf über den gesamten Boniturzeitraum (unten).

Es wurden 383 Pflanzen der Alpen-Johannisbeere (Steckholz-Pflanzen aus fünf Modellbeständen), 515 Wildapfelpflanzen sowie 348 Wildbirnenpflanzen (inklusive Wiederholungen) analog der Vorgehensweise *in situ* phänologisch hinsichtlich ihres Blattaustriebes bewertet (Vgl. Kapitel 4.2 und 4.3). Für die Auswertung wurden sogenannte Rangzahlen berechnet. Die Rangzahl gibt die Anzahl an Tagen an, die von Beginn des Boniturzeitraumes bis zum Erreichen von Boniturstufe A4 (Blätter vollständig entfaltet) von jeder Pflanze benötigt wurden. Die Werte wurden je Herkunft gemittelt und grafisch dargestellt (Abbildung 28 oben). Die Boniturnoten aller bonitierten Pflanzen wurden für die jeweilige Population gemittelt und der Austriebsverlauf ebenfalls graphisch dargestellt (Abbildung 28 unten).

Es zeigte sich, dass Gebirgsherkünfte (Beispielsweise 'Geisingberg' bei Alpen-Johannisbeere, 'Pöhl', 'Osterzgebirge' und 'Bahretal' bei Wildapfel sowie 'Osterzgebirge' bei der Wildbirne) im Mittel die höchsten Rangzahlen aufweisen. Demnach benötigten Herkünfte aus dem Gebirge am längsten für den Blattaustrieb und trieben in der Regel später aus. Vorkommen die auch bei der *In situ*-Bonitur den frühesten Blattaustrieb und Abschluss der Blattentfaltung zeigten (z.B. 'Obervogelgesang' – Alpen-Johannisbeere, 'Leipzig' – Wildapfel oder 'Zadel' – Wildbirne) haben auch im *Ex situ*-Vergleich die kürzesten Zeiträume für den Blattaustrieb benötigt. Es gab jedoch auch Ausnahmen. So trieb bei der Wildbirne die Herkunft 'Vogtland' am frühesten von allen Vorkommen aus, obwohl diese aus dem Mittelgebirge stammte.

Die Differenz des gemittelten Blattaustriebs zwischen den unterschiedlichen Herkünften betrug bei der Wildbirne 4 Tage, bei der Alpen-Johannisbeere 8 Tage und beim Wildapfel 12 Tage.

4.7. Vergleich der phänologischen Daten zwischen *In situ*- und *Ex situ*-Beständen

4.7.1. Pflanzenmaterial

Für den statistischen Vergleich des Austriebsverhaltens zwischen *In situ*- und *Ex situ*-Standort wurden nur die Genotypen berücksichtigt, die übereinstimmend *In situ* und *Ex situ* bonitiert wurden (Tabelle 11). Daher ist die Anzahl der Datensätze bei dieser Auswertung geringer als bei der einzelnen Betrachtung der *In situ*- bzw. *Ex situ*-Bonitur. Beim Wildapfel wurden die Boniturdaten von 4 bis 15 Einzelindividuen der Wildapfelpopulationen 'Bahretal', 'Osterzgebirge', 'Leipzig' und 'Torgau' in die Auswertung einbezogen. Bei der Wildbirne standen Boniturdaten von 4 bis 10 Einzelindividuen der Populationen 'Osterzgebirge', 'Zadel' und 'Voigtsbusch' für die Auswertung zur Verfügung. Für die Auswertung der Alpen-Johannisbeere wurden 18-32 Datensätze pro Jahr und Population berücksichtigt.

Tabelle 11: Anzahl der Datensätze pro Jahr und Population für die vergleichende statistische Auswertung zwischen *In situ*- und *Ex situ*-Standort.

| Art | Population | Standort | Jahr | Anzahl Genotypen |
|-------------------------|-----------------|-------------------|-----------|------------------|
| <i>Malus sylvestris</i> | Bahretal | <i>In situ</i> | 2014-2016 | Je 14 |
| | | <i>Ex situ</i> | 2016 | 14 |
| | | Datensätze gesamt | | 56 |
| | Osterzgebirge | <i>In situ</i> | 2014-2016 | Je 15 |
| | | <i>Ex situ</i> | 2016 | 15 |
| | | Datensätze gesamt | | 60 |
| | Leipzig | <i>In situ</i> | 2014-2016 | Je 13 |
| | | <i>Ex situ</i> | 2016 | 13 |
| | | Datensätze gesamt | | 52 |
| | Torgau | <i>In situ</i> | 2014-2016 | Je 5 |
| | | <i>Ex situ</i> | 2016 | 4 |
| | | Datensätze gesamt | | 19 |
| <i>Pyrus pyraeaster</i> | Osterzgebirge | <i>In situ</i> | 2014-2016 | Je 4 |
| | | <i>Ex situ</i> | 2016 | 4 |
| | | Datensätze gesamt | | 16 |
| | Zadel | <i>In situ</i> | 2014-2016 | Je 10 |
| | | <i>Ex situ</i> | 2016 | 10 |
| | | Datensätze gesamt | | 40 |
| | Voigtsbusch | <i>In situ</i> | 2014-2016 | Je 10 |
| | | <i>Ex situ</i> | 2016 | 10 |
| | | Datensätze gesamt | | 40 |
| <i>Ribes alpinum</i> | Geisingberg | <i>In situ</i> | 2014-2016 | Je 32 |
| | | <i>Ex situ</i> | 2016 | 32 |
| | | Datensätze gesamt | | 128 |
| | Rabenauer Grund | <i>In situ</i> | 2014-2016 | Je 29 |
| | | <i>Ex situ</i> | 2016 | 29 |
| | | Datensätze gesamt | | 116 |
| | Obervogelgesang | <i>In situ</i> | 2014-2016 | Je 28 |
| | | <i>Ex situ</i> | 2016 | 28 |
| | | Datensätze gesamt | | 112 |
| | Löbauer Berg | <i>In situ</i> | 2014-2016 | Je 18 |
| | | <i>Ex situ</i> | 2016 | 18 |
| | | Datensätze gesamt | | 72 |

4.7.2. Statistische Analyse

Die statistische Auswertung erfolgte mit Hilfe des Softwareprogramm SPSS Statistics ver. 22. Mit Hilfe der deskriptiven Statistik wurden die Variation der mittleren Boniturnoten und der Mittelwert in den verschiedenen Jahren und Populationen graphisch in einem Boxplot dargestellt. Der Mittelwertvergleich der Boniturnoten erfolgte mittels einfaktorier Varianzanalyse (ANOVA= Analysis of Variance). Mit dieser Analyse wird berechnet, ob sich die Mittelwerte der unterschiedlichen Gruppen (in diesem Fall: Vorkommensgebiet, Jahre, Population und *In situ*- oder *Ex situ*-Standort) unterscheiden. Zunächst wurde mit Hilfe des Levene- und Brown & Forsythe-Tests die Gleichheit der Varianzen (Varianzhomogenität) überprüft. Die Varianzhomogenität ist eine wichtige Voraussetzung für die Durchführung der ANOVA.

Wurden nach ANOVA signifikante Unterschiede festgestellt, wurde bei Vorhandensein von mehr als zwei Gruppen (in unserem Fall: Jahre und Populationen) mit Hilfe des Post-hoc-Test ermittelt, welche der Gruppen sich signifikant unterscheiden. Ist keine Varianzhomogenität gegeben, wurde der Games-Howell Test angewendet. Beim Vorhandensein der Varianzhomogenität erfolgte der Post-Hoc-Test

nach Gabriel. Die Anwendung der oben beschriebenen statistischen Verfahren für die verschiedenen Arten ist in Tabelle 12 dargestellt.

Tabelle 12: Übersicht der verwendeten Datensätze und statistischen Verfahren bei der Auswertung der phänologischen Daten von Wildapfel, Wildbirne und Alpen-Johannisbeere

| Datensatz (Mittelwert Boniturnoten) | Unterscheidung nach Gruppe | Statistisches Verfahren |
|---|----------------------------|---|
| <i>Malus sylvestris</i> | Vorkommensgebiet | – Boxplot |
| | – VKG 2 | – Varianzhomogenität nach Levene |
| | – VKG 3 | – ANOVA |
| | Jahre | – Post-Hoc-Test nach Gabriel oder nach Games-Howell |
| | – 2014 <i>In situ</i> | |
| | – 2015 <i>In situ</i> | |
| | – 2016 <i>In situ</i> | |
| | Population | |
| | – Bahretal | |
| | – Osterzgebirge | |
| | – Torgau | |
| | – Leipzig | |
| | Standort | |
| – <i>In situ</i> | | |
| – <i>Ex situ</i> | | |
| <i>Pyrus pyraster</i> | Vorkommensgebiet | – Boxplot |
| | – VKG 2 | – Varianzhomogenität nach Levene |
| | – VKG 3 | – ANOVA |
| | Jahre | – Post-Hoc-Test nach Gabriel oder nach Games-Howell |
| | – 2014 <i>In situ</i> | |
| | – 2015 <i>In situ</i> | |
| | – 2016 <i>In situ</i> | |
| | Population | |
| | – Osterzgebirge | |
| | – Zadel | |
| | – Voigtsbusch | |
| | Standort | |
| | – <i>In situ</i> | |
| – <i>Ex situ</i> | | |
| <i>Ribes alpinum</i> | Vorkommensgebiet | – Boxplot |
| | – VKG 2 | – Varianzhomogenität nach Levene |
| | – VKG 3 | – ANOVA |
| | Jahre | – Post-Hoc-Test nach Gabriel oder nach Games-Howell |
| | – 2014 <i>In situ</i> | |
| | – 2015 <i>In situ</i> | |
| | – 2016 <i>In situ</i> | |
| | Population | |
| | – Geisingberg | |
| | – Rabenauer Grund | |
| | – Obervogelgesang | |
| | – Löbauer Berg | |
| | Standort | |
| – <i>In situ</i> | | |
| – <i>Ex situ</i> | | |

4.7.3. Vergleich der *In situ* und *Ex situ*-Bonitur beim Wildapfel

Mit Hilfe der deskriptiven Statistik wurden die Variation der mittleren Boniturnoten und der Mittelwert in den verschiedenen Jahren und Populationen graphisch in einem Boxplot dargestellt. Dabei zeigen sich deutliche Unterschiede zwischen den Populationen und den einzelnen Jahren (Abbildung 29).

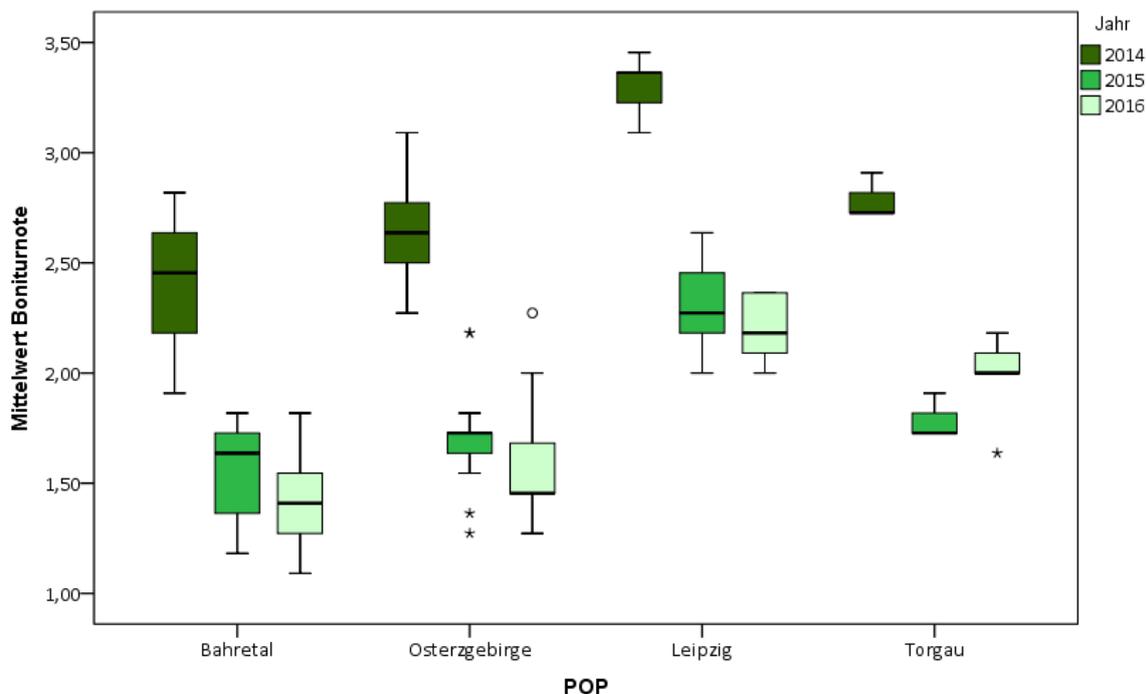


Abbildung 29: Boxplot der mittleren Boniturnoten für die Wildapfel-Population ‚Bahretal‘, ‚Osterzgebirge‘, ‚Leipzig‘ und ‚Torgau‘ für die Bonitur 2014, 2015 und 2016 *in situ*.

Die mittleren Boniturnoten reichten von 1,09 bis 3,45 in den verschiedenen Jahren und Populationen. In der Regel waren die mittleren Boniturnoten in der Population ‚Bahretal‘ (Vorkommensgebiet 3) am geringsten von allen untersuchten Wildapfel-Populationen. Die höchsten mittleren Boniturnoten in den einzelnen Jahren zeigte immer die Population ‚Leipzig‘, gefolgt von der Population ‚Torgau‘ (beide Vorkommensgebiet 2). Zwischen den einzelnen Jahren gab es sehr deutliche Schwankungen bei den mittleren Boniturwerten. Besonders auffällig waren die sehr hohen Boniturwerte im Jahr 2014, während die Boniturwerte der Jahre 2015 und 2016 innerhalb einer Population in einem ähnlichen Bereich lagen. Um festzustellen, ob sich die Boniturnoten in den verschiedenen Jahren auf den *In situ*- und *Ex situ*-Standorten und zwischen den Populationen signifikant unterscheiden, wurde eine ANOVA durchgeführt. Die Ergebnisse sind im Folgenden beschrieben.

4.7.3.1. Variation der mittleren Boniturdaten nach Vorkommensgebiet

Für die Varianzanalyse zwischen den beiden Vorkommensgebieten wurden die Datensätze aus den Jahren 2014, 2015, 2016 aus der *In situ*- und *Ex situ*-Bonitur einbezogen. Für das Vorkommensgebiet 2 standen 71 Boniturdatsätze zur Verfügung und für das Vorkommensgebiet 3 116 Datensätze. Die

mittlere Boniturnote für den Austrieb bei den Pflanzen aus Vorkommensgebiet 2 betrug 2,35 und für die Pflanzen aus Vorkommensgebiet 3 1,87 (Tabelle 13). Nach ANOVA wurde ein signifikanter Unterschied zwischen dem Austriebsverhalten der Pflanzen zwischen den beiden Vorkommensgebieten festgestellt.

Tabelle 13: Deskriptive Statistik für die Auswertung des Austriebverhaltens beim Wildapfel nach Vorkommensgebiet.

| VKG | N | Mittelwert | Standardabweichung | Standardfehler | Untergrenze* | Obergrenze* | Min. | Max. |
|--------|-----|------------|--------------------|----------------|--------------|-------------|------|------|
| 2 | 71 | 2,35 | 0,50 | 0,06 | 2,23 | 2,47 | 1,64 | 3,45 |
| 3 | 116 | 1,87 | 0,47 | 0,04 | 1,78 | 1,95 | 1,09 | 3,09 |
| Gesamt | 187 | 2,05 | 0,53 | 0,04 | 1,97 | 2,13 | 1,09 | 3,45 |

VKG: Vorkommensgebiet; N: Anzahl untersuchter Individuen, * 95 %-Konfidenzintervall für den Mittelwert

4.7.3.2. Variation der mittleren Boniturdaten nach Population

Mittels ANOVA wurde getestet, ob sich die mittleren Boniturnoten der Populationen signifikant voneinander unterscheiden. Hier wurde generell ein signifikanter Unterschied zwischen den Populationen gefunden. Nach Post-Hoc-Test zeigte sich, dass der Unterschied nicht zwischen allen Gruppen signifikant ist. Die Populationen ‚Osterzgebirge‘ und ‚Bahretal‘ aus dem Vorkommensgebiet 3 bildeten eine homogene Untergruppe, sowie die Populationen ‚Osterzgebirge‘ und ‚Torgau‘, die trotz unterschiedlicher Vorkommensgebiete ebenfalls in eine homogene Untergruppe eingeordnet werden konnten. Die Leipziger Wildapfelpopulation (VKG 2) wurde dagegen in eine eigene Untergruppe eingruppiert (Tabelle 14).

Tabelle 14: Homogene Untergruppen für die mittleren Boniturnoten 2014-2016 *in situ* zwischen den Populationen

| Population | VKG | N | Untergruppe für Alpha = 0.05. | | |
|---------------|-----|----|-------------------------------|------|------|
| | | | 1 | 2 | 3 |
| Bahretal | 3 | 42 | 1,81 | | |
| Osterzgebirge | 3 | 45 | 1,98 | 1,98 | |
| Torgau | 2 | 15 | | 2,18 | |
| Leipzig | 2 | 38 | | | 2,57 |
| Signifikanz | | | ,74 | ,62 | 1,0 |

VKG: Vorkommensgebiet; N: Anzahl untersuchter Individuen

4.7.3.3. Variation der mittleren Boniturdaten nach Jahren

Mittels ANOVA wurde getestet, ob sich die mittleren Boniturnoten in den verschiedenen Jahren (ohne Berücksichtigung der 2016 durchgeführten Bonitur *ex situ*) signifikant voneinander unterscheiden. Als Ergebnis wurde ein signifikanter Unterschied zwischen dem Jahr 2014 *In situ* und den Jahren 2015 und 2016 *in situ* gefunden, zwischen den Bonituren der Jahre 2015 und 2016 war der Unterschied dagegen nicht signifikant (Tabelle 15). Der signifikante Unterschied im Austriebsverhalten im Jahr

2014 zu den anderen Boniturjahren ist vor allem auf den sehr warmen Winter und Frühling zurückzuführen und die dadurch früh einsetzende Vegetationsperiode.

Tabelle 15: Homogene Untergruppen nach Gabriel für die mittleren Boniturnoten zwischen den Jahren

| Jahr | N | Untergruppe für Alpha = 0.05. | |
|---------------------|----|-------------------------------|------|
| | | 1 | 2 |
| 2016 <i>in situ</i> | 47 | 1,75 | |
| 2015 <i>in situ</i> | 47 | 1,83 | |
| 2014 <i>in situ</i> | 46 | | 2,76 |
| Signifikanz | | ,68 | 1,00 |

4.7.3.4. Variation der mittleren Boniturdaten nach *In situ*- und *Ex situ*-Standort

Mit Hilfe der ANOVA wurde ebenfalls geprüft, ob es signifikante Unterschiede im Austriebsverhalten zwischen dem *In situ*- und *Ex situ*-Standort gibt. Dabei wurden für den *In situ*-Standort nur die Daten der Jahre 2016 berücksichtigt, um die klimatische Unterschiede zwischen den Jahren möglichst auszuschließen. Auch bei dieser Analyse wurden generell signifikante Unterschiede zwischen der *In situ*- und *Ex situ*-Bonitur festgestellt. Bei Betrachtung der einzelnen Gruppen zeigte sich jedoch, dass die Boniturnoten zwischen dem natürlichen Standort und der Plantage in Graupa nicht bei allen Populationen signifikant voneinander abwichen (Tabelle 16). Keine signifikante Unterschiede wurde zwischen dem *In situ*- und *Ex situ*-Standort für die Populationen, ‚Leipzig‘ und ‚Torgau‘ festgestellt. Anders verhielt es sich bei den Populationen ‚Bahretal‘ und ‚Osterzgebirge‘. Hier wichen die mittleren Boniturnoten der Jahre 2016 aus der Bonitur *in situ* signifikant von der Bonitur *ex situ* ab.

Tabelle 16: Signifikante Unterschiede der Bonitur im Jahr 2016 zwischen den *In situ*- und *Ex situ*-Standorten nach Population.

| Bonitur | n | Mittelwert | Signifikanter Unterschied zwischen <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Bonitur? |
|------------------------------|----|------------|--|
| Bahretal <i>in situ</i> | 14 | 1,44 | ja |
| Bahretal <i>ex situ</i> | 14 | 1,82 | |
| Osterzgebirge <i>in situ</i> | 15 | 1,59 | ja |
| Osterzgebirge <i>ex situ</i> | 15 | 1,73 | |
| Leipzig <i>in situ</i> | 13 | 2,20 | nein |
| Leipzig <i>ex situ</i> | 14 | 2,08 | |
| Torgau <i>in situ</i> | 5 | 1,98 | nein |
| Torgau <i>ex situ</i> | 4 | 1,85 | |

Auch zeigte sich nach Post-Hoc-Test, dass das Austriebsverhalten am *Ex situ*-Standort zwischen den Populationen homogener war. Die mittleren Boniturnoten für den *Ex situ*-Standort der Population ‚Bahretal‘ und ‚Osterzgebirge‘ (VKG 3) und der Population ‚Torgau‘ (VKG 2) waren sich so ähnlich, dass sie in eine Untergruppe eingeteilt wurden (Tabelle 17). Dagegen unterschied sich die Population

„Leipzig“ auch am *Ex situ*-Standort deutlich in ihrem Austriebsverhalten von den anderen drei Populationen.

Tabelle 17: Homogene Untergruppen für die mittleren Boniturnoten am *Ex situ*-Standort zwischen den vier verschiedenen Wildapfelpopulationen

| POP_ID | VKG | N | Untergruppe für Alpha = 0.05. | |
|---------------|-----|----|-------------------------------|------|
| | | | 1 | 2 |
| Osterzgebirge | 3 | 15 | 1,73 | |
| Bahretal | 3 | 14 | 1,83 | |
| Torgau | 2 | 4 | 1,85 | |
| Leipzig | 2 | 14 | | 2,08 |
| Signifikanz | | | ,42 | 1,0 |

VKG: Vorkommensgebiet; N: Anzahl untersuchter Individuen

4.7.4. Vergleich der *In situ*- und *Ex situ*-Bonitur bei der Wildbirne

Mit Hilfe der deskriptiven Statistik wurden die Variation der mittleren Boniturnoten und der Mittelwert in den verschiedenen Jahren und Populationen graphisch in einem Boxplot dargestellt.

Die mittleren Boniturnoten reichten von 1,27 bis 3,18 in den verschiedenen Jahren und Populationen. In der Regel waren die mittleren Boniturnoten in der Population „Osterzgebirge“ (VKG 3) am geringsten. Die höchsten mittleren Boniturnoten in den einzelnen Jahren zeigte die Population „Zadel“ (VKG 2). Es gab sehr deutliche Schwankungen bei den mittleren Boniturwerten zwischen den einzelnen Jahren. Besonders auffällig waren auch hier die sehr hohen Boniturwerte im Jahr 2014, während die Boniturwerte der Jahre 2015 und 2016 innerhalb einer Population in einem ähnlichen Bereich lagen (Abbildung 30).

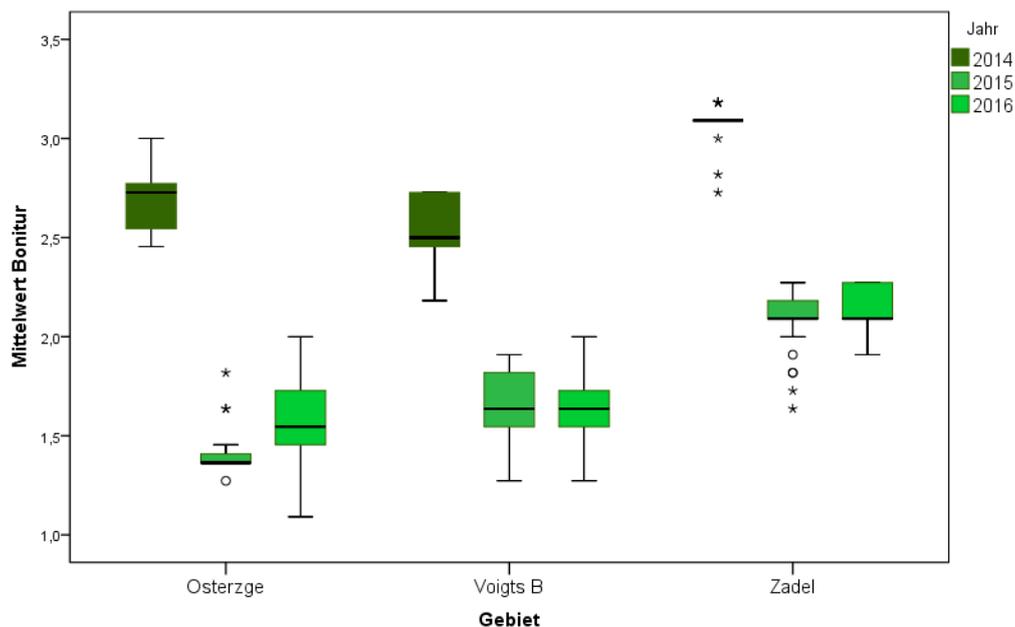


Abbildung 30: Boxplot der mittleren Boniturnoten für die Population „Osterzgebirge“, „Voigtsbusch“ und „Zadel“ für die *In situ* Bonitur 2014, 2015 und 2016.

4.7.4.1. Variation der mittleren Boniturdaten nach Vorkommensgebiet

Für die Varianzanalyse zwischen den beiden Vorkommensgebieten wurden die Datensätze aus den Jahren 2014, 2015, 2016 aus der *In situ*- und *Ex situ*-Bonitur einbezogen. Für das Vorkommensgebiet 2 standen 80 Boniturdatsätze und für das Vorkommensgebiet 3 16 Datensätze zur Verfügung. Die mittlere Boniturnote für den Austrieb bei den Pflanzen aus Vorkommensgebiet 2 betrug 2,2 und für die Pflanzen aus Vorkommensgebiet 3 1,9 (Tabelle 18). Nach ANOVA konnte kein signifikanter Unterschied zwischen dem Austriebsverhalten der Wildbirnen zwischen den beiden Vorkommensgebieten festgestellt werden.

Tabelle 18: Deskriptive Statistik für die Auswertung des Austriebverhaltens bei der Wildbirne nach Vorkommensgebieten.

| VKG | N | Mittelwert | Standardabweichung | Standardfehler | Untergrenze* | Obergrenze* | Min. | Max. |
|--------|----|------------|--------------------|----------------|--------------|-------------|------|------|
| 2 | 80 | 2,2 | 0,5 | 0,1 | 2,1 | 2,3 | 1,3 | 3,2 |
| 3 | 16 | 1,9 | 0,5 | 0,1 | 1,6 | 2,1 | 1,4 | 2,6 |
| Gesamt | 96 | 2,1 | 0,5 | 0,0 | 2,0 | 2,2 | 1,3 | 3,2 |

VKG: Vorkommensgebiet; N: Anzahl untersuchter Individuen, * 95 %-Konfidenzintervall für den Mittelwert

4.7.4.2. Variation der mittleren Boniturdaten nach Population

Nach ANOVA wurde ein signifikanter Unterschied im Austriebsverhalten zwischen den Populationen gefunden. Der Post-Hoc-Test zeigte, dass sich die Population ‚Zadel‘ (VKG 2) von den beiden Population ‚Osterzgebirge‘ (VKG 3) und ‚Voigtsbusch‘ (VKG 2) signifikant unterschied. Die Herkünfte ‚Osterzgebirge‘ (VKG 3) und ‚Voigtsbusch‘ (VKG 2) bildeten dagegen eine homogene Untergruppe (Tabelle 19).

Tabelle 19: Homogene Untergruppen für die mittleren Boniturnoten zwischen den Wildbirnen-Populationen

| Jahr | VKG | N | Untergruppe für Alpha = 0.05. | |
|---------------|-----|----|-------------------------------|------|
| | | | 1 | 2 |
| Osterzgebirge | 3 | 45 | 1,90 | |
| Voigtsbusch | 2 | 78 | 1,93 | |
| Zadel | 2 | 81 | | 2,43 |
| Signifikanz | | | ,93 | 1,00 |

4.7.4.3. Variation der mittleren Boniturdaten nach Jahren

Signifikante Unterschiede wurden bei den mittleren Boniturnoten der Einzelbäume zwischen den verschiedenen Jahren festgestellt. Mit Hilfe des Post-Hoc-Tests zeigte sich, dass diese Signifikanz auf deutlichen Unterschieden zwischen der Bonitur im Jahr 2014 gegenüber den Jahren 2015 und 2016 beruht (Tabelle 20).

Tabelle 20: Homogene Untergruppen nach Gabriel für die mittleren Boniturnoten in den verschiedenen Jahren

| Jahr | N | Untergruppe für Alpha = 0.05. | |
|-------------|----|-------------------------------|-------|
| | | 1 | 2 |
| 2015 | 68 | 1,76 | |
| 2016 | 68 | 1,82 | |
| 2014 | 68 | | 2,79 |
| Signifikanz | | ,436 | 1,000 |

4.7.4.4. Variation der mittleren Boniturdaten zwischen *In situ*- und *Ex situ*-Standort

Weiterhin wurde mittels ANOVA getestet, ob sich die mittleren Boniturnoten der bonitierten Wildbirnenpopulationen zwischen dem natürlichen Standort (*in situ*) und der Plantage in Graupa (*ex situ*) signifikant voneinander unterscheiden. Um den Einfluss der klimatischen Schwankungen zwischen den Boniturjahren auszuschließen, wurden nur die Boniturdaten aus dem Jahr 2016 miteinander verglichen. Nach ANOVA wurde ein signifikanter Unterschied zwischen den Gruppen festgestellt. Bei den Populationen ‚Osterzgebirge‘ und ‚Voigtsbusch‘ wichen die mittleren Boniturnoten der Jahre 2016 der Bonitur *in situ* signifikant von der Bonitur *ex situ* ab. Keine signifikanten Unterschiede wurde dagegen zwischen den mittleren Boniturnoten bei der Population ‚Zadel‘ zwischen dem *In situ*- und *Ex situ*-Standort festgestellt (Tabelle 21).

Der Post-hoc-Test zeigte, dass sich nur die mittleren Boniturnoten der *In situ*-Bonitur der Population im ‚Osterzgebirge‘ und ‚Voigtsbusch‘ signifikant von den anderen Gruppen unterscheiden. Die mittleren Boniturnoten zum Austrieb der *Ex situ*-Bonitur waren zwischen den Populationen ähnlich, so dass kein signifikanten Unterschied festgestellt wurde (Tabelle 22).

Tabelle 21: Signifikante Unterschiede der Bonitur im Jahr 2016 zwischen den *In situ*- und *Ex situ*-Standort nach Population.

| Bonitur | n | Mittelwert | Signifikanter Unterschied zwischen <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Bonitur? |
|------------------------------|----|------------|--|
| Osterzgebirge <i>in situ</i> | 4 | 1,61 | ja |
| Osterzgebirge <i>ex situ</i> | 4 | 2,04 | |
| Voigtsbusch <i>in situ</i> | 13 | 1,64 | ja |
| Voigtsbusch <i>ex situ</i> | 14 | 2,06 | |
| Zadel <i>in situ</i> | 5 | 2,08 | nein |
| Zadel <i>ex situ</i> | 4 | 2,23 | |

Tabelle 22: Homogene Untergruppen für die mittleren Boniturnoten für die Populationen ‚Osterzgebirge, ‚Voigtsbusch‘ und ‚Zadel‘ unter Berücksichtigung der *In situ*- und *Ex situ*-Standorte

| | VKG | N | Untergruppe für Alpha = 0.05. | |
|------------------------------|-------------|----|-------------------------------|------|
| | | | 1 | 2 |
| Osterzgebirge <i>in situ</i> | 3 | 4 | 1,61 | |
| Voigtsbusch <i>in situ</i> | 2 | 10 | 1,64 | |
| Osterzgebirge <i>ex situ</i> | 3 | 4 | | 2,04 |
| Voigtsbusch <i>ex situ</i> | 2 | 10 | | 2,06 |
| Zadel <i>in situ</i> | 2 | 10 | | 2,08 |
| Zadel <i>ex situ</i> | 2 | 10 | | 2,23 |
| | Signifikanz | | 1,00 | 0,55 |

VKG: Vorkommensgebiet; N: Anzahl untersuchter Individuen

4.7.5. Vergleich der *In situ*- und *Ex situ*-Bonitur bei der Alpen-Johannisbeere

Mit Hilfe der deskriptiven Statistik zeigten sich deutliche Unterschiede zwischen den Populationen und den einzelnen Jahren nach phänologischer Bonitur der Alpen-Johannisbeere (Abbildung 31). Die mittleren Boniturnoten reichten von 1,96 bis 2,09 in den verschiedenen Jahren und Populationen. In der Regel waren die mittleren Boniturnoten in der Population ‚Geisingberg‘ (VKG 3) am geringsten von allen untersuchten Alpen-Johannisbeer-Populationen. Die höchsten mittleren Boniturnoten in den einzelnen Jahren zeigte immer die Population ‚Obervogelgesang‘ (VKG 2), gefolgt von der Population ‚Rabenauer Grund‘ (VKG 3). Auch gab es sehr deutliche Schwankungen bei den mittleren Boniturwerten zwischen den einzelnen Jahren, wobei hier die Boniturwerte im Jahr 2014 gegenüber den anderen beiden Jahren sehr hoch waren. Besonders auffällig waren diese Unterschiede bei der Population ‚Geisingberg‘.

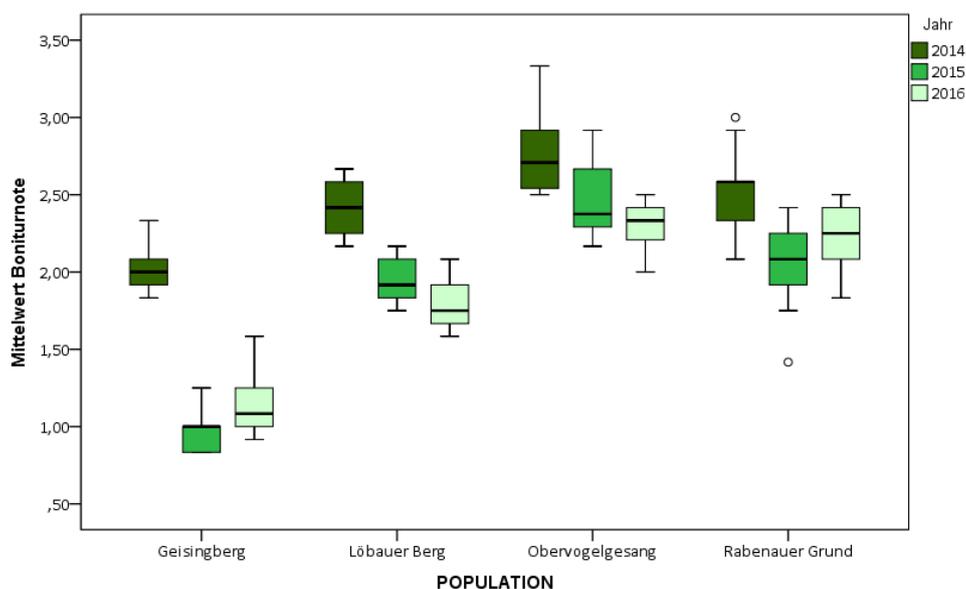


Abbildung 31: Boxplot der mittleren Boniturnoten für die Population ‚Geisingberg‘, ‚Löbauer Berg‘, ‚Obervogelgesang‘ und ‚Rabenauer Grund‘ für die Bonitur 2014, 2015 und 2016 *In situ*.

4.7.5.1. Variation der mittleren Boniturdaten nach Vorkommensgebiet

Für die Varianzanalyse zwischen den beiden Vorkommensgebieten wurden die Datensätze aus den Jahren 2014, 2015 und 2016 aus der *In situ*- und *Ex situ*-Bonitur einbezogen. Für das Vorkommensgebiet 2 standen 183 Boniturdatsätze zur Verfügung und für das Vorkommensgebiet 3 243 Datensätze. Die mittlere Boniturnote für den Austrieb bei den Pflanzen aus Vorkommensgebiet 2 betrug 2,21 und für die Pflanzen aus Vorkommensgebiet 3 1,77 (Tabelle 23). Nach ANOVA wurde ein signifikanter Unterschied zwischen dem Austriebsverhalten der Pflanzen zwischen den beiden Vorkommensgebieten festgestellt.

Tabelle 23: Deskriptive Statistik für die Auswertung des Austriebverhaltens bei der Alpen-Johannisbeere nach Vorkommensgebiet.

| VKG | N | Mittelwert | Standardabweichung | Standardfehler | Untergrenze* | Obergrenze* | Min. | Max. |
|--------|-----|------------|--------------------|----------------|--------------|-------------|------|------|
| 2 | 183 | 2,21 | 0,40 | 0,03 | 2,16 | 2,27 | 1,42 | 3,33 |
| 3 | 243 | 1,77 | 0,54 | 0,03 | 1,70 | 1,84 | 0,83 | 3,00 |
| Gesamt | 426 | 1,96 | 0,53 | 0,03 | 1,91 | 2,01 | 0,83 | 3,33 |

VKG: Vorkommensgebiet; N: Anzahl untersuchter Individuen, * 95 %-Konfidenzintervall für den Mittelwert

4.7.5.2. Variation der mittleren Boniturdaten nach Population

Mittels ANOVA wurde getestet, ob sich die mittleren Boniturnoten der Populationen signifikant voneinander unterscheiden. Dabei wurden nur die Daten aus der *In situ*-Bonitur berücksichtigt. Nach der ANOVA zeigte sich, dass sich alle untersuchten Populationen signifikant in ihrem Austriebsverhalten voneinander unterscheiden. Es wurden keine homogenen Untergruppen gefunden (Tabelle 15). Es zeigte sich jedoch, dass die mittleren Boniturnoten der Populationen aus unterschiedlichen Vorkommensgebieten näher beieinander lagen, als bei den Populationen aus demselben Vorkommensgebiet (z.B. 'Löbauer Berg' / 'Rabenauer Grund').

Tabelle 24: Homogene Untergruppen für die mittleren Boniturnoten 2014-2016 *in situ* zwischen den *Ribes*-Populationen

| POP_ID | VKG | N | Untergruppe für Alpha = 0.05. | | | |
|-----------------|-----|----|-------------------------------|------|------|------|
| | | | 1 | 2 | 3 | 4 |
| Geisingberg | 3 | 96 | 1,37 | | | |
| Löbauer Berg | 2 | 54 | | 2,05 | | |
| Rabenauer Grund | 3 | 87 | | | 2,27 | |
| Obervogelgesang | 2 | 84 | | | | 2,51 |
| Signifikanz | | | 1,00 | 1,00 | 1,00 | 1,00 |

4.7.5.3. Variation der mittleren Boniturdaten nach Jahren

Mittels ANOVA wurde getestet, ob sich die mittleren Boniturnoten in den verschiedenen Jahren (ohne Berücksichtigung der 2016 durchgeführten Bonitur *ex situ*) signifikant voneinander unterscheiden. Es wurde ein signifikanter Unterschied zwischen dem Jahr 2014 *In situ* und den Jahren 2015 und 2016 *In*

situ gefunden, zwischen den Bonituren der Jahre 2015 und 2016 wurde kein signifikanter Unterschied festgestellt (Tabelle 25) dargestellt.

Tabelle 25: Homogene Untergruppen bei der Alpen-Johannisbeere für die mittleren Boniturnoten zwischen den Jahren

| Jahr | N | Untergruppe für Alpha = 0.05. | |
|---------------------|-----|-------------------------------|------|
| | | 1 | 2 |
| 2015 <i>in situ</i> | 107 | 1,81 | |
| 2016 <i>in situ</i> | 107 | 1,84 | |
| 2014 <i>in situ</i> | 107 | | 2,42 |
| Signifikanz | | ,97 | 1,00 |

4.7.5.4. Variation der mittleren Boniturdaten nach *In situ*- und *Ex situ*-Standort

Mit Hilfe der ANOVA wurde ebenfalls geprüft, ob es signifikante Unterschiede im Austriebsverhalten zwischen dem *In situ*- und *Ex situ*-Standort gibt. Dabei wurden für den *In situ*-Standort nur die Daten der Jahre 2016 berücksichtigt, um die klimatischen Unterschiede zwischen den Jahren möglichst auszuschließen.

Für die Alpen-Johannisbeere wurden generell signifikante Unterschiede zwischen der *In situ*- und *Ex situ*-Bonitur festgestellt. Bei Betrachtung der einzelnen Gruppen zeigte sich jedoch, dass die Boniturnoten zwischen dem natürlichen Standort und der Plantage in Graupa nicht bei allen Populationen signifikant voneinander abwichen (Tabelle 26). So gab es zwischen dem Austriebsverhalten der Population ‚Löbauer Berg‘ am natürlichen Standort (*in situ*) und der Plantage in Graupa (*ex situ*) keinen signifikanten Unterschied.

Tabelle 26: Signifikante Unterschiede zwischen den *In situ*- und *Ex situ*-Standorten nach Population.

| Bonitur | VKG | N | Mittelwert | Signifikanter Unterschied zwischen <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Bonitur? |
|--------------------------------|-----|----|------------|--|
| Geisingberg <i>in situ</i> | 3 | 32 | 1,11 | ja |
| Geisingberg <i>ex situ</i> | 3 | 32 | 1,53 | |
| Rabenauer Grund <i>in situ</i> | 3 | 29 | 2,23 | ja |
| Rabenauer Grund <i>ex situ</i> | 3 | 29 | 1,79 | |
| Löbauer Berg <i>in situ</i> | 2 | 18 | 1,81 | nein |
| Löbauer Berg <i>ex situ</i> | 2 | 17 | 1,75 | |
| Obervogelgesang <i>in situ</i> | 2 | 28 | 2,31 | ja |
| Obervogelgesang <i>ex situ</i> | 2 | 28 | 1,91 | |

VKG: Vorkommensgebiet; N: Anzahl bonitierter Pflanzen

Das Austriebsverhalten der Herkünfte ‚Löbauer Berg‘, ‚Rabenauer Grund‘ und ‚Obervogelgesang‘ war am *Ex situ*-Standort in der Plantage in Graupa relativ einheitlich, so dass diese nach ANOVA in eine homogene Untergruppe eingeordnet wurden (Tabelle 27). Nur die Alpen-Johannisbeeren der

Population ‚Geisingberg‘ trieben auch am *Ex situ*-Standort deutlich langsamer als die anderen Herkünfte aus, so dass diese in eine eigene Untergruppe eingeordnet wurden. Das Austriebsverhalten der Population ‚Geisingberg‘ sowie der Populationen ‚Rabenauer Grund‘ und ‚Obervogelgesang‘ unterschied sich ebenfalls deutlich von der *Ex situ*-Bonitur, so dass diese ebenfalls in eigene Untergruppen eingeordnet wurden.

Tabelle 27: Homogene Untergruppen nach Gabriel für die mittleren Boniturnoten zwischen den Jahren

| Standort_ID | VKG | N | Untergruppe für Alpha = 0.05. | | | |
|--------------------------------|-----|----|-------------------------------|------|------|------|
| | | | 1 | 2 | 3 | 4 |
| Geisingberg <i>in situ</i> | 3 | 32 | 1,11 | | | |
| Geisingberg <i>ex situ</i> | 3 | 32 | | 1,53 | | |
| Löbauer Berg <i>ex situ</i> | 2 | 17 | | | 1,75 | |
| Rabenauer Grund <i>ex situ</i> | 3 | 29 | | | 1,79 | |
| Löbauer Berg <i>in situ</i> | 2 | 18 | | | 1,81 | |
| Obervogelgesang <i>ex situ</i> | 2 | 28 | | | 1,91 | |
| Rabenauer Grund <i>in situ</i> | 3 | 29 | | | | 2,23 |
| Obervogelgesang <i>in situ</i> | 2 | 28 | | | | 2,31 |
| Signifikanz | | | 1,0 | 1,0 | 1,0 | ,96 |

VKG: Vorkommensgebiet; N: Anzahl bonitierter Pflanzen

4.7.6. Zusammenfassung der vergleichenden Auswertung zwischen der phänologischen Bonitur *In situ* und *Ex situ*

Bei allen drei untersuchten Arten wurden signifikante Unterschiede im Austriebsverhalten zwischen den Boniturjahren gefunden. Jedoch zeigte sich beim paarweisen Mittelwertvergleich mittels Post-Hoc-Test, dass sich bei Wildapfel, Wildbirne und Alpen-Johannisbeere nur der Blattaustrieb des Jahres 2014 signifikant von den anderen beiden Untersuchungsjahren unterscheidet. Diese deutliche Abweichung ist vor allem auf den extrem milden Winter im Jahr 2014 zurückzuführen. Die Tagesmitteltemperaturen des Jahres 2014 waren fast durchgehend im positiven Bereich und wurden nur durch eine Frostperiode von wenigen Tagen im Februar unterbrochen. Selbst in den Hochlagen waren Frosttage die Ausnahme. Dadurch begann im Jahr 2014 im Mittel die Vegetationsperiode etwa 2-3 Wochen früher als in ‚durchschnittlichen‘ Jahren und entsprechend früher startete der Blattaustrieb. Die Winter in den Jahren 2015 und 2016 waren im Vergleich zum Jahr 2014 wesentlich kühler, mit ausgeprägten Frostperioden und Schneebedeckung im Gebirge, weshalb die Vegetationsperiode in diesen beiden Jahren etwa 2 bis 4 Wochen später begann. Die signifikanten Unterschiede im Austriebsverhalten zwischen den Boniturjahren können daher auf die extremen Temperaturen im Winter und im Frühjahr im Jahr 2014 zurückgeführt werden.

Trotz der jährlichen Schwankungen war die Reihenfolge, bei welcher Population der Blattaustrieb begann, bei allen drei Modellarten in den drei Jahren konstant. So startet beim Wildapfel in jedem Boniturjahr die Population ‚Leipzig‘ mit dem Blattaustrieb, bei der Wildbirne war es die Population ‚Zadel‘ und bei der Alpen-Johannisbeere die Population ‚Obervogelgesang‘. Diese drei Populationen befinden sich alle in Vorkommensgebiet 2.

Signifikante Unterschiede beim Blattaustrieb zwischen den beiden Vorkommensgebieten wurden für die Modellart Wildapfel und Alpen-Johannisbeere gefunden. Bei der Wildbirne unterschieden sich die mittleren Boniturnoten der Pflanzen aus Vorkommensgebiet 2 und 3 nicht signifikant voneinander. Für eine detailliertere Betrachtung wurden dazu die Mittelwerte der einzelnen Populationen miteinander verglichen. Hier zeigte sich, dass die oben beschriebene Signifikanz auch auf Mittelwertunterschieden des Blattaustriebs zwischen den einzelnen Populationen beruhen kann und diese nicht allein durch Unterschiede zwischen den Vorkommensgebieten bedingt ist. So zeigte beispielsweise der paarweise Mittelwertvergleich beim Wildapfel und der Wildbirne, dass sich der Blattaustrieb von Populationen aus unterschiedlichen Vorkommensgebieten nicht unbedingt signifikant unterscheidet.

Vielmehr weisen einzelne Populationen, wie beispielsweise die Wildapfelpopulation ‚Leipzig‘ oder die Wildbirnenpopulation ‚Zadel‘ deutliche Unterschiede im Blattaustrieb gegenüber den anderen bonitierten Populationen auf. Diese Beobachtung beruht jedoch nicht auf ihrer Zuordnung zu einem Vorkommensgebiet, sondern eher auf den besonderen klimatischen Standortverhältnissen, in denen sich die jeweilige Population befindet. Eine ähnliche Beobachtung wurde beim Vergleich der Mittelwerte zum Blattaustrieb bei der Alpen-Johannisbeere gemacht. Hier zeigte sich, dass sich alle untersuchten Populationen signifikant voneinander unterschieden. Aber auch hier spielte es dabei keine Rolle, aus welchem Vorkommensgebiet die Population stammte, da der Blattaustrieb bei zwei Populationen aus zwei unterschiedlichen Vorkommensgebieten ähnlicher war, als bei den zwei Populationen aus demselben Vorkommensgebiet.

Weiterhin wurde geprüft, ob sich der Blattaustrieb zwischen dem natürlichen Standort und der Plantage der Forstbaumschule in Graupa signifikant unterscheidet. Hier wurde bei allen untersuchten Modellarten ein signifikanter Unterschied zwischen der Bonitur *in situ* und *ex situ* gefunden. Der Einzelvergleich der Mittelwerte zeigte, dass die signifikanten Unterschiede zwischen dem Blattaustrieb *in situ* und *ex situ* nicht bei allen Populationen gegeben ist. Keine signifikanten Unterschiede zwischen *in situ* und *ex situ* zeigten zum Beispiel die Wildapfelpopulationen, deren natürlicher Standort ebenfalls im mitteldeutschen Tiefland lag und vergleichbare klimatische Verhältnisse wie der *Ex situ*-Standort in Graupa aufwies. Generell anders verhielt es sich bei den Populationen aus dem Vorkommensgebiet 3. Alle bonitierten Modellarten aus Vorkommensgebiet 3 zeigten am *Ex situ*-Standort Graupa (Vorkommensgebiet 2) ein deutlich anderes Blattaustriebsverhalten als am natürlichen Standort. Diese signifikanten Unterschiede zwischen dem Blattaustrieb *In situ* und *Ex situ* beruhten darauf, dass die Pflanzen durch die wärmeren Temperaturen am Standort in Graupa eher austrieben. Aber auch der Blattaustrieb einiger Populationen aus Vorkommensgebiet 2 zeigte am *Ex situ*-Standort signifikante Unterschiede zum natürlichen Standort, wie zum Beispiel die Wildbirnenpopulation ‚Voigtsbusch‘ und die Alpen-Johannisbeerpopulation ‚Obervogelgesang‘. Bei der Wildbirnenpopulation aus ‚Voigtsbusch‘ war der Blattaustrieb aufgrund der anderen klimatischen Verhältnisse auf der Plantage in Graupa eher, bei der Alpen-Johannisbeerpopulation aus ‚Obervogelgesang‘ dagegen später.

Weiterhin zeigte die *Ex situ*-Bonitur, dass sich der Blattaustrieb unter gleichen Standortverhältnissen soweit annähern kann, dass im Gegensatz zur *In situ*-Bonitur zwischen den Populationen keine signifikanten Unterschiede mehr feststellbar waren (z.B. Wildbirne) bzw. nur einzelne Populationen sich deutlich unterscheiden (z.B. Alpen-Johannisbeere Population ‚Geisingberg‘). Dieses Ergebnis deutet darauf hin, dass sich die untersuchten Modellarten, unabhängig aus welchem Vorkommensgebiet sie stammen, auf die klimatischen Verhältnisse eines fremden Standortes (*ex situ*) bis zu einem gewissen Grad einstellen können (phänotypische Plastizität).

Diese Ergebnisse lassen darauf schließen, dass hinsichtlich des Blattaustriebs Herkünfte von seltenen Wildobstare aus Vorkommensgebiet 3 auch in Vorkommensgebiet 2 und umgekehrt verwendet werden können.

5. Genetische Charakterisierung der Individuen der Modellbestände

5.1. Genetische Analysemethoden und statistische Auswertung

5.1.1. DNA Extraktion

Die DNA Extraktion und Quantifizierung erfolgte durch die Firma LGC Genomics (Berlin). Alle Proben wurden auf 10ng DNA/µl verdünnt.

5.1.2. Mikrosatelliten Analysen

Für die Mikrosatelliten Analyse der Modellarten wurden fünf bis neun SSR Primer verwendet, die in zwei bis drei Multiplex-Reaktionen kombiniert wurden (Anlage 3). Die Forward Primer in einer Multiplex-Reaktion wurden mit 3 verschiedenen Farbstoffen markiert: D2: Dye 751, Absorption max. 751nm; D3: BMN-6, Absorption max. 681nm; D4: BMN-5, Absorption max. 645nm (Biomers, Ulm). Die Multiplex PCR erfolgte nach Protokoll des 'Type-it microsatellite kit'® (Qiagen, Hilden). Die Elektrophorese wurde mit dem CEQ 8000 Genetic Analysis System ausgeführt und die Daten mit der CEQ 8000 Software analysiert (Beckman Coulter, Krefeld).

5.1.3. Genetische Analyse mit Chloroplasten DNA (cpDNA) Markern

Mit Hilfe von Chloroplasten DNA (cpDNA) Markern werden Unterschiede der DNA von Chloroplasten (Organellen für die Photosynthese) untersucht. Chloroplasten besitzen eine eigene DNA, das Genom wird in den meisten Pflanzen nur mütterlich vererbt und es gibt keine Rekombination. Aus diesem Grund zeigten amplifizierte DNA-Abschnitte innerhalb der Chloroplasten DNA wenig Variation. Die unterschiedlichen Allele, die dabei detektiert werden, können in jedem Individuum anders kombiniert sein. Für jede Kombinationsvariante wird ein Haplotyp abgeleitet.

Ein bestimmter Haplotyp kann individuen-, populations- oder auch artspezifisch sein. Daher eignen sich cpDNA Marker im Gegensatz zu den Kern-DNA Markern (wie z.B. Mikrosatelliten-Markern) gut für die Aufdeckung von regionalen Unterschieden bei Arten. Auch zur Unterscheidung von Arten können sie eingesetzt werden, je nachdem wie stark die Arten untereinander hybridisieren.

Für die Untersuchung der Wildobstarten wurden im Rahmen des Projektes für fünf cpDNA Regionen Primer entwickelt und ihre Anwendung an den Wildobstarten erprobt (Reim et al. 2016a und unveröffentlicht). Bei Wildapfel, Wildbirne und Gemeiner Eberesche konnte die Anwendung der cpDNA Marker erfolgreich etabliert werden (Tabelle 28). Die Primer wurden in einer Multiplex-Reaktion zusammengefasst. Die Forward Primer in einer Multiplex-Reaktion wurden mit 3 verschiedenen Farbstoffen markiert: D2: Dye 751, Absorption max. 751nm; D3: BMN-6, Absorption max. 681nm; D4: BMN-5, Absorption max. 645nm (Biomers, Ulm). Die Multiplex PCR erfolgte nach Protokoll des 'Type-it microsatellite kit'® (Qiagen, Hilden). Die Elektrophorese wurde mit dem CEQ 8000 Genetic Analysis System ausgeführt und die Daten mit der CEQ 8000 Software analysiert (Beckman Coulter, Krefeld).

Tabelle 28: Chloroplasten Primer für die Analyse bei Wildapfel, Wildbirne und Gemeiner Eberesche

| Chloroplasten Region | Sequenz 5'-3' | Sequenz 5'-3' |
|----------------------|-----------------------------|------------------------|
| rps16_Intron | GACAAAAAGGGTTAGAGACCACTC | CTCGTACGGCTCGAGAAAAT |
| rps16-trnQ | CAGTAAGTACCATTTCGCTTTTTTATC | TTTCGACCAGTCTTCCGTTT |
| rpl2-trnH | CACTTAACACAAAAGCAGAAAAAGA | GGATCAAGGCAGTGGATTGT |
| matK | GGTTATGCGATCGTAGAAATGG | TTCCTTCCCTATACACGACTCT |
| trnC-ycf6 | GTGCTCCGGCATTCAATCTA | TCTATGAAACAATGGGAAGACG |

5.1.4. Genetische Analyse von SNP im Chloroplastengenom

Die Untersuchung des Chloroplastengenoms bei *Juniperus communis* erfolgte über eine sogenannte Allel-spezifische PCR (AS-PCR), mit der vorhandene SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) detektiert werden. Für den Nachweis eines SNPs wurden drei Primer eingesetzt. Zwei Primer flankieren die äußeren Bereiche des SNPs. Zusätzlich wird ein dritter, selektiver Primer eingesetzt. Dieser wird so designt, dass das 3'-Ende der Primersequenz mit der SNP-Position übereinstimmt (Tabelle 29). Eine Amplifikation eines zweiten Fragments durch den selektiven Primer erfolgt nur, wenn das Nukleotid (der SNP) am 3'-Ende komplementär mit der Primersequenz ist. Das PCR Protokoll erfolgte wie in Reim et al. 2016b beschrieben. Die Auftrennung der amplifizierten Fragmente erfolgt auf einem 3 %igen Agarosegel.

Tabelle 29: Primer für die Detektion von Chloroplasten SNPs mittels Allel-spezifischer PCR bei *Juniperus communis*

| Primer | cp-Region | SNP | Flankierende Primer 5' - 3' | Selektiver Primer 5' - 3' |
|---------|-------------------------------|----------------|--|------------------------------|
| IC-61* | <i>atpI</i> - <i>rpoC2</i> | C oder G | GCGAGTTTTCAAGAACTGCTCG ATTCAAGAAAAATCTTTCA | TTTCGGATCTATTTTACTCCC |
| VV-435* | <i>trnV</i> intron | T oder G | ATCTATATATTATGAACCGAATG CTAAATTCTAGGCATAATTAGAC | GAAAGTGATCTATTTTATTAGTC |
| VV-449* | <i>trnV</i> intron | A oder C | ATCTATATATTATGAACCGAATG CTAAATTCTAGGCATAATTAGAC | ATCATCTTGACAGAAAGTGAG |
| BD-616* | <i>petB</i> - <i>petD</i> | C oder T | GGGAAATGCATGCATTTTCAT CAGATCGAAATGTGTCTCTGT | AAGAGAATTATTTCTATGATCA |

5.1.5. Statistische Auswertung

Für die Berechnung der populationsgenetischen Parameter auf Basis der genetischen Daten wurden verschiedene Softwareprogramme verwendet. An dieser Stelle soll ein Überblick über alle verwendeten Softwareprogramme gegeben werden.

Genetische Diversität

Die Ermittlung der genetischen Diversität erfolgte mit Hilfe des Softwareprogramms GENALEX ver.6.5 (Peakall und Smouse 2012). Dabei wurden folgende Parameter mittels Softwareprogramm GENALEX ver.6.5 berechnet:

- Anzahl von Allelen pro Locus (N_a),
- effektive Anzahl von Allelen pro Locus (N_e): Maß für die Häufigkeitsverteilung der einzelnen Allele an einem Genort in einer Population. Den höchsten Wert erreicht die Diversität, wenn alle vorhandenen Allele die gleiche Häufigkeit aufweisen und sich damit auch in gleichen Anteilen an der Reproduktion beteiligen können.
- beobachtete Heterozygotie (H_o): Der Heterozygotenanteil in einer Population ist der Anteil an Genotypen, die an einem Genort zwei verschiedene Allele tragen d.h. heterozygot sind.
- erwartete Heterozygotie (H_e): neben dem tatsächlichen d.h. dem beobachteten Heterozygotiegrad einer Population kann auch noch der zu erwartende Heterozygotiegrad berechnet werden. Dies ist der Erwartungswert einer Population, die im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht ist
- Anzahl von Privaten Allelen (P_A): Allele, die nur in der jeweiligen Population vorkommen

Identifikation von Hybriden

Die Identifizierung von Hybriden innerhalb der Wildapfel- und Wildbirnen- Probensammlung erfolgte mit Hilfe des Softwareprogramm STRUCTURE ver. 2.3.4. (Pritchard et al. 2000). Um die Genauigkeit der Artidentifizierung zu verbessern, wurde bei dem modellbasierten Clustering-Verfahren das sogenannte POPINFO-Modell verwendet. Bei diesem wurden die untersuchten Individuen im Vorfeld entweder in Gruppe ‚Wildform‘ oder ‚Kulturform‘ eingeteilt. Um die Richtigkeit dieser Klassifizierung für jedes Einzelindividuum zu überprüfen und potentielle Immigranten aus der anderen Gruppe zu identifizieren, wurde das Programm STRUCTURE mit folgenden Parametern durchgeführt: Anzahl der Cluster $K = 2$; 50.000 Burn-In-Perioden, 50.000 Markov Chain Monte Carlo Wiederholungen und Verwendung des Admixture-Modells mit korrelierten Allelen. Alle Individuen in der Gruppe ‚Wildform‘, bei denen die Wahrscheinlichkeit unter 95 % lag, dass sie richtig eingestuft wurden, wurden als Hybrid klassifiziert.

Identifikation von Vätern

Die Identifikation von Vätern erfolgte mit Hilfe des Softwareprogramms CERVUS (Kalinowsky et al 2007). Auf Grundlage der genetischen Daten einer Nachkommenschaft, der Mütter und einem Pool aus Kandidaten-Vätern wird für den jeweiligen Sämling der wahrscheinlichste Vater ermittelt.

Identifikation von Klonen

Die Identifikation von genetisch identischen Individuen erfolgte mit dem Softwareprogramm GENCLONE (Arnaud-Haond et al. 2007).

Bestimmung der genetischen Cluster

Die Zuweisung der Individuen zu einer Population erfolgte mittels Bayesian Cluster Analysis. Dafür wurde das Softwareprogramm STRUCTURE verwendet. Dabei werden auf Basis der Allelfrequenzen an der untersuchten Loci die Individuen der wahrscheinlichsten Population zugeordnet. Das Softwareprogramm STRUCTURE HARVESTER (Earl und von Holdt, 2012) wurde verwendet, um den wahrscheinlichsten Wert für K (Anzahl der genetischen Gruppen) basierend auf Evanno's ΔK Methode zu bestimmen (Evanno et al. 2005).

Genetische Distanz

Unter Verwendung des Softwareprogramms GENALEX ver. 6.5 (Peakall et al. 2012) wurden verschiedene Parameter ermittelt, die eine Einschätzung der genetischen Distanz zwischen den Populationen erlauben:

- F_{st} -Wert: Maß für die Populationsdifferenzierung durch genetische Struktur. $F_{st}= 0.0- 0.05$: geringe genetische Differenzierung; $F_{st}= 0.05- 0.15$: mittlere genetische Differenzierung; $F_{st}= 0.15- 0.25$: große genetische Differenzierung; $F_{st}> 0.25$: sehr große genetische Differenzierung (Wright 1978).
- AMOVA: Prozentualer Anteil der molekularen Varianz und den ϕ_{PT} -Wert (eine Analoge zum F_{st} - Wert)

Bestimmung der Haplotypen

Mit Hilfe des Softwareprogramms HAPLOTYPE ANALYSIS ver. 1.05 (Eliades und Eliades 2009) wurden die Chloroplasten-Daten ausgewertet und die Anzahl der Haplotypen bestimmt.

5.2. Genetische Analyse beim Wildapfel (*M. sylvestris*)

5.2.1. Pflanzenmaterial *M. sylvestris*

Innerhalb von Sachsen wurden 6 verschiedene *M. sylvestris* Vorkommen mit insgesamt 294 Individuen beprobt. Weiterhin wurden 19 Referenzproben in die Analyse einbezogen. Dabei handelt es sich um zwei andere Wildapfelarten (*M. robusta* und *M. floribunda*) und 17 Kulturapfelsorten. Weiterhin wurden 185 Wildapfelproben aus anderen Teilen Deutschlands mit analysiert um die genetische Diversität und genetische Struktur der sächsischen Wildapfelpopulation mit anderen Populationen Deutschlands vergleichen zu können. Für die Untersuchung des Auskreuzungsverhaltens durch Pollen wurden nach freier Abblüte 564 Wildapfelsämlinge untersucht. Insgesamt standen für die genetische Charakterisierung des Wildapfels 1062 Proben zur Verfügung.

Tabelle 30: Liste der analysierten *M. sylvestris* Populationen, ihre Herkunft und Anzahl der beprobten Bäume

| Bundesland/Land | Vorkommens- gebiet | Region | POP Abkürzung | N | |
|------------------------|-----------------------|---------------|-----------------------------|-------------|-----|
| Sachsen | 3 | Bahrtetal | BAR | 72 | |
| Sachsen | 3 | Osterzgebirge | OE | 116 | |
| Sachsen | 2 | Leipzig | LEI | 74 | |
| Sachsen | 3 | Vogtland | VOG | 17 | |
| Sachsen | 2 | Torgau | TOR | 9 | |
| Sachsen | 2 | Voigtsbusch | VOI | 8 | |
| Summe | | | | 294 | |
| Sachsen-Anhalt | 2 | Dessau | DES | 29 | |
| Nordrhein-Westfalen | 4 | Arnsberg | ARN | 115 | |
| Schorfheide-Chorin | 2 | Brandenburg | BB | 23 | |
| Niedersachsen | 1 | Oldenburg | OLD | 10 | |
| Mecklenburg-Vorpommern | 1 | Vilm | VIL | 8 | |
| Summe | | | | 185 | |
| Weitere Pflanzenproben | | | | | |
| | | | Kultursorten | REF | 17 |
| | | | Wildarten | REF | 2 |
| | | | Sämlinge aus freier Abblüte | | 564 |
| TOTAL | | | | 1062 | |

5.2.2. Identifizierung von Hybriden

Für die Identifizierung von Hybriden innerhalb der *M. sylvestris* Proben wurden die genetischen Daten von 479 Wildapfelproben und 19 Referenzproben mittels STRUCTURE Analyse ausgewertet (Tabelle 31, Abbildung 32). Dabei wurden zunächst alle Individuen einer vordefinierten Population (,Wildart‘

bzw. ‚Kultursorte‘) zugeordnet. Das Programm errechnet anschließend für jedes Einzelindividuum die Wahrscheinlichkeit, dass das jeweilige Individuum dieser Population richtig zugeordnet wurde. Lag die Wahrscheinlichkeit unter 95 % wurde der entsprechende Baum als Hybrid eingestuft.

Tabelle 31: Anzahl identifizierter Hybride nach STRUCTURE-Analyse in den verschiedenen Wildapfelpopulationen

| Bundesland/Land | Region | POP Abkürzung | Gesamt | Hybride |
|----------------------------|---------------|------------------|--------|---------|
| Sachsen | Bahretetal | BAR | 72 | 9 |
| Sachsen | Osterzgebirge | OE | 116 | 26 |
| Sachsen | Leipzig | LEI | 74 | 1 |
| Sachsen | Vogtland | VOG | 17 | 7 |
| Sachsen | Torgau | TOR | 9 | 3 |
| Sachsen | Voigtsbusch | VOI | 8 | 3 |
| Summe | | | 294 | 49 |
| Sachsen-Anhalt | Dessau | DES | 29 | 1 |
| Nordrhein-Westfalen | Arnsberg | ARN | 115 | 40 |
| Schorfheide-Chorin | Brandenburg | BB | 23 | 0 |
| Niedersachsen | Oldenburg | OLD | 10 | 1 |
| Mecklenburg- Vorpommern | Vilm | VIL | 8 | 2 |
| Summe | | | 185 | 44 |

Innerhalb der sächsischen Populationen wurden 49 Individuen (16,7 %) als Hybrid identifiziert (Tabelle 31). Von den untersuchten Wildapfelindividuen, die von Populationen außerhalb Sachsens stammen, wurden insgesamt 44 Einzelbäume als Hybrid identifiziert (23,8 %). Die identifizierten Hybride wurden von den weiteren Analysen ausgeschlossen.



Abbildung 32: Balkendiagramm nach STRUCTURE Analyse zur Identifizierung ‚artreiner‘ Individuen unter Verwendung des POPINFO-Modells.

Die genetische Information der Wildapfel-Individuen ist in der Abbildung als roter Balken gekennzeichnet. Die grünen Balken markieren die genetische Information der *M. x domestica* Referenzgenotypen. Hybride enthalten sowohl die genetische Information der Wildform (rot), als auch die genetische Information der Kulturform (grün) und sind daher durch Balken, die beide Farben enthalten, erkennbar. Beim Überschreiten eines Schwellenwertes von mehr als 5 % der genetischen Information der Kulturform (grün) innerhalb des potentiellen *M. sylvestris* Individuums wurde dieses als Hybrid eingestuft.

5.2.3. Genetische Diversität innerhalb der *M. sylvestris* Populationen

Die genetische Diversität innerhalb der einzelnen Populationen aus Sachsen und den fünf Vergleichspopulationen (vgl. Tabelle 30) aus anderen Gebieten in Deutschland wurde auf Basis der unterschiedlichen Allelfrequenzen ermittelt (Tabelle 32).

Die durchschnittliche Anzahl der Allele schwankte in den sächsischen Populationen zwischen $N_a = 7$ bis $N_a = 15$ und lag im Mittel bei $N_a = 10$. Wie zu erwarten, wurden in Populationen mit einem größeren Stichprobenumfang mehr Allele detektiert als in kleineren Populationen. Die Anzahl der effektiven Allele war mit $N_e = 3,94$ bis $5,09$ deutlich niedriger als N_a . Die beobachtete Heterozygotie betrug zwischen $H_o = 0,71$ und $H_o = 0,81$. Die erwartete Heterozygotie (H_e) in den sächsischen Populationen variierte zwischen $H_e = 0,72$ und $H_e = 0,76$ und lag im Mittel bei $H_e = 0,75$, was auf eine hohe genetische Diversität in den *M. sylvestris* Populationen hindeutet. Für die Population ‚Leipzig‘ wurden zwei private Allele ermittelt, die mit einer Frequenz von $> 0,03$ in der Population vertreten waren.

Tabelle 32: Populationsgenetische Parameter zur Einschätzung der genetischen Diversität in den *M. sylvestris* Populationen in Sachsen und vergleichend in anderen Populationen Deutschlands sowie in den Kulturapfelsorten.

| Sächsische Populationen | N | N_a | N_e | H_o | H_e | PA |
|--|-----|-------|-------|-------|-------|----------|
| Bahretal | 63 | 11 | 5,09 | 0,74 | 0,77 | 0 |
| Osterzgebirge | 87 | 15 | 5,41 | 0,75 | 0,77 | 0 |
| Vogtland | 14 | 7 | 3,94 | 0,73 | 0,72 | 0 |
| Leipzig | 66 | 12 | 4,64 | 0,71 | 0,76 | 2 |
| Torgau | 8 | 7 | 4,92 | 0,81 | 0,75 | 0 |
| Wildapfel Sächsische Pop. Gesamt | 48 | 10 | 4,80 | 0,75 | 0,75 | $\sum 2$ |
| Andere Wildapfelpopulationen in Deutschland | | | | | | |
| Arnsberg (Nordrhein-Westfalen) | 75 | 13 | 4,58 | 0,66 | 0,74 | 0 |
| Dessau (Sachsen-Anhalt) | 28 | 9 | 4,10 | 0,69 | 0,70 | 1 |
| Vilm (Mecklenburg-Vorpommern) | 6 | 5 | 2,85 | 0,57 | 0,58 | 1 |
| Oldenburg (Niedersachsen) | 8 | 6 | 3,78 | 0,67 | 0,71 | 0 |
| Schorfheide Chorin (Brandenburg) | 21 | 6 | 3,81 | 0,71 | 0,70 | 0 |
| Wildapfel andere Pop. Gesamt | 39 | 9 | 4,36 | 0,71 | 0,72 | $\sum 2$ |

N : Anzahl untersuchter Individuen; N_a : Anzahl unterschiedlicher Allele; N_e : Anzahl effektiver Allele ($= 1 / (\sum p_i^2)$); p_i : relative Häufigkeit des i^{th} Allels; H_o : beobachtete Heterozygotie ($= \text{Anzahl der Heterozygoten} / N$); H_e : erwartete Heterozygotie ($= 1 - \sum p_i^2$); PA : Anzahl der privaten Allele die nur in der Population zu finden sind und mit einer Frequenz von $> 0,03$ auftreten.

In den Wildapfel-Vergleichspopulationen, die aus anderen Gebieten in Deutschland stammten, schwankte die Anzahl der detektierten Allele zwischen $N_a = 5$ bis $N_a = 13$ und lag im Mittel bei $N_a = 9$. Auch hier korrelierte die Anzahl der detektierten Allele mit dem Stichprobenumfang. Die Anzahl der effektiven Allele war auch in den Vergleichspopulationen mit $N_e = 2,85$ bis $4,58$ deutlich niedriger

als N_a . Die beobachtete Heterozygotie lag im Mittel bei $H_o = 0,71$ und die erwartete Heterozygotie bei $H_e = 0,72$. Beide Heterozygotie-Werte waren damit mit den Werten der sächsischen Populationen vergleichbar. Jeweils ein privates Allel wurde in den Individuen aus Dessau und aus Mecklenburg-Vorpommern detektiert.

5.2.4. Genetische Distanz zwischen den *M. sylvestris* Populationen

Die genetische Distanz zwischen den einzelnen Populationen aus Sachsen und den fünf Vergleichspopulationen aus anderen Gebieten in Deutschland wurde auf Basis von Wright's fixation index (F_{st}) ermittelt (Tabelle 33). Bei den untersuchten Wildapfelpopulationen schwankten die F_{st} -Werte zwischen $F_{st} = 0,013$ und $F_{st} = 0,089$. Innerhalb der untersuchten sächsischen Populationen lag der höchste F_{st} -Wert bei 0,049 zwischen der Population 'Torgau' (VKG 2) und 'Vogtland' (VKG 3) und der geringste F_{st} -Wert bei 0,013 zwischen den beiden sächsischen Populationen 'Bahretal' (VKG 3) und 'Osterzgebirge' (VKG 3).

Tabelle 33: Paarweise F_{st} -Wert zur Bewertung der genetischen Distanz der untersuchten Wildapfelpopulationen

| Population | | Bahretal | Osterzgebirge | Vogtland | Leipzig | Torgau | Arnsberg | Brandenburg | Dessau | Meckl. Vorp. |
|----------------------|-----|----------|---------------|----------|---------|--------|----------|-------------|--------|--------------|
| | VKG | III | III | III | II | II | IV | II | II | I |
| Bahretal | | | | | | | | | | |
| Osterzgebirge | III | 0,013 | | | | | | | | |
| Vogtland | | 0,040 | 0,044 | | | | | | | |
| Leipzig | | 0,022 | 0,023 | 0,035 | | | | | | |
| Torgau | II | 0,031 | 0,033 | 0,049 | 0,019 | | | | | |
| Arnsberg | IV | 0,029 | 0,018 | 0,047 | 0,026 | 0,038 | | | | |
| Brandenburg | | 0,037 | 0,035 | 0,069 | 0,050 | 0,053 | 0,027 | | | |
| Dessau | II | 0,022 | 0,021 | 0,038 | 0,014 | 0,023 | 0,024 | 0,038 | | |
| Meckl.-Vorp. | | 0,046 | 0,036 | 0,067 | 0,046 | 0,048 | 0,042 | 0,053 | 0,035 | |
| Niedersachsen | I | 0,056 | 0,052 | 0,089 | 0,052 | 0,062 | 0,040 | 0,061 | 0,046 | 0,065 |

$F_{st} = 0,0 - 0,05$: geringe genetische Differenzierung; $F_{st} = 0,05 - 0,15$: mittlere genetische Differenzierung; $F_{st} = 0,15 - 0,25$: große genetische Differenzierung; $F_{st} > 0,25$: sehr große genetische Differenzierung (Wright 1978), **Fett**: sächsische Wildapfelpopulationen, grün hinterlegt: höchster Wert, orange hinterlegt: geringster Wert

Obwohl der geringste genetische Unterschied zwischen zwei Populationen aus demselben Vorkommensgebiet ermittelt wurde, wiesen Populationen aus gleichen Vorkommensgebieten nicht immer geringere F_{st} -Werte (d.h. eine geringe genetische Distanz) auf. Umgekehrt wiesen Populationen aus unterschiedlichen Vorkommensgebieten nicht immer höhere F_{st} -Werte (d.h. eine höhere genetische Distanz) auf. Vielmehr zeigte sich, dass die genetische Struktur bei Populationen aus demselben Vorkommensgebiet ausgeprägter sein kann, als bei Populationen, die aus verschiedenen Vorkommensgebieten stammen. Generell waren über 70 % der ermittelten F_{st} -Werte

kleiner als 0,49, was auf eine geringe genetische Differenzierung zwischen den Wildapfelpopulationen hindeutet. Die restlichen F_{st} -Werte mit 0,050 bis 0,089 lassen auf eine mittlere genetische Differenzierung zwischen den untersuchten Wildapfel-Populationen schließen.

Die STRUCTURE-Analyse bestätigte die oben beschriebenen Ergebnisse. Für die Identifizierung der richtigen Anzahl von Clustern (K) wurde das Programm mit folgenden Parametern laufen gelassen: Anzahl der Cluster $K = 2 - 10$; 50.000 „Burn-In“-Perioden, 50.000 Markov Chain Monte Carlo Wiederholungen und Verwendung des Admixture-Modells mit korrelierten Allelen. Die von STRUCTURE erstellten Daten wurden mit dem nachfolgenden Programm STRUCTURE HARVESTER ausgewertet. Basierend auf Evanno's ΔK method (Evanno et al 2005) wird mit diesem Programm der wahrscheinlichste Wert für K (Anzahl der Populationen) ermittelt. Dabei zeigte sich, dass die untersuchten Wildapfelpopulationen in drei genetische Gruppen ($K=3$) eingeteilt werden konnten (Abbildung 33).

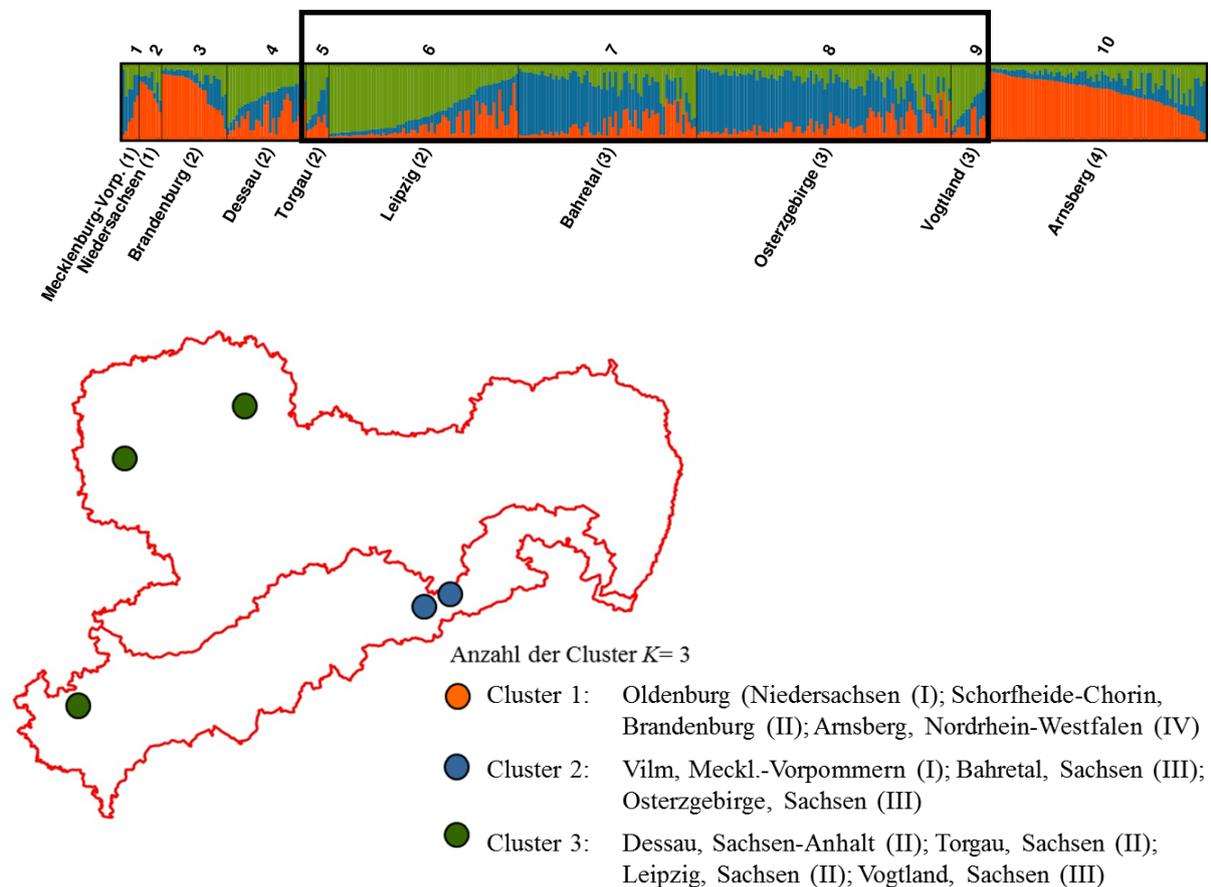


Abbildung 33: Clusterzuordnung der untersuchten Wildapfel-Populationen nach STRUCTURE-Analyse ($K=3$). Bei den Populationen im schwarzen Rahmen handelt es sich um die sächsischen Populationen.

Die Zahlen in den Klammern geben das Vorkommensgebiet an.

Ein Cluster bildeten die Populationen aus Niedersachsen/Oldenburg (VKG 1), Brandenburg/Schorfheide-Chorin (VKG 2) und Nordrhein-Westfalen/Arnsberg (VKG 4). Das zweite Cluster bildet die Populationen aus Mecklenburg/ Vilm (VKG 1) und die beiden sächsischen

Populationen ‚Bahretal‘ und ‚Osterzgebirge‘ (beide VKG 3). In das dritte Cluster wurden die Populationen aus Sachsen-Anhalt/Dessau und die sächsischen Populationen ‚Torgau‘ und ‚Leipzig‘, die aus VKG 2 stammen, sowie die sächsische Population ‚Vogtland‘ aus VKG 3 zusammengefasst.

Betrachtet man die sächsischen Vorkommen, so war zwar kein uneingeschränkter Zusammenhang zwischen der genetischen Struktur und den Vorkommensgebieten zu erkennen, aber ein Zusammenhang zwischen der regionalen Verbreitung und der Einteilung in genetische Gruppen. So bildeten jeweils die im Osten bzw. Westen gelegenen Wildapfelpopulationen in Sachsen eine eigene genetische Gruppe.

Bezieht man jedoch die Wildapfelpopulationen aus den anderen Bundesländern mit in die Betrachtung ein, sind weder Zusammenhänge zwischen den genetischen Clustern und der Einteilung nach Vorkommensgebieten, noch nach einer regionalen Verteilung zu erkennen. Diese fehlenden Zusammenhänge verdeutlicht am besten das Cluster 1, in dem die Wildapfelpopulationen aus Niedersachsen/Oldenburg, Brandenburg/Schorfheide-Chorin und Nordrhein-Westfalen/Arnsberg zusammengefasst wurden. Die drei Populationen stammen aus unterschiedlichen Vorkommensgebieten und liegen auch räumlich sehr weit auseinander. Ein Zusammenhang zwischen der genetischen Struktur auf Basis der Mikrosatellitendaten und des Vorkommensgebietes oder der Region war bei den untersuchten Wildapfelpopulationen in dieser Arbeit nicht zu erkennen.

5.2.5. cpDNA Untersuchungen beim *M. sylvestris*

Da auf Basis der Mikrosatelliten-Daten nur geringe genetische Strukturen zwischen den Wildapfelpopulationen zu erkennen waren, erfolgte zusätzlich eine genetische Untersuchung mittels cpDNA-Markern. Hier wurden jedoch nur die sächsischen *M. sylvestris* Populationen untersucht.

Aus den sächsischen *M. sylvestris* Vorkommen standen insgesamt 195 ‚echte‘ Individuen für die cpDNA Analysen zur Verfügung (Tabelle 34). Da die Pflanzenanzahl aus Voigtsbusch zu gering war, wurden diese nicht in die Analysen einbezogen. Weiterhin wurden 17 Apfelsorten als Referenz verwendet.

Tabelle 34: Liste der analysierten *M. sylvestris* Bäume und ihre Herkunft in Sachsen.

| Population | Abkürzung | N |
|---------------|-----------|-----|
| Bahretal | BAT | 53 |
| Osterzgebirge | OEG | 73 |
| Leipzig | LEI | 51 |
| Vogtland | VOG | 11 |
| Torgau | TOR | 7 |
| | | 195 |

N= Anzahl untersuchter Pflanzen

Innerhalb der Probensammlung zeigten vier Chloroplasten Regionen (*matK*, *rpl2_trnH*, *rps16_Intron* und *rps16_trnQ*) polymorphe Banden. Die untersuchte Chloroplasten Region *trnC-ycf6* zeigten keine Variation. Für die Regionen *matK* und *rps16_trnQ* wurden jeweils zwei unterschiedliche Allele detektiert. Für die Regionen *rps16_Intron* und *rpl2_trnH* wurden jeweils drei bzw. vier unterschiedliche Allele festgestellt. Insgesamt wurden mit Hilfe des Programms HAPLOTYPE ANALYSIS ver. 1.05 daraus 15 Haplotypen in den *Malus*- Proben abgeleitet (Tabelle 35).

Tabelle 35: Fragmentlängen (bp) und abgeleitete Haplotypen in Wildapfel und Kulturapfel

| Haplotyp | <i>matK</i> | <i>rpl2_trnH</i> | <i>rps16_Intron</i> | <i>rps16_trnQ</i> |
|----------|-------------|------------------|---------------------|-------------------|
| H1 | 158 | 152 | 245 | 304 |
| H2 | 158 | 152 | 247 | 304 |
| H3 | 158 | 152 | 249 | 304 |
| H4 | 158 | 156 | 247 | 304 |
| H5 | 158 | 165 | 245 | 304 |
| H6 | 158 | 165 | 247 | 304 |
| H7 | 158 | 165 | 249 | 304 |
| H8 | 158 | 170 | 245 | 304 |
| H9 | 158 | 170 | 247 | 304 |
| H10 | 158 | 170 | 247 | 312 |
| H11 | 178 | 152 | 245 | 304 |
| H12 | 178 | 152 | 247 | 304 |
| H13 | 178 | 152 | 249 | 304 |
| H14 | 178 | 170 | 245 | 304 |
| H15 | 178 | 170 | 247 | 304 |

In der gesamten *M. sylvestris* Probensammlung wurden insgesamt 9 Haplotypen detektiert (H1, H2, H3, H5, H6, H7, H11, H12, H13) (Abbildung 34). Am häufigsten wurde der Haplotyp H2 mit 59,5%, gefolgt von H1 mit 13,3% und H12 mit 11,8 % gefunden. Die Häufigkeit der Haplotypen H3, H11 und H6 variierte zwischen 6,7% und 2,6%. Die Haplotypen H5, H13 und H7 waren nur in 1% bzw. 0,5% der Proben vertreten. Im Kulturapfel wurden acht verschiedene Haplotypen gefunden (H4, H5, H8, H9, H10, H11, H14, H15). Am häufigsten trat der Haplotyp H11 mit 41,2% auf, gefolgt von H14 mit 17,6% und H9 mit 11,8%. Die anderen Haplotypen (H4, H5, H8, H10, H15) wurden in je einer Kultursorte gefunden, was einem Prozentsatz von 5,9% entspricht. Sieben (H1, H2, H3, H6, H7, H12, H13) von neun detektierten Haplotypen in den Wildapfelproben kamen nur in *M.sylvestris* vor und nicht im Kulturapfel. Nur die beiden Haplotypen H11 und H5 waren im Kulturapfel als auch im Wildapfel (mit 3,6% bzw. 1 %) vertreten. Damit wurde ein eindeutiger Unterschied in der Haplotypenverteilung zwischen Wild- und Kulturapfel gefunden.

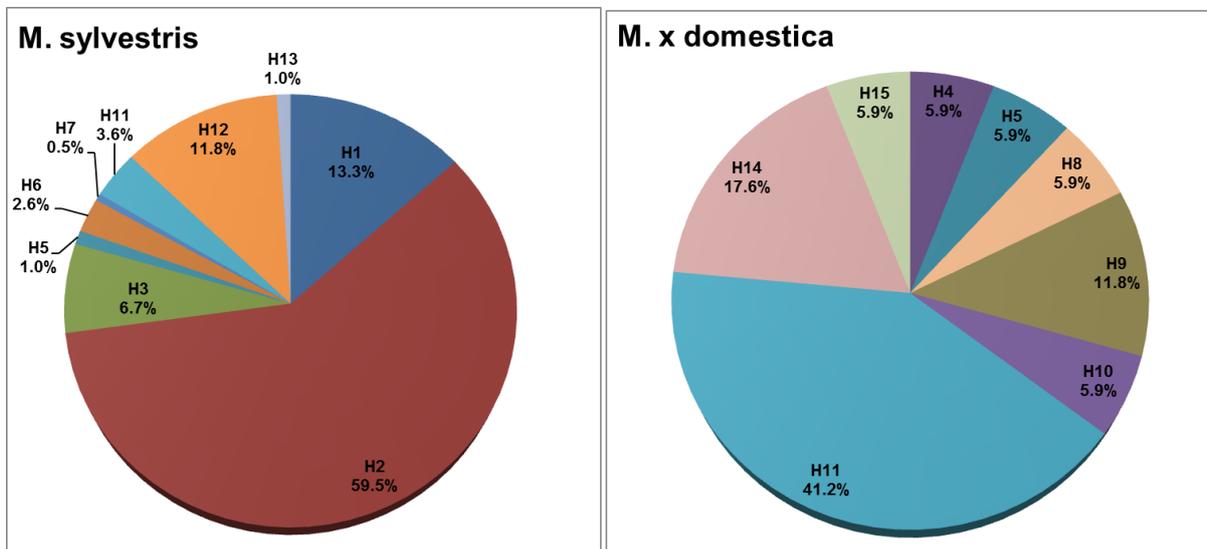


Abbildung 34: Haplotypenverteilung bei *M. sylvestris* und *M. x domestica*

Bei der Betrachtung der einzelnen Wildapfelpopulationen in Sachsen wurden ebenfalls Unterschiede in der Haplotypenverteilung festgestellt (Abbildung 35). In allen Populationen wurden Individuen mit dem Haplotyp H2 (rotbraun) gefunden. In den Populationen ‚Vogtland‘, ‚Osterzgebirge‘ und ‚Bahretal‘ aus Vorkommensgebiet 3 trat als zweithäufigster Haplotyp H1 (blau) auf. In beiden letzteren Populationen zeigte ein großer Teil der Individuen als weiteren Haplotyp H12 (orange) sowie zu geringeren Anteilen H11, H6 und H5. Diese Haplotypen konnten jedoch in der Population aus dem Vogtland nicht detektiert werden. Hier war neben H1 und H2 der Haplotyp H3 (grün) zu finden. Eine ähnliche Verteilung wie im Vogtland konnte in der Population aus Leipzig festgestellt werden. Hier fand sich hauptsächlich H2 gefolgt von H3 und H1 und zu einem geringen Anteil Haplotyp H12. In der Population aus Torgau wurden neben dem Haupt-Haplotyp H2 zwei völlig andere Haplotypen mit H7 (lila) und H13 (braun) im Vergleich zu den anderen vier Wildapfelpopulationen in Sachsen festgestellt.

Damit war ähnlich der genetischen Cluster, die aus den SSR-daten ermittelt wurden, kein Zusammenhang zwischen der genetischen Struktur und den Vorkommensgebieten zu erkennen. Gewisse regionale Besonderheiten der Haplotypen waren jedoch bei einzelnen Pflanzen zu erkennen.

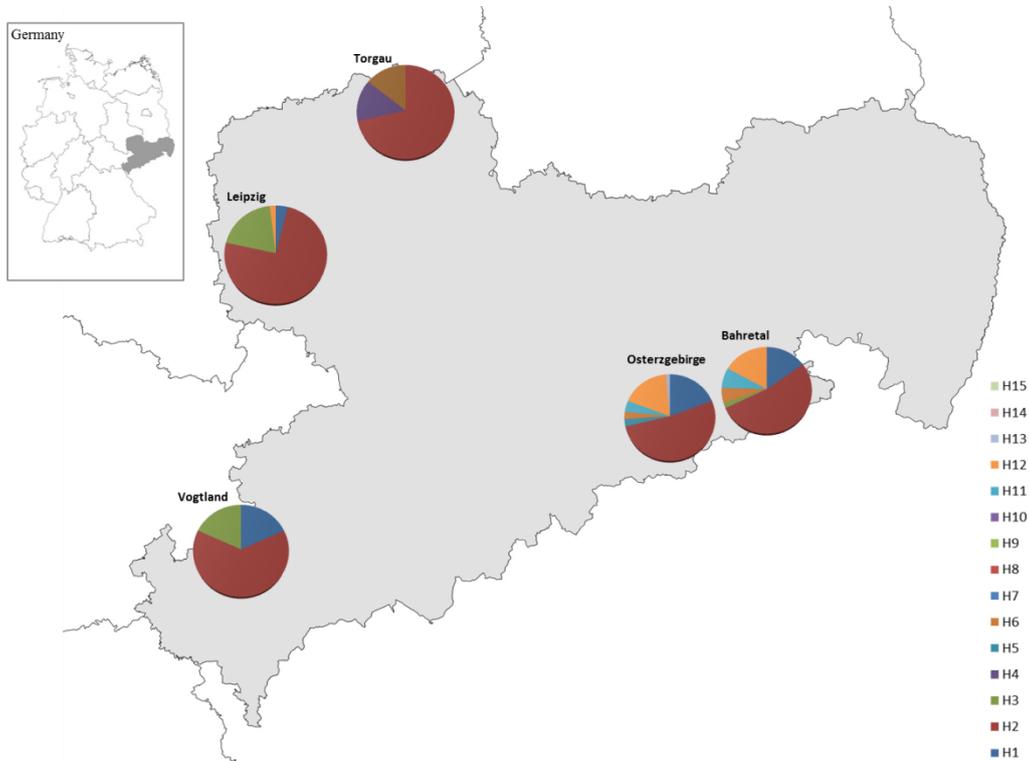


Abbildung 35: Haplotypenverteilung in den fünf untersuchten Wildapfel Populationen in Sachsen

Die Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) auf Basis der cpDNA-Untersuchungen zeigte signifikante, aber sehr geringe genetische Unterschiede zwischen den Wildapfelpopulationen. Nur 3% der genetischen Varianz war auf genetische Unterschiede zwischen den Populationen zurückzuführen. Der Hauptteil der genetischen Varianz (97 %) basierte auf genetischen Unterschieden, die innerhalb der Populationen auftraten (Abbildung 36).

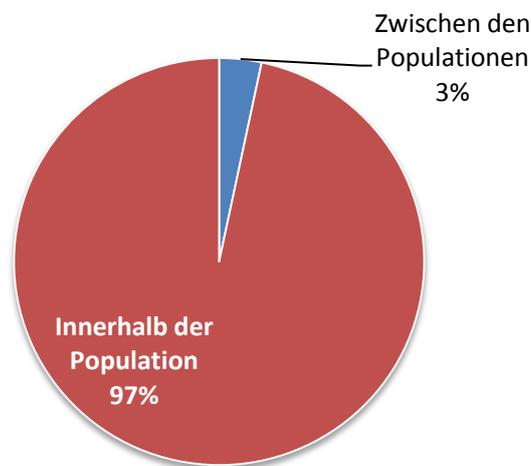


Abbildung 36: Ergebnis der AMOVA auf Grundlage der untersuchten cpDNA-Marker beim Wildapfel

5.2.6. Bestimmung der Pollentransportdistanzen beim Wildapfel

5.2.6.1. Probenmaterial

Für die Bestimmung der Pollentransportdistanzen in einer natürlichen Wildapfelpopulation wurden im Osterzgebirge nach freier Abblüte ausgewählte Mutterbäume beprobt. Dazu wurden im Projektjahr 2012 von 40 Wildapfelbäumen aus dem Osterzgebirge Früchte geerntet, die Samen gewonnen, ihre Vitalität getestet und für 90 Tage stratifiziert. Ende Januar 2013 wurden die Samen im Gewächshaus ausgesät. Nach 6 Wochen wurde eine Stichprobe von 10 Nachkommen/Mutterbaum beprobt. Aus dem Blattmaterial wurde die DNA extrahiert und die 400 Sämlinge genetisch mit 9 SSR-Markern analysiert. Die genetischen Daten der 400 Wildapfel Nachkommen aus dem Jahr 2012 wurden mit populationsgenetischen Statistikverfahren ausgewertet. Einbezogen in die Auswertung wurden die genetischen Daten von weiteren 164 Wildapfel Nachkommen sowie 297 potentiellen *M. sylvestris* Pollenspenderbäumen aus dem Wildapfelprojekt (Fkz. 06BM002/2). Insgesamt wurden 564 Nachkommen von 51 Mutterbäumen analysiert. Diese stammten aus sieben Erntegebieten, in denen 5-20 Bäume pro Gebiet beprobt wurden ('Sachsenhöhe', 'Kohlbachtal', 'Luchberg', 'Cunnersdorf', 'Johnsbach'). Zwei Erntegebiete repräsentieren Einzelstandorte ('Glashütte', 'Oberfrauendorf') (Abbildung 37).

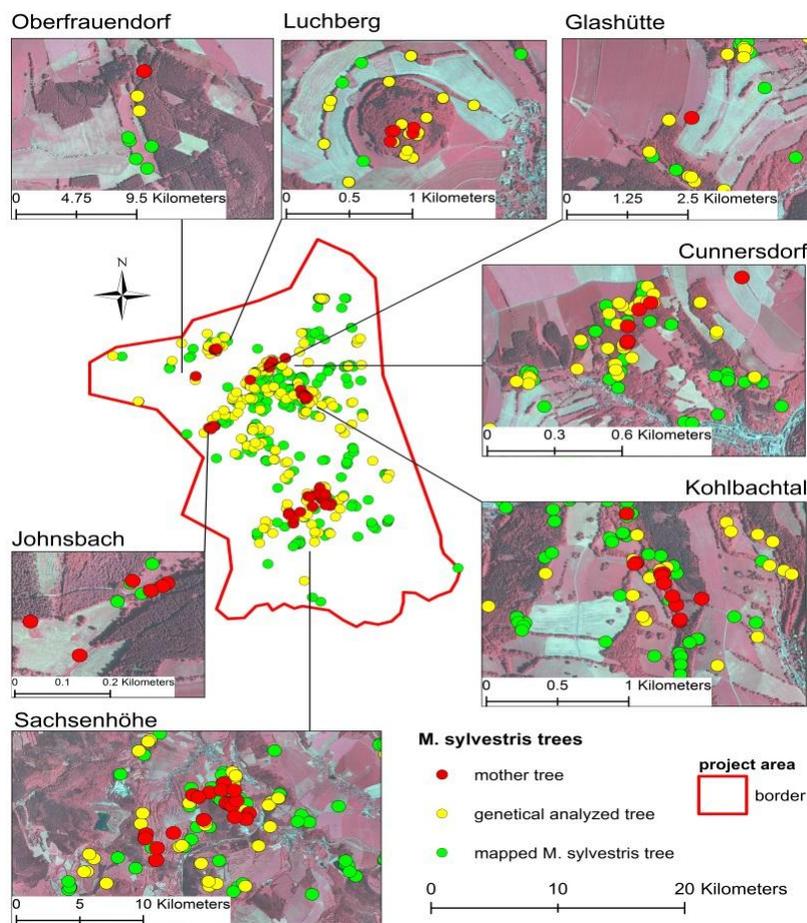


Abbildung 37: Erntegebiete im Osterzgebirge zur Untersuchung des Pollentransports beim Wildapfel

5.2.6.2. Ergebnisse der genetischen Analyse der Sämlinge

Die Zuordnung von möglichen Vätern erfolgte für die 564 Nachkommen unter Einbezug der 297 Kandidatenväter mittels Softwareprogramm CERVUS. Für 213 Nachkommen konnte mit einer sehr hohen Wahrscheinlichkeit (confidence level 95%) ein Vater zugeordnet werden. Insgesamt wurden 69 Vatergenotypen aus der Gesamtheit der Kandidatenväter identifiziert.

9 Nachkommen stammen aus einer Selbstbefruchtung, was einer Selbstbefruchtungsrate von $s = 4,23$ % entspricht. Weiterhin sind 17 Nachkommen das Ergebnis einer Hybridisierung mit *M. × domestica*, was einer Hybridisierungsrate von $h = 7,98$ % entspricht. Diese Sämlinge zeigten identische Allele mit 'Baumanns Renette', 'Elstar', 'Goldparmäne Rogo' (2x), 'Großherzog Friedrich von Baden' (2x), 'Grahams Jubiläumsapfel', 'James Grieve' (6x), 'Ontario', 'Rote Sternrenette' und 'Ruhm aus Kirchwerder'. Diese Kultursorten werden häufig in Sachsen kultiviert.

Für jeden Sämling wurde anschließend die Distanz zwischen dem Mutterbaum und dem identifizierten Vaterbaum ermittelt. Dabei wurden die *M. × domestica* Nachkommen nicht in die Analyse einbezogen, da die Standorte der Kulturäpfel unbekannt waren. Weiterhin wurden die Nachkommen, die aus Selbstbestäubung stammen, von der weiteren Analyse ausgeschlossen.

Die ermittelten Pollentransportdistanzen variierten von mindestens 6 m bis zu einer Entfernung von 10,7 km. Der Großteil der Bestäubung wurde zwischen den Nachbarbäumen des jeweiligen Erntegebietes beobachtet. 42,4 % der Nachkommen wurden von Bäumen bestäubt, die in einem Abstand von bis zu 50 m zum Mutterbaum standen. In einem Radius von 100 m fanden etwa 57 % der Bestäubungen statt. Wie zu erwarten war, nimmt die Häufigkeit der Bestäubung mit zunehmender Entfernung zum Mutterbaum ab. Dabei korreliert die Häufigkeit der Bestäubung mit der Entfernung zum nächsten Nachbarbaum. Trotzdem wurden fast 20 % der Nachkommen von Vätern aus einer Entfernung von > 350 m bestäubt. 3,2 % der Nachkommen stammen von Vätern, die in einer Entfernung von über 5 km zum Mutterbaum standen.

Bei Betrachtung der einzelnen Erntegebiete war festzustellen, dass die Pollentransportdistanzen je nach Bestandesdichte sehr uneinheitlich waren. In den Vorkommen mit der höchsten Bestandesdichte (21 benachbarte Bäume in einem Radius von 250m zum Mutterbaum) wurde die geringste Pollentransportdistanz mit durchschnittlich 30 m ermittelt (Abbildung 38). In den anderen Vorkommen einer hohen (16-20 Bäume) bis mittleren Bestandesdichte (11-15 Bäume) lag die Pollentransportdistanz bei maximal 150 m. Mit abnehmender Bestandesdichte stieg die Distanz des Pollentransportes und war am höchsten mit durchschnittlich 957 m bei einer Bestandesdichte von 0-4 Bäumen. In den Vorkommen mit der höchsten Bestandesdichte wurden keine Hybride oder Sämlinge, die aus einer Selbstung hervorgegangen waren, gefunden. In den Vorkommen mit 5-20 Nachbarbäumen wurden vereinzelt Hybride oder Selbstungen detektiert. Die Anzahl der Hybriden stieg jedoch deutlich auf 12 an in Vorkommen, in den keine bzw. bis zu vier Bäumen in der Nachbarschaft standen. Auch die Zahl der Selbstungen war höher.

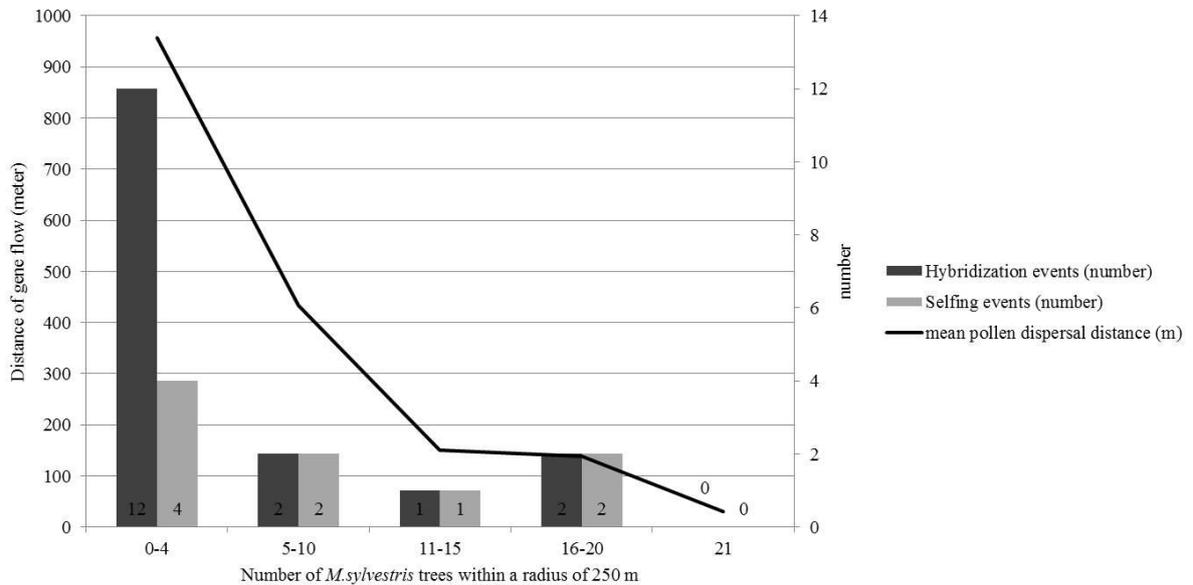


Abbildung 38: Durchschnittliche Pollentransportdistanz, Anzahl von Hybriden nach freier Abblüte und Sämlinge, die aus einer Selbstung entstanden sind, nach den jeweiligen Bestandesdichten* in den beernteten Vorkommen.

(*Anzahl benachbarter Wildapfelbäume in einem Radius von 250 m zum Mutterbaum)

Die Ergebnisse der genetischen Untersuchungen zum Pollentransport sind als Publikation zusammengefasst:

Reim, S., Proft, A., Heinz, S., Lochschmidt, F., Höfer, M., Tröber, U., Wolf, H. (2015): Pollen movement in a *Malus sylvestris* population and conclusions for conservation measures. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization*, 1–9. DOI:10.1017/S1479262115000301

5.3. Genetische Analyse bei der Wildbirne (*P. pyraeaster*)

5.3.1. Pflanzenmaterial Wildbirne

Innerhalb von Sachsen wurden 7 verschiedene *P. pyraeaster* Vorkommen mit insgesamt 306 Individuen beprobt und aus dem Blattmaterial die DNA extrahiert (Tabelle 36). Weiterhin wurden 35 Kulturbirnensorten als Referenz mit in die Analysen einbezogen. Inklusive der Referenzgenotypen standen insgesamt 341 Genotypen für die genetische Analyse zur Verfügung. Für die Mikrosatelliten Analyse der *Pyrus* Genotypen wurden 9 SSR Primer verwendet, die in drei Multiplex-Reaktionen kombiniert wurden (Anlage 3).

Tabelle 36: Liste der analysierten *P. pyraeaster* Populationen aus Sachsen, ihre Herkunftsregion und Anzahl der beprobten Bäume

| VKG | Region | POP ID | Beprobte Bäume (N) | Genetisch eigenständige Individuen (N) | 'artreine' Individuen (N) |
|--------------|---------------|--------|--------------------------|--|---------------------------------|
| 3 | Osterzgebirge | OEG | 29 | 27 | 17 |
| 3 | Vogtland | VOG | 36 | 33 | 24 |
| 2 | Spreetal | SPE | 44 | 44 | 34 |
| 2 | Voigtsbusch | VGB | 57 | 57 | 48 |
| 2 | Zadel | ZAD | 61 | 38 | 34 |
| 2 | Seydewitz | SEY | 45 | 45 | 36 |
| 2 | Klein Priebus | KPB | 34 | 34 | 30 |
| Summe | | | 306 | 278 | 223 |

N= Anzahl Pflanzen, VKG: Vorkommensgebiet

5.3.2. Identifizierung von Klonen

Die Identifizierung von Klonen innerhalb der *P. pyraeaster* Populationen erfolgte mit Hilfe des Softwareprogramms GENECLONE. Auf Basis der genetischen Daten unterscheidet dieses Programm die verschiedenen Multilokus-Genotypen (MLGs) und schätzt durch ein Permutationsverfahren und einer Wiederholungsprobenberechnung die Zuverlässigkeit der verwendeten Marker ein. Nach der Berechnung wurden 16 Klone mit insgesamt 28 Ramets identifiziert. Von 306 untersuchten Bäumen waren 278 genetisch eigenständige Individuen (Tabelle 36). Genetisch identische Bäume waren vor allem in dem Wildbirnen-Vorkommen in Zadel zu finden. Hier wurden 11 Klone mit 1 bis 6 Ramets gefunden. Auch in den Vorkommen ‚Pöhl‘ und ‚Osterzgebirge‘ wurden 3 bzw. 2 Klone mit je einer genetisch identischen Wiederholung identifiziert. Die genetisch identischen Wildbirnenbäume sind sehr wahrscheinlich durch eine vegetative Vermehrung über Wurzelbrut entstanden.

5.3.3. Identifizierung von Hybriden

Für die Identifizierung von Hybriden innerhalb der *P. pyraeaster* Proben wurden die Daten von 285 genetisch unterschiedlichen *P. pyraeaster* Proben und der 35 Kulturbirnensorten Referenzproben mittels STRUCTURE Analyse ausgewertet. Dabei wurden zunächst alle Individuen einer vordefinierten

Population („Wildart“ bzw. „Kultursorte“) zugeordnet. Das Programm errechnet anschließend für jedes Einzelindividuum die Wahrscheinlichkeit, dass das jeweilige Individuum dieser Population richtig zugeordnet wurde. Lag die Wahrscheinlichkeit unter 95 % wurde der entsprechende Baum als Hybrid eingestuft. Insgesamt wurden 223 Bäume als „echte“ *P. pyraeaster* identifiziert (Tabelle 36).

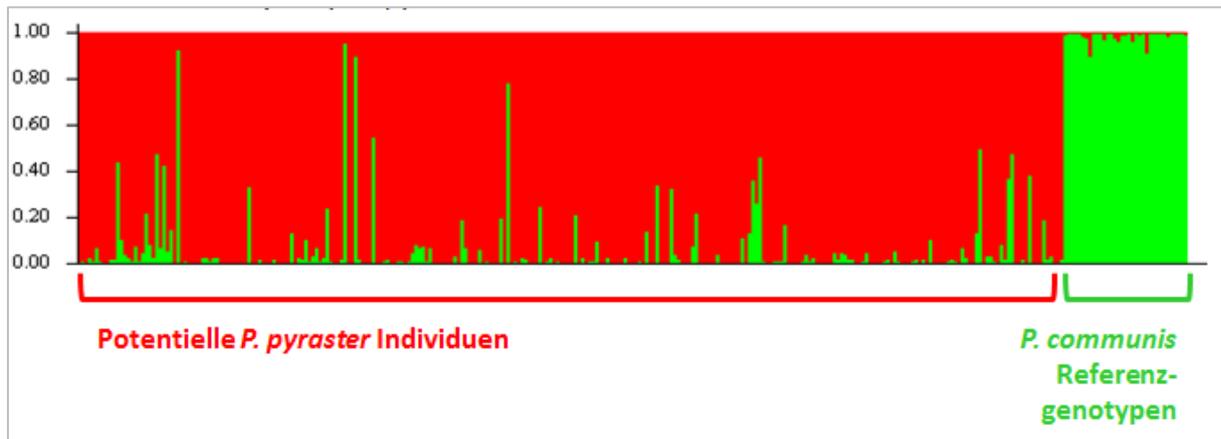


Abbildung 39: Balkendiagramm nach STRUCTURE Analyse zur Identifizierung ‚artreiner‘ Individuen unter Verwendung des POPINFO-Modells.

Die genetische Information der Wildbirnenproben ist in der Abbildungen als roter Balken gekennzeichnet. Die grünen Balken markieren die genetische Information der *P. communis* Referenzgenotypen. Hybriden enthalten sowohl die genetische Information der Wildform (rot), als auch die genetische Information der Kultursorte (grün) und sind daher durch Balken, die beide Farben enthalten, erkennbar. Beim Überschreiten eines Schwellenwertes von mehr als 5 % der genetischen Information der Kultursorte (grün) innerhalb des potentiellen *P. pyraeaster* Individuums wurde dieses als Hybrid eingestuft.

5.3.4. Genetische Diversität innerhalb der *P. pyraeaster* Populationen

Die genetische Diversität innerhalb der einzelnen Populationen wurde auf Basis der unterschiedlichen Allelfrequenzen ermittelt. Dabei wurden folgende Parameter mittels Softwareprogramm GENALEX ver.6.5 berechnet: durchschnittliche Anzahl von Allelen pro Locus (N_a), effektive Anzahl von Allelen pro Locus (N_e), beobachtete Heterozygotie (H_o), erwartete Heterozygotie (H_e) und Anzahl von Privaten Allelen (PA) (Tabelle 37). Die durchschnittliche Anzahl der Allele schwankte zwischen $N_a = 8$ bis $N_a = 11$ und lag im Mittel bei $N_a = 9$. Die Anzahl der effektiven Allele war mit $N_e = 4,20$ bis $5,94$ deutlich niedriger als N_a .

Die erwartete Heterozygotie (H_e) variierte zwischen $H_e = 0,72$ und $H_e = 0,79$, was auf eine mittlere bis hohe genetische Diversität in den *P. pyraeaster* Populationen hindeutet. Mit Ausnahme der Population ‚Voigtsbusch‘ wurden in jeder Population zwischen 1 und 6 private Allele detektiert.

Tabelle 37: Populationsgenetische Parameter zur Einschätzung der genetischen Diversität in den *P. pyrauster* Populationen in Sachsen.

| Population | N | N_a | N_e | H_o | H_e | PA (Frq > 0.03) |
|---------------------|-----|-------|-------|-------|-------|--------------------|
| Osterzgebirge | 17 | 10 | 5,94 | 0,71 | 0,79 | 6 |
| Zadel | 34 | 9 | 4,95 | 0,62 | 0,72 | 3 |
| Spreetal | 33 | 9 | 5,43 | 0,58 | 0,77 | 3 |
| Voigtsbusch | 47 | 11 | 5,78 | 0,65 | 0,78 | 0 |
| Seydewitz | 34 | 8 | 4,20 | 0,70 | 0,72 | 4 |
| Klein Priebus | 28 | 10 | 4,94 | 0,69 | 0,76 | 4 |
| Vogtland | 24 | 9 | 5,37 | 0,65 | 0,77 | 1 |
| Wildbirne gesamt | 31 | 9 | 5,23 | 0,66 | 0,76 | Σ21 |

N : Anzahl untersuchter Individuen; N_a : Anzahl unterschiedlicher Allele; N_e : Anzahl effektiver Allele ($= 1 / (\sum p_i^2)$); p_i : relative Häufigkeit des i^{th} Allels; H_o : beobachtete Heterozygotie (= Anzahl der Heterozygoten / N); H_e : erwartete Heterozygotie ($= 1 - \sum p_i^2$); PA: Anzahl der privaten Allele die nur in der Population zu finden sind und mit einer Frequenz von > 0.03 auftreten.

5.3.5. Genetische Distanz zwischen den *P. pyrauster* Populationen

Die genetische Distanz wurden für die sieben *P. pyrauster* Populationen aus Sachsen berechnet. Der höchste F_{st} -Wert wurde zwischen den Populationen ‘Zadel’ (VKG 2) und ,Vogtland (VKG 3) mit $F_{st}=0.050$ ermittelt (Tabelle 38).

Tabelle 38: Paarweise F_{st} -Wert zur Bewertung der genetischen Distanz der untersuchten Wildbirnenpopulationen

| Population | | Zadel | Spreetal | Voigts- busch | Seydewitz | Klein Priebus | Vogtland | Osterz- gebirge |
|---------------|-----|-------|----------|------------------|-----------|------------------|----------|--------------------|
| | VKG | | II | | | | III | |
| Zadel | | 0,000 | | | | | | |
| Spreetal | | 0,027 | 0,000 | | | | | |
| Voigtsbusch | II | 0,028 | 0,015 | 0,000 | | | | |
| Seydewitz | | 0,036 | 0,036 | 0,030 | 0,000 | | | |
| Klein Priebus | | 0,029 | 0,018 | 0,019 | 0,036 | | | |
| Vogtland | | 0,050 | 0,026 | 0,025 | 0,048 | 0,028 | | |
| Osterzgeb. | III | 0,043 | 0,026 | 0,027 | 0,048 | 0,029 | 0,028 | 0,000 |

$F_{st}=0.0-0.049$: geringe genetische Differenzierung; $F_{st}=0.05-0.149$: mittlere genetische Differenzierung; $F_{st}=0.15-0.249$: große genetische Differenzierung; $F_{st}>0.25$: sehr große genetische Differenzierung (Wright 1978). Grün hinterlegt: höchster Wert, orange hinterlegt: geringster Wert, VKG: Vorkommensgebiet

Zwischen den Populationen ‘Spreetal’ (VKG 2) und ‘Voigtsbusch’ (VKG 2) wurde der geringste F_{st} -Wert mit 0.015 berechnet. Dieses Ergebnis deutet auf vorwiegend geringe genetische Unterschiede zwischen den Populationen hin.

Auch bei den Wildbirnenpopulationen zeigte sich, dass die genetischen Unterschiede zwischen Populationen aus unterschiedlichen Vorkommensgebieten nicht generell höher waren als bei Populationen, die aus demselben Vorkommensgebiet stammten. Ein Zusammenhang zwischen den Vorkommensgebieten bzw. Regionen und Ausprägung der genetischen Distanz konnte nicht festgestellt werden.

Für die Identifizierung der richtigen Anzahl von Clustern (K) bei den untersuchten Wildbirnenpopulationen wurde das Programm mit folgenden Parametern laufen gelassen: Anzahl der Cluster $K = 2 - 7$, 50.000 ‚Burn-In‘-Perioden, 50.000 Markov Chain Monte Carlo Wiederholungen und Verwendung des Admixture-Modells mit korrelierten Allelen. Die von STRUCTURE erstellten Daten wurden mit dem nachfolgenden Programm STRUCTURE HARVESTER ausgewertet. Basierend auf Evanno’s ΔK method (Evanno et al. 2005) wird mit diesem Programm der wahrscheinlichste Wert für K (Anzahl der Populationen) ermittelt. Dabei zeigte sich, dass die 7 untersuchten Wildbirnenpopulationen in 4 genetische Gruppen ($K=4$) eingeteilt werden konnten (Abbildung 40).

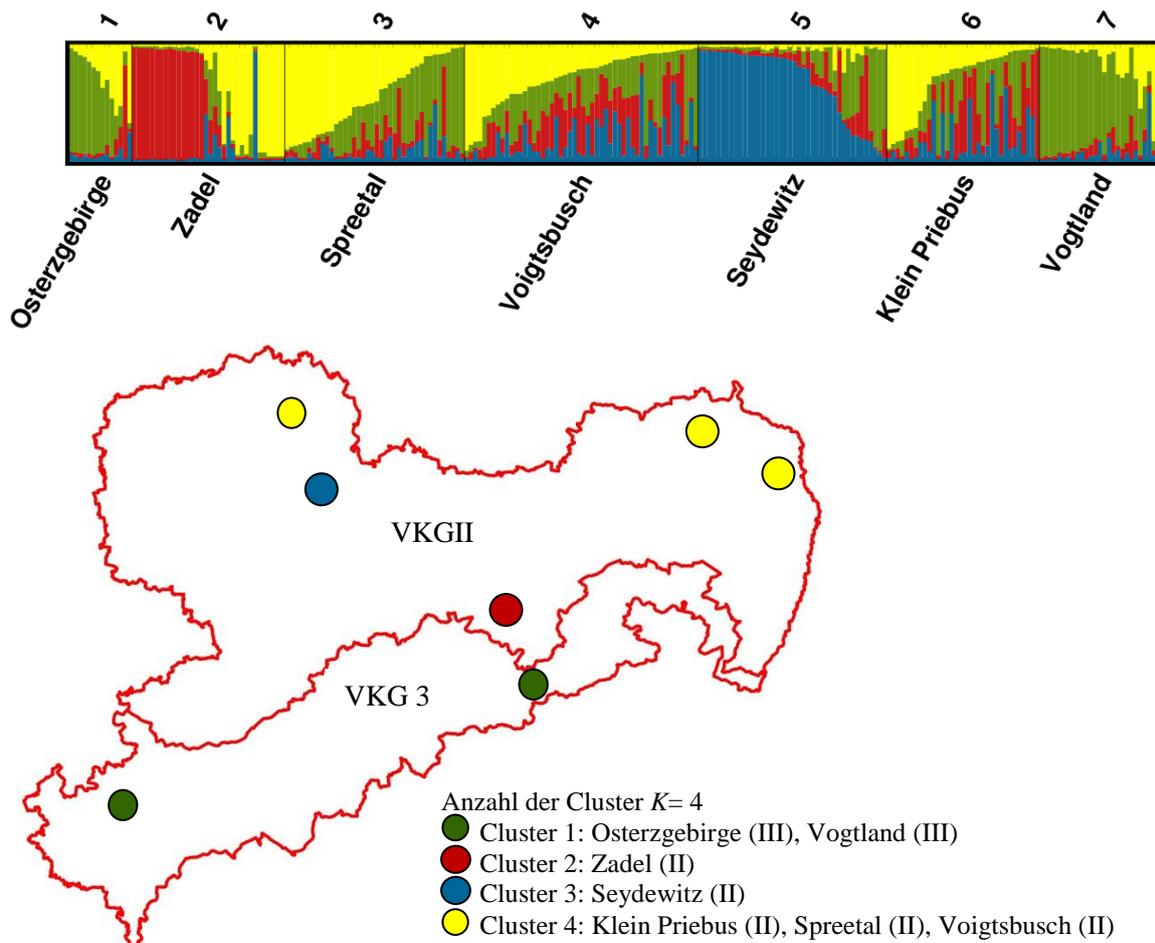


Abbildung 40: Clusterzuordnung der untersuchten Wildbirnen-Populationen nach STRUCTURE-Analyse ($K=4$) und räumliche Verteilung der Cluster in Sachsen.

Die Zahlen in den Klammern geben die Vorkommensgebiete an.

5.3.6. cpDNA Untersuchungen bei *P. pyraster*

Für die cpDNA Untersuchungen wurden 223 ‚echte‘ *P. pyraster* aus 7 verschiedenen Vorkommen ausgewählt. Weiterhin wurden 35 Kulturbirnen in die Untersuchungen einbezogen.

Für zwei Chloroplasten Regionen (*rps16_Intron* und *rps16_trnQ*) konnten polymorphe Banden innerhalb der Probensammlung detektiert werden. Die anderen Regionen zeigten keine Variation. Für die Regionen *rps16_Intron* und *rps16_trnQ* wurden jeweils zwei unterschiedliche Allele detektiert, woraus 4 Haplotypen abgeleitet wurden (Tabelle 39).

Tabelle 39: Fragmentlängen (bp) und abgeleitete Haplotypen in Wildbirne

| Haplotyp | <i>rps16_Intron</i> | <i>rps16_trnQ</i> |
|----------|---------------------|-------------------|
| H1 | 274 | 152 |
| H2 | 274 | 172 |
| H3 | 274 | 176 |
| H4 | 280 | 172 |

In der gesamten *P. pyraster* Probensammlung wurde vor allem der Haplotyp H2 gefunden (80 %), gefolgt von H4 mit 11 %, H1 mit 4 % und H3 mit nur 2 %. In der Probensammlung der Kulturbirnen (*P. communis*) waren die häufigsten Haplotypen H4 62 %, gefolgt von H3 28 % und H2 mit 10 %. Damit wurde ein deutlicher Unterschied in der Haplotypenverteilung zwischen der Wild- und Kulturbirne gefunden (Abbildung 41, kleines Bild rechts unten).

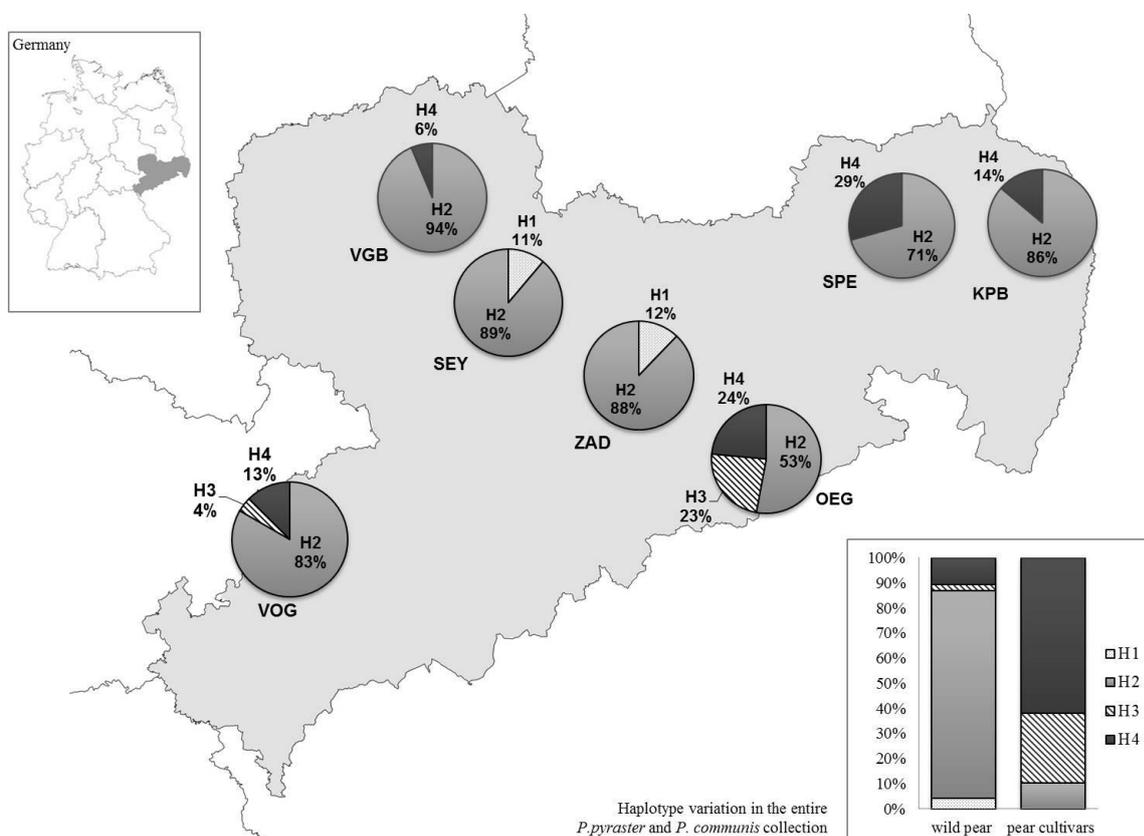


Abbildung 41: Haplotypenverteilung in den sieben untersuchten Wildbirnenpopulationen in Sachsen

Bei der Betrachtung der Haplotypenverteilung in den einzelnen Wildbirnenpopulationen in Sachsen wurden ebenfalls Unterschiede festgestellt (Abbildung 41). In allen Populationen wurden Individuen mit dem Haplotyp H2 gefunden und noch ein bzw. zwei weitere Haplotypen. Um welchen Haplotyp es sich dabei jedoch handelte, variierte je nach Population. Nur in den Populationen aus Vorkommensgebiet 3 ‚Osterzgebirge‘ und ‚Vogtland‘, wurde neben H2 und H4 der Haplotyp H3 detektiert. In den Populationen ‚Klein Priebus‘, ‚Spreeetal‘ und ‚Voigtsbusch‘, die sich im Nordosten und Nordwesten von Sachsen befinden, wurde neben H2 der Haplotyp H4 festgestellt. Die Populationen ‚Seydewitz‘ und ‚Zadel‘ zeigten als einzige Populationen H1 sowie als zusätzlichen Haplotyp H2.

Die Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) auf Basis der cpDNA-Untersuchungen zeigte, dass 9 % der genetischen Varianz auf genetische Unterschiede zwischen den Populationen zurückzuführen ist. 91 % der genetischen Varianz basierte auf genetischen Unterschieden, die innerhalb der Populationen auftraten (Abbildung 42). Damit konnte die genetische Distanz auf Basis der cpDNA-Marker als mittel eingestuft werden.

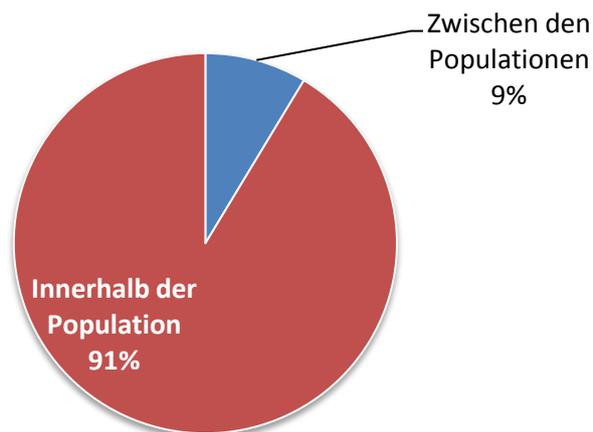


Abbildung 42: Molekulare Varianz der untersuchten Wildbirnenpopulationen auf Basis der cpDNA-Untersuchungen

Die Ergebnisse der genetischen Untersuchungen bei *Pyrus pyraster* sind als Publikation zusammengefasst:

Reim, S., Lochschmidt, F., Proft, A., Wolf, H., Wolf, H. (2016): Species delimitation, genetic diversity and structure of the European indigenous wild pear (*Pyrus pyraster*) in Saxony, Germany. Genetic Resources and Crop Evolution, DOI 10.1007/s10722-016-0426-8

5.4. Genetische Analyse bei der Gemeinen Eberesche (*Sorbus aucuparia*)

5.4.1. Pflanzenmaterial *S. aucuparia*

Innerhalb von Sachsen wurden 14 verschiedene *S. aucuparia* Vorkommen mit insgesamt 474 Individuen beprobt (Tabelle 40). Als Referenz wurden 48 *S. aucuparia* Individuen aus dem Riesengebirge mit in die Analysen einbezogen, so dass insgesamt 522 Proben zur Verfügung standen. Für die Mikrosatelliten Analyse der *S. aucuparia* Genotypen wurden 9 SSR Primer verwendet, die in drei Multiplex-Reaktionen kombiniert wurden.

Die 9 ausgewählten SSR Primer zeigten reproduzierbare Ergebnisse mit einem oder zwei Fragmenten in allen 522 *Sorbus* Genotypen. Nach SSR-Analyse wurden die genetischen Daten der 522 Proben statistisch ausgewertet.

Tabelle 40: Liste der analysierten *S. aucuparia* Populationen, ihre Herkunftsregion und Anzahl der beprobten Bäume

| VKG | Bundesland/ Land | Vorkommen | Beprobte Bäume (n) |
|--------------|------------------|-----------------------|--------------------|
| 2 | Sachsen | Bärnsdorf | 49 |
| 2 | Sachsen | Dresdner Heide | 51 |
| 2 | Sachsen | Förstgen | 15 |
| 2 | Sachsen | Lausnitzer Heide | 45 |
| 2 | Sachsen | Lieske | 19 |
| 2 | Sachsen | Thümmnitzwald | 15 |
| 3 | Sachsen | Geisingberg | 30 |
| 3 | Sachsen | Grenzwiesen Fürstenau | 30 |
| 3 | Sachsen | Großrückerwalde | 49 |
| 3 | Sachsen | Kesselhöhe | 30 |
| 3 | Sachsen | Pöhlberg | 49 |
| 3 | Sachsen | Weiterglashütte | 30 |
| 3 | Sachsen | Zechengrund | 22 |
| 3 | Sachsen | Hutberg | 40 |
| k.A. | Tschechien | Riesengebirge | 48 |
| Summe | | | 522 |

VKG: Vorkommensgebiet

5.4.2. Genetische Diversität innerhalb der *S. aucuparia* Populationen

Die genetische Diversität innerhalb der einzelnen Populationen wurde auf Basis der unterschiedlichen Allelfrequenzen ermittelt. Dabei wurden folgende Parameter mittels Softwareprogramm GENALEX ver.6.5 berechnet: durchschnittliche Anzahl von Allelen pro Locus (N_a), effektive Anzahl von Allelen pro Locus (N_e), beobachtete Heterozygotie (H_o) und erwartete Heterozygotie (H_e) (Tabelle 41). Die erwartete Heterozygotie (H_e) variierte zwischen $H_e = 0.78$ und $H_e = 0.87$, was auf eine hohe genetische Diversität in den *S. aucuparia* Populationen hindeutet.

Tabelle 41: Populationsgenetische Parameter zur Einschätzung der genetischen Diversität in den *S. aucuparia* Populationen in Sachsen und im Riesengebirge.

| Population | N | N_a | N_e | H_o | H_e |
|------------------|-----|-------|-------|-------|-------|
| Bärnsdorf | 49 | 15.33 | 7.12 | 0.83 | 0.84 |
| Dresdner Heide | 49 | 15.11 | 7.89 | 0.66 | 0.82 |
| Förstgen | 13 | 9.11 | 5.6 | 0.82 | 0.78 |
| Geisingberg | 28 | 13.44 | 7.5 | 0.72 | 0.83 |
| Grenzwiesen | | | | | |
| Fürstenu | 29 | 12.78 | 7.13 | 0.72 | 0.81 |
| Großrückerswalde | 47 | 15.33 | 8.78 | 0.74 | 0.85 |
| Hutberg | 34 | 17.11 | 9.08 | 0.77 | 0.84 |
| Kesselhöhe | 29 | 14.33 | 8.17 | 0.75 | 0.85 |
| Laußnitzer Heide | 44 | 15.44 | 8.01 | 0.74 | 0.85 |
| Lieske | 18 | 12 | 7.11 | 0.79 | 0.81 |
| Pöhlberg Osthang | 47 | 18.44 | 9.63 | 0.82 | 0.87 |
| Zechengrund | 20 | 11.44 | 6.78 | 0.83 | 0.82 |
| Thümmnitzwald | 15 | 10.67 | 7.21 | 0.8 | 0.81 |
| Weitersglashütte | 28 | 14.56 | 7.87 | 0.72 | 0.83 |
| Riesengebirge | 43 | 18.44 | 9.7 | 0.83 | 0.86 |
| Mittel | 33 | 14.24 | 7.84 | 0.77 | 0.83 |

N : Anzahl untersuchter Individuen; N_a : Anzahl unterschiedlicher Allele; N_e : Anzahl effektiver Allele ($= 1 / (\sum p_i^2)$); p_i : relative Häufigkeit des i^{th} Allels; H_o : beobachtete Heterozygotie ($=$ Anzahl der Heterozygoten / N); H_e : erwartete Heterozygotie ($= 1 - \sum p_i^2$); PA : Anzahl der privaten Allele die nur in der Population zu finden sind und mit einer Frequenz von > 0.03 auftreten.

5.4.3. Genetische Distanz zwischen *S. aucuparia* Populationen

Die genetische Distanz zwischen den *S. aucuparia* Populationen wurde auf Basis von Wright's fixation index (F_{st}) ermittelt. Die F_{st} -Werte variierten zwischen $F_{st} = 0.010$ zwischen 'Pöhlberg' (VKG 3) und 'Großrückerswalde' (VKG 3) und $F_{st} = 0.068$ zwischen 'Dresdner Heide' (VKG 2) und 'Förstgen' (VKG 2). Der mittlere Wert lag bei $F_{st} = 0.057$. Dieses Ergebnis deutet auf vorwiegend geringe bis mittlere genetische Unterschiede zwischen den Populationen hin.

Auch bei den Eberschenpopulationen zeigte sich, dass die genetischen Unterschiede zwischen Populationen aus unterschiedlichen Vorkommensgebieten nicht höher waren als bei Populationen, die aus demselben Vorkommensgebiet stammten. Ein Zusammenhang zwischen den Vorkommensgebieten bzw. Regionen und der Höhe der genetischen Distanz konnte auch bei dieser Modellart nicht festgestellt werden.

Das Ergebnis der STRUCTURE-Analyse, die für die sächsischen Populationen durchgeführt wurde, bestätigte das oben genannte Ergebnis. Auch hier war keine genetische Differenzierung zwischen Populationen aus den beiden Vorkommensgebieten zu erkennen. Nach STRUCTURE-Analyse wurden die Populationen in 5 Gruppen (Cluster) eingeteilt. In ein Cluster werden die Individuen zusammengefasst, die genetisch sehr ähnlich sind. Das Ergebnis ist in Abbildung 43 dargestellt.

Eine genetische Differenzierung der Populationen zwischen dem Vorkommensgebiet 2 und Vorkommensgebiet 3 war nicht festzustellen.

Tabelle 42: Paarweise F_{st} -Wert zur Bewertung der genetischen Distanz der untersuchten Ebereschenpopulationen

| Population | Dresdner Heide | Laußnitzer Heide | Bärnsdorf | Förstgen | Thümmnitzwald | Lieske | Weitersglashütte | Grenzwiesen Fürstenau | Geisingberg | Kesselhöhe | Pöhlberg | Großrückerswalde | Zechengrund | Hutberg | Riesengebirge | |
|-----------------------|----------------|------------------|-----------|----------|---------------|--------|------------------|-----------------------|-------------|------------|----------|------------------|-------------|---------|---------------|-------|
| | VKG | | | II | | | | | | | III | | | | k.A. | |
| Dresdner Heide | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | | |
| Laußnitzer Heide | 0,021 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | |
| Bärnsdorf | 0,032 | 0,019 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | |
| Förstgen | 0,068 | 0,057 | 0,039 | 0,000 | | | | | | | | | | | | |
| Thümmnitzwald | 0,045 | 0,041 | 0,038 | 0,033 | 0,000 | | | | | | | | | | | |
| Lieske | 0,038 | 0,037 | 0,043 | 0,041 | 0,027 | 0,000 | | | | | | | | | | |
| Weitersglashütte | 0,023 | 0,028 | 0,033 | 0,059 | 0,041 | 0,039 | 0,000 | | | | | | | | | |
| Grenzwiesen Fürstenau | 0,017 | 0,025 | 0,027 | 0,056 | 0,039 | 0,037 | 0,023 | 0,000 | | | | | | | | |
| Geisingberg | 0,020 | 0,022 | 0,030 | 0,060 | 0,042 | 0,042 | 0,026 | 0,017 | 0,000 | | | | | | | |
| Kesselhöhe | 0,021 | 0,017 | 0,022 | 0,053 | 0,042 | 0,040 | 0,026 | 0,015 | 0,011 | 0,000 | | | | | | |
| Pöhlberg | 0,026 | 0,017 | 0,019 | 0,046 | 0,033 | 0,038 | 0,022 | 0,018 | 0,019 | 0,015 | 0,000 | | | | | |
| Großrückerswalde | 0,019 | 0,018 | 0,022 | 0,046 | 0,030 | 0,033 | 0,018 | 0,013 | 0,016 | 0,015 | 0,010 | 0,000 | | | | |
| Zechengrund | 0,045 | 0,037 | 0,036 | 0,033 | 0,025 | 0,029 | 0,039 | 0,041 | 0,044 | 0,039 | 0,032 | 0,031 | 0,000 | | | |
| Hutberg | 0,017 | 0,023 | 0,028 | 0,051 | 0,037 | 0,036 | 0,021 | 0,014 | 0,017 | 0,017 | 0,023 | 0,016 | 0,040 | 0,000 | | |
| Riesengebirge | k.A. | 0,028 | 0,026 | 0,041 | 0,061 | 0,045 | 0,035 | 0,030 | 0,035 | 0,033 | 0,030 | 0,031 | 0,029 | 0,041 | 0,026 | 0,000 |

F_{st} = 0.0- 0.049: geringe genetische Differenzierung; F_{st} = 0.05- 0.149: mittlere genetische Differenzierung; F_{st} = 0.15- 0.249: große genetische Differenzierung; F_{st} > 0.25: sehr große genetische Differenzierung (Wright 1978). Grün hinterlegt: höchster Wert, orange hinterlegt: geringster Wert, VKG: Vorkommensgebiet

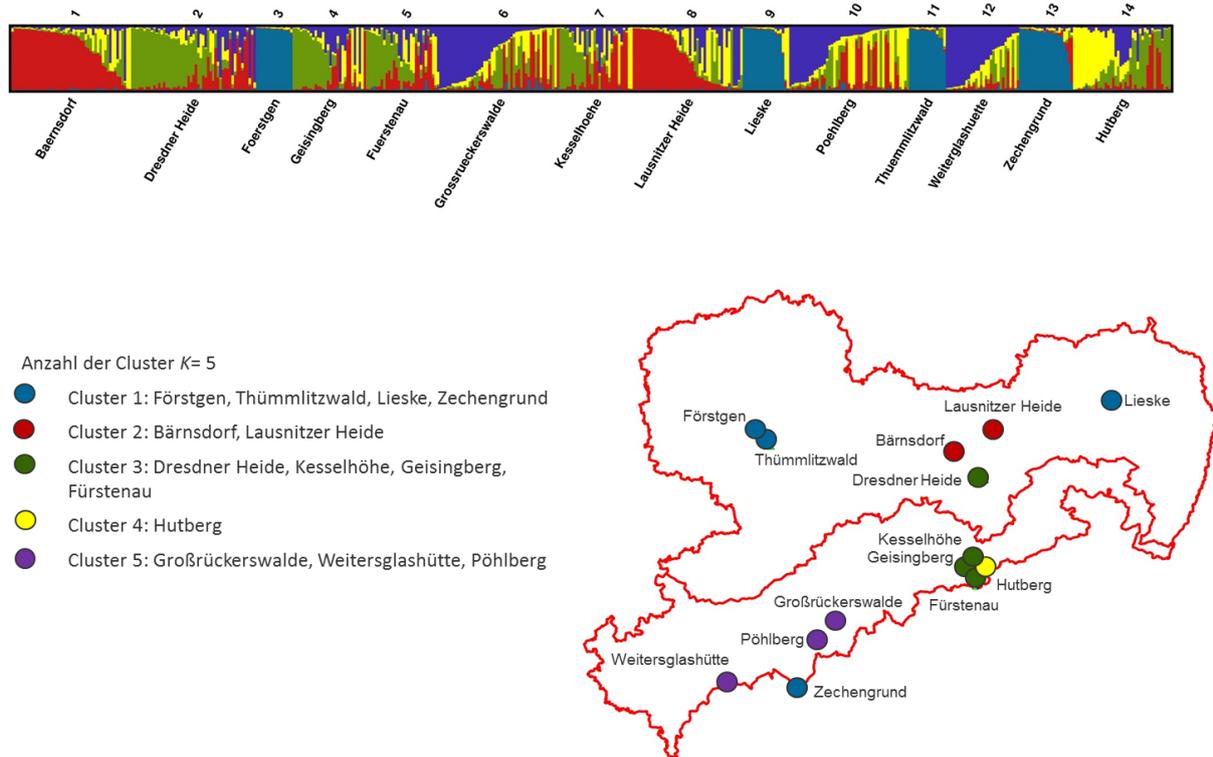


Abbildung 43: Clusterzuordnung der untersuchten Ebereschen-Populationen nach STRUCTURE-Analyse ($K=5$) und räumliche Verteilung der Cluster in Sachsen.

5.4.4. cpDNA Untersuchungen bei *S. aucuparia*

Die cpDNA Untersuchungen wurden an allen 522 *S. aucuparia* Individuen durchgeführt. Für die drei Chloroplastenregionen *rps16_Intron*, *rps16_trnQ* und *rpl2_trnH* konnten polymorphe Banden innerhalb der Probensammlung detektiert werden. Die *matK* und *trnC-ycf6* Chloroplastenregionen zeigten keine Variation. Für die Regionen *rps16_trnQ* wurden sechs verschiedene Allele, für die Region *rps16_Intron* fünf verschiedene Allele und *rpl2_trnH* drei verschiedene Allele detektiert. Insgesamt wurden aus diesen Allelen 23 verschiedene Haplotypen (Kombinationsvarianten) abgeleitet (Tabelle 43). In der gesamten *S. aucuparia* Probensammlung wurde vor allem der Haplotyp H5 gefunden (36 %), gefolgt von H4 mit 13 %, H19 mit 11 % und H17 mit 9,4 % (Abbildung 44). Die anderen Haplotypen kamen mit einer Häufigkeit von 0,2 % bis 5 % vor. Der Haplotyp H5 war in allen Populationen der häufigste Haplotyp mit Ausnahme der Populationen ‚Thümmnitzwald‘, ‚Förstgen‘ und ‚Riesengebirge‘. In den Populationen ‚Thümmnitzwald‘ und ‚Riesengebirge‘ war am häufigsten Haplotyp H4 (33 % bzw. 43 %) vertreten. In ‚Lieske‘ zeigten 42 % der Individuen Haplotyp H4. In beiden Populationen fehlte im Gegensatz zu den anderen Populationen der Haplotyp H19. In der Population ‚Förstgen‘ waren am häufigsten Haplotyp H17 und H19 mit jeweils 27 % vertreten. Wie auch auf Basis der Mikrosatellitendaten kann anhand der Haplotypenverteilung keine genetische Differenzierung zwischen den Populationen aus Vorkommensgebiet 2 und 3 vorgenommen werden.

Tabelle 43: Fragmentlängen (bp) und abgeleitete Haplotypen bei der Gewöhnlichen Eberesche

| Haplotyp | <i>rps16_trnQ</i> | <i>rps16_Intron</i> | <i>rpl2_trnH</i> |
|----------|-------------------|---------------------|------------------|
| H1 | 301 | 246 | 160 |
| H2 | 307 | 244 | 152 |
| H3 | 307 | 244 | 160 |
| H4 | 307 | 246 | 152 |
| H5 | 307 | 246 | 160 |
| H6 | 307 | 246 | 172 |
| H7 | 307 | 248 | 152 |
| H8 | 307 | 248 | 160 |
| H9 | 307 | 250 | 160 |
| H10 | 307 | 252 | 160 |
| H11 | 308 | 246 | 152 |
| H12 | 308 | 246 | 160 |
| H13 | 308 | 248 | 152 |
| H14 | 308 | 248 | 160 |
| H15 | 308 | 250 | 160 |
| H16 | 308 | 252 | 160 |
| H17 | 309 | 248 | 152 |
| H18 | 309 | 250 | 152 |
| H19 | 310 | 248 | 152 |
| H20 | 310 | 250 | 152 |
| H21 | 310 | 250 | 160 |
| H22 | 311 | 248 | 152 |
| H23 | 311 | 250 | 152 |

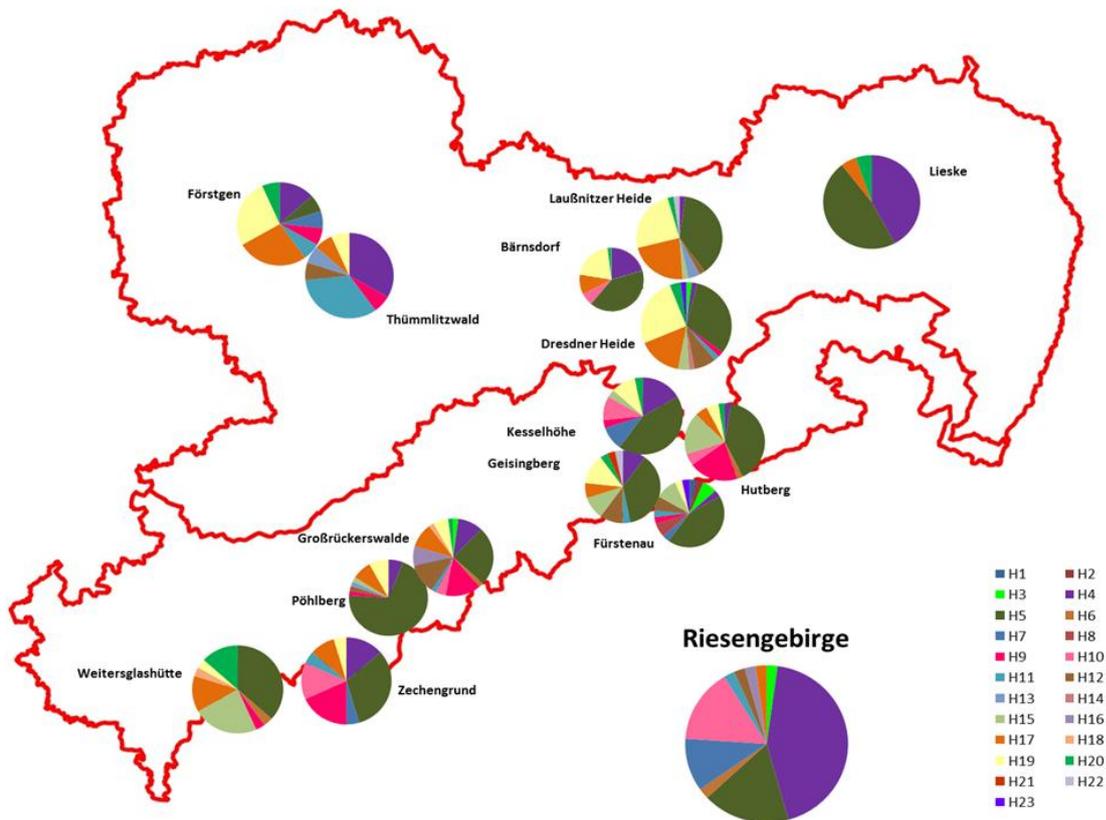


Abbildung 44: Haplotypenverteilung in den untersuchten 14 *S. aucuparia* Populationen in Sachsen und der Population aus dem Riesengebirge

Die Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) auf Basis der cpDNA-Untersuchungen zeigte, dass 9 % der genetischen Varianz auf genetische Unterschiede zwischen den Ebereschenpopulationen zurückzuführen war. 91 % der genetischen Varianz basierte auf genetischen Unterschieden, die innerhalb der Populationen auftraten (Abbildung 45). Damit konnte die genetische Distanz auf Basis der cpDNA-Marker als mittel eingestuft werden.

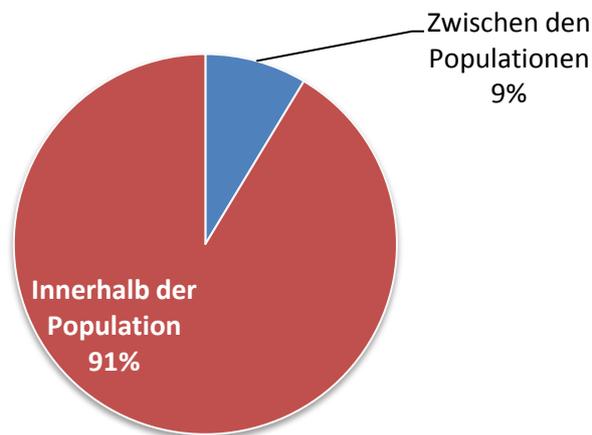


Abbildung 45: Molekulare Varianz der untersuchten Ebereschenpopulationen auf Basis der cpDNA-Untersuchungen

5.5. Genetische Analyse der Alpen-Johannisbeere (*Ribes alpinum*)

5.5.1. Pflanzenmaterial *R. alpinum*

Innerhalb von Sachsen wurden 6 verschiedene *R. alpinum* Vorkommen mit insgesamt 362 *R. alpinum* Genotypen beprobt und aus dem Blattmaterial die DNA extrahiert (Tabelle 44). Für die Markertestung dienten 13 *Ribes* Genotypen als Referenzgenotypen:

- 6 *Ribes rubrum* (L.) Sorten ('Blanka', 'Junifer', 'Rotet', 'Rovada', 'Werdavia', 'Jonkheer van Tets')
- 7 weitere *Ribes* Arten (*Ribes nigrum* (L.), *Ribes spicatum* (E. Robson), *Ribes glaciale* (Wall.), *Ribes americanum* (Mill.), *Ribes amarum* (McClatchie), *Ribes laxiflorum* (Pursh), *Ribes petraeum* (Wulf.))

Für die Mikrosatellitenanalyse der *Ribes alpinum* Genotypen wurden 23 SSR Primer, die für *Ribes rubrum* oder *Ribes nigrum* entwickelt worden waren, an 16 *Ribes alpinum* Genotypen getestet. Davon amplifizierten 8 SSR Primer nicht bei *R. alpinum* und 3 Primer zeigten nur monomorphe Muster. Reproduzierbare Ergebnisse mit polymorphen Mustern wurden bei 12 SSR-Markern detektiert. Diese wurden anschließend auf ihre Eignung für eine Kombination in Multiplex-Reaktionen getestet. Als Ergebnis konnten 7 SSR Primer in drei Multiplex-Reaktionen kombiniert werden, die zwei bzw. drei Primerpaare enthielten (Anlage 3).

Tabelle 44: Liste der analysierten *Ribes alpinum* Populationen aus Sachsen, ihre Herkunftsregion und Anzahl der beprobten Sträucher sowie der untersuchten Referenzproben

| VKG | Land/ Bundesland | POP ID | Anzahl |
|--------------|----------------------------|---------------------------|------------|
| 2 | Sachsen | Obervogelgesang/ Struppen | 92 |
| 2 | Sachsen | Löbauer Berg | 60 |
| 3 | Sachsen | Rabenauer Grund | 95 |
| 3 | Sachsen | Geisingberg | 74 |
| 3 | Sachsen | Elstertal | 41 |
| | <i>Ribes rubrum</i> | | 6 |
| | weitere <i>Ribes</i> Arten | | 7 |
| Summe | | | 375 |

Die sieben ausgewählten SSR Primer zeigten reproduzierbare Ergebnisse mit einem oder zwei Fragmenten in allen 375 *Ribes* Genotypen. Nach SSR-Analyse wurden die genetischen Daten der 362 *R. alpinum* Genotypen statistisch ausgewertet. Die Referenzgenotypen der anderen *Ribes*-Arten wurden in die populationsgenetischen Analysen nicht mit einbezogen, da sie keine Population darstellen. Da *Ribes alpinum* nicht zu einer Hybridisierung mit anderen *Ribes*-Arten neigt, waren die Referenzproben auch nicht notwendig um potentielle Hybride zu identifizieren.

5.5.2. Identifizierung von Klonen

Um mögliche Klone innerhalb der untersuchten *Ribes alpinum* Populationen zu identifizieren wurden die Proben mit dem Softwareprogramm GENECLONE ver.2 untersucht (Arnaud-Haond und Belkhir 2007). Das Programm bestimmt auf Grundlage der genetischen Daten die verschiedenen Multilokus Genotypen (MLG) sowie die klonale Identität möglicher Wiederholung.

In allen sächsischen *R. alpinum* Vorkommen wurden Klone detektiert. Die Anzahl der Klone variierte sehr stark zwischen den verschiedenen Populationen. Die geringste Anzahl von Klonen wurde in der ‚Geisingberg‘-Population mit 72 genetisch unterschiedlichen Individuen im Vergleich zu 74 beprobten Sträuchern (97 % genetisch unterschiedliche Individuen) detektiert. Die größte Anzahl Klone wurde in der Population ‚Löbauer Berg‘ gefunden. Hier gab es 25 genetisch unterschiedliche Klone bei 60 beprobten Sträuchern, das entspricht einem Anteil genetisch unterschiedlicher Individuen von 41 %. Der Anteil der genetisch unterschiedlichen Individuen der restlichen Populationen betrug 49 % (‚Rabenauer Grund‘), 63 % (‚Obervogelgesang‘) und 85 % (‚Elstertal‘).

Für die weiteren Analysen wurden die 119 genetisch identischen Individuen ausgeschlossen, so dass insgesamt 243 *R. alpinum* Genotypen für die populationsgenetischen Kalkulationen zur Verfügung standen.

Tabelle 45: Anzahl untersuchter Alpen-Johannisbeersträucher, Anzahl unterschiedlicher Multilokus-Genotypen (MLG) und ‚genotypic richness‘ (R) in den 5 unterschiedlichen *R. alpinum* Populationen nach Analyse mit 7 SSR Markern

| Population | <i>N</i> | <i>G</i> | <i>R</i> | Klone (N) |
|---------------------------|----------|----------|----------|-----------|
| Obervogelgesang/ Struppen | 92 | 63 | 0.63 | 15 |
| Löbauer Berg | 60 | 25 | 0.41 | 9 |
| Rabenauer Grund | 95 | 48 | 0.49 | 22 |
| Geisingberg | 74 | 72 | 0.97 | 2 |
| Elstertal | 41 | 35 | 0.85 | 6 |

N: Anzahl untersuchter Sträucher, *G*: Anzahl genetisch eigenständiger Individuen, *R*: genotypic richness ($(G-1)/(N-1)$)

5.5.3. Genetische Diversität innerhalb der *R. alpinum* Populationen

Die höchste Anzahl von Allelen pro Locus mit $N_a = 7$ wurde für die ‚Geisingberg‘ Population (72 Individuen) ermittelt (Tabelle 46). Bei den vier anderen Populationen variierte die Allelzahl zwischen $N_a = 5$ (‚Obervogelgesang/Struppen‘ mit 63 Individuen) und $N_a = 4$ (‚Rabenauer Grund‘ mit 48 Individuen, ‚Löbauer Berg‘ mit 25 Individuen, ‚Elstertal‘ mit 35 Individuen).

Tabelle 46: Genetische Diversitäts-Parameter ermittelt für die 6 unterschiedlichen *R. alpinum* Populationen unter Verwendung von 7 SSR Marker

| Population | <i>N</i> | <i>N_a</i> | <i>N_e</i> | <i>H_o</i> | <i>H_e</i> | <i>PA</i> |
|----------------------------|----------|----------------------|----------------------|----------------------|----------------------|-----------|
| Geisingberg | 72 | 7 | 3 | 0.542 | 0.605 | 5 |
| Obervogelgesang /Struppen | 63 | 5 | 2 | 0.478 | 0.475 | 1 |
| Rabenauer Grund | 48 | 4 | 3 | 0.546 | 0.558 | 0 |
| Löbauer Berg | 25 | 4 | 2 | 0.337 | 0.322 | 2 |
| Elstertal | 35 | 4 | 2 | 0.433 | 0.480 | 2 |
| Alpen-Johannisbeere Gesamt | 243 | 5 | 2 | 0,460 | 0,470 | ∑10 |

N: Anzahl untersuchter Individuen; *N_a*: Anzahl unterschiedlicher Allele; *N_e*: Anzahl effektiver Allele ($= 1 / (\sum p_i^2)$); *p_i*: relative Häufigkeit des *i*th Allels; *H_o*: beobachtete Heterozygotie (= Anzahl der Heterozygoten / *N*); *H_e*: erwartete Heterozygotie ($= 1 - \sum p_i^2$); *PA*: Anzahl der privaten Allele die nur in der Population zu finden sind und mit einer Frequenz von > 0.03 auftreten.

Die durchschnittliche Anzahl effektiver Allele war ähnlich verteilt mit der höchsten $N_e = 3$ für die Vorkommen ‚Geisingberg‘ sowie ‚Rabenauer Grund‘ und am geringsten mit $N_e = 2$ für ‚Obervogelgesang/Struppen‘, ‚Löbauer Berg‘ und ‚Elstertal‘. Die erwartete Heterozygotie (*H_e*) variierte zwischen $H_e = 0.605$ und $H_e = 0.322$, was auf eine mittlere bis geringe genetische Diversität hindeutet. Die erwartete Heterozygotie (*H_e*) war am höchsten für die ‚Geisingberg‘ Population ($H_e = 0.605$). Für die Population am ‚Löbauer Berg‘ konnte nur eine erwartete Heterozygotie von $H_e = 0.322$ ermittelt werden. Die Anzahl der privaten Allele, die unikal für die einzelnen Populationen

sind, reichte von 0 bis 5. Die ‚Geisingberg‘ Population zeigte die höchste Anzahl von privaten Allelen mit $PA=5$. In den anderen Populationen wurden 1 bis 2 private Allele festgestellt. Die Population ‚Rabenauer Grund‘ wies keine privaten Allele auf.

5.5.4. Genetische Distanz zwischen den *R. alpinum* Populationen

Die genetische Distanz zwischen den 5 sächsischen *R. alpinum* Populationen wurde auf Basis von Wright's fixation index (F_{st}) ermittelt (Tabelle 47). Die F_{st} -Werte waren am niedrigsten zwischen ‚Rabenauer Grund‘ (VKG 3) und ‚Geisingberg‘ (VKG 3) mit $F_{st} = 0.16$. Die größte genetische Distanz wurden zwischen ‚Löbauer Berg‘ (VKG 2) und ‚Obervogelgesang/Struppen‘ (VKG 2) mit $F_{st} = 0,527$ ermittelt. Diese Ergebnisse deuten auf mittlere bis sehr große genetische Unterschiede zwischen den Populationen hin.

Auch bei den Alpen-Johannisbeerpopulationen zeigte sich, dass die genetischen Unterschiede zwischen Populationen aus unterschiedlichen Vorkommensgebieten nicht generell höher waren als bei Populationen, die aus demselben Vorkommensgebiet stammten. Ein Zusammenhang zwischen den Vorkommensgebieten bzw. Regionen und der Höhe der genetischen Distanz konnte nicht festgestellt werden.

Tabelle 47: Paarweise F_{st} -Wert zur Bewertung der genetischen Distanz der untersuchten Alpen-Johannisbeerpopulationen

| Population | Geisingberg | Rabenauer Grund | Elstertal | Obervogelgesang | Löbauer Berg |
|-----------------|-------------|-----------------|-----------|-----------------|--------------|
| VKG | III | III | III | II | II |
| Geisingberg | III | | | | |
| Rabenauer Grund | III | 0,160 | | | |
| Elstertal | III | 0,205 | 0,260 | | |
| Obervogelgesang | II | 0,257 | 0,201 | 0,348 | |
| Löbauer Berg | II | 0,317 | 0,413 | 0,431 | 0,527 |

$F_{st}=0.0-0.049$: geringe genetische Differenzierung; $F_{st}=0.05-0.149$: mittlere genetische Differenzierung; $F_{st}=0.15-0.249$: große genetische Differenzierung; $F_{st}>0.25$: sehr große genetische Differenzierung (Wright 1978).

Für die Identifizierung der richtigen Anzahl von Clustern (K) bei den untersuchten Alpen-Johannisbeerpopulationen wurde das Programm mit folgenden Parametern laufen gelassen: Anzahl der Cluster $K = 2-6$, 50.000 ‚Burn-In‘-Perioden, 50.000 Markov Chain Monte Carlo Wiederholungen und Verwendung des Admixture-Modells mit korrelierten Allelen. Die von STRUCTURE erstellten Daten wurden mit dem nachfolgenden Programm STRUCTURE HARVESTER ausgewertet. Basierend auf Evanno's ΔK method (Evanno et al 2005) wird mit diesem Programm der wahrscheinlichste Wert für K (Anzahl der Populationen) ermittelt. Dabei zeigte sich, dass die 5 untersuchten Alpen-Johannisbeerpopulationen klar in 5 genetische Gruppen ($K=5$) getrennt werden konnten (Abbildung 46).

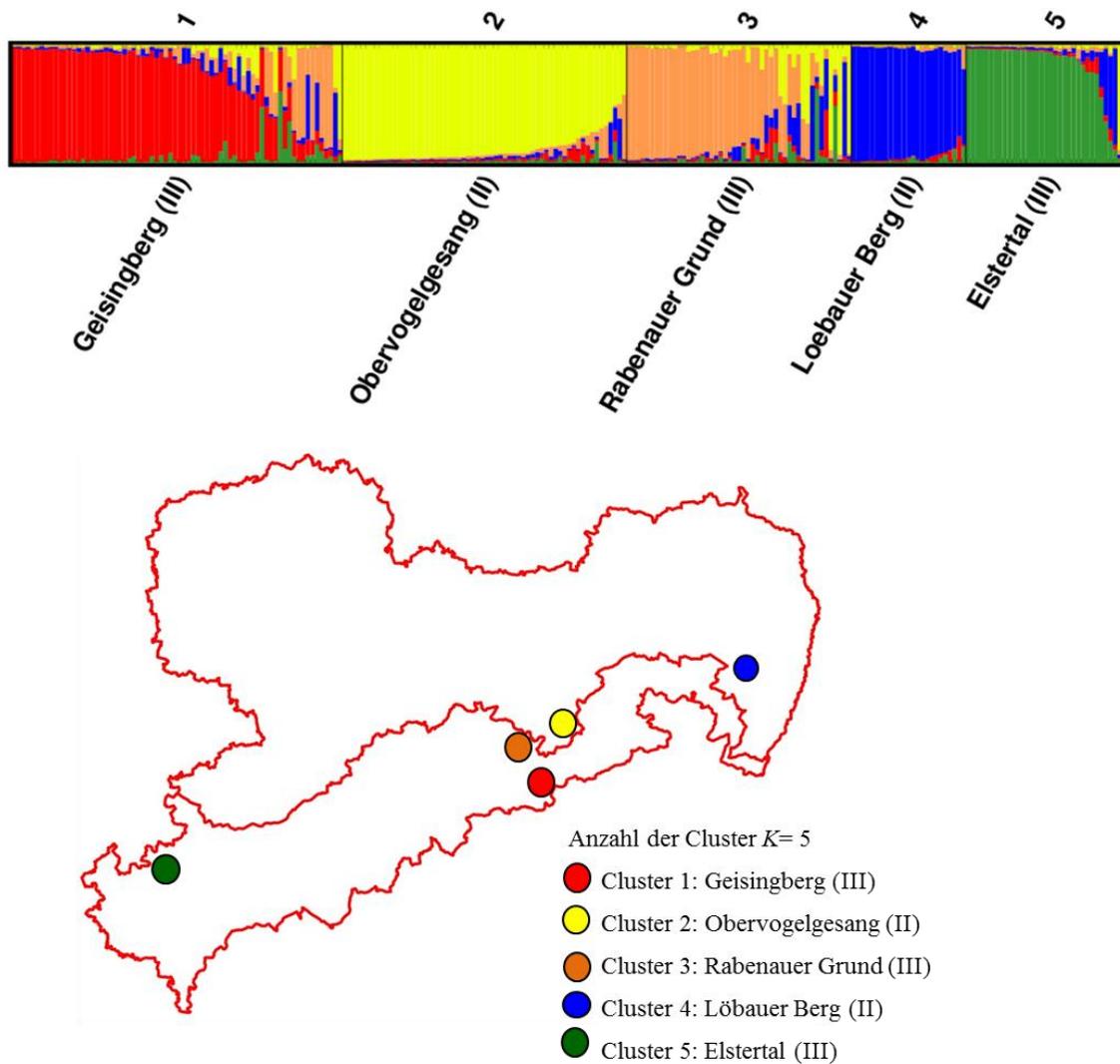


Abbildung 46: Clusterzuordnung der untersuchten Alpen-Johannisbeerpopulationen nach STRUCTURE-Analyse ($K=5$) und räumliche Verteilung in Sachsen. Die Zahlen in den Klammern geben das Vorkommensgebiet an.

Die Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) auf Basis der nSSR-Untersuchungen zeigte, dass 34 % der genetischen Varianz auf genetische Unterschiede zwischen den Alpen-Johannisbeerpopulationen zurückzuführen waren. Die restlichen 66 % der genetischen Varianz basierten auf genetischen Unterschieden, die innerhalb der Populationen auftraten (Abbildung 47). Damit konnte die genetische Distanz auf Basis der nSSR-Marker als sehr hoch eingestuft werden.

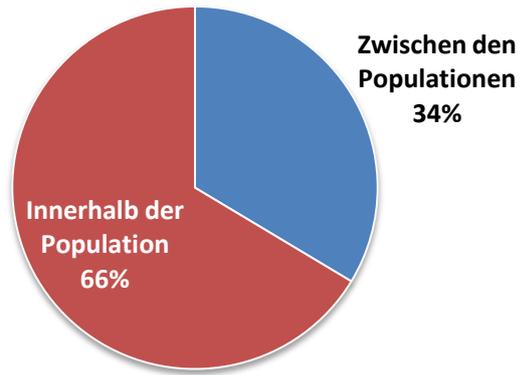


Abbildung 47: Molekulare Varianz der untersuchten Alpen-Johannisbeerpopsulationen auf Basis der nSSR-Untersuchungen

5.5.5. Bestimmung der Pollentransportdistanzen bei *R. alpinum*

Für die Untersuchungen zum Pollentransport bei der Alpen-Johannisbeere wurden im August 2014 und 2015 von 19 weiblichen Sträuchern im Vorkommen ‚Geisingberg‘ und von 17 weiblichen Sträuchern im Vorkommen ‚Obervogelgesang‘ Früchte geerntet (Abbildung 48).

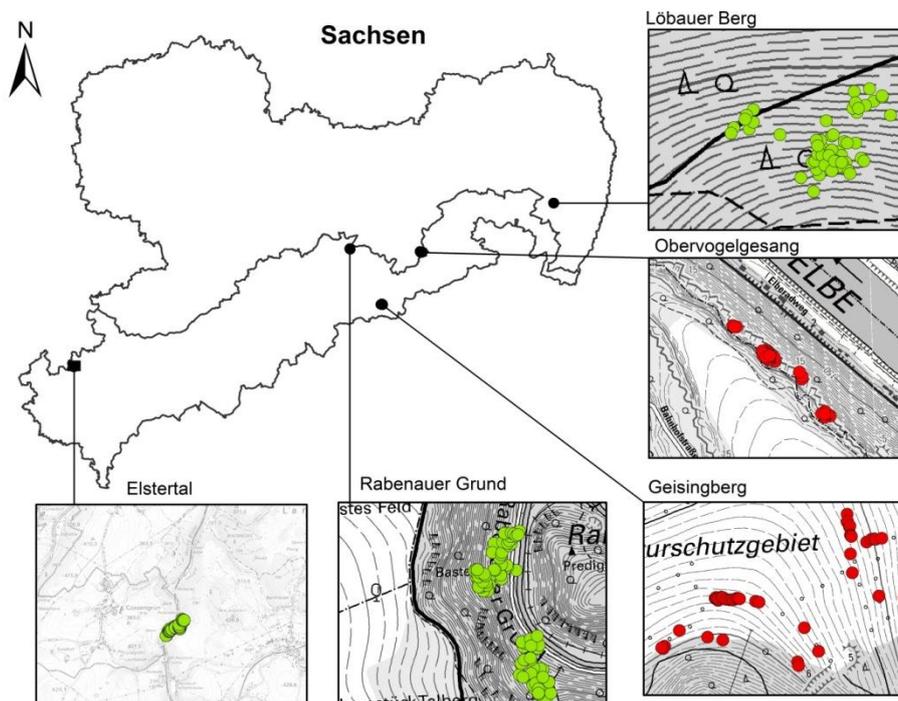


Abbildung 48: Gesamtansicht der kartierten (grüne Punkte) und beerntete Vorkommen (rote Punkte) von *Ribes alpinum* in Sachsen zur Untersuchung des Pollentransports.

Die Samen wurden aus dem Fruchtfleisch entfernt und nach der Stratifikation einzelstrauchweise im Gewächshaus ausgesät. Nach dem Auflaufen wurden von insgesamt 774 Nachkommen Blattproben genommen, die DNA isoliert und die Proben mit SSR Markern genetisch analysiert.

Die Auswertung der SSR Daten erfolgte mit Hilfe des Softwareprogramms CERVUS. Dabei wurden die genetischen Daten der Nachkommen mit den genetischen Daten der 36 Mutterpflanzen und 186 potentiellen Vaterpflanzen, die in fünf Vorkommen in Sachsen kartiert wurden, verglichen. Mit Hilfe dieser Analyse konnte für 185 Nachkommen (24 %) der Vater festgestellt werden. Anschließend wurde anhand der Entfernung zwischen Mutter- und Vaterstrauch die Pollentransportdistanz berechnet.

Ein Großteil (36 %) der Nachkommen wurde von Sträuchern bestäubt, die sich in einer Entfernung bis zu 100 m zum Mutterstrauch befanden (Abbildung 49).

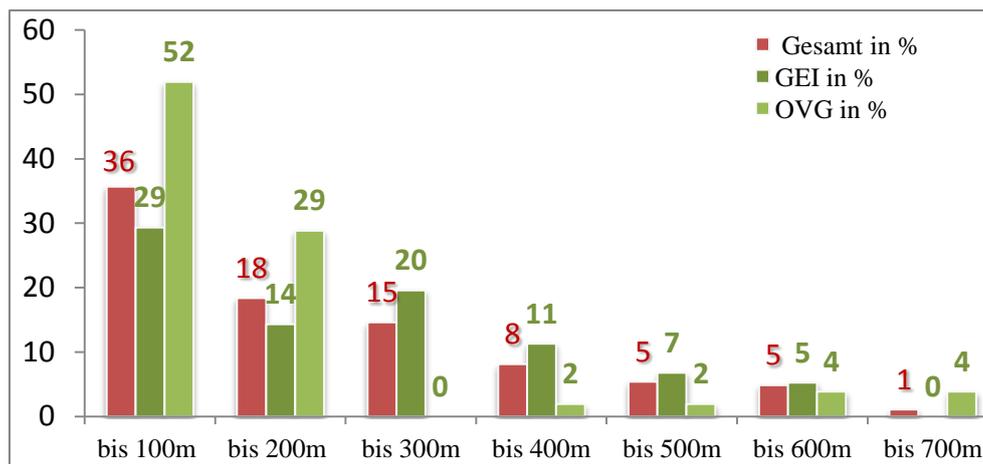


Abbildung 49: Anteil des Pollentransports nach Entfernung für *R. alpinum*, Bestand am Geisingberg (GEI), Obervogelgesang (OVG) und gesamt.

18 bzw. 15 % der Nachkommen stammten von Vätern aus einer Entfernung bis zu 200 m bzw. 300 m vom Mutterstrauch. Der Anteil von Nachkommen, die von Sträuchern in einer Entfernung von 700 m bestäubt wurden, lag im Durchschnitt nur noch bei 1 %. Damit konnte eine proportionale Abnahme des Pollentransports mit zunehmender Entfernung beobachtet werden. Durchschnittlich 89 % der Nachkommen wurden von Vätern bestäubt, die sich innerhalb des Bestandes befanden (< 700 m), 11 % der Nachkommen wurden von Vätern bestäubt, die sich über 700 m entfernt vom Mutterstrauch und damit außerhalb des Bestandes befanden. Dabei war der Anteil der identifizierten Väter, die aus dem gleichen Bestand kamen, im Vorkommen ‚Obervogelgesang‘ mit 92 % etwas höher als im Vorkommen ‚Geisingberg‘, in dem 86 % der identifizierten Nachkommen von einem Vater innerhalb des Bestandes bestäubt wurden (Abbildung 50). Der Anteil der identifizierten Pollenspenden, die außerhalb des Bestandes standen, lag in Obervogelgesang bei 8 % und am Geisingberg bei 14 %.

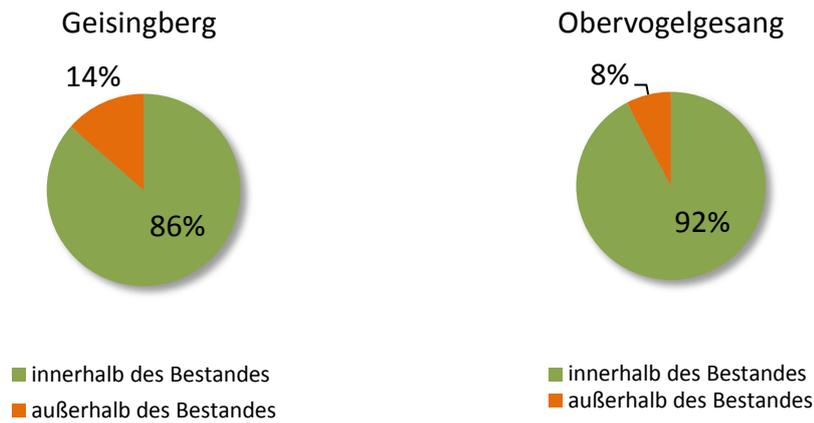


Abbildung 50: Anteil der Nachkommen von *R. alpinum* in den Populationen ‚Geisingberg‘ und ‚Obervogelgesang‘, die von Vätern bestäubt wurden, die sich innerhalb bzw. außerhalb des Bestandes befanden.

Für einen sehr großen Anteil der Nachkommen (76 %) konnte kein Vater identifiziert werden. Diese Nachkommen stammen vermutlich von Vätern, die nicht genetisch analysiert wurden. Dabei kann es sich um Sträucher handeln, die sich im Bestand befinden, aber bei der Kartierung nicht wahrgenommen wurden. Es kann sich auch um Einzelsträucher in der Nachbarschaft handeln oder um einen weiteren Bestand, der im Rahmen des Projektes nicht entdeckt wurde.

5.6. Genetische Analyse bei *Juniperus communis*

5.6.1. Pflanzenmaterial Wacholder

Innerhalb von Sachsen wurden 8 verschiedene *J. communis* Vorkommen mit insgesamt 544 Genotypen beprobt. Weiterhin wurden 210 Wacholderproben aus 14 verschiedenen Populationen aus Thüringen untersucht. Diese stammten aus den Vorkommensgebieten II, III, IV und V. Zusätzlich wurden 29 Individuen aus der Slowakei, 27 Individuen aus Norwegen und 28 Individuen aus Norditalien in die genetischen Untersuchungen einbezogen. Insgesamt standen 838 Genotypen für die Markeranalyse zur Verfügung (Tabelle 48).

Tabelle 48: Liste der analysierten *Juniperus communis* Populationen, ihre Herkunft und Anzahl der beprobten Sträucher

| Vorkommens- gebiet | Land/ Bundesland | Region | Anzahl Exemplare |
|-----------------------|---------------------|--|---------------------|
| 2 | Sachsen | Biosphärenreservat ‚Oberlausitzer Heide und Teichlandschaft‘ | 60 |
| | Sachsen | Sprey | 181 |
| | Sachsen | Neukirch, Lausitz | 62 |
| | Sachsen | Klein Priebus, Lausitzer Neiße | 49 |
| | Sachsen | Eichbusch, Lausitz | 49 |
| 3 | Sachsen | Bad Elster, Vogtland | 90 |
| | Sachsen | Osterzgebirge | 16 |
| | Sachsen | Bobenneukirchen, Vogtland | 37 |
| 2 | Thüringen | Behringen | 15 |
| | Thüringen | Jena | 15 |
| | Thüringen | Tännich | 15 |
| | Thüringen | Siegelbach | 15 |
| | Thüringen | Grundhof | 15 |
| 3 | Thüringen | Schwarzburg | 15 |
| | Thüringen | Probstzella | 15 |
| | Thüringen | Oberleumnitz | 15 |
| 4 | Thüringen | Bernterode | 15 |
| | Thüringen | Behringen | 15 |
| | Thüringen | Ibengarten | 15 |
| 5 | Thüringen | Geba | 15 |
| | Thüringen | Metzels | 15 |
| | Thüringen | Zollbrück | 15 |
| ~ | Slowakei | Zvolen | 29 |
| ~ | Norwegen | Setesdal, Hervik | 27 |
| ~ | Italien | Norditalien, Gardasee | 28 |
| SUMME | | | 838 |

Für die Mikrosatelliten Analyse von *Juniperus communis* wurden 21 SSR Primer, die für *Juniperus communis* und andere *Juniperus*-Arten entwickelt worden waren an 16 *J. communis* Genotypen getestet. Davon amplifizierten 9 SSR Primer nicht bei *J. communis* und 6 Primer zeigten nur

monomorphe Muster. Reproduzierbare Ergebnisse mit polymorphen Mustern wurden bei 6 SSR-Markern detektiert. Diese wurden anschließend auf ihre Eignung für eine Kombination in Multiplex-Reaktionen getestet. Als Ergebnis konnten 5 SSR Primer in drei Multiplex-Reaktionen kombiniert werden, die zwei bzw. drei Primerpaare enthielten (Anlage 3). Die 5 ausgewählten SSR Primer zeigten reproduzierbare Ergebnisse mit einem oder zwei Fragmenten in allen untersuchten Wacholder Genotypen.

5.6.2. Identifizierung von Klonen

Um mögliche Klone innerhalb der untersuchten Wacholderpopulationen zu identifizieren wurden die Proben mit dem Softwareprogramm GENECLONE ver.2 untersucht (Arnaud-Haond und Belkhir 2007). Das Programm bestimmt auf Grundlage der genetischen Daten die verschiedenen Multilokus Genotypen (MLG) sowie die klonale Identität möglicher Wiederholung. In keiner der untersuchten Populationen wurden Klone detektiert.

5.6.3. Genetische Diversität innerhalb der *J. communis* Populationen

Die genetische Diversität innerhalb der 8 sächsischen Wacholderpopulationen, der Thüringer Wacholderproben und der Referenzproben wurde auf Basis der unterschiedlichen SSR-Allelfrequenzen ermittelt.

In den sächsischen Wacholderpopulationen variierte die Anzahl der Allele zwischen mindestens $N_a=12$ („Osterzgebirge“) und höchstens $N_a=31$ („Sprey“). Die durchschnittliche Anzahl effektiver Allele variierte zwischen $N_e=7$ für die Population aus dem Osterzgebirge und $N_e=11$ für die Populationen aus Sprey und Bad Elster. Die erwartete Heterozygotie (H_e) zeigte keine starke Variation zwischen den sächsischen Vorkommen und war für alle Populationen mit $H_e=0.81$ bis $H_e=0.86$ sehr hoch. Dieser Wert deutet auf eine hohe genetische Diversität innerhalb der sächsischen *J. communis* Populationen hin.

In den Thüringischen Wacholderpopulationen schwankte die Anzahl der gefundenen Allele (N_a) je nach Population zwischen 9 und 14. Dass diese Zahl geringer war als in den sächsischen Populationen ist vor allem darauf zurückzuführen, dass eine wesentlich geringere Stichprobengröße untersucht wurde. Die Anzahl der effektiven Allele lag zwischen $N_e=5$ und $N_e=9$. Für die erwartete Heterozygotie wurde ein mittlerer Wert von $H_e=0,80$ berechnet und war damit wie in den sächsischen Populationen sehr hoch. Auf Grundlage dieser Ergebnisse kann zum jetzigen Zeitpunkt auf eine hohe genetische Diversität innerhalb der Wacholderpopulationen aus Thüringen geschlossen werden.

Die Anzahl der privaten Allele je Population schwankte von 0 bis 5. Hier wurden in der thüringischen Population „Schwarzburg“ die höchste Anzahl von privaten Allelen mit $PA=5$ ermittelt. Diesem Wert folgte die Population aus Norwegen mit $PA=4$. In 11 weiteren Populationen wurden zwischen ein bis drei private Allele detektiert, 12 Populationen wiesen keine privaten Allele auf. Insbesondere die sächsischen Populationen zeigten mit Ausnahme der Population aus dem Osterzgebirge ($PA=1$) keine privaten Allele.

Tabelle 49: Genetische Diversitäts-Parameter, ermittelt für die unterschiedlichen *J. communis* Populationen aus Sachsen und Thüringen sowie drei Europäische Vergleichspopulationen

| Population | N | N_a | N_e | H_o | H_e | PA |
|---|-----|-------|-------|-------|-------|------|
| Sächsische Wacholderpopulationen | | | | | | |
| Biosphärenreservat Oberlausitzer Heide- und Teichlandschaft | 55 | 20 | 9 | 0,63 | 0,83 | 0 |
| Sprey | 169 | 31 | 11 | 0,61 | 0,86 | 0 |
| Neukirch | 57 | 19 | 9 | 0,63 | 0,85 | 0 |
| Klein Priebus | 45 | 16 | 8 | 0,54 | 0,81 | 0 |
| Eichbusch | 41 | 17 | 9 | 0,52 | 0,81 | 0 |
| Bad Elster | 83 | 24 | 11 | 0,65 | 0,86 | 0 |
| Osterzgebirge | 15 | 12 | 7 | 0,65 | 0,82 | 1 |
| Bobenneukirchen | 35 | 17 | 10 | 0,58 | 0,86 | 0 |
| Thüringische Wacholderpopulationen | | | | | | |
| Behringen_VKG2 | 15 | 12 | 8 | 0,64 | 0,83 | 0 |
| Jena | 14 | 9 | 5 | 0,57 | 0,77 | 1 |
| Tännich | 15 | 11 | 6 | 0,59 | 0,76 | 3 |
| Siegelbach | 15 | 12 | 8 | 0,76 | 0,84 | 1 |
| Grundhof | 14 | 12 | 7 | 0,75 | 0,80 | 1 |
| Schwarzburg | 14 | 14 | 9 | 0,72 | 0,87 | 5 |
| Probstzella | 13 | 10 | 6 | 0,65 | 0,76 | 0 |
| Oberleumnitz | 14 | 9 | 5 | 0,68 | 0,76 | 1 |
| Bernterode | 14 | 11 | 6 | 0,74 | 0,79 | 1 |
| Behringen_VKG4 | 14 | 11 | 7 | 0,59 | 0,84 | 1 |
| Ibengarten | 13 | 9 | 5 | 0,55 | 0,80 | 2 |
| Geba | 13 | 9 | 6 | 0,54 | 0,79 | 0 |
| Metzels | 14 | 10 | 6 | 0,63 | 0,78 | 1 |
| Zollbrück | 14 | 11 | 7 | 0,62 | 0,78 | 0 |
| Weitere Europäische Wacholderpopulationen | | | | | | |
| Slowakei | 28 | 16 | 8 | 0,60 | 0,83 | 1 |
| Norwegen | 22 | 16 | 11 | 0,53 | 0,88 | 4 |
| Italien | 25 | 16 | 9 | 0,57 | 0,80 | 0 |
| Durchschnitt alle Wacholderpopulationen | | | | | | |
| | 31 | 14,1 | 7,7 | 0,62 | 0,82 | |

N : Anzahl untersuchter Individuen; N_a : Anzahl unterschiedlicher Allele; N_e : Anzahl effektiver Allele ($= 1 / (\sum p_i^2)$); p_i : relative Häufigkeit des i^{th} Allels; H_o : beobachtete Heterozygotie (= Anzahl der Heterozygoten / N); H_e : erwartete Heterozygotie ($= 1 - \sum p_i^2$); PA : Anzahl der privaten Allele die nur in der Population zu finden sind und mit einer Frequenz von > 0.03 auftreten.

5.6.4. Genetische Distanz zwischen den *J. communis* Populationen

Die genetische Distanz zwischen den 8 sächsischen *J. communis* Populationen sowie den 14 thüringischen Populationen wurde auf Basis von Wright's fixation index (F_{st}) ermittelt (Tabelle 50). Die F_{st} -Werte waren generell sehr gering. Der niedrigste F_{st} -Wert mit 0,006 wurde zwischen den beiden sächsischen Populationen ‚Bad Elster‘ (VKG 3) und ‚Sprey‘ (VKG 2) festgestellt. Der höchste F_{st} -Wert mit $F_{st} = 0,046$ wurden zwischen den beiden thüringischen Wacholderpopulationen

‘Oberleumnitz’ (VKG 2) und ‚Ibengarten‘ (VKG 2) ermittelt. Diese Ergebnisse deuten auf sehr geringe genetische Unterschiede zwischen den Populationen hin. Besonders auffällig war auch die geringe genetische Distanz zu den drei europäischen Vergleichspopulationen aus Italien, Norwegen und der Slowakei. Zu diesen Populationen wurde ein F_{st} -Wert von 0,045 nicht überschritten und lag im Mittel bei $F_{st} = 0,028$.

Auch beim Wacholder zeigte sich, dass Populationen aus unterschiedlichen Vorkommensgebieten nicht generell größere genetischen Unterschiede aufweisen als Populationen, die aus demselben Vorkommensgebiet stammen. Ein Zusammenhang zwischen den Vorkommensgebieten bzw. Regionen und der Höhe der genetischen Distanz konnte nicht festgestellt werden.

Für die weitere Überprüfung einer genetischen Abgrenzung der untersuchten Wacholderpopulationen wurden die 544 sächsischen, 210 thüringischen und 84 slowakische, norwegische und italienische *J. communis* Genotypen mittels Bayesian Cluster Analysis durch das Softwareprogramm STRUCTURE analysiert. Das Programm wurde mit folgenden Parametern laufen gelassen: Anzahl der Cluster $K = 2$ -24, 50.000 ‚Burn-In‘-Perioden, 50.000 Markov Chain Monte Carlo Wiederholungen und Verwendung des Admixture-Modells mit korrelierten Allelen. Die von STRUCTURE erstellten Daten wurden mit dem Programm STRUCTURE HARVESTER ausgewertet. Basierend auf Evanno’s ΔK method (Evanno et al 2005) wurde mit diesem Programm der wahrscheinlichste Wert für K (Anzahl der Populationen) ermittelt. Als Ergebnis wurde die höchste Wahrscheinlichkeit für $K = 11$ errechnet, so dass von 11 *J. communis* Populationen ausgegangen werden sollte (Abbildung 51).

Tabelle 50: Paarweise F_{st} -Wert zur Bewertung der genetischen Distanz der untersuchten Wacholderpopulationen

| Population | BROHT | Sprey | Neukirch | Klein Priebus | Eichbusch | Bad Elster | Osterzgebirge | Bobenneukirchen | Behringen | Jena | Tännich | Siegelbach | Grundhof | Schwarzburg | Probstzella | Oberleumnitz | Bernterode | Behringen | Ibengarten | Geba | Metzels | Zollbrück | Slowakei | Norwegen | Italien | | |
|-----------------|-------|-------|----------|---------------|-----------|------------|---------------|-----------------|-----------|-------|---------|------------|----------|-------------|-------------|--------------|------------|-----------|------------|-------|---------|-----------|----------|----------|---------|--|--|
| VKG | II | | | III | | | | II | | | | III | | | | IV | | | | V | | | | k.A. | | | |
| BROHT | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Sprey | 0,013 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Neukirch | 0,019 | 0,015 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Klein Priebus | 0,018 | 0,011 | 0,023 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Eichbusch | 0,014 | 0,012 | 0,022 | 0,013 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Bad Elster | 0,012 | 0,006 | 0,015 | 0,011 | 0,012 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Osterzgebirge | 0,024 | 0,017 | 0,028 | 0,026 | 0,021 | 0,016 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Bobenneukirchen | 0,015 | 0,012 | 0,016 | 0,019 | 0,016 | 0,009 | 0,022 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Behringen | 0,022 | 0,014 | 0,027 | 0,020 | 0,016 | 0,015 | 0,034 | 0,022 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Jena | 0,036 | 0,023 | 0,042 | 0,024 | 0,026 | 0,025 | 0,039 | 0,032 | 0,026 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Tännich | 0,026 | 0,023 | 0,028 | 0,023 | 0,025 | 0,022 | 0,037 | 0,029 | 0,028 | 0,037 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Siegelbach | 0,022 | 0,016 | 0,023 | 0,023 | 0,023 | 0,017 | 0,027 | 0,023 | 0,022 | 0,040 | 0,027 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | | |
| Grundhof | 0,024 | 0,014 | 0,022 | 0,020 | 0,018 | 0,014 | 0,023 | 0,019 | 0,025 | 0,028 | 0,026 | 0,023 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | | |
| Schwarzburg | 0,027 | 0,016 | 0,027 | 0,023 | 0,026 | 0,015 | 0,033 | 0,021 | 0,018 | 0,031 | 0,034 | 0,025 | 0,025 | 0,000 | | | | | | | | | | | | | |
| Probstzella | 0,031 | 0,022 | 0,039 | 0,025 | 0,023 | 0,023 | 0,033 | 0,033 | 0,027 | 0,031 | 0,027 | 0,029 | 0,021 | 0,037 | 0,000 | | | | | | | | | | | | |
| Oberleumnitz | 0,042 | 0,028 | 0,037 | 0,033 | 0,031 | 0,029 | 0,036 | 0,033 | 0,041 | 0,043 | 0,039 | 0,038 | 0,032 | 0,039 | 0,038 | 0,000 | | | | | | | | | | | |
| Bernterode | 0,027 | 0,022 | 0,028 | 0,030 | 0,028 | 0,025 | 0,033 | 0,034 | 0,032 | 0,044 | 0,023 | 0,024 | 0,025 | 0,037 | 0,025 | 0,039 | 0,000 | | | | | | | | | | |
| Behringen | 0,034 | 0,023 | 0,028 | 0,033 | 0,031 | 0,021 | 0,037 | 0,025 | 0,025 | 0,032 | 0,036 | 0,033 | 0,027 | 0,020 | 0,040 | 0,045 | 0,039 | 0,000 | | | | | | | | | |
| Ibengarten | 0,036 | 0,028 | 0,035 | 0,030 | 0,029 | 0,027 | 0,032 | 0,031 | 0,034 | 0,035 | 0,044 | 0,034 | 0,032 | 0,029 | 0,039 | 0,046 | 0,045 | 0,036 | 0,000 | | | | | | | | |
| Geba | 0,029 | 0,022 | 0,027 | 0,022 | 0,021 | 0,018 | 0,027 | 0,030 | 0,025 | 0,030 | 0,037 | 0,030 | 0,022 | 0,030 | 0,032 | 0,042 | 0,036 | 0,035 | 0,033 | 0,000 | | | | | | | |
| Metzels | 0,024 | 0,019 | 0,033 | 0,024 | 0,023 | 0,021 | 0,034 | 0,021 | 0,023 | 0,030 | 0,031 | 0,033 | 0,025 | 0,031 | 0,031 | 0,037 | 0,043 | 0,039 | 0,042 | 0,032 | 0,000 | | | | | | |
| Zollbrück | 0,032 | 0,023 | 0,034 | 0,026 | 0,023 | 0,024 | 0,032 | 0,028 | 0,025 | 0,031 | 0,023 | 0,031 | 0,022 | 0,031 | 0,021 | 0,042 | 0,032 | 0,034 | 0,034 | 0,035 | 0,030 | 0,000 | | | | | |
| Slowakei | 0,018 | 0,015 | 0,022 | 0,019 | 0,023 | 0,013 | 0,025 | 0,022 | 0,029 | 0,040 | 0,034 | 0,022 | 0,023 | 0,030 | 0,031 | 0,045 | 0,023 | 0,040 | 0,041 | 0,028 | 0,035 | 0,030 | 0,000 | | | | |
| Norwegen | 0,026 | 0,015 | 0,026 | 0,021 | 0,026 | 0,015 | 0,031 | 0,018 | 0,023 | 0,035 | 0,037 | 0,029 | 0,031 | 0,019 | 0,043 | 0,040 | 0,042 | 0,032 | 0,040 | 0,033 | 0,029 | 0,037 | 0,031 | 0,000 | | | |
| Italien | 0,016 | 0,017 | 0,025 | 0,014 | 0,019 | 0,016 | 0,033 | 0,024 | 0,023 | 0,033 | 0,021 | 0,026 | 0,024 | 0,030 | 0,028 | 0,044 | 0,029 | 0,038 | 0,042 | 0,030 | 0,028 | 0,028 | 0,021 | 0,027 | 0,000 | | |

Fst= 0.0- 0.049: geringe genetische Differenzierung; Fst= 0.05- 0.149: mittlere genetische Differenzierung; Fst= 0.15- 0.249: große genetische Differenzierung; Fst> 0.25: sehr große genetische Differenzierung (Wright, 1978).

Grün: geringster Fst-Wert, gelb: höchster Fst-Wert

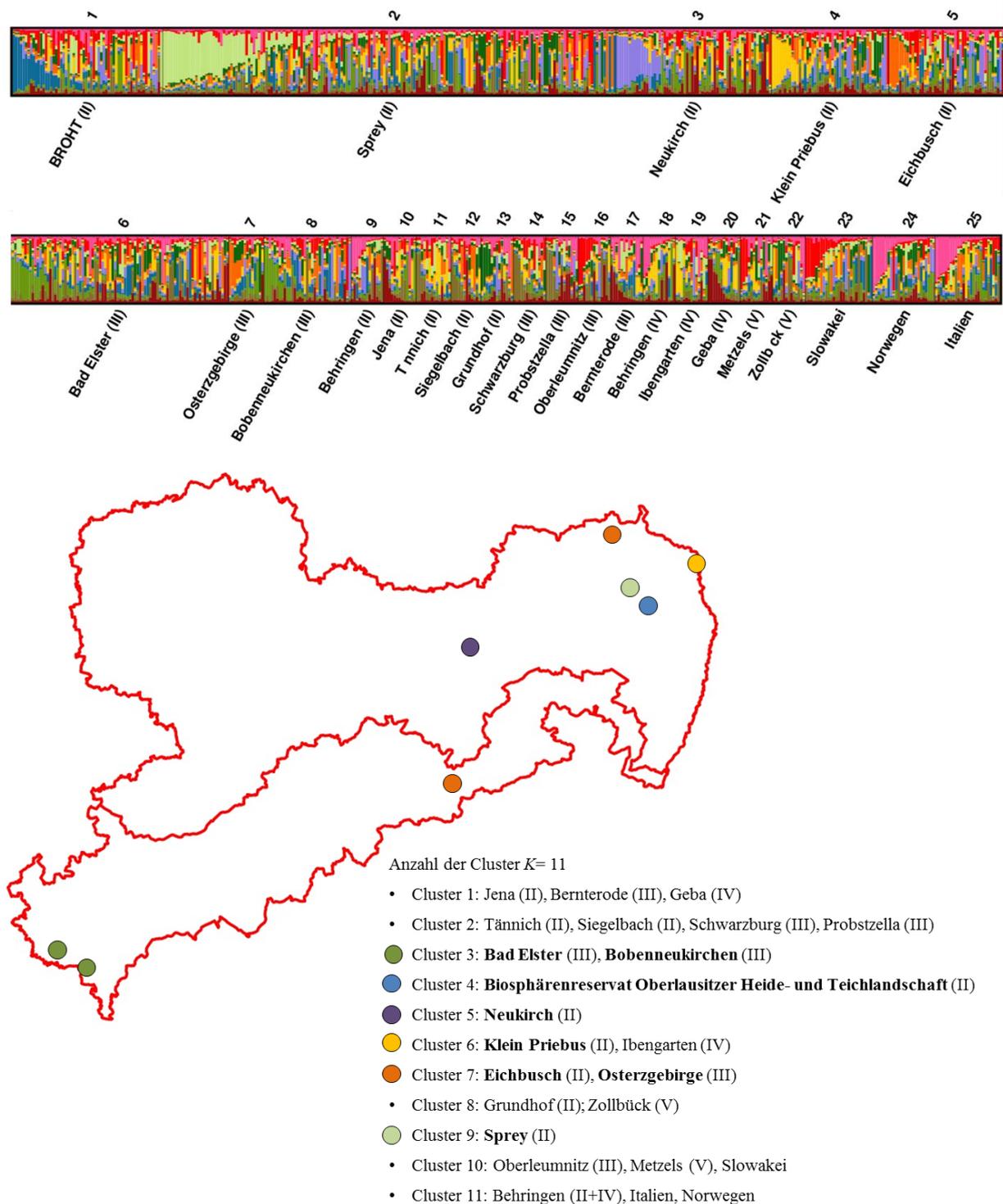


Abbildung 51: Clusterzuordnung der untersuchten Wacholderpopulationen nach STRUCTURE-Analyse ($K=11$) und räumliche Verteilung der Cluster in Sachsen. Die Zahlen in den Klammern geben die Vorkommensgebiete an.

5.6.5. SNP-Analyse im Chloroplastengenom beim Wacholder

Für die SNP-Analyse innerhalb des Chloroplastengenoms wurden 404 Genotypen der sächsischen Populationen und die 84 Genotypen aus Italien, Norwegen und der Slowakei untersucht. Die Analyse erfolgte mit vier Primern mittels sogenannter AS-PCR, um Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNP, engl. Single Nucleotide Polymorphism) im Bereich des Chloroplasten-Genoms zu detektieren. , wie

bei Provan et al. (2009) beschrieben. In drei Chloroplastgenom-Regionen (VV-435, VV-449, BD-616) konnten keine Einzelnukleotid-Polymorphismen detektiert werden. Nur in der Chloroplastenregion 'IC-61' wurde ein cpSNP in 8 Genotypen gefunden, die aus der Population des Biosphärenreservates 'Oberlausitzer Heide- und Teichlandschaft' und aus der Population 'Neukirch/Lausitz' stammen. Die Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) auf Basis der cpSNP-Untersuchungen zeigte, dass nur 2 % der genetischen Varianz auf genetische Unterschiede zwischen den Wacholderpopulationen zurückzuführen war. 98 % der SNP Variation zeigte sich innerhalb der Population (Abbildung 52). Damit konnte die genetische Distanz auf Basis der cpSNP-Marker als sehr gering eingestuft werden. Aufgrund der geringen Haplotypenvariation bei den untersuchten Wacholderpopulationen wurde auf eine Zuordnung der Haplotypen in Sachsen verzichtet.

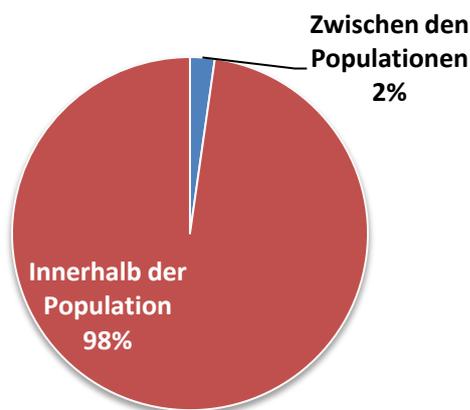


Abbildung 52: Molekulare Varianz der untersuchten Wacholderpopulationen auf Basis der cpSNP-Untersuchungen

Die Ergebnisse der genetische Untersuchungen beim Wacholder sind als Publikation zusammengefasst:

Reim, S., Proft, A., Lochschmidt, F., Tröber, U., Wolf, H. (2016): Genetic structure and diversity in Juniper (*Juniperus communis* L.) populations in Saxony, Germany. Biodiversity Research and Conservation, 42: 9-18. DOI 10.1515/biorc-2016-0008

5.6.6. Bestimmung der Pollen- und Samentransportdistanzen bei *J. communis*

Da sich der Wacholder aufgrund der schlechten Samenqualität und langen Keimungszeiten nur schwer generativ vermehren lässt, wurde für Nachkommenschaftsanalysen ein anderer Versuchsansatz als beim Wildapfel und der Alpen-Johannisbeere gewählt. Für die Untersuchungen wurde der Wacholderbestand in Sprey ausgewählt, in dem es sehr viel Naturverjüngung (Pflanzen < 1 m Höhe) gibt.

Ein Teil der Elternsträucher ist zu Beginn des Projektes schon kartiert und beprobt worden. Für eine vollständige Aufnahme wurden im Frühjahr 2015 die restlichen Elternbäume sowie die Naturverjüngung in dem Bestand kartiert. Nach der Beprobung wurde aus den Nadelproben die DNA isoliert und die Proben mittels SSR Markern genetisch analysiert. Insgesamt standen für die statistische Auswertung genetische Daten von 425 Wacholderpflanzen aus dem Vorkommen in Sprey zur Verfügung. Bei diesen Pflanzen handelte es sich um 181 adulte Individuen und 244 Individuen der Naturverjüngung. Zusätzlich wurden 313 adulte Wacholderpflanzen aus sieben weiteren Vorkommen in Sachsen in die Analyse einbezogen, so dass die genetischen Daten von insgesamt 494 (239 weibliche und 255 männliche) adulten Pflanzen auswertbar waren (Tabelle 51). Die Kartierung, Beprobung und genetische Analyse der neu aufgenommenen Individuen aus Sprey sowie die Auswertung und Interpretation der Ergebnisse erfolgte im Rahmen der Bachelorarbeit 'Genetischer Austausch bei Wacholder (*Juniperus communis*) - Mikrosatellitenanalysen von Altbestand und Naturverjüngung einer Wacholderpopulation in Sprey/Sachsen', die von Claudia Keller im Studiengang ‚Gartenbau‘ an der HTW Dresden angefertigt wurde.

Tabelle 51: Aufteilung der in die Untersuchung einbezogenen 738 Genotypen von *J. communis* L. auf die acht kartierten Populationen in Sachsen sowie die Unterteilung der Genotypen in Sprey in Altbestand und Naturverjüngung

| Population | Anzahl Pflanzen |
|--|-----------------|
| Bad Elster | 88 |
| Bobenneukirchen | 33 |
| Biosphärenreservat Oberlausitzer Heide und Teichlandschaft (BROHT) | 56 |
| Eichbusch | 29 |
| Klein Priebus | 31 |
| Neukirch | 61 |
| Osterzgebirge, Schlottwitz (OEG) | 15 |
| Sprey-Altbestand | 181 |
| Sprey-Naturverjüngung | 244 |

Die Bestimmung der potentiellen Mütter und Väter erfolgte mit Hilfe des Softwareprogramms CERVUS Version 3.0 (Marshall et al. 1998; Kalinowski et al. 2007). Von den 244 Individuen der

Naturverjüngung wurden vier Individuen von der Parentalen Analyse ausgeschlossen, da diese an mehr als einem SSR-Locus Fehldaten aufwiesen. Bei den potentiellen Eltern zeigten 23 männliche und 15 weibliche Individuen an mehr als einem SSR-Locus Fehldaten, so dass diese ebenfalls nicht in der Analyse berücksichtigt wurden. Insgesamt wurden die genetischen Daten von 240 Individuen der Naturverjüngung sowie 232 Vaterkandidaten und 224 Mutterkandidaten ausgewertet.

Für insgesamt 74 Nachkommen konnte die Mutter nachgewiesen werden. Für 27 Individuen der Naturverjüngung wurde die Mutter mit einer Fehlerwahrscheinlichkeit von unter 5 % bestimmt und für 47 Individuen der Naturverjüngung mit einer Fehlerwahrscheinlichkeit von unter 15 %. Für einen Großteil der Nachkommen (70 %) konnte keine Mutter nachgewiesen werden. Über die Hälfte (55 %) der identifizierten Mütter stammte aus dem Bestand ‚Sprey‘. Der restlichen Anteil von Samen (45 %) wurde von außen in den Bestand eingetragen (Abbildung 53).

Pollenspender konnten für 72 Individuen der Naturverjüngung identifiziert werden. Hier lag die Fehlerwahrscheinlichkeit bei 24 Individuen unter 5 % und bei 48 Individuen unter 15 %. Für 168 Individuen der Naturverjüngung konnte kein Vaterbaum bestimmt werden (70 %). Mit 63 % stammte ein Großteil der identifizierten Väter aus dem Bestand ‚Sprey‘. 37 % der identifizierten Pollenspender kamen von außerhalb des Bestandes (Abbildung 53).

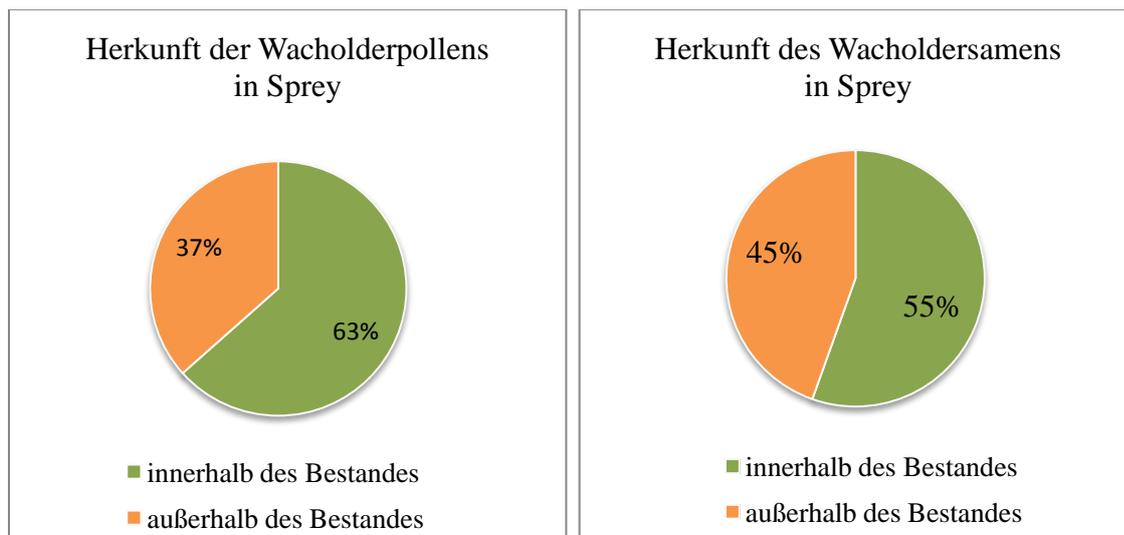


Abbildung 53: Anteil Herkunft des Wacholderpollens bzw. des Wacholdersamens im Bestand ‚Sprey‘.

Der genetischen Austausch beim Wacholder wurden im Rahmen einer Bachelorarbeit erarbeitet:

Keller, Claudia (2016): „Genetischer Austausch bei Wacholder (*Juniperus communis* L.) - Mikrosatellitenanalysen von Altbestand und Naturverjüngung einer Wacholderpopulation in Sprey / Sachsen“. Bachelorarbeit zur Erlangung des akademischen Grades eines Bachelor of Science (B.Sc.) im Studiengang Gartenbau an der Hochschule für Technik und Wirtschaft (HTW) Dresden, Fakultät für Landbau/Landespflege.

5.7. Zusammenfassung der genetischen Untersuchungen

Für die Bestimmung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer, seltener Wildobstarten wurden fünf Modellarten untersucht. Diese fünf Modellarten haben eine unterschiedliche Befruchtungsbiologie und verschiedene Bestäubungssysteme: Wildapfel, Wildbirne und Eberesche sind Vertreter der einhäusigen, insektenbestäubten Fremdbestäuber, die Alpenjohannisbeere wurde als zweihäusiger, insektenbestäubter Fremdbestäuber ausgewählt und der Wacholder als Repräsentant einer zweihäusigen, wind- und fremdbestäubten Art.

Je nach Art waren die Ergebnisse der populationsgenetischen Parameter hinsichtlich dem Anteil von Hybriden, Klonen, genetische Diversität und genetische Struktur sehr variabel. Im Folgenden werden die Ergebnisse der wichtigsten populationsgenetischen Parameter der fünf Modellarten zusammengefasst und verglichen (Tabelle 52).

Tabelle 52: Zusammenfassende Ergebnisse der wichtigsten populationsgenetischen Parameter der fünf Modellarten nach der genetischen Charakterisierung

| Art | Befruchtungs-system | Anteil ‚echte‘ Wild-form | Anteil genetisch identischer Genotypen (Klone) | Hetero-zygotiegrad | Genetische Unterschiede zw. Populationen (SSR) | Genetische Unterschiede (cpDNA) |
|-----------------------|------------------------------|--------------------------|--|--------------------------------|--|-------------------------------------|
| Wildapfel | Einhäusig, insektenbestäubt | 83% | 0% | Hoch ($H_e = 0,72$) | Gering-mittel ($F_{st} = 0,058$) | Gering ($\phi_{PT} = 0,033$) |
| Wildbirne | Einhäusig, insektenbestäubt | 86% | 9,8% | Hoch ($H_e = 0,76$) | Gering-mittel ($F_{st} = 0,058$) | Mittel (9%) ($\phi_{PT} = 0,086$) |
| Gewöhnliche Eberesche | Einhäusig, insektenbestäubt | 100% | 0% | Sehr hoch ($H_e = 0,83$) | Mittel ($F_{st} = 0,068$) | Gering (9%) ($\phi_{PT} = 0,089$) |
| Alpen-Johannisbeere | Zweihäusig, insektenbestäubt | 100% | 22% | Gering-mittel ($H_e = 0,47$) | Sehr hoch ($F_{st} = 0,343$) | n.a. |
| Gemeiner Wacholder | Zweihäusig, windbestäubt | 100% | 0% | Sehr hoch ($H_e = 0,84$) | Sehr gering ($F_{st} = 0,025$) | Sehr gering ($\phi_{PT} = 0,022$) |

5.7.1. Hybride

Hybridformen konnten nur beim Wildapfel und der Wildbirne festgestellt werden. Die anderen Modellarten gaben keine Hinweise darauf, dass sie mit anderen Arten hybridisieren.

Von den untersuchten sächsischen Wildapfelbäumen wurden nach STRUCTURE Analyse 16,7 % der Bäume als Hybrid bzw. verwilderter Kulturapfel identifiziert. Damit war der Anteil der Hybride in sächsischen Proben geringer als in den Vergleichsproben aus anderen Teilen Deutschlands (23,8 %), die in dieser Arbeit analysiert wurden. Der Anteil von Hybridformen bei der Wildbirne war mit 19,8

% an der Gesamtzahl der genetisch untersuchten Proben ebenfalls gering, insbesondere in Hinblick auf die leichte Hybridisierbarkeit der Wildbirne (Kühn 1998). Das bedeutet jedoch nicht unbedingt, dass es in Sachsen weniger Hybridformen beim Wildapfel und der Wildbirne als in anderen Teilen Deutschlands gibt. Solche Schwankungen können sich zum Beispiel durch die erste Identifizierung von Wildapfelbäumen anhand von morphologischen Merkmalen ergeben, denn je nach Kartierer werden morphologische Ausprägungen nicht immer einheitlich bewertet. Bäume, deren morphologische Merkmale eindeutig auf den Einfluss der Kulturform hindeuteten, wurden von vornherein nicht mit in diese Studie aufgenommen. Daher kann der Anteil von Wildapfel- und Wildbirnenhybriden in Sachsen also tatsächlich höher sein, als in dieser Arbeit dargestellt. Nach einer bundesweiten Erhebung zu seltenen Baumarten, die von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) in Auftrag gegeben wurde und in der auch Wildapfel und Wildbirne bearbeitet wurden, lag der durchschnittliche Hybridanteil beim Wildapfel in Deutschland bei nur 12 % (Schulze et al. 2013), wobei es deutliche regionale Schwankungen im Hybridanteil gab. Es sollte im Allgemeinen bei Wildapfelbäumen von einem Hybridanteil zwischen 10 % und 20 % ausgegangen werden. Bei der Wildbirne entspricht der Hybridanteil in unserer Studie dem Ergebnis der bundesweiten Kartierung und genetischen Charakterisierung der Wildbirne (Schulze et al. 2013). Auffällig war in diesen Untersuchungen, dass der Anteil von Hybriden in individuenstarken Populationen sowohl beim Wildapfel als auch bei der Wildbirne generell niedriger ist.

5.7.2. Vegetative Vermehrung

Vegetative Vermehrung wurde nur bei den Modellarten Alpen-Johannisbeere und Wildbirne festgestellt. Bei allen anderen Modellarten wurde keine asexuelle Vermehrung beobachtet.

Bei der Alpen- Johannisbeere wurden in allen Vorkommen genetisch identische Individuen identifiziert. Dabei konnten starke Schwankungen in der Anzahl der Klone/ Ramets je Population festgestellt werden. Innerhalb der untersuchten sächsischen Wildbirnen wurden in drei Vorkommen in Summe 16 Klone mit insgesamt 28 Ramets identifiziert. Sowohl bei der Alpen-Johannisbeere als auch bei der Wildbirne erfolgte die vegetative Vermehrung sehr wahrscheinlich durch Bewurzelung von niederliegenden Zweigen. Häufig finden sexuelle und asexuelle Reproduktion nebeneinander statt. In der Literatur gibt es Hinweise, dass das Ausmaß der asexuellen Vermehrung von verschiedenen ökologischen und genetischen Faktoren abhängig ist. Das Auftreten von vegetativer Vermehrung bei der Wildbirne ist möglicherweise auf die spezifischen Standortbedingungen in der jeweiligen Population zurückzuführen. Die drei Vorkommen, in denen eine vegetative Vermehrung nachgewiesen wurde, unterscheiden sich hinsichtlich ihrer Standortverhältnisse deutlich von den anderen untersuchten Beständen. Es handelt sich hierbei um flachgründige, steile und sonnenexponierte Hangwaldstandorte bzw. Steinrücken und größere Lesesteinhaufen. Diese zeichnen sich durch einen stark angespannten Wasserhaushalt aus. Die Wildbirne kann sich hier aufgrund ihres tiefreichenden Wurzelsystems gegenüber konkurrierenden Gehölzen behaupten (Türk 1999), die Birnbäume stehen auf solchen Standorten zumeist in dichteren Gruppen. Vegetative Vermehrung über

Wurzelbrut begünstigt auf solchen Standorten wahrscheinlich den Bestandserhalt, da eine Verjüngung über Sämlinge aufgrund des Wassermangels erschwert wird (Hofmann 1993).

Bei zweihäusigen Arten gibt es Hinweise, dass bei einem geringen Anteil von weiblichen Individuen in der Population die sexuelle Reproduktion durch eine asexuelle Reproduktion ersetzt bzw. ergänzt wird. Dabei ist die asexuelle Vermehrung eine einfache und effiziente Strategie, die bei stabilen Umweltbedingungen einen positiven Effekt auf den Fortbestand der Population hat. Ändern sich die Umweltbedingungen, ist die sexuelle Reproduktion erfolgreicher, da durch die Neumischung der Gene eine Anpassung an die Umwelt stattfinden kann.

Langfristig wirkt sich die Kombination aus sexueller und asexueller Vermehrung auch auf die genetische Diversität und die genetische Struktur der Populationen aus. Gibt es einen hohen Anteil vegetativ vermehrter Individuen in der Population ist der Anteil genetisch unterschiedlicher Individuen eingeschränkt. Findet die Bestäubung vorrangig zwischen den Individuen in der nächsten Umgebung statt, kommt es im Laufe der Zeit zu einer starken Einschränkung der genetischen Diversität. Als zweiten Effekt können sich starke lokale genetische Strukturen herausbilden. Dieser Effekt ist besonders bei Alpen-Johannisbeere zu beobachten (vgl. Kapitel 5.7.3).

5.7.3. Genetische Diversität und genetische Struktur

Die Ergebnisse zur genetischen Diversität und genetischen Struktur lassen vermuten, dass je nach Bestäubungsbiologie der Modellarten Tendenzen hinsichtlich der Ausprägung der genetischen Diversität und genetischen Struktur existieren.

Die höchste erwartete Heterozygotie als Maß für die genetische Diversität zeigte von allen untersuchten Modellarten der Gewöhnliche Wacholder (zweihäusig, windbestäubt). Hier lag die erwartete Heterozygotie bei $H_e = 0,84$. Die genetische Diversität der insektenbestäubten und einhäusigen Modellarten Wildapfel, Wildbirne und Eberesche wurden anhand der erwarteten Heterozygotie von $H_e = 0,72$ (Wildapfel), $H_e = 0,76$ (Wildbirne) und $H_e = 0,83$ (Eberesche) als hoch bis sehr hoch eingestuft. Bei den Wildapfelproben, die aus anderen Teilen Deutschland stammten, war die genetische Diversität mit $H_e = 0,69$ etwas geringer. Die Alpen-Johannisbeere war die einzige Modellart, bei der nur eine geringe bis moderate genetische Diversität vorhanden war ($H_e = 0,47$).

Mit Ausnahme der Alpen-Johannisbeere wurden bei den untersuchten Modellarten nur geringe genetische Unterschiede zwischen den Populationen gefunden. Am deutlichsten war das Fehlen einer genetischen Struktur bei den sächsischen Wacholderpopulationen. Auch bei genetischen Vergleichen zu Wacholderproben aus norwegischen, italienischen und slowakischen Populationen konnten kaum bzw. keine genetischen Unterschiede festgestellt werden. Mit Hilfe der STRUCTURE Analyse war eine Differenzierung zwischen den untersuchten *J. communis* Populationen ebenfalls nicht möglich. Ebenfalls nur geringe genetische Unterschiede zwischen den Populationen wurden bei allen drei insektenbestäubten, einhäusigen Modellarten gefunden. Auf Basis der Mikrosatellitendaten wurden die insgesamt 10 untersuchten Wildapfelpopulationen nach STRUCTURE Analyse in drei genetische Cluster eingeordnet. Die sächsischen Wildapfelpopulationen bildeten dabei nur zwei genetische

Cluster. Die insgesamt 7 untersuchten Wildbirnenpopulationen konnten in vier genetische Cluster eingeordnet werden und die 14 untersuchten Ebereschenpopulationen bildeten nach STRUCTURE Analyse fünf genetische Cluster. Auch mit Hilfe der Chloroplasten Analysen war keine ausgeprägte genetische Struktur zwischen den Populationen erkennbar. Die Alpen-Johannisbeere (zweihäusig, insektenbestäubt) war die einzige Modellart, bei der eine ausgeprägte genetische Struktur zwischen den Populationen zu erkennen war ($F_{st} = 0,343$). Nach STRUCTURE Analyse wurden die fünf untersuchten Alpen-Johannisbeer-Populationen in fünf eindeutig voneinander abgrenzbare genetische Cluster eingeordnet.

Zusammenfassend konnte bei keiner Modellart ein eindeutiger Zusammenhang zwischen den genetischen Clustern, weder auf Basis der nSSR noch auf Basis der cp-Marker, und der regionalen Verteilung bzw. der Einteilung nach Vorkommensgebieten festgestellt werden.

Die Parameter zur genetischen Diversität und Struktur spiegelten in erster Linie den möglichen Austausch zwischen Populationen wieder. Eine fehlende genetische Struktur und eine hohe genetische Diversität sind vor allem dann zu finden, wenn ein genetischer Austausch zwischen Populationen möglich ist (Porth und El-Kassaby 2014). Bei stark fragmentierten und isoliert stehenden Populationen ist der genetische Austausch jedoch in der Regel eingeschränkt. Auf der anderen Seite sprechen Studien dafür, dass räumlich isolierten Populationen nicht auch zwangsweise bei der Fortpflanzung eingeschränkt sind (zusammengefasst in Ashley 2010). Stattdessen wird in solchen Populationen die räumliche Isolation durch höhere Pollentransportdistanzen kompensiert (Albaldejo et al. 2012, Kramer et al. 2008). Auch in den Untersuchungen beim Wildapfel, die im Rahmen des Wildobstprojektes durchgeführt wurden, wurden hohe Pollentransportdistanzen bis über 10 km Distanz nachgewiesen. Es zeigte sich, dass in isolierten Beständen mit wenigen Einzelindividuen die Pollentransportdistanz zunimmt, so dass der genetische Austausch zwischen den Individuen auch über größere Entfernungen aufrechterhalten wird. Gleichzeitig steigt allerdings mit einer erhöhten Pollentransportdistanz das Risiko einer Hybridisierung mit einer Kulturform. In Wildapfelbeständen mit einer geringen Individuenanzahl wurde der höchste Anteil an Hybriden in der Nachkommenschaft ermittelt. Dagegen wurde mit zunehmender Bestandesdichte eine deutliche Abnahme der Hybriden in der Nachkommenschaft beobachtet. Bei einer Bestandesdichte von über 20 Bäumen in einem Radius von 250 m konnten in unseren Untersuchungen keine Hybride mehr nachgewiesen werden. Wildapfelvorkommen mit hohen Bestandesdichte können daher für eine Beerntung geeignet sein, insbesondere wenn sich die nächsten Kulturapfelbäume in größeren Entfernungen befinden (> 300 m). In solchen Beständen ist das Risiko, dass sich unter den Nachkommen Hybride befinden gering.

Für die fehlende genetische Struktur beim Wacholder gibt es noch eine weitere Theorie zur Erklärung. Hier wird die fehlende genetische Struktur bei *J. communis* damit erklärt, dass während der letzten Eiszeit (last glacial maximum, LGM) dieser aufgrund seiner hohen Frosttoleranz nicht in die südlichen Refugialgebiete (Balkan, Iberische Halbinsel) verdrängt wurde. *J. communis* ist bis in die Kalthärtezone (Plant hardiness zone) 2 verbreitet und toleriert Temperaturen bis -40°C . Aufgrund

dieser Kältetoleranz konnte der Wacholder verstreut in Europa überleben. Als Folge könnten sich keine regional-typischen, genetischen Strukturen ausgebildet haben.

Vergleicht man die Ergebnisse von *J. communis* mit den Ergebnissen von *R. alpinum* ist es jedoch fraglich, ob mit dieser Theorie allein die fehlenden genetischen Strukturen zu erklären sind. Wie der Wacholder ist auch die Alpen-Johannisbeere bis in die Härtezone 2 verbreitet und toleriert Temperaturen bis -40°C , so dass auch hier sehr wahrscheinlich keine Verdrängung der Art in südliche Refugialgebiete stattgefunden hat. Stattdessen wird davon ausgegangen, dass es sich bei der Alpen-Johannisbeere um ein Glazialrelikt handelt. Diese Arten sind normalerweise in arktischen Regionen oder in den Hochgebirgen verbreitet und haben während der Eiszeit tiefere Gebiete besiedelt. Als Folge wären auch hier kaum regional-typische genetische Strukturen zu erwarten. Doch im Gegensatz zum Wacholder, zeigte die Alpen-Johannisbeere große Unterschiede in der genetischen Struktur bei den verschiedenen Populationen.

Daher scheint beim Wacholder, wie bei den insektenbestäubten einhäusigen Modellarten, der Grund für die fehlende genetische Differenzierung zwischen den verschiedenen Wacholder Populationen eher in der Ausbildung von Metapopulationsstrukturen zu liegen. Solche Metapopulationen sind gekennzeichnet durch ein Netzwerk von fleckhaft verteilten und voneinander getrennten Lokalpopulationen, die jedoch untereinander regelmäßig genetische Information austauschen. Besonders bei Windbestäubern kann der Pollen im Allgemeinen über große Distanzen transportiert werden, so dass keine ‚Isolation by distance‘ gegeben ist und ein Austausch von genetischem Material über große Entfernungen stattfinden kann. Unsere Untersuchungen zum Genfluss beim Wacholder bestätigen diese Annahme. Bei der Naturverjüngung im Bestand ‚Sprey‘ stammt über ein Drittel des Pollens von Pflanzen, die sich außerhalb des Bestandes befanden. Weiterhin zeigte sich, dass die Wacholdersamen ebenfalls über große Entfernungen transportiert werden. Samen können dabei durch Vögel über hunderte Kilometer verfrachtet werden (Nathan et al. 2008). In unseren Untersuchungen wurde ersichtlich, dass 45% der Naturverjüngung des Bestandes in ‚Sprey‘ von Samen stammen, die von außerhalb eingetragen wurden. Vergleichbare Beobachtungen wurden auch bei *Taxus baccata* oder *Milicia excelsa* gemacht (Bizoux et al. 2009).

Die Alpen-Johannisbeere war die einzige Modellart, die eine geringe genetische Diversität und große genetische Unterschiede zwischen den Populationen aufwies. Bei der Alpen-Johannisbeere handelt es sich ebenfalls, wie beim Wildapfel, der Wildbirne und der Ebersche, um einen Insektenbestäuber, so dass Pollentransportdistanzen über größere Entfernungen zu erwarten wären. Die Bestäubungsdistanzen scheinen jedoch abhängig von den spezifischen Bestäuber-Insektenarten zu sein (zusammengefasst in Ashley 2010). Bei der Alpen-Johannisbeere erfolgt die Bestäubung hauptsächlich durch Fliegen oder Wildbienen, wie beispielsweise die Sandbiene (*Andrena fulva*). Diese ist vor allem in lichten Wäldern weit verbreitet. Im Vergleich zur Honigbiene haben Wildbienen in der Regel geringere Populationsdichten und eine kleinere Körpergröße. Die Frequenz und Distanz des Pollentransports ist deshalb weniger stark ausgeprägt als bei Honigbienen (Mader et al. 2011), weshalb bei der Alpen-Johannisbeere ein geringerer genetischer Austausch zwischen den Populationen

zu erwarten ist. Diese Annahme wurde auch durch die Untersuchungen zum Pollentransport bei der Alpen-Johannisbeere bestätigt. Der Anteil an Nachkommen, die von Sträuchern in einer Entfernung von 700 m bestäubt wurden, lag im Durchschnitt bei nur noch 1 %. Der Anteil der identifizierten Pollenspender, die außerhalb des Bestandes standen, lag im Durchschnitt bei 11 %. Erfolgt der genetische Austausch vorwiegend nur innerhalb der Population, sinkt die genetische Diversität und die Ausbildung von genetischen Strukturen zu anderen Populationen steigt, wohingegen ein genetischer Austausch die Aufrechterhaltung der genetischen Diversität in der Population gewährleistet und die Ausbildung von genetischen Strukturen zwischen den Populationen verhindert.

5.8. Fazit

- Der Anteil von Hybriden in einer Naturverjüngung oder dem Erntegut kann stark reduziert werden, indem individuen schwache Populationen durch eine Nachpflanzung mit geeignetem Pflanzenmaterial verdichtet werden.
- Der Anteil vegetativer Vermehrung in Populationen kann unterschiedlich stark ausgeprägt sein und vor allem durch ungünstige Standortbedingungen gefördert werden. Bei solchen Standorten sollten möglichst eindeutig abgrenzbare Individuen beerntet werden.
- Die genetische Diversität ist mit Ausnahme der Alpen-Johannisbeere bei den Modellarten noch hoch, eine Verringerung ist jedoch im Laufe der Zeit durch fehlende Kreuzungspartner zu erwarten.
- Es wurden mit Ausnahme der Alpen-Johannisbeere keine ausgeprägten genetischen Strukturen zwischen den Populationen gefunden, was auf einen genetischen Austausch der Populationen untereinander zurückzuführen ist. Auf Grundlage der Ergebnisse der genetischen Analyse ist eine getrennte Behandlung dieser Wildobstarten nach Vorkommensgebieten nicht unbedingt erforderlich, da die genetischen Daten darauf hinweisen, dass sowieso ein natürlicher genetischer Austausch zwischen den verschiedenen Populationen stattfindet.
- Bei der Alpen-Johannisbeere wurde eine ausgeprägte genetische Struktur zwischen den Populationen gefunden. Aufgrund der sehr ähnlichen klimatischen Standortbedingungen in den verschiedenen Alpen-Johannisbeerpopulationen scheint die Ausbildung von genetischen Strukturen aufgrund einer klimatischen Anpassung nicht plausibel. Selbst die Standortbedingungen der Alpen-Johannisbeerpopulationen zwischen dem Vorkommensgebiet 2 und III waren mit Ausnahme der Geisingbergpopulation vergleichbar. Die ausgeprägte genetische Struktur ist mit hoher Wahrscheinlichkeit auf einen eingeschränkten genetischen Austausch zwischen den Populationen, einhergehend mit einer Verringerung der genetischen Diversität, zurückzuführen. In einem solchen Fall ist eine Mischung des Saat- und Vermehrungsgutes aus verschiedenen Populationen sinnvoll, um die genetische Diversität in der Nachkommenschaft wieder dauerhaft zu erhöhen.

6. Etablierung gebietseigener, seltener Wildobstarten als Baumschulware

6.1. Bereitstellung von herkunftsgesichertem Saat- und Pflanzgut

Für die Bereitstellung von herkunftsgesichertem Saatgut und Pflanzenmaterial der 5 Modellarten wurden ausgewählte Vorkommen der Wildobstarten in den Projektjahren 2014, 2015 und 2016 beerntet. Vor allem mit der Beerntung der Gemeinen Eberesche sollte der organisatorische Ablauf und die Effizienz einer solchen *In situ* Ernte im größeren Maßstab für die seltenen Gehölze erprobt werden. Für den Wildapfel und die Wildbirne wurden nur jeweils zwei Vorkommen *in situ* beerntet, da bei den anderen Vorkommen das Risiko eines hohen Hybridanteils im Saatgut zu hoch gewesen wäre.

Für die Alpen-Johannisbeere wurde jährlich von 2013 bis 2016 Saatgut geerntet und Pflanzen angezogen. Beim Wacholder beschränkte sich die Saatguternte zunächst darauf, genügend Saatgut für die Untersuchungen zum Vollkornanteil und zur Stratifizierungsvorbehandlung zu haben. In den Jahren 2015 und vor allem 2016 wurden auch vom Wacholder größere Saatgutmengen für die Vermehrung geerntet.

Tabelle 53: Verteilung der geernteten Fruchtmenge je Modellart und Jahr

| Modellart | Beerntungsjahr | Fruchtmenge (kg) | Anzahl angezogener Pflanzen (gesamt bis 2016) |
|---------------------------|----------------|------------------|---|
| <i>Ribes alpinum</i> | 2013 | 1,1 | Ca. 1000 |
| | 2014 | 1,5 | |
| | 2015 | 0,6 | |
| | 2016 | 0,8 | |
| <i>Malus sylvestris</i> | 2014 | 40 | Ca. 1500 |
| | 2015 | 111 | |
| | 2016 | 96 | |
| <i>Pyrus pyraster</i> | 2015 | 7,4 | Ca. 450 |
| | 2016 | 13,5 | |
| <i>Sorbus aucuparia</i> | 2014 | 409 | Ca. 2000 |
| | 2015 | 27 | |
| | 2016 | 367 | |
| <i>Juniperus communis</i> | 2015 | 0,2 | Ca. 150 |
| | 2016 | 9,0 | |

6.1.1. Durchführung der Saatguternte und Aufbereitung

Die Saatguternte erfolgte erstmals im zweiten Projektjahr 2013 und wurde bis in das 4. Projektjahr 2016 fortgeführt. Dabei wurden, wenn möglich, alle Modellarten in beiden Vorkommensgebieten beerntet. Die Ernte erfolgte in der Regel durch die Projektmitarbeiter. Bei der Beerntung größerer Mengen bei der Eberesche wurde eine professionelle Erntefirma mit der Durchführung der Ernte

beauftragt. Der Erfahrungsbericht zu dieser Ernte ist auf der Projektinternetseite www.wildobstsachsen.de einsehbar.

Die Aufbereitung des Saatgutes erfolgte bei größeren Mengen durch die Saatgutdarre des Staatsbetriebs Sachsenforst in Flöha bzw. der Darre von ThüringenForst oder bei kleineren Mengen durch die Projektmitarbeiter.

6.1.2. Saatgutprüfung

Von allen geernteten Saatgutpartien wurde im Saatgutlabor des Staatsbetriebes Sachsenforst eine Saatgutprüfung durchgeführt, um die Qualität des Erntegutes zu überprüfen (Abbildung 54, Anlage 4).

Bestimmt wurden dabei:

- Tausendkornmasse (TKM)
- Feuchtegehalt in %
- Lebensfähigkeit mittels TTC nach ISTA Vorschrift
- Keimfähigkeit (nach Bedarf)

Vor allem der Wacholder zeichnet sich durch einen sehr geringen Vollkornanteil und seine tiefe Dormanz aus. Bei dieser Modellart lag der Vollkornanteil bei unter 40 % (Tabelle 54). Aber auch bei den anderen Modellarten konnte die Lebensfähigkeit des Saatgutes nach Art, Erntevorkommen und Erntejahr stark schwanken. So lag die Lebensfähigkeit des Saatgutes bei *S. aucuparia* in einigen Erntevorkommen bei 89 %, in anderen dagegen nur bei 5 % bzw. 13 %. Es ist daher generell sehr zu empfehlen, das Saatgut nach der Ernte auf seine Lebensfähigkeit zu überprüfen.

Tabelle 54: Durchschnittliche Anzahl von Samen/ Beerenzapfen und Anteil von vollen Samen für die Jahre 2013 und 2014 beim Wacholder

| Erntejahr | Samen/Beerenzapfen Ø | volle Samen % |
|-----------|----------------------|---------------|
| 2013 | 2.4 | 39.8 |
| 2014 | 2.4 | 29.8 |



Abbildung 54: Saatgutprüfung bei den Wildobstarten.

Linkes Bild: TTC-Test zur Bestimmung der Lebensfähigkeit bei der Wildbirne, mittleres Bild: Embryoentnahmetest zur Bestimmung der Keimfähigkeit bei Wildapfel, rechtes Bild: Keimfähigkeitstest in Sand bei der Gewöhnlichen Eberesche

6.1.3. Pflanzenanzucht

Die Pflanzenanzucht erfolgte entweder im Gewächshaus in Saatschalen, im Foliengewächshaus oder im Freiland. Nach Anzucht im Gewächshaus wurden die Pflanzen als Topfpflanze weiterkultiviert und verkauft. Die Pflanzen aus der Anzucht im Foliengewächshaus und Freiland wurden im Frühjahr gerodet und als wurzelnackte Ware verkauft.

6.2. Etablierung von Samenplantagen und Erntehecken

6.2.1. Etablierung der Ernteanlagen für Wildapfel und Wildbirne

Für die Etablierung der Ernteanlagen für den Wildapfel und die Wildbirne wurde in den Wintermonaten 2014/2015 und 2015/2016 an den ausgewählten Genotypen ein Reiserschnitt durchgeführt. Im Voraus erfolgte eine Genehmigungseinholung bei Naturschutzbehörden sowie Information der Eigentümer via Amtsblatt. Trotz des zumeist hohen Alters der Bäume waren meistens am Stamm noch vereinzelt 2-3 mm dünne Schosser zu finden, die für den Reiserschnitt verwendet werden konnten (Abbildung 55).

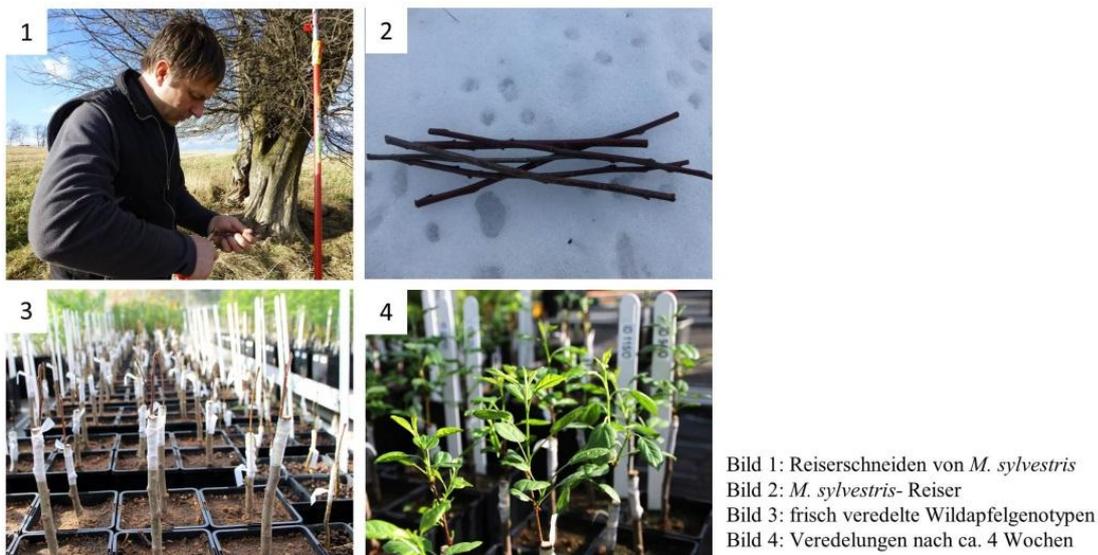


Abbildung 55: Reiserschnitt und Veredelung bei *M. sylvestris*

Einige Baumexemplare mit Höhen von bis zu 15 m waren bereits fast vollständig abgestorben, so dass die Reiserwerbung nur mit professioneller Hilfe durch Baumsteiger möglich war. Insbesondere in den Beständen Leipzig-Süd und Leipzig-Nord waren viele der Bäume sehr hoch und die Reiser nur unter Nutzung von Seilklettertechnik zu erreichen. Daher wurde dort der Reiserschnitt gemeinsam mit einer dafür beauftragten Fachfirma für Baumpflege durchgeführt (Abbildung 56).



Abbildung 56: Reiserschnitt bei *M. sylvestris* durch einen Fachbetrieb für Baumpflege

Die Auswahl der geeigneten Genotypen erfolgte auf Basis der genetischen Daten. Alle als ‚echt‘ identifizierten sächsischen Wildapfel- und Wildbirnenbäume wurden mittels Softwareprogramm ‚Powercorn‘ statistisch verrechnet. Dieses Programm ermittelt die Anzahl der Individuen, die notwendig ist, um die genetische Bandbreite innerhalb eines Genpools vollständig zu repräsentieren und benennt die entsprechenden Bäume. Aus dem Pool der ‚echten‘ *M. sylvestris*- und *P. pyraeaster*-Individuen wurden für jedes einzelne Vorkommen die notwendige Anzahl von Bäumen ermittelt und die Genotypen ausgewählt. Von jedem Genotyp wurden mindestens 4 Reiser geschnitten und anschließend der Forstbaumschule in Graupa übergeben, wo sie Ende Februar 2015 veredelt wurden.

Die Wildäpfel wurden auf die Unterlage ‚MM 111‘ veredelt und die Wildbirnen auf ‚Pyrodwarf‘ mittels seitlichen Einspitzens. Bei beiden Unterlagen handelt es sich um mittelstark wachsende und trockenheitstolerante Unterlagen, aus denen Halbstämme erzogen werden. Diese Unterlagen reduzieren das vegetative Wachstum und fördern zugleich ein deutlich stärkeres und früher einsetzendes Blühen und Fruchten, so dass in relativ kurzer Zeit Saatgut zur Verfügung steht.

Da schwachwachsende Unterlagen wie ‚MM 111‘ und ‚Pyrodwarf‘ kurzlebiger als starkwachsende Unterlagen sind, werden für die langfristige Generhaltung alle Genotypen nochmals in einer zweiten Anlage auf Hochstämme veredelt. Dafür werden ‚Bittenfelder Sämling‘ als Wildapfel- und ‚Kirchensaller Mostbirne‘ als Wildbirnenunterlage verwendet. Beide Hochstammunterlagen sind stark wachsend und leicht als Stamm zu erziehen. Da die zu veredelnden Reiser ebenfalls Starkwächser sind, sollten diese Verbindungen sehr langlebig sein. Diese Veredlungen blühen und fruchten allerdings erst nach etwa 10 Jahren. Der Reiserschnitt für die Hochstammanlage erfolgte beim Wildapfel im Winter 2016 und 2017 im Mutterquartier. Insgesamt konnten 145 Genotypen auf Hochstämme veredelt werden.

Für die Hochstammveredelung bei der Wildbirne ist die Reiserqualität aus dem Mutterquartier noch nicht ausreichend. Hier sollen die ersten Hochstammveredelungen im Jahr 2018 durchgeführt werden.



Abbildung 57: Hochstammanlage für den Wildapfel als langfristig nutzbare Samenplantage auf der Fläche der Forstbaumschule in Graupa bei Pirna

Der Etablierung der Ernteanlagen für den Wildapfel und die Wildbirne ist in folgender Publikation zusammengefasst:

Reim, S., Proft, A., Lochschmidt, F., Prüfer, S., Wolf, H. (2017): Genetische Daten als Grundlage für die Etablierung einer Erhaltungsplantage für Wildapfel und Wildbirne. Forstarchiv 88, (2), 39-46.

6.2.2. Etablierung einer Ernteanlage für die Gewöhnliche Ebersche

Für die zukünftige Bereitstellung von herkunftsgesichertem Ebereschensaatgut wurde auf der Fläche der Forstbaumschule in Graupa eine Ernteanlage angelegt. Dafür wurden 50 Bäume aus einer Sämlingsnachkommenschaft gepflanzt. Die Sämlinge stammen von 40 verschiedenen Müttern aus zwei verschiedenen Vorkommen aus Vorkommensgebiet 2, die im Rahmen des Wildobstprojektes beerntet wurden. Ein Herkunftsnachweis von dieser Ernte ist vorhanden. Für die Anlage von zwei Ernteplantagen für Herkünfte aus Vorkommensgebiet 3 erfolgte eine gemeinsame Flächenauswahl mit dem Forstbezirksleiter auf Flächen des Forstbezirkes Bärenfels. Es wurden vier Herkünfte aus Vorkommensgebiet 3 beerntet. Nach Anzucht des Pflanzenmaterials sollen die Flächen voraussichtlich 2018 bepflanzt werden.

6.2.3. Etablierung von Erntehecken für die Alpen-Johannisbeere und Wacholder

Für die zukünftige Gewinnung von Saatgut bei der Alpen-Johannisbeere wurde im Jahr 2016 auf der Fläche der Forstbaumschule in Graupa eine Erntehecke mit je etwa 500 Pflanzen pro Vorkommensgebiet aus vier verschiedenen Beständen angepflanzt (Abbildung 58). Für eine

Stecklingsgewinnung bei *J. communis* wurde ebenfalls im Jahr 2016 auf der Fläche der Forstbaumschule in Graupa ein Mutterquartier mit etwa 120 Wacholderpflanzen angelegt (Abbildung 59). Die Klone stammen aus dem Biosphärenreservat Oberlausitzer Heide und Teichlandschaft. Auf beiden Flächen sind die Pflanzen gut angewachsen und es gab keine nennenswerten Ausfälle.



Abbildung 58: Heckenanlage von *R. alpinum* in der Forstbaumschule Graupa zur zukünftigen Bereitstellung von herkunftsgesichertem Saatgut.



Abbildung 59: Erntehecke von *J. communis* in der Forstbaumschule Graupa zur zukünftigen Bereitstellung von Stecklingen.

6.3. Pflanzmaßnahmen in der freien Landschaft

6.3.1. Landschaftshecken / Erntehecken

Durch das Naturschutzgroßprojekt 'Bergwiesen im Osterzgebirge' wurde im Herbst die Neuanlage von 300 m Landschaftshecke in Fürstenau im obersten Kammgebiet des Osterzgebirges beauftragt. Die Pflanzmaßnahmen erfolgten durch Mitarbeiter der Grünen Liga Osterzgebirge e.V.. Ein Teil des

Pflanzgutes wurde über das Zentrum für forstliches Vermehrungsgut aus dem Wildobstprojekt zur Verfügung gestellt. Es handelt sich dabei um etwa 100 Ebereschen, 160 Alpen-Johannisbeeren und 20 Wildäpfel. Da die Herkunft des Saatgutes sowie die Pflanzenproduktion dokumentiert und bestätigt sind, können insbesondere die Alpen-Johannisbeerpflanzen und Ebereschen in dieser Hecke später im Bedarfsfall zur Beerntung genutzt werden und somit die besagte Fläche als Erntefläche dienen.

6.3.2. Waldrandgestaltung

Im „Markholz“ bei Mittelbach im Westlausitzer Berg- und Hügelland, Landkreis Bautzen, wurde im Frühjahr 2017 eine Waldrandgestaltung auf einer Privatwaldfläche durchgeführt (Abbildung 60). Neben Baum- und Straucharten, wie *Rosa canina* oder *Taxus baccata* wurde auch gebietseigenes Pflanzgut der Modellarten *J. communis*, *P. pyraister* und *M. sylvestris* aus dem Wildobstprojekt für die Anpflanzungen verwendet. Das Projekt wird an einer angrenzenden Waldkante im nächsten Jahr fortgesetzt.



Abbildung 60: Waldrandgestaltung im Landkreis Bautzen unter Verwendung von gebietseigenem Pflanzgut aus dem Wildobstprojekt

6.3.3. Einzel- und Verdichtungspflanzungen

Im Herbst 2015 wurden in Zusammenarbeit mit dem Naturschutzgroßprojekt „Bergwiesen im Osterzgebirge“ auf geeigneten Projektflächen rund um das Alpen-Johannisbeer-Vorkommen `Geisingberg` Verdichtungspflanzungen der Art als Einzelpflanzung mit Verbisschutzkorb entlang von Steinrücken durchgeführt. Das Pflanzenmaterial wurde aus Saatgut des Bestandes `Geisingberg` durch die Baumschule Graupa angezogen.

Im Rahmen eines Schülerprojektes des Glück-Auf-Gymnasiums Altenberg wurden im Frühling 2016 im Bereich eines Feldgehölzes Alpen-Johannisbeeren, Wildäpfel sowie Wacholder regionaler

Herkünfte gepflanzt. Das Pflanzgut wurde ebenfalls vom Zentrum für forstliches Vermehrungsgut (Graupa) bezogen und im Rahmen des Wildobstprojektes angezogen. Der Projekttag bot über die eigentlichen Pflanzarbeiten hinaus die Möglichkeit, das Thema ‚seltene und heimische Wildobstarten‘ und ihre Bedeutung in der Landschaft sowie den Themenkomplex ‚Verwendung regionaler Pflanzenherkünfte‘ (regionale Genressourcen bzw. gebietseigene Gehölze im weitesten Sinne) mit den Schülern anzusprechen und zu diskutieren.

Weiterhin konnten im Frühling 2016 erste Wacholder im Bielatal bei Bärenstein (Osterzgebirge) ausgepflanzt werden (Abbildung 61). Die Pflanzung ist Inhalt eines Wiederansiedlungsprojektes für die Art im Müglitztalgebiet und wird durch das Wildobstprojekt fachlich begleitet. Bis 2018 sollen insgesamt etwa 130 Pflanzen angepasster Herkünfte (v.a. Stecklingsanzuchten von Pflanzen im Bestand Bad Elster / Vogtland) an geeigneten Stellen im ehemaligen Verbreitungsgebiet der Art ausgebracht werden.



Abbildung 61: Verdichtungspflanzung des Gemeinen Wacholders im Müglitztalgebiet / Osterzgebirge.

Durch die Verwendung von Stecklingen bekannter ‚Mutterpflanzen‘ ist das Geschlecht der Jungpflanzen bekannt, bei noch vorhandenen Altpflanzen können gezielt Bestäubungspartner oder weibliche Pflanzen ergänzt werden. Das ‚Wacholderprojekt‘ wird ebenfalls durch die Grüne Liga Osterzgebirge e.V. bearbeitet und durch das Wildobstprojekt fachlich begleitet.

6.4. Ausweisung von *In situ*-Vorkommen als Erntevorkommen

Ziel des Projektes war es, *In situ* Erntebestände für seltene Wildobstarten auszuweisen und eine Handlungsempfehlung für die Ausweisung von Erntevorkommen seltener Arten zu erstellen. Für die Ausweisung von Erntevorkommen gibt es zurzeit allgemein anerkannte Hinweise und Handlungsrichtlinien von Seitz et al. (2007). Diese beinhalten auch eine Entscheidungsmatrix zur

Ausweisung von Erntevorkommen. Allerdings ist diese Entscheidungsmatrix vor allem für sogenannte Massenstraucharten entwickelt worden und daher nicht uneingeschränkt für eine Bearbeitung seltener (Wildobst-) Gehölze geeignet, da bei diesen spezielle genetische und/oder populationsstrukturelle Besonderheiten beachtet werden müssen.

Auf Basis der Ergebnisse, die während des Projektes gewonnen wurden, wurde daher eine Entscheidungsmatrix für eine Ausweisung für seltene Wildobstarten (bzw. andere seltene Gehölzarten) erstellt. Bei der Erarbeitung wurden folgende Punkte beachtet, die anhand der bislang gewonnenen Erkenntnisse bei der Durchführung des Projektes als besonders wichtig eingestuft wurden:

- Pflanzenspezifische Besonderheiten der Modellarten hinsichtlich ihrer Fähigkeit mit anderen Arten zu hybridisieren, Auftreten von Klonen und Zweihäusigkeit.
- Verteilungsstruktur von Einzelindividuen in den Beständen (stückzahlreiche Bestände auf kleinem Raum versus Einzelvorkommen bzw. einzelne Gruppen in größerem Gebiet)
- Unterschiede der Bestäubungsbiologie verschiedener Arten, Einfluss von Hybridvorkommen im Bestand, kritische Entfernungen für verstärkten Fremdpolleneintrag
- Praktische Erfahrungen durch Beerntung verschiedener Modellarten in unterschiedlichen Mengen, mit/ohne Fremdfirmenbeteiligung und bei verschiedensten Geländebedingungen
- Erfahrungen zur Beerntbarkeit von Beständen in Schutzgebieten aufgrund von Gesprächen mit Behördenvertretern etc.

Der für die Wildobstarten erarbeitete Kriterienkatalog für die Beurteilung eines potentiellen Erntevorkommens wurde im letzten Projektjahr in den Modellbeständen angewendet, um geeignete Vorkommen in potentiell geeignete Erntevorkommen zu überführen. Damit wurde überprüft, ob dieser Kriterienkatalog praxistauglich anwendbar ist.

Anhand dieses Kriterienkataloges wurden von den 23 Modellbeständen 17 Vorkommen als geeignet für eine Beerntung eingestuft. Aus der praktischen Anwendung des Kriterienkataloges und den Erfahrungen aus der Ernte wurde ein Leitfaden für die Erfassung, Sicherung und Beerntung von Erntevorkommen bei seltenen Gehölzarten erarbeitet. Dieser Leitfaden ist auf der Projekt-Internetseite unter www.wildobstsachsen.de abrufbar.

6.5. Ernteablauf und Dokumentation

An der Organisation und Durchführung einzelner Arbeitsschritte von der Erntegebietsausweisung über eine Beerntung bis hin zur Anzucht und dem Verkauf gebietseigener Gehölze sind, neben dem Wildobstprojekt, mehrere Institutionen bzw. Fachbereiche beteiligt. Die Vereinheitlichung nötiger Arbeitsschritte sowie eine hinreichend genaue Kennzeichnung der Bestände und des daraus gewonnenen Vermehrungsgutes stellen daher eine Herausforderung speziell bei den 'neu' in das System zu integrierenden Strauchgehölzen dar. In diesem Zusammenhang wurde in Zusammenarbeit mit der Forstbaumschule in Graupa die Vergabe einer Erntegebietsnummer diskutiert und neu vergeben. Die neue Erntegebietsnummer für die Wildobstbestände besteht analog zur Registernummer

bei den Baumarten, die dem FoVG (Forstvermehrungsgutgesetz) unterliegen, aus einer 12-stelligen Nummer:

Ziffer 1-2: Bundesland, **Sachsen = 14**

Ziffer 3: Zuständige Behörde für die Anerkennung, **0=** so lange es keine offizielle Behörde gibt

Ziffer 4-6: Kennziffer Baumart (für Straucharten bislang freie Vergabe, Absprache mit Thüringen Forst)

Ziffer 7-8: Kennziffer Vorkommensgebiet

Ziffer 9-11: laufende Nummer der Zulassungseinheit

Ziffer 12: **0=** so lange die Kategorien (Quellengesichert; Ausgewählt, Qualifiziert; Geprüft) für Straucharten nicht definiert sind.

Ebenfalls neu erstellt wurde das Formular für die Erntebestätigung in Zusammenarbeit mit der Forstbaumschule in Graupa. Hier diente das Stammzertifikat, was bei der Ernte der FoVG-Baumarten ausgestellt wurde, als Vorlage. Der Vorteil dieser Anpassung ist, dass zukünftig die Erntevorgänge für Gehölze, die nicht dem FoVG unterliegen, in die vorhandene Baumschulsoftware für die Bestandesführung von Pflanzgut eingepflegt werden können. Damit ist wie bei FoVG-Baumarten eine lückenlose Dokumentation des Erntevorgangs und der weiteren Verwendung möglich.

Bei zukünftigen Beerntungen von Modellarten wird nun das Erntegut mit der Erntebestätigung an die Forstbaumschule übergeben. Alle weiteren Schritte (Saatgutaufbereitung, Lagerung Saatgut, Verteilung zur Anzucht etc.) werden durch das Zentrum für forstliches Vermehrungsgut (Baumschule Graupa) organisiert und verwaltet.

Die Modellarten des Wildobstprojektes können nun analog der FoVG-Arten bezüglich Ernte, Erntebestätigung, Saatgutaufbereitung und –Verwendung sowie Abgabe der daraus produzierten Gehölze mit standardisierten Baumschulprogrammen bearbeitet und verwaltet werden. Eine Übertragung auf andere (Strauch)-Gehölzarten wäre wünschenswert. Voraussetzung für eine durchgängige Dokumentation über das Projekt hinaus wäre aber die Einrichtung eines zentralen Registers ausgewiesener Erntevorkommen.

7. Öffentlichkeitsarbeit

Projektbegleitend erfolgten über den gesamten Zeitraum zahlreiche Maßnahmen der Öffentlichkeitsarbeit. Diese werden im Folgenden näher erläutert.

7.1. Internetseite

Als zentrale Informationsplattform mit Zielen, Arbeitsschritten und Methoden des Projektes, Hintergrundinformationen sowie aktuellen Verweisen auf projektrelevante Veranstaltungen, einem Download-Bereich und einer Link-Liste wurde die Seite www.wildobstsachsen.de im Dezember 2012 freigeschaltet.

Innerhalb der Projektlaufzeit wurde die Homepage inhaltlich und gestalterisch angepasst. In der Rubrik ‚Aktuelles‘ wurden über 30 Einträge veröffentlicht. Bereits im Jahr 2013 konnten erste kartierte Modellbestände auf der Projekthomepage veröffentlicht werden. Über eine Downloadfunktion kann, in zwischenzeitlich geänderter Form (siehe folgende Erläuterungen) ein pdf-Dokument von jedem Vorkommen mit den wichtigsten Informationen, einem Kartenausschnitt und (teilweise) einer Gebietsansicht generiert und abgespeichert werden. Um mögliche Eigentümerinteressen nicht zu verletzen, wurde die Gebietsdarstellung bewusst kleinmaßstäbig gewählt und auf konkrete Flurstücksangaben sowie weiterführende Ortsbeschreibungen verzichtet.

Der Teil Modellbestände der Homepage wurde im 4. Projektjahr neu konzipiert. Die bis dahin als Übersicht der Gebietssteckbriefe aller Modellbestände zu findende Darstellung wurde überarbeitet. Nachdem durch Anwendung des Leitfadens zur Ausweisung von Erntevorkommen ein Teil der Modellbestände in potentiell geeignete Erntevorkommen überführt wurde, sind nur noch diese aufgeführt. Es besteht seitdem die Möglichkeit für jedes der potentiellen Erntevorkommen einen Gebietssteckbrief mit wichtigen Informationen als pdf-Dokument abzurufen. Die zur Beerntung nicht geeigneten Modellbestände werden in einer Übersichtskarte dargestellt, die ebenfalls als pdf-Dokument abrufbar ist.

Die Homepage www.wildobstsachsen.de wird nach Projektende durch die Grüne Liga Osterzgebirge e.V. weitergeführt.

7.2. Broschüre/ Faltblatt

Die projektbegleitende Broschüre (Anlage 5) wurde als übersichtliche Kurzinformation in Form eines Faltblattes erstellt. Sie informiert über die Ziele und Hintergründe des Projektes sowie die dafür nötigen Arbeitsschritte. Es werden die fünf Modellarten porträtiert, sowie der Begriff ‚Wildobst‘ erklärt. Dargestellt wird außerdem die als Grundlage für das Projekt dienende Gliederung Deutschlands in 6 Vorkommensgebiete nach BMU (BMU 2012 in Anlehnung an Schmidt & Krause,1997). Es erfolgten 2 Nachdrucke der Erstauflagen inkl. notwendiger Anpassungen.

7.3. Webbasierte Datenbank

Ein wichtiger Baustein zur Aufarbeitung und Sicherung aller aufgenommenen Daten war die Erstellung der webbasierten Projektdatenbank. In dieser Datenbank wurden alle Modellbestände mit den jeweiligen Einzelindividuen und Angaben zu morphologischen und phänologischen Merkmalen, Lageparametern, administrativen Daten, Fachdaten des Forstes und des Naturschutzes, Ergebnissen der genetischen Analyse ect. erfasst und zentral verwaltet. Die erfassten Vorkommen, aber auch Einzelindividuen konnten nach selbst auszuwählenden Merkmalen gefiltert werden, was die Möglichkeiten eines anwendungsorientierten Datenexports bot. Die Inhalte der Datenbank sind zugriffsbeschränkt. Auf der ‘Startseite’ sind kartographisch alle Modellbestände dargestellt (Grundlage google maps, Kartenausschnitt Sachsen). Es besteht die Möglichkeit einer selektierten Darstellung nach Modellart oder die Anzeige einzelner Erntegebiete, was das spezifizierte Filtern gewünschter Parameter ermöglicht. Laufend erfolgte die Aktualisierung der Kartierungsergebnisse, die Aufnahme neuer Bestände oder neu erfasster Merkmalsgruppen in die Datenbank. Inbegriffen sind auch Exportfunktionen von Koordinaten zur Nutzung in GPS Geräten sowie Uploadfunktionen zur effizienten Einspielung phänologischer Daten.

7.4. Kommunikation mit anderen Institutionen

7.4.1. Auftaktveranstaltung

Zur allgemeinen Information über das gestartete Modell- und Demonstrationsvorhaben fand am 8. Januar 2013 eine Auftaktveranstaltung in Dresden - Pillnitz statt. Die anwesenden Akteure aus Naturschutz, Forst, Verwaltung, Wissenschaft und Baumschulwesen bekamen einen Überblick über die Projektthematik. Rahmenvorträge gaben Inhalte zum Thema Wildobst allgemein sowie den derzeitigen Stand der Generhaltung und Produktion gebietsheimischen Pflanzgutes in Sachsen wieder. Grüne Liga Osterzgebirge e.V. und Staatsbetrieb Sachsenforst stellten die konkreten Ziele und die geplante methodische Umsetzung des Wildobstprojektes vor. Die Veranstaltung traf auf großes Interesse und wurde von über 100 Personen, darunter auch Teilnehmern aus Brandenburg, Niedersachsen, Thüringen, Nordrhein-Westfalen und Tschechien besucht. Daraus ergab sich eine Reihe von Kontakten, die im Rahmen des Projektes für eine weitere Zusammenarbeit von Bedeutung waren.

7.4.2. Informationsveranstaltung für Baumschulen

Am 03. September 2015 wurde im Rahmen der Informationsveranstaltung ‘Gebietseigene Gehölze in Sachsen- Vom Erntebestand bis zur Produktion’ ein Zwischenstand der Projekte ‘Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen’ und DiverGen (‘Schaffung naturschutzfachlicher und regionalwirtschaftlicher Grundlagen zum nachhaltigen Schutz der genetischen Diversität gebietseigener Pflanzen im Freistaat Sachsen’) präsentiert. Anwesende Vertreter aus Forst, Wissenschaft, Naturschutz und Baumschulen erhielten einen Überblick über die zum Zeitpunkt vorliegenden fachlichen und wissenschaftlichen Ergebnisse und über den Stand der

Situation in Sachsen bezüglich der Anzucht und Verwendung von gebietsheimischem Saat- und Pflanzgut. Schwerpunkt war dabei, den produzierenden Firmen Möglichkeiten und Wege aufzuzeigen, wie Beerntungs- und Anzuchtabläufe erfolgen können und welche Voraussetzungen dafür notwendig sind. Vorträge und Diskussionen zeigten jedoch, dass bei der Produktion von gebietseigenem Saat- und Pflanzgut noch sehr viele Schwierigkeiten und Hindernisse bestehen.

7.4.3. Kommunikation mit weiteren Akteuren

Bereits frühzeitig im Projekt wurden Kontakte zu weiteren Akteuren der Fachbereiche Beerntung, Anzucht und Verwendung von Gehölzen aufgenommen. Dazu zählten insbesondere die Landschaftspflegeverbände Sachsens sowie Regionalgruppen von Grüner Liga sowie Naturschutzbund Deutschland (NABU) und dem Landesverein Sächsischer Heimatschutz. Weiterhin wurden ausgewählte Landratsämter (Untere Naturschutzbehörden), Schutzgebietsverwaltungen und Forstbezirke/Förstämter über das Projekt informiert. Mit dem Projekt 'DiverGen' ('Schaffung naturschutzfachlicher und regionalwirtschaftlicher Grundlagen zum nachhaltigen Schutz der genetischen Diversität gebietseigener Pflanzen im Freistaat Sachsen' des Deutschen Verbandes für Landschaftspflege (DVL) fanden regelmäßige Kommunikationen zu aktuellen Entwicklungen im Bereich gebietseigener Gehölze in Sachsen sowie bundeslandübergreifend (Thüringen, Brandenburg, Schleswig-Holstein) statt.

Entsprechend den Projektzielen, insbesondere der Etablierung gebietseigener Herkünfte der Modellarten, erfolgten Absprachen zu direkten Umsetzungsmaßnahmen sowie deren fachliche Begleitung. Stellvertretend seien hier das Naturschutzgroßprojekt Bergwiesen im Osterzgebirge, die Verwaltung des Biosphärenreservats Oberlausitzer Heide und Teichlandschaft, die Stadtförste Leipzig sowie die Staatsforstbezirke Neustadt und Bärenfels genannt. Der Erfahrungsaustausch mit Institutionen, die sich seit längerem mit gebietsheimischen Gehölzen (insbesondere mit Wildobst, dessen Kartierung und Nachzucht) befassen, erfolgte auch außerhalb Sachsens (z.B. Thüringenforst Gotha, Biosphärenreservat Mittlere Elbe). Ebenso wichtig für die Projektbearbeitung war der Austausch mit Betrieben der privaten Baumschulwirtschaft, beispielsweise aus der 'Erzeugergemeinschaft für standortheimische Baumschulerzeugnisse' in Schleswig Holstein oder dem 'Verein zur Förderung gebietsheimischer Gehölze im Land Brandenburg e.V.'. Mit sächsischen, aber auch brandenburgischen Baumschulen fanden Abstimmungsgespräche zur Problematik Saatgutbereitstellung, Ausweisung von Erntegebieten sowie zur Perspektive der Produktion gebietseigener Gehölze statt (z.B. Forstbaumschule Fürst Pückler in Zeischa, Leutersdorfer Baumschule im ostsächsischen Leutersdorf). Diese sind Vorreiter in der Produktion gebietsheimischer Gehölze in Südbrandenburg bzw. in Sachsen.

Fachlicher Austausch erfolgte außerdem im Rahmen besuchter Fachtagungen mit weiteren Vertretern von Forst, Naturschutz und Landschaftsplanung. (z.B. 'Fachgespräch und Strategiediskussion zu gebietseigenen Gräsern, Kräutern und Gehölzen in Sachsen' im Rahmen des DVL-Projektes

‘DiverGen’ am 01.12.2016 in Pirna-Liebenthal; ‘Zur Unterscheidung von Herkünften bei Straucharten am Beispiel von Schlehe und Hasel’ am 04.11.2016 in Eberswalde).

Durch Einholung von Erntegenehmigungen und Erntebestätigungen wurden Kontakte zu weiteren Naturschutzbehörden der Landkreise sowie zu Revierförstern geknüpft. In diesem Zusammenhang konnten anfängliche Unsicherheiten und Vorbehalte gegen die Beerntung seltener Arten durch Aufklärung und Information der betreffenden Stellen abgebaut werden.

Im Vorfeld von Ernte-, Pflanz- oder Pflegemaßnahmen wurden im Zuge der Einholung von Eigentümerzustimmungen wesentliche Ziele des Projektes gegenüber den Landnutzern bzw. Flächeninhabern vermittelt. Die ökologische Bedeutung von Wildobst und die Notwendigkeit für dessen Sicherung und Erhaltung wurde zumeist mit positivem Ergebnis erörtert und vermittelt.

7.5. Auszeichnung Wildobstprojekt

Am 2. Mai 2016 wurde das Wildobstprojekt als offizielles Projekt der UN-Dekade Biologische Vielfalt gewürdigt. Die Auszeichnung wurde den Projektbearbeitern im Rahmen der Festveranstaltung ‘10 Jahre Staatsbetrieb Sachsenforst’ im Rathaus Dresden durch den Staatsminister für Umwelt und Landwirtschaft des Landes Sachsen, Herrn Schmidt, übergeben (Abbildung 62). Sowohl er, als auch Landesforstpräsident Prof. Dr. Braun verwiesen in ihren Vorträgen auf die Wichtigkeit des Projektes sowie auf die Bedeutung von Wildobstarten für den Naturhaushalt und die biologische Vielfalt. Die Auszeichnung wird an Projekte vergeben, die sich in nachahmenswerter Weise für die Erhaltung der biologischen Vielfalt einsetzen. Der Beitrag des Wildobstprojektes ist auf der Webseite der UN-Dekade unter folgender Adresse zu finden:

<http://www.undekade-biologischevielfalt.de/projekte/aktuelle-projekte-beitraege/detail/projekt-details/show/Wettbewerb/1514/>

Zur Auszeichnung des Projektes gab es eine Reihe von Pressemitteilungen, die damit das Anliegen des Projektes der Öffentlichkeit näher gebracht haben.



Abbildung 62: Auszeichnung des Wildobstprojektes als offizielles Projekt der UN-Dekade Biologische Vielfalt im Rahmen der Festveranstaltung ‘10 Jahre Staatsbetrieb Sachsenforst’

7.6. Sonstige öffentlichkeitswirksame Aktionen

Das Projekt und aus der Projektarbeit gewonnene, neue wissenschaftliche Erkenntnisse wurden in verschiedenen Zeitschriften und Veranstaltungen vorgestellt. Jährlich erfolgte die Teilnahme am Apfeltag des Julius Kühn-Institut für Züchtungsforschung an Obst, Dresden-Pillnitz. Regelmäßig wurde das Projekt auf den Naturmärkten im Raum Erzgebirge der Öffentlichkeit dargebracht.

Bei den jährlich stattfindenden Treffen der projektbegleitenden Arbeitsgruppe erfolgte die Vorstellung der jeweils zurückliegenden Arbeiten und Ergebnisse. Die anschließenden Exkursionen innerhalb des Projektgebietes Sachsen vermittelten Eindrücke über Hindernisse in der Umsetzung der Projektziele und boten Gelegenheit Diskussion verschiedener Lösungsansätze und Erfahrungen der einzelnen Mitglieder der Arbeitsgruppe. Weiterhin wurden im Rahmen des Projektes Praktikanten verschiedener Studienrichtungen (z.B. Forstwirtschaft, Landschaftsarchitektur, Naturschutz und Landschaftspflege) sowie Bachelorarbeiten betreut.

Es erfolgten Pressemitteilungen über den Presseverteiler des Staatsbetriebes Sachsenforst sowie eine ausführliche Projektbeschreibung im ‘Grünen Blättl’ (monatlich erscheinender Rundbrief zu ausgewählten Umweltthemen im Osterzgebirge). Über das Projekt wurde mehrfach in der Tagespresse (z.B. ‘Sächsische Zeitung’) berichtet.

Die wesentlichen Beiträge sind im Folgenden aufgelistet:

Beiträge in Zeitschriften und Fachliteratur

- Lochschmidt, F., Proft, A., Wolf, H., Reim, S.: Untersuchung sächsischer Wildbirnenbestände (*Pyrus pyraster* (L.) Burgsd.) nach genetischen und morphologischen Gesichtspunkten. Mitteilungen der Deutschen Dendrologischen Gesellschaft (Manuskript 2017 eingereicht).
- Lochschmidt, F., Proft A., Reim S.: Morphologische Charakterisierung ausgewählter Bestände der Eberesche (*Sorbus aucuparia* L.) in Sachsen unter besonderer Berücksichtigung der Subspezies *Sorbus aucuparia* ssp. *glabrata* (Kahle Eberesche). Berichte der Arbeitsgemeinschaft sächsischer Botaniker (Manuskript 2016 eingereicht).
- Reim, S., Proft, A., Lochschmidt, F., Wolf, H., Tröber, U., Wolf, H. (2016): Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen. Thünen Report 45:21-29.
- Wolf, H., Tröber, U., Reim, S., Weinbrecht, L. (2016): Beiträge der forstlichen Generhaltung zur Lösung naturschutzfachlicher Aufgaben. Thünen Report 45:46-55
- Reim, S., Proft, A., Lochschmidt, F., Prüfer, S., Wolf, H. (2017): Genetische Daten als Grundlage für die Etablierung einer Erhaltungsplantage für Wildapfel und Wildbirne. Forstarchiv 88, (2), 39-46.
- Reim, S., Proft, A., Lochschmidt, F., Prüfer, S. (2016): Samenplantagen für Wildobst in Graupa. Forstjournal 4/16.
- Reim, S., Lochschmidt, F., Proft, A., Wolf, H., Wolf, H. (2016): Species delimitation, genetic diversity and structure of the European indigenous wild pear (*Pyrus pyraster*) in Saxony, Germany. Genetic Resources and Crop Evolution, DOI 10.1007/s10722-016-0426-8
- Reim, S., Proft, A., Lochschmidt, F., Tröber, U., Wolf, H. (2016): Genetic structure and diversity in Juniper (*Juniperus communis* L.) populations in Saxony, Germany. Biodiversity Research and Conservation, 42: 9-18. DOI 10.1515/biorc-2016-0008
- Reim, S. (2015): Zeit für herkunftsgesicherte Gehölze drängt, Holz-Zentralblatt, 41: 1025.
- Reim, S. (2016): Gebieteigene Gehölze in Sachsen, AFZ-Der Wald 2: 48-49.
- Reim, S., Lochschmidt, F. (2015): Charakterisierung von Vorkommen des Gewöhnlichen Wacholders (*Juniperus communis* L.) im Gebiet des Biosphärenreservates 'Oberlausitzer Heide- und Teichlandschaft'. Berichte der Naturforschenden Gesellschaft der Oberlausitz, 23: 95 – 105.
- Reim, S., Proft, A., Heinz, S., Lochschmidt, F., Höfer, M., Tröber, U., Wolf, H. (2015): Pollen movement in a *Malus sylvestris* population and conclusions for conservation measures. Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization, 1–9. DOI:10.1017/S1479262115000301
- Reim, S., Weinbrecht, L., Ulbricht, P. (2015): Erhaltung des Gemeinen Wacholders in der Oberlausitzer Heide- und Teichlandschaft. Forstjournal, 3/15: 10-11
- Reim, S. (2015): Zwischenstand des Wildobstprojektes. Forstjournal, 1/15: 11-13.
- Lochschmidt, F., Proft, A., Reim, S. (2015): Wildobst im Fokus der Forschung. - Ein Projekt zur Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen. Alligator-Rundbrief der Grünen Liga e.V., 26: 4-6.
- Reim, S., Proft, A., Lochschmidt, F. (2015): Pollentransport beim Wildapfel, www.waldwissen.net, 15.12.15
- Reim, S. (2013): Baum des Jahres 2013: Der europäische Wildapfel. Waldpost 2013/2014, Zeitung für Waldbesitzer in Sachsen, 24-25

Reim, S. (2013): Rückblick zur Tagung zum Wild-Apfel-Baum des Jahres 2013, Forstjournal 4/13, Seite 25

Reim, S., Lochschmidt, F., Proft, A., Wolf, H. (2013): BLE Modell- und Demonstrationsvorhaben: Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen, Forstjournal. 01 S: 21-22

Präsentationen als Poster

Reim, S., Proft A., Lochschmidt F., Wolf, H. Tröber U., Wolf, H. (2017): Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen, Fachsymposium 'Schutz bedrohter Pflanzenarten in Mitteleuropa- Genetische Grundlagen und Naturschutzpraxis' 23.- 25. 02.2017 in Berlin

Reim, S., Proft A., Lochschmidt F., Wolf, H. Tröber U., Wolf, H. (2017): Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen', 8. Nationales Forum Biologische Vielfalt am 31.01.2017 in Berlin

Reim, S., Proft A., Lochschmidt F., Wolf, H. Tröber U., Wolf, H. (2014): Pollentransport in einer Wildapfelpopulation, Forstwissenschaftliche Tagung Tharandt, 17. bis 20. September 2014

Reim, S., Proft A., Lochschmidt F., Wolf, H. Tröber U., Wolf, H. (2014): Genetische Diversität und Struktur seltener Gehölze in Sachsen. Forstwissenschaftliche Tagung Tharandt, 17. bis 20. September 2014

Reim, S., Proft A., Lochschmidt F., Wolf, H. Tröber U., Wolf, H (2014): Pollentransport in einer Wildapfelpopulation, Forstgenetische Tagung Teisendorf, 10.09.-12.09.2014

Reim, S., Proft A., Lochschmidt F., Wolf, H. Tröber U., Wolf, H. (2014): Genetische Diversität und Struktur seltener Gehölze in Sachsen. Forstgenetische Tagung Teisendorf, 10.09.-12.09.2014

Reim, S., Proft A., Lochschmidt F., Wolf, H. Tröber U., Wolf, H. (2013): Genetische Vielfalt bei Wildobst- Grundlage für die Anpassung an wechselnde Umweltbedingungen. Forstgenetische Tagung Treis-Karden, 26. -29.08.2013

Ausstellungen und Veranstaltungen

- Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen. Abschlussveranstaltung zum Modell- und Demonstrationsvorhaben. 11.05.17, Dresden-Pillnitz
- ‚Gebietseigene Gehölze in Sachsen- Vom Erntebestand bis zur Produktion‘ Informationsveranstaltung zu den Projekten ‚Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen‘ und ‚DiverGen‘, Dresden-Pillnitz, 03. 09.2015
- Vorstellung des Wildobstprojektes. Lange Nacht der Wissenschaften, Grünes Forum in der Hochschule für Technik und Wirtschaft (HTW) Dresden. 10.06. 2016
- Vorstellung des Wildobstprojektes. Lange Nacht der Wissenschaften, Grünes Forum in der Hochschule für Technik und Wirtschaft (HTW) Dresden. 03. 07. 2015
- ‚Kein schönerer Anblick für Tafel und Balkon- Obstorangerien im Scherben.‘ Landschloss Pirna-Zuschendorf, 06.09. - 21.09.2014
- ‚Die wilde Verwandtschaft unserer Obstsorten - heimisches Wildobst im Fokus der Forschung.‘ Botanischer Garten Schellerhau, Juni 2014 und Kompetenzzentrums für Wald und Forstwirtschaft, Graupa
- Vorstellung des Wildobstprojektes. AGRA, Landwirtschaftsausstellung, Leipziger Messe 25.- 28.04.2013

- Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen.‘ Auftaktveranstaltung zum Modell- und Demonstrationsvorhaben. 08.01.2013, Dresden-Pillnitz

Treffen der projektbegleitenden Arbeitsgruppe (PAG)

- 04.07.2013: Projektarbeitsgruppentreffen im Kompetenzzentrum des Staatsbetrieb Sachsenforst, Pirna OT Graupa, mit Exkursion in das Osterzgebirge. Schwerpunktthema: Alpen-Johannisbeere und phänologische sowie morphologische Bonitur
- 14.05.2014: Projektarbeitsgruppentreffen in Wartha, Biosphärenreservat Oberlausitzer Heide- und Teichlandschaft mit Exkursion zu Wacholderbeständen im Gebiet des Biosphärenreservates. Schwerpunktthema: Gewöhnlicher Wacholder und Erhaltung von *In situ*-Vorkommen.
- 11.06.2015: Projektarbeitsgruppentreffen im Forstamt Bärenfels / Osterzgebirge mit Exkursion zu einem potentiellen Erntebestand der Eberesche sowie einem Erfahrungsaustausch mit Vertretern des Naturschutzgroßprojekts ‘Bergwiesen im Osterzgebirge’. Schwerpunktthema: Gewöhnliche Eberesche und Durchführung einer Beerntung *In situ*.
- 07.09.2016: Projektarbeitsgruppentreffen in der Auwaldstation Leipzig – Lützschena mit Exkursion zu den Wildapfelbeständen im Leipziger Auwald. Schwerpunktthema: Wildapfel und Ausweisung von *In situ*-Erntevorkommen.

Vorträge/ Präsentationen

- Lochschmidt, F. (2017): Charakterisierung der Modell- und Erntebestände im Projektgebiet. Abschlussveranstaltung des Wildobstprojektes in Dresden-Pillnitz, 11.05.2017
- Lochschmidt, F. (2017): Vorstellung des Leitfadens für die Beerntung gebietsheimischer Wildobstarten und Beispiele der praktischen Umsetzung aus der Projektarbeit. Abschlussveranstaltung des Wildobstprojektes in Dresden-Pillnitz, 11.05.2017
- Reim, S. (2017): Rückschlüsse aus der genetischen Analyse und phänologischen Bonitur für die Verwendung von gebietsheimischen Wildobstarten. Abschlussveranstaltung des Wildobstprojektes in Dresden-Pillnitz, 11.05.2017
- Reim, S., Proft A., Lochschmidt F., Wolf, H. (2016): Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen. 5. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung am 15./16. Juni 2016 in Chorin/Brandenburg.
- Reim, S. (2016): Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen- Schwerpunkt Genetische Analyse und phänotypische Bonitur. Projektarbeitsgruppentreffen am 07.09.2016 in Leipzig – Lützschena.
- Lochschmidt, F. (2016): Die Echtheit sächsischer Wildbirnenbestände – Morphologische und genetische Betrachtungen. Jahrestagung der AG Sächsische Botaniker am 18.06.2016 in Zinnwald-Georgenfeld
- Lochschmidt, F. (2016): Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen - Schwerpunkt Ausweisung Erntebestände. Projektarbeitsgruppentreffen am 07.09.2016 in Leipzig – Lützschena.
- Reim, S. (2015): Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen. Winterkolloquium des Staatsbetriebes Sachsenforst, Dresden- Pillnitz, 19.01.2015
- Lochschmidt, F. (2015): Von der Kartierung bis zur Ernte - Praktische Umsetzung am Beispiel von seltenen Wildobstarten. Informationsveranstaltung für Baumschulen , Dresden- Pillnitz, 03.09.2015

- Reim, S. (2015): Was sagen uns genetische Marker über gebietseigene Wildobstarten?
Informationsveranstaltung für Baumschulen, Dresden- Pillnitz, 03.09.2015
- Lochschmidt, F. (2015): Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen- Schwerpunkt Modellart Eberesche. Projektarbeitsgruppentreffen am 11.06.2015 in Bärenfels
- Reim, S. (2015): Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen- Schwerpunkt genetische Analyse bei Wildapfel, Wildbirne und Eberesche’
Projektarbeitsgruppentreffen am 11.06.2015 in Bärenfels
- Lochschmidt, F. (2015): Genressourcen der heimischen Flora- ein Beitrag zur Erhaltung der Biodiversität’, Jahrestagung der AG Sächsische Botaniker am 27.06.2015 in Annaberg
- Proft, A. (2015): Der Wildapfel (Holzäppel) im Osterzgebirge’ am 25.10.2015 im Hotel Lugsteinhof Zinnwald
- Lochschmidt, F. (2015): Praktische Erfahrungen bei der Ernte seltener Wildobstarten in Sachsen. Fachgespräch und Strategiediskussion zu gebietseigenen Gräsern, Kräutern und Gehölzen in Sachsen im Rahmen des DVL-Projektes ‘DiverGen’ am 01.12.2015 in Pirna Liebethal
- Lochschmidt, F. (2014): Der Wacholder als Modellart im Wildobstprojekt. Vereinstreffen der Grünen Liga Osterzgebirge e.V., Dippoldiswalde, 27.03.2014
- Lochschmidt, F. (2014): Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen’ Schwerpunkt Flächenzugänglichkeit- & Nutzung’ 2. Projektarbeitsgruppentreffen in Wartha, 14.05.2014
- Reim, S. (2014): Genetische Charakterisierung von seltenen Wildobstarten: Stand der Arbeiten. Projektarbeitsgruppentreffen in Wartha, 14.05.2014
- Lochschmidt, F. (2014): Erhaltung seltener Wildobstarten in Sachsen – Wissensstand & praktische Umsetzung. Jahrestagung des Deutschen Pomologenvereins, Naundorf bei Pirna, 06.09.2014
- Proft, A. (2014): Der Wildapfel im Osterzgebirge – Von der Nachhaltigkeit eines Förderprojektes und Vorstellung Wildobstprojekt. Fachtagung: Von Äpfeln bis Pomeranzen – Sammeln, Bewahren und Nutzen, Brandenburger Naturpark Niederlausitzer Heidelandschaft Bad Liebenwerda, 26. -28. September 2014
- Reim, S. (2013): Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen. Vogtländisches Baumseminar, 07.09.2013
- Proft, A., Reim, S. (2013): Erhaltung von *Malus sylvestris* unter *In situ*-Bedingungen im Osterzgebirge. Tagung ‚Baum des Jahres 2013‘ in Tharandt 25.- 26.09.2013

Betreute Praktikanten, Bachelor- und Masterarbeiten

- Melanie Zacherias: ‘Etablierung von Erntegebieten für seltene Wildobstarten in Sachsen.’ Bachelorarbeit 2014, Studentin der Forstwissenschaften, Institut für Waldbau und Waldschutz, TU Dresden.
- Theresa Friedrich: ‘Untersuchung zur Samenentwicklung bei Wacholder (*Juniperus communis* L.) und der Versuch der In-vitro-Inkulturnahme’, Masterarbeit 2015- Wissenschaftlichen Abschlussarbeit, Studiengang ‘Produktionsmanagement’ an der Hochschule für Technik und Wirtschaft (HTW) Dresden, Fakultät für Landbau/Landespflege
- Laura Panitz, Praktikantin bei der Grünen Liga Osterzgebirge, Mai/Juni 2014, Studentin der Forstwissenschaften, TU Dresden/Tharandt
- Mary Meier, Praktikantin bei der Grünen Liga Osterzgebirge von 1. Juli- 31. August 2015 - Studentin der Landschaftsarchitektur, TU Dresden
- Stephan Anders, Praktikant bei der Grünen Liga Osterzgebirge 1. August- 30. September 2015, Student der Forstwissenschaften, TU Dresden/Tharandt

- Sebastian Schleupner, Praktikant bei der Grünen Liga Osterzgebirge, 01.07. – 12.08.2016, Student der Forstwissenschaften, TU Dresden/Tharandt,
- Claudia Keller: ‘Genetischer Austausch bei Wacholder (*Juniperus communis* L.) - Mikrosatellitenanalysen von Altbestand und Naturverjüngung einer Wacholderpopulation in Sprey / Sachsen’. Bachelorarbeit zur Erlangung des akademischen Grades eines Bachelor of Science (B.Sc.) im Studiengang Gartenbau an der Hochschule für Technik und Wirtschaft (HTW) 2016, Dresden, Fakultät für Landbau/Landespflege.
- Toni Liebscher, Praktikantin Staatsbetrieb Sachsenforst, Januar – Mai 2013. Studentin der Bioanalytik, Hochschule Coburg.
- Birte Korbmacher, Praktikantin Staatsbetrieb Sachsenforst, April- Mai 2014. Studentin der Forstwissenschaften, TU Dresden/Tharandt.

II Vergleich der durchgeführten Projektarbeiten mit dem Arbeitsplan

Die im Abschlussbericht beschriebenen Arbeitspakete entsprechen den Aufgabenschritten in der Beschreibung des Projektarbeitsplanes laut Projektantrag. Die im Berichtszeitraum erreichten Ziele wurden detailliert beschrieben.

Die Sichtung der potentiellen Erntebestände und die Erfassung ihrer Individuenzahl wurden im vierten Projektjahr abgeschlossen. Wie im Arbeitsplan vorgesehen wurde die morphologische Bonitur der Einzelindividuen während der gesamten Projektlaufzeit durchgeführt, um die Daten möglichst zu vervollständigen. Mit der phänologischen Bonitur wurde im zweiten Projektjahr bei allen Modellarten mit Ausnahme des Wacholders (fachliche Begründung siehe Projektzwischenbericht des Jahres 2015) begonnen. Insgesamt wurden die phänologischen Phasen ‚Austrieb‘ und ‚Blüte‘ an 383 Einzelindividuen bonitiert. Diese Arbeiten wurden bis zum Projektjahr 2016 fortgesetzt.

Von allen Modellarten wurden Samen geerntet, um die Organisation und Effizienz einer Beerntung zu evaluieren und um Saat- und Pflanzgut für Pflanzmaßnahmen *in situ* und *ex situ* sowie eine weitere Vermarktung zur Verfügung zu stellen. Von allen Modellarten wurden Ernteanlagen für die Gewinnung von gebietsheimischen Saatgut etabliert.

Im Arbeitspaket ‚Genetische Analyse und statistische Auswertung‘ wurde von 1886 der kartierten Individuen DNA isoliert und diese mit Hilfe von SSR- Markern und Chloroplasten-Markern genetisch analysiert. Alle genetischen Daten wurden statistisch ausgewertet um die wichtigsten populationsgenetischen Parameter zu bestimmen. Von den Modellarten *M. sylvestris*, *R. alpinum* und *J. communis* wurden genetische Untersuchungen zum Auskreuzungsverhalten durchgeführt. Aus den Ergebnissen der wissenschaftlichen Begleituntersuchung und Erfahrung bei der Kartierung und Beerntung wurde ein Leitfaden für die Erfassung, Sicherung und Beerntung seltener Gehölzarten erstellt.

Zusammenfassend kann eingeschätzt werden, dass die Projektergebnisse zum Projektabschluss den Vorgaben aus dem Antrag entsprechen.

III Zusammenfassung und Schlußfolgerung

Die Grüne Liga Osterzgebirge e.V. und der Staatsbetrieb Sachsenforst bearbeiteten vom Juli 2012 bis Juli 2017 das Modell- und Demonstrationsvorhaben „Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen“. Das Hauptanliegen des Projektes war, durch die Etablierung von *In situ*-Erntebeständen seltene Wildobstarten dauerhaft zu erhalten und zu fördern. In diesem Zusammenhang wurde ein Leitfaden für die Erfassung, Sicherung und Beerntung von Erntevorkommen seltener Gehölzarten erstellt, der auch auf andere seltene Arten übertragbar ist.

Vom ersten bis zum vierten Projekjahr wurden 42 Wildobstvorkommen mit insgesamt 1886 Einzelpflanzen kartiert. Diese Pflanzen wurden mittels GPS erfasst, die Standortdaten aufgenommen und morphologisch bonitiert. Alle erfassten Daten wurden in der Projektdatenbank zusammengeführt. Ein Großteil der Wildobstarten wurden im Wald oder Waldrand gefunden (73 %) während sich 27 % der Pflanzen auf Offenlandflächen befanden. Je nach Art gab es jedoch beträchtliche Schwankung hinsichtlich des Standortes. Ähnlich differenziert war die Zuordnung der Besitzformen in den Modellbeständen. Insgesamt standen ein Viertel der Modellarten auf Flurstücken im Eigentum des Staatsbetriebs Sachsenforst. Etwa 40 % lagen im Privatwald, weitere 25 % befanden sich als Offenlandstandorte höchstwahrscheinlich ebenfalls in privater Hand. Hinsichtlich der Bestandesdichte zeigten die kartierten Wildobstvorkommen sehr starke Unterschiede. Während die Bestandesgrößen bei der Gewöhnlichen Eberesche oder der Alpen-Johannisbeere relativ ausgeglichen waren, variierten die Bestandesgrößen beim Wildapfel zwischen 3 und 90 Bäumen je Vorkommen. Sehr dichte und zusammenhängende Vorkommen wurden in der Regel bei der Alpen-Johannisbeere und der Gewöhnlichen Eberesche gefunden. Die Vorkommen der Wildbirne und des Wildapfels waren dagegen stark fragmentiert.

Mit Hilfe ausgewählter morphologischer Merkmale erfolgte eine artspezifische Charakterisierung der Modellarten. Eindeutig ließen sich die Alpen- Johannisbeere und der Gewöhnliche Wacholder von verwandten Arten abgrenzen. Die Artidentifizierung bei Wildapfel, Wildbirne und Gewöhnlicher Eberesche war dagegen etwas schwieriger, weil bei diesen Arten Hybridformen bzw. Unterarten auftreten.

Die endgültige Identifizierung von Hybriden erfolgte mit Hilfe der genetischen Analyse. Beim Wildapfel und der Wildbirne wurden 16,7 % bzw. 21,7 % Hybridformen identifiziert. Genetisch identische Pflanzen wurden bei der Wildbirne und bei der Alpen-Johannisbeere gefunden. Der Anteil schwankte stark zwischen den einzelnen Vorkommen und lag im Durchschnitt bei 9,2 % (Wildbirne) bzw. 32,9 % (Alpen- Johannisbeere). Die genetische Diversität war bei den Modellarten sehr unterschiedlich ausgeprägt. Während die genetische Diversität bei der Alpen-Johannisbeere als gering bis mittel eingestuft wurde, zeigt die Modellart Wacholder eine sehr hohe genetische Diversität. Auch bei der genetischen Struktur waren große Unterschiede zwischen den Arten festzustellen. Hier zeigte die Alpen-Johannisbeere ausgeprägte genetische Unterschiede zwischen den Populationen, während beim Wacholder kaum oder gar keine genetischen Unterschiede zwischen verschiedenen Populationen

feststellbar waren. Ein Zusammenhang zwischen der genetischen Struktur der untersuchten Populationen und den ausgewiesenen Vorkommensgebieten war bei keiner Modellart festzustellen. Die Untersuchungen zum Auskreuzungsverhalten bei der Modellart Alpen-Johannisbeere zeigte, dass der Pollen hauptsächlich innerhalb des Vorkommens transportiert wurde. Ein genetischer Austausch mit anderen Populationen fand kaum statt. Das erklärt auch die geringe genetische Diversität in den Vorkommen und die ausgeprägt genetische Struktur bei der Alpen-Johannisbeere. Beim Wildapfel und dem Wacholder waren die Distanzen, in denen ein Austausch von genetischer Information entweder durch Pollen oder Samen stattgefunden hat, wesentlich größer. Dadurch ist die genetische Diversität bei diesen beiden Modellarten hoch und die genetische Struktur zwischen den Populationen gering. Die Untersuchungen zum Pollentransport beim Wildapfel zeigten weiterhin, dass in Vorkommen mit einer geringeren Bestandesdichte das Risiko einer Hybridisierung mit dem Kulturapfel wesentlich höher ist als in Vorkommen mit einer hohen Bestandesdichte. Mit Verdichtungspflanzungen in stark fragmentierten Vorkommen kann demnach das Risiko einer Hybridisierung deutlich gesenkt werden. Die phänologische Bonitur erfolgte erstmalig im Frühjahr 2013 und wurde jährlich bis 2016 wiederholt. *In situ* wurden insgesamt 15 Bestände der Modellarten Alpen-Johannisbeere, Eberesche, Wildapfel und Wildbirne für die Phasen „Austrieb“ und „Blüte“ an insgesamt 383 Einzelindividuen bonitiert. Im Frühjahr 2016 wurde zusätzlich eine phänologische Bonitur zum Merkmal ‚Austrieb‘ an Veredelungen bzw. Stecklingen des Wildapfels, der Wildbirne und der Alpen-Johannisbeere in einer *Ex situ*- Plantage des Staatsbetriebs Sachsenforst in Graupa durchgeführt. Der Vergleich zwischen dem Austriebsverhalten am natürlichen Standort (*in situ*) und auf der Plantage (*ex situ*) bei gleichen klimatischen Bedingungen zeigte, dass die Pflanzen aller Modellarten aus Vorkommensgebiet 3 signifikant schneller austrieben als *in situ*. Auf der *Ex situ*-Plantage konnten keine signifikanten Unterschiede im Austriebsverhalten zwischen den Pflanzen aus dem Vorkommensgebiet 3 und Vorkommensgebiet 2 festgestellt werden. Zwei Ausnahmen waren die Wildapfel-Herkunft ‚Leipziger Auwald‘ und die Alpen-Johannisbeer-Herkunft ‚Geisingberg‘. Dieses Ergebnis deutet darauf hin, dass das Austriebsverhalten bei den untersuchten Modellarten zu einem großen Teil durch die spezifischen klimatischen Begebenheiten des Standortes bedingt ist. Nur bei Herkünften von ‚extremeren‘ Standorten wurden signifikante Unterschiede beim Austrieb unter gleichen klimatischen Bedingungen festgestellt.

Von allen Modellarten wurde ab dem zweitem Projektjahr Saatgut geerntet und Pflanzgut für die weitere Vermarktung angezogen. Weiterhin wurde das angezogene Pflanzgut verwendet, um eine Reihe von *In situ* - Maßnahmen im Projektgebiet umzusetzen, wie zum Beispiel Pflanzung von Landschaftshecken, Waldrandgestaltung und Verdichtungspflanzungen. Für die Wildbirne und den Wildapfel wurde ein Reiser Muttergarten angelegt, um qualitativ hochwertige Reiser gewinnen zu können. Der Reiser Muttergarten kann auch für die Saatgutgewinnung genutzt werden. Für die Alpen-Johannisbeere und den Wacholder wurden Erntehecken angelegt, von denen Saatgut bzw. Stecklinge für die Produktion von gebietseigenem Vermehrungsgut gewonnen werden können. Für die langfristige Anlage einer Samenplantage für den Wildapfel und die Wildbirne wurden die veredelten Hochstämme

der Wildäpfel auf ihren endgültigen Standort in der Forstbaumschule Graupa gepflanzt. Die restlichen Veredelungen der Wildbirnen sowie der Wildäpfel sollen im Jahr 2018 erfolgen. Weiterhin wurde eine Ebereschen-Samenplantage für das Vorkommensgebiet 2 in Graupa gepflanzt. Eine weitere Anlage einer Ebereschen-Samenplantage für das Vorkommensgebiet 3 ist für 2018 im Forstbezirk Bärenfels geplant. Damit wird in Zukunft ausreichend herkunftsgesichertes Saat- und Pflanzgut der fünf Modellarten zur Verfügung stehen.

Im Rahmen einer intensiven Öffentlichkeitsarbeit wurde das Projekt anderen Institutionen und Akteuren aus Naturschutz, Forst und öffentlicher Verwaltung vorgestellt. Durch die Organisation von drei Veranstaltungen wurde die Thematik einem interessiertem Fachpublikum erläutert. Mit rund 20 Vortrags- und Posterbeiträgen auf Fachtagungen und Veranstaltungen wurde das Projekt vorgestellt. Weiterhin lieferten die Projektmitarbeiter durch insgesamt 20 Schriftbeiträge Informationen zum Projekt. Besonders hervorzuheben ist die Auszeichnung des Wildobstprojektes als offizielles Projekt der UN-Dekade Biologische Vielfalt im Rahmen der Festveranstaltung „10 Jahre Staatsbetrieb Sachsenforst“. Die Projekt-Internetseite (www.wildobstsachsen.de) wird auch über die Projektlaufzeit hinaus über das Projekt informieren.

IV Weiterer Handlungsbedarf

- **Bundesländerübergreifendes Vorkommensregister:** Insbesondere für seltene Arten wäre ein Bundesländerübergreifendes Ernteregister sinnvoll. Für seltene Arten gibt es oftmals nur noch wenige Vorkommen in den einzelnen Bundesländern. Ein Austausch von Saatgut aus identischen Vorkommensgebieten zwischen den Bundesländern würde dem Erhalt der Arten dienen. Weiterhin würde die Aufrechterhaltung der genetischen Diversität der Arten gefördert werden. Voraussetzung für einen solchen Austausch wäre ein bundesweites Ernteregister.
- **Vereinheitlichung der Erntevorkommensnummer.** Im Zusammenhang eines bundesländerübergreifenden Ernteregisters ist die Vereinheitlichung der Erntegebietsnummern für Erntevorkommen von Straucharten und Bäumen, die nicht dem Forstvermehrungsgutgesetz unterliegen, zu empfehlen. Denkbar wäre hier, das 12-stellige Registernummernsystem der Baumarten, die dem FoVG (Forstvermehrungsgutgesetz) unterliegen, für die gebietseigenen Strauch- und Baumarten anzupassen.
- **Benennung von alternativen Vorkommensgebieten:** Bei seltenen Arten sind pro Vorkommensgebiet nicht immer genügend Erntevorkommen vorhanden, um ausreichend Saatgut zu gewinnen. Bei einigen Arten ist die genetische Diversität in den Populationen stark eingeschränkt. In solchen Fällen sollte eine geeignete ‚vorkommensgebietsfremde‘ Beerntung und Ausbringung in klimatisch ähnlichen Regionen möglich sein, wenn damit der Erhalt der Art gefördert werden kann. Auch sollte eine Mischung von Saatgut möglich sein, um die genetische Diversität einer Art wieder zu erhöhen (z.B. Alpen-Johannisbeere).
- **Sicherung der Vorkommen *in situ*.** Gerade bei seltenen Arten gibt es oftmals nur noch wenige Vorkommen und noch weniger Vorkommen, die auch für eine Beerntung geeignet sind. Diese *In situ*-Vorkommen sollten unbedingt langfristig geschützt werden, um nicht auch die restlichen verbliebenen Populationen von seltenen Arten zu verlieren. Hier wäre es wünschenswert, solche Vorkommen, (beim Erfüllen bestimmter Voraussetzungen, siehe z.B. Leitfaden) zu schützen und deren Fortbestand durch Maßnahmen für die Erhaltung z.B. Freistellungsmaßnahmen, Sicherung und Förderung vorhandener Naturverjüngung, mit finanziellen Mitteln zu unterstützen.
- **Wissenschaftliche Begleituntersuchungen:** Die genetischen Untersuchungen mit Hilfe von SSR-Markern haben gezeigt, dass mit Hilfe dieses Markersystems nur bedingt Rückschlüsse auf die regionale Anpassungsfähigkeit einer Arten gezogen werden können. Um die klimatische Anpassungsfähigkeit von Arten an die vorhandenen Vorkommensgebiete beurteilen zu können, wären hier weiterführende Untersuchungen und eine Weiterentwicklung der Methoden sinnvoll. Mit der Fortführung der phänologischen Untersuchungen *ex situ* könnte geklärt werden, inwieweit sich Herkünfte ‚extremerer‘ Standorte hinsichtlich ihres Austriebverhaltens im Laufe der Jahre unter gleichen Umweltbedingungen aneinander

angleichen. Ergänzend dazu wären Untersuchungen zur Genexpression von ausgewählten Genen, die das Austriebsverhalten der Pflanze steuern, sinnvoll. Mit diesen Untersuchungen kann geklärt werden, inwieweit das phänologische Verhalten einer Art genetisch bedingt ist und in welchem Ausmaß eine Art in der Lage ist, sich an veränderte Standortbedingungen anzupassen.

V Verzeichnisse der Tabellen, Abbildungen und Anlagen

1. Tabellenverzeichnis

| | | |
|-------------|---|----|
| Tabelle 1: | Anzahl kartierter Modellbestände nach Arten und Lage in den beiden Vorkommensgebieten. | 4 |
| Tabelle 2: | Parameter zur Beschreibung der Bestandesstruktur der untersuchten Ebereschenvorkommen..... | 11 |
| Tabelle 3: | Strukturmaße der untersuchten Wildapfelbestände | 12 |
| Tabelle 4: | Strukturmaße der untersuchten Wildbirnenbestände | 13 |
| Tabelle 5: | Untersuchte morphologische Abgrenzungskriterien der fünf Modellarten | 16 |
| Tabelle 6: | Erfassungskriterien zur morphologischen Abgrenzung des Wildapfels | 20 |
| Tabelle 7: | Verwendete morphologische Kriterien für die Abgrenzung von <i>P. pyraaster</i> von <i>P. communis</i> und Hybridformen. | 22 |
| Tabelle 8: | Phänologisch untersuchte Bestände der Modellarten <i>In situ</i> | 25 |
| Tabelle 9: | Phänologisch untersuchte Herkünfte sowie die Anzahl der Genotypen und die Gesamtpflanzenzahl (inklusive Wiederholungen) im Jahr 2016 auf den Generhaltungsanlagen der Forstbaumschule Sachsenforst Graupa (<i>Ex situ</i>)..... | 26 |
| Tabelle 10: | Vergabe der Boniturnoten am Beispiel von 2 Bäumen in den Jahren 2014, 2015 und 2016 | 28 |
| Tabelle 11: | Anzahl der Datensätze pro Jahr und Population für die vergleichende statistische Auswertung zwischen <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Standort. | 38 |
| Tabelle 12: | Übersicht der verwendeten Datensätze und statistischen Verfahren bei der Auswertung der phänologischen Daten von Wildapfel, Wildbirne und Alpen-Johannisbeere..... | 39 |
| Tabelle 13: | Deskriptive Statistik für die Auswertung des Austriebverhaltens beim Wildapfel nach Vorkommensgebiet. | 41 |
| Tabelle 14: | Homogene Untergruppen für die mittleren Boniturnoten 2014-2016 <i>In situ</i> zwischen den Populationen..... | 41 |
| Tabelle 15: | Homogene Untergruppen nach Gabriel für die mittleren Boniturnoten zwischen den Jahren | 42 |
| Tabelle 16: | Signifikante Unterschiede der Bonitur im Jahr 2016 zwischen den <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Standorten nach Population. | 42 |
| Tabelle 17: | Homogene Untergruppen für die mittleren Boniturnoten am <i>Ex situ</i> -Standort zwischen den vier verschiedenen Wildapfelpopulationen | 43 |
| Tabelle 18: | Deskriptive Statistik für die Auswertung des Austriebverhaltens bei der Wildbirne nach Vorkommensgebieten. | 44 |
| Tabelle 19: | Homogene Untergruppen für die mittleren Boniturnoten zwischen den Wildbirnen-Populationen..... | 44 |
| Tabelle 20: | Homogene Untergruppen nach Gabriel für die mittleren Boniturnoten in den verschiedenen Jahren | 45 |
| Tabelle 21: | Signifikante Unterschiede der Bonitur im Jahr 2016 zwischen den <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Standort nach Population..... | 45 |
| Tabelle 22: | Homogene Untergruppen für die mittleren Boniturnoten für die Populationen ‚Osterzgebirge, ‚Voigtsbusch‘ und ‚Zadel‘ unter Berücksichtigung der <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Standorte..... | 46 |

| | |
|---|----|
| Tabelle 23: Deskriptive Statistik für die Auswertung des Austriebverhaltens bei der Alpen-Johannisbeere nach Vorkommensgebiet..... | 47 |
| Tabelle 24: Homogene Untergruppen für die mittleren Boniturnoten 2014-2016 <i>in situ</i> zwischen den Populationen..... | 47 |
| Tabelle 25: Homogene Untergruppen für die mittleren Boniturnoten zwischen den Jahren..... | 48 |
| Tabelle 26: Signifikante Unterschiede zwischen den <i>In situ</i> - und <i>Ex situ</i> -Standorten nach Population..... | 48 |
| Tabelle 27: Homogene Untergruppen nach Gabriel für die mittleren Boniturnoten zwischen den Jahren..... | 49 |
| Tabelle 28: Chloroplasten Primer für die Analyse bei Wildapfel, Wildbirne und Gemeiner Eberesche..... | 53 |
| Tabelle 29: Primer für die Detektion von Chloroplasten SNPs mittels Allel-spezifischer PCR bei <i>Juniperus communis</i> | 53 |
| Tabelle 30: Liste der analysierten <i>M. sylvestris</i> Populationen, ihre Herkunft und Anzahl der beprobten Bäume..... | 56 |
| Tabelle 31: Anzahl identifizierter Hybride nach STRUCTURE-Analyse in den verschiedenen Wildapfelpopulationen..... | 57 |
| Tabelle 32: Populationsgenetische Parameter zur Einschätzung der genetischen Diversität in den <i>M. sylvestris</i> Populationen in Sachsen und vergleichend in anderen Populationen Deutschlands sowie in den Kulturapfelsorten..... | 58 |
| Tabelle 33: Paarweise F_{st} -Wert zur Bewertung der genetischen Distanz der untersuchten Wildapfelpopulationen..... | 59 |
| Tabelle 34: Liste der analysierten <i>M. sylvestris</i> Bäume und ihre Herkunft in Sachsen..... | 62 |
| Tabelle 35: Fragmentlängen (bp) und abgeleitete Haplotypen in Wildapfel und Kulturapfel..... | 62 |
| Tabelle 36: Liste der analysierten <i>P. pyraster</i> Populationen aus Sachsen, ihre Herkunftsregion und Anzahl der beprobten Bäume..... | 68 |
| Tabelle 37: Populationsgenetische Parameter zur Einschätzung der genetischen Diversität in den <i>P. pyraster</i> Populationen in Sachsen..... | 70 |
| Tabelle 38: Paarweise F_{st} -Wert zur Bewertung der genetischen Distanz der untersuchten Wildbirnenpopulationen..... | 70 |
| Tabelle 39: Fragmentlängen (bp) und abgeleitete Haplotypen in Wildbirne..... | 72 |
| Tabelle 40: Liste der analysierten <i>S. aucuparia</i> Populationen, ihre Herkunftsregion und Anzahl der beprobten Bäume..... | 74 |
| Tabelle 41: Populationsgenetische Parameter zur Einschätzung der genetischen Diversität in den <i>S. aucuparia</i> Populationen in Sachsen und im Riesengebirge..... | 75 |
| Tabelle 42: Paarweise F_{st} -Wert zur Bewertung der genetischen Distanz der untersuchten Ebereschenpopulationen..... | 77 |
| Tabelle 43: Fragmentlängen (bp) und abgeleitete Haplotypen bei der Gewöhnlichen Eberesche..... | 79 |
| Tabelle 44: Liste der analysierten <i>Ribes alpinum</i> Populationen aus Sachsen, ihre Herkunftsregion und Anzahl der beprobten Sträucher sowie der untersuchten Referenzproben..... | 81 |
| Tabelle 45: Anzahl untersuchter Alpen-Johannisbeersträucher, Anzahl unterschiedlicher Multilokus-Genotypen (MLG) und ‚genotypic richness‘ (R) in den 5 unterschiedlichen <i>R. alpinum</i> Populationen nach Analyse mit 7 SSR Markern..... | 82 |

| | |
|--|-----|
| Tabelle 46: Genetische Diversitäts-Parameter ermittelt für die 6 unterschiedlichen <i>R. alpinum</i> Populationen unter Verwendung von 7 SSR Marker..... | 82 |
| Tabelle 47: Paarweise F_{st} -Wert zur Bewertung der genetischen Distanz der untersuchten Alpen-Johannisbeerpopulationen..... | 83 |
| Tabelle 48: Liste der analysierten <i>Juniperus communis</i> Populationen, ihre Herkunft und Anzahl der beprobten Sträucher..... | 88 |
| Tabelle 49: Genetische Diversitäts-Parameter, ermittelt für die unterschiedlichen <i>J. communis</i> Populationen aus Sachsen und Thüringen sowie drei Europäischen Vergleichspopulationen | 90 |
| Tabelle 50: Paarweise F_{st} -Wert zur Bewertung der genetischen Distanz der untersuchten Wacholderpopulationen | 92 |
| Tabelle 51: Aufteilung der in die Untersuchung einbezogen 738 Genotypen von <i>J. communis</i> L. auf die acht kartierten Populationen in Sachsen sowie die Unterteilung der Genotypen in Sprey in Altbestand und Naturverjüngung..... | 95 |
| Tabelle 52: Zusammenfassende Ergebnisse der wichtigsten populationsgenetischen Parameter der fünf Modellarten nach der genetischen Charakterisierung..... | 97 |
| Tabelle 53: Verteilung der geernteten Fruchtmenge je Modellart und Jahr | 103 |
| Tabelle 54: Durchschnittliche Anzahl von Samen/ Beerenzapfen und Anteil von vollen Samen für die Jahre 2013 und 2014..... | 104 |

2. **Abbildungsverzeichnis**

| | |
|--|----|
| Abbildung 1: Schwerpunktregionen der Vorkommen der fünf Modellarten in Sachsen..... | 3 |
| Abbildung 2: Lage der Modellbestände der fünf Modellarten innerhalb Sachsens. | 5 |
| Abbildung 3: Standorttypen sowie Standortklassifizierung der untersuchten Vorkommen aller Modellarten (oben) sowie von Alpen-Johannisbeere und Wildapfel im Vergleich (unten). | 6 |
| Abbildung 4: Eigentumsstruktur der erfassten Modellbestände gesamt und am Beispiel der Modellart Wacholder. | 7 |
| Abbildung 5: Schutzstatus der Modellbestände entsprechend der Kategorisierung nach Naturschutzrecht. | 8 |
| Abbildung 6: Standortmerkmale bei Alpen-Johannisbeere. | 10 |
| Abbildung 7: Geschlechterverhältnis in den Einzelbeständen der Alpen – Johannisbeere. | 10 |
| Abbildung 8: Wuchsformen beim Wacholder. | 14 |
| Abbildung 9: Geschlechterverhältnis in ausgewählten Beständen des Wacholders..... | 14 |
| Abbildung 10: Blütenmerkmale der männlichen (Bild A) und weiblichen Pflanzen (Bild B) der Alpen-Johannisbeere | 17 |
| Abbildung 11: Abgrenzung der Eberesche <i>Sorbus aucuparia</i> subsp. <i>glabrata</i> von der Kahlen Eberesche subsp. <i>glabrata</i> | 18 |
| Abbildung 12: Behaarungsmerkmale (Angaben in Prozent) der untersuchten Ebereschen in den untersuchten Beständen "Bielatal" (Bielat.), "Dresdner Heide" (Dresdn. H.), "Hutberg Löwenhain" (Hutbg.), "Zechengrund Oberwiesenthal" (Zechengr.) und "Riesengebirge" (Riesengeb.). | 19 |
| Abbildung 13: Morphologische Abgrenzungskriterien beim Wildapfel. | 20 |

| | |
|--|----|
| Abbildung 14: Verteilung morphologischer Abgrenzungskriterien in allen Modellbeständen | 21 |
| Abbildung 15: Variabilität morphologischer Merkmale bei der Wildbirne: Fruchtgröße, Fruchtform und Fruchtstiellänge, Blattgröße, Blattstiellänge und Blattform. | 22 |
| Abbildung 16: Verteilung morphologischer Ausprägungsformen der Abgrenzungsmerkmale | 23 |
| Abbildung 17: Männliche (links) und weibliche (rechts) Blüten beim Wacholder (<i>J. communis</i>)..... | 24 |
| Abbildung 18: Phänologische Stufen zum Austrieb und Blühverlauf am Beispiel der Eberesche..... | 27 |
| Abbildung 19: Verlauf der Tagesmitteltemperaturen von Jahresbeginn bis Mitte April der Jahre 2014-2016..... | 29 |
| Abbildung 20: Prozentuale Verteilung beobachteter Blattentwicklungsphasen zum jeweils gleichen Boniturtermin im Untersuchungszeitraum 2014-2016 bei der Modellart Alpen- Johannisbeere..... | 30 |
| Abbildung 21: Prozentuale Verteilung beobachteter Blattentwicklungsphasen zum jeweils gleichen Boniturtermin im Untersuchungszeitraum 2014-2016 bei der Modellart Eberesche. | 31 |
| Abbildung 22: Prozentuale Verteilung beobachteter Blattentwicklungsphasen zum jeweils gleichen Boniturtermin im Untersuchungszeitraum 2014-2016 bei der Modellart Wildapfel..... | 32 |
| Abbildung 23: Prozentuale Verteilung beobachteter Blattentwicklungsphasen zum jeweils gleichen Boniturtermin im Untersuchungszeitraum 2014-2016 bei der Modellart Wildbirne. | 33 |
| Abbildung 24: Zeitlicher Verlauf der Blüte bei der Alpen-Johannisbeere (linkes Bild) und prozentualer Anteil blühender Pflanzen am Gesamtbestand (rechtes Bild) im Boniturzeitraum 2014-2016..... | 34 |
| Abbildung 25: Zeitlicher Verlauf der Blüte bei der Eberesche (linkes Bild) und prozentualer Anteil blühender Pflanzen am Gesamtbestand (rechtes Bild) im Boniturzeitraum 2014-2016..... | 34 |
| Abbildung 26: Zeitlicher Verlauf der Blüte beim Wildapfel (linkes Bild) und prozentualer Anteil blühender Pflanzen am Gesamtbestand (rechtes Bild) im Boniturzeitraum 2014-2016..... | 35 |
| Abbildung 27: Zeitlicher Verlauf der Blüte bei der Wildbirne (linkes Bild) und prozentualer Anteil blühender Pflanzen am Gesamtbestand (rechtes Bild) im Boniturzeitraum 2014-2016..... | 35 |
| Abbildung 28: Mittlere Rangzahlen nach Bonitur der <i>Ex situ</i> Bestände im Jahr 2016 für die Modellarten Alpen-Johannisbeere, Wildapfel und Wildbirne..... | 36 |
| Abbildung 29: Boxplot der mittleren Boniturnoten für die Population ‚Bahretal‘, ‚Osterzgebirge‘, ‚Leipzig‘ und ‚Torgau‘ für die Bonitur 2014, 2015 und 2016 <i>in situ</i> | 40 |
| Abbildung 30: Boxplot der mittleren Boniturnoten für die Population ‚Osterzgebirge‘, ‚Voigtsbusch‘ und ‚Zadel‘ für die <i>In situ</i> Bonitur 2014, 2015 und 2016. | 43 |
| Abbildung 31: Boxplot der mittleren Boniturnoten für die Population ‚Geisingberg‘, ‚Löbauer Berg‘, ‚Obervogelgesang‘ und ‚Rabenauer Grund‘ für die Bonitur 2014, 2015 und 2016 <i>In situ</i> | 46 |
| Abbildung 32: Balkendiagramm nach STRUCTURE Analyse zur Identifizierung ‚artreiner‘ Individuen unter Verwendung des POPINFO-Modells..... | 57 |

| | |
|--|----|
| Abbildung 33: Clusterzuordnung der untersuchten Wildapfel-Populationen nach STRUCTURE-Analyse ($K= 3$). Bei den Populationen im schwarzen Rahmen handelt es sich um die sächsischen Populationen. | 60 |
| Abbildung 34: Haplotypenverteilung bei <i>M. sylvestris</i> und <i>M. x domestica</i> | 63 |
| Abbildung 35: Haplotypenverteilung in den fünf untersuchten Wildapfel Populationen in Sachsen | 64 |
| Abbildung 36: Ergebnis der AMOVA auf Grundlage der untersuchten cpDNA-Marker beim Wildapfel | 64 |
| Abbildung 37: Erntegebiete im Osterzgebirge zur Untersuchung des Pollentransports beim Wildapfel | 65 |
| Abbildung 38: Durchschnittliche Pollentransportdistanz, Anzahl von Hybriden nach freier Abblüte und Sämlinge, die aus einer Selbstung entstanden sind, nach den jeweiligen Bestandesdichten* in den beernteten Vorkommen. (*Anzahl benachbarter Wildapfelbäume in einem Radius von 250 m zum Mutterbaum) | 67 |
| Abbildung 39: Balkendiagramm nach STRUCTURE Analyse zur Identifizierung ‚artreiner‘ Individuen unter Verwendung des POPINFO-Modells | 69 |
| Abbildung 40: Clusterzuordnung der untersuchten Wildbirnen-Populationen nach STRUCTURE-Analyse ($K= 4$) und räumliche Verteilung der Cluster in Sachsen. | 71 |
| Abbildung 41: Haplotypenverteilung in den sieben untersuchten Wildbirnenpopulationen in Sachsen | 72 |
| Abbildung 42: Molekulare Varianz der untersuchten Wildbirnenpopulationen auf Basis der cpDNA-Untersuchungen | 73 |
| Abbildung 43: Clusterzuordnung der untersuchten Ebereschen-Populationen nach STRUCTURE-Analyse ($K= 5$) und räumliche Verteilung der Cluster in Sachsen. | 78 |
| Abbildung 44: Haplotypenverteilung in den untersuchten 14 <i>S. aucuparia</i> Populationen in Sachsen und der Population aus dem Riesengebirge | 79 |
| Abbildung 45: Molekulare Varianz der untersuchten Ebereschenpopulationen auf Basis der cpDNA-Untersuchungen | 80 |
| Abbildung 46: Clusterzuordnung der untersuchten Alpen-Johannisbeerpopulationen nach STRUCTURE-Analyse ($K= 5$) und räumliche Verteilung in Sachsen. Die Zahlen in den Klammern geben das Vorkommensgebiet an. | 84 |
| Abbildung 47: Molekulare Varianz der untersuchten Alpen-Johannisbeerpopulationen auf Basis der nSSR-Untersuchungen | 85 |
| Abbildung 48: Gesamtansicht der kartierten (grüne Punkte) und beerntete Vorkommen (rote Punkte) von <i>Ribes alpinum</i> in Sachsen zur Untersuchung des Pollentransports. | 85 |
| Abbildung 49: Anteil des Pollentransports nach Entfernung für <i>R. alpinum</i> , Bestand am Geisingberg (GEI), Obervogelgesang (OVG) und gesamt. | 86 |
| Abbildung 50: Anteil der Nachkommen von <i>R. alpinum</i> in den Populationen ‚Geisingberg‘ und ‚Obervogelgesang‘, die von Vätern bestäubt wurden, die sich innerhalb bzw. außerhalb des Bestandes befanden. | 87 |
| Abbildung 51: Clusterzuordnung der untersuchten Wacholderpopulationen nach STRUCTURE-Analyse ($K= 11$) und räumliche Verteilung der Cluster in Sachsen. | 93 |

| | |
|---|-----|
| Abbildung 52: Molekulare Varianz der untersuchten Wacholderpopulationen auf Basis der cpSNP-Untersuchungen..... | 94 |
| Abbildung 53: Anteil Herkunft des Wacholderpollens bzw. des Wacholdersamens im Bestand ‚Sprey‘ | 96 |
| Abbildung 54: Saatgutprüfung bei den Wildobstarten | 104 |
| Abbildung 55: Reiserschnitt und Veredelung bei <i>M. sylvestris</i> | 105 |
| Abbildung 56: Reiserschnitt bei <i>M. sylvestris</i> durch die Fachfirma für Baumpflege..... | 106 |
| Abbildung 57: Hochstammanlage für den Wildapfel als langfristig nutzbare Samenplantage auf der Fläche der Forstbaumschule in Graupa | 107 |
| Abbildung 58: Heckenanlage von <i>R. alpinum</i> in der Forstbaumschule Graupa zur zukünftigen Bereitstellung von herkunftsgesichertem Saatgut..... | 108 |
| Abbildung 59: Erntehecke von <i>J. communis</i> in der Forstbaumschule Graupa zur zukünftigen Bereitstellung von Stecklingen. | 108 |
| Abbildung 60: Waldrandgestaltung im Landkreis Bautzen unter Verwendung von gebietseigenen Pflanzgut aus dem Wildobstprojekt | 109 |
| Abbildung 61: Verdichtungspflanzung des Gemeinen Wacholders im Müglitztalgebiet / Osterzgebirge..... | 110 |
| Abbildung 62: Auszeichnung des Wildobstprojektes als offizielles Projekt der UN-Dekade Biologische Vielfalt im Rahmen der Festveranstaltung ‘10 Jahre Staatsbetrieb Sachsenforst’ | 117 |

3. Anlagenverzeichnis

| | |
|--|-----|
| Anlage 1: Kartierbögen für die Modellarten | 137 |
| Anlage 2: Boniturstufen für Blattaustrieb und Blüte bei den Modellarten..... | 139 |
| Anlage 3: Auswahl der SSR-Marker und ihre Kombination in Multiplex-PCRs für die Analyse der 5 Modellarten..... | 141 |
| Anlage 4: Saatgutprüfprotokoll am Beispiel von Ebereschensaatgut..... | 142 |
| Anlage 5: Projekt-Broschüre | 143 |

4. Literatur

- Albaladejo RG, Guzman B, Gonzalez-Martinez SC, Aparicio A (2012): Extensive pollen flow but few pollen donors and high reproductive variance in an extremely fragmented landscape. *PloS one* 7:e49012.
- Arnaud-Haond S, Belkhir K (2007): GenClone: a computer program to analyze genotypic data. test for clonality and describe spatial clonal organization. Herunterladbar unter: <http://www.ccmr.ualg.pt/maree/software.php?soft=genclon>.
- Ashley M (2010) Plant Parentage, Pollination, and Dispersal: How DNA Microsatellites have altered the landscape. *Crc Cr Rev Plant Sci* 29:148-161
- Bizoux J-P, Dainou K, Bourland N, Hardy OJ, Heuertz M, Mahy G, Doucet J-L. 2009. Spatial genetic structure in *Milicia excelsa* (Moraceae) indicates extensive gene dispersal in a low-density wind-pollinated tropical tree. *Mol Ecol* 18:4398-408.
- BMU (2012): Leitfaden zur Verwendung gebietseigener Gehölze. https://www.bfn.de/fileadmin/BfN/recht/Dokumente/leitfaden_gehoelze_.pdf
- Clifton SJ, Ward L. K., Ranner DS (1996): The status of Juniper, *Juniperus communis* L., in northeast England. *Biol Conserv*, 79 (1997), 67-77.
- Earl D, von Holdt B (2012): STRUCTURE HARVESTER: A website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conserv. Gen. Res.* 4 (2): 359-361.
- Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005): Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol Ecol* 14 (8): 2611-20.
- Eliades NG, Eliades DG (2009): HAPLOTYPE ANALYSIS, Software for Analysis of Haplotype Data. Version 1.05 Georg-August University Goettingen, Germany, Section of Forest Genetics and Forest Tree Breeding
- Gutte P, Hardtke HJ, Schmidt PA (2013): Die Flora Sachsens und angrenzender Gebiete. Ein pflanzenkundlicher Exkursionsführer. Wiebelsheim.
- Glässer N, Wissemann V (2005): Morphometrische Populationsstudien zur Abgrenzung natürlicher Vorkommen der Wildbirne *Pyrus pyraster* (L.) BURGSD. von verwilderten Kulturbirnen *P. communis* L. (Maloideae, Rosaceae) im Mittleren Saaletal. Thüringen. *Mitt Dtsch Dendrol Ges.* 90: 67-84.
- Hardtke HJ, Ihl A (2000): Atlas der Farn- und Samenpflanzen Sachsens. In: Sächsisches Landesamt für Umwelt und Geologie (Hrsg.) - Materialien zu Naturschutz und Landschaftspflege. Dresden.
- Hofmann H. (1993): Zur Verbreitung und Ökologie der Wildbirne (*Pyrus communis* L.) in Süd-Niedersachsen und Nordhessen sowie ihre Abgrenzung von verwilderten Kulturbirnen (*Pyrus domestica* Med.). *Mitt. Dtsch. Dendrol. Ges.* 81: 27-69.
- Kalinowski S, Taper M, Marshall T (2007): Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Mol Ecol* 16: 1099-1006.
- Kramer AT, Ison JL, Ashley MV and Howe HF (2008): The paradox of forest fragmentation genetics. *Conserv Biol* 22(4):878-85
- Kühn R (1998): Wildobst und Naturschutz. In: Kleinschmidt. J. et al. (Hrsg.) (1998): Die Wildbirne. *Pyrus pyraster* (L.) BURGSD. Tagung zum Baum des Jahres am 17. und 18.3.1998 in Göttingen. Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt. Band 125.
- Mader E, Shepherd M, Vaughn M (2011): Attracting Native Pollinators: The Xerces Society Guide

- Protecting North America's Bees and Butterflies, Storey Publishing, North Adams.
- Marshall TC, Slate J, Kruuk LEB, Pemberton JM (1998): Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Mol Ecol* 7(5): 639-655.
- Nathan R, Schurr F, Spiegel O, Steinitz O, Trakhtenbrot A, Tsoar A (2008): Mechanisms Of Long-Distance Seed Dispersal. In: *Trends In Ecology & Evolution* 23 (11), S. 638–647. Doi: 10.1016/J.Tree.2008.08.003.
- Reim S, Proft A, Heinz S, Höfer M (2011): Diversity of the European indigenous wild apple *Malus sylvestris* (L.) Mill. in the East Ore Mountains, Germany: I. Morphological characterization. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 59 (6): 1101-1114. DOI: 10.1007/s10722-011-9746-x
- Reim S, Lochschmidt F., Proft A, Wolf H, Wolf H. (2016a): Species delimitation, genetic diversity and structure of the European indigenous wild pear (*Pyrus pyraster*) in Saxony, Germany. *Genetic Resources and Crop Evolution*, DOI 10.1007/s10722-016-0426-8
- Reim S, Proft A., Lochschmidt F, Tröber U., Wolf H. (2016b): Genetic structure and diversity in Juniper (*Juniperus communis* L.) populations in Saxony, Germany. *Biodiversity Research and Conservation*, 42: 9-18. DOI 10.1515/biorc-2016-0008
- Peakall R; Smouse PE (2012): GenAIEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research - an update. *Bioinformatics Oxford, England* 28(19): 2537-9.
- Porth I, El-Kassaby YA (2014): Assessment of the genetic diversity in forest tree populations using molecular markers. *Diversity* 6:283-295
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945-959
- Provan J, Beatty GE, Hunter AM, McDonald RA, McLaughlin E, Preston SJ, Wilson S (2009): Restricted gene flow in fragmented populations of a wind-pollinated tree. *Conserv. Gen.* 9: 1521-1532.
- Rotach P, Baume M. (2004): Die Wildbirne (*Pyrus pyraster* (L.) Burgsd.) in der Schweiz: Morphologische Charakterisierung. Abgrenzung von der Kulturbirne und Artreinheit ihrer Vorkommen. *Schweiz. Z. Forstwes.* 155 (9): 367-377.
- Rumpf H. (2002): Phänotypische, physiologische und genetische Variabilität bei verschiedenen Herkunftstypen von *Viburnum opulus* L. und *Corylus avellana* L.. Dissertation am Fachbereich Gartenbau der Universität Hannover, Hannover.
- Seitz B, Kätzel R, Kowarik I, Schulz PM (2008): Methode zur Bestimmung und Erfassung von Erntebeständen gebietseigener Gehölze. *Allg. Forst- u. J. Ztg.*, 179. Jg., 4.
- Schmidt PA, Krause A (1997): Zur Abgrenzung von Herkunftsgebieten bei Baumschulgehölzen für die freie Landschaft. *NuL*, 92ff.
- Schulze T, Schröder J, Kätzel R (2013): Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland. Berichtsteil Wildbirne. Abschlussbericht. Eberswalde.
- Türk W (1999): Wildbirne (*Pyrus pyraster*) und Wildapfel (*Malus sylvestris*) als Bestandteil einheimischer Gehölzgesellschaften. In: *Bayrische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft (LWF) (Hrsg.)(1999): Beiträge zur Wildbirne. Berichte aus der Bayerischen Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft. Band 23.*
- Wagner I. (1995) Identifikation von Wildapfel (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) und Wildbirne (*Pyrus pyraster* (L.) Burgsd.). *Forstarchiv* 66: 39-47.
- Wright S (1978): *Evolution and the Genetics of Population, Variability Within and Among Natural Populations.* The University of Chicago Press, Chicago.

VI Anlagen

Anlage 1: Kartierbögen für die Modellarten

Wildbirne

| | | | | | |
|--------------------------------|-----|---------------------------------|-----------------|-------------|-------------------------|
| Erntegebiet: | | Datum: | | Bearbeiter: | |
| Baum-ID: | PYR | | | | |
| Stammanzahl BHD | | Geschätzte Baumhöhe | | meter | |
| | | cm | | | |
| Vitalität | | 0 <25% ohne Schäden | Standort | | Wald |
| | | 1 25-50% schwach geschädigt | | | Waldrand |
| | | 2 51-75% mittelstark geschädigt | | | Wegrand |
| | | 3 >75% stark geschädigt | | | Freistehend / Offenland |
| | | | | | Feldrand |
| | | | | | Steinrücke |
| Erkennbare Krankheiten: | | | | | |
| Augenscheinlich echt: | | ja | | nein | |
| Morphologische Merkmale | | | | | |
| Fruchtform | | 1 rund | Fruchtlänge | | mm |
| | | 2 länglich | Blattstiellänge | | |
| | | | | | 1 <3,5mm |
| | | | | | 2 >3,5mm |
| Deckfarbe | | 1 nicht vorhanden | Blattform | | |
| | | 2 vorhanden | | | |
| Dornigkeit | | 1 vorhanden | | | |
| | | 2 nicht vorhanden | | | |
| Bemerkungen | | | Blattlänge | | |
| | | | | | 1 < 5cm |
| | | | | | 2 5-7cm |
| | | | | | 3 >7cm |

Eberesche

| | | | | | |
|--------------------------------|-----|---------------------------------|----------|-------------|-------------------------|
| Erntegebiet: | | Datum: | | Bearbeiter: | |
| Baum-ID: | SOR | | | | |
| Stammanzahl BHD | | Geschätzte Baumhöhe | | meter | |
| | | cm | | | |
| Vitalität | | 0 <25% ohne Schäden | Standort | | Wald |
| | | 1 25-50% schwach geschädigt | | | Waldrand |
| | | 2 51-75% mittelstark geschädigt | | | Wegrand |
| | | 3 >75% stark geschädigt | | | Freistehend / Offenland |
| Bemerkungen | | | | | Feldrand |
| | | | | | Steinrücke |
| Erkennbare Krankheiten: | | | | | |
| Morphologische Merkmale | | | | | |
| Blattknospen u. -unterseite | | 1 Flächig behaart | | | |
| | | 2 Weniger behaart | | | |

Wildapfel

| | | | | | |
|--------------------------|-----|---------------------|-------------------------------|-----------------|-------------------------|
| Erntegebiet: | | Datum: | | Bearbeiter: | |
| Baum-ID: | MAL | | | | |
| Stammanzahl | | Geschätzte Baumhöhe | | meter | |
| BHD | | cm | | | |
| Vitalität | | 0 | <25% ohne Schäden | Standort | |
| | | 1 | 25-50% schwach geschädigt | | Wald |
| | | 2 | 51-75% mittelstark geschädigt | | Waldrand |
| | | 3 | >75% stark geschädigt | | Wegrand |
| | | | | | Freistehend / Offenland |
| | | | | | Feldrand |
| | | | | | Steinrücke |
| | | | | | Wald |
| Erkennbare Krankheiten : | | | | | |
| Augenscheinlich echt: | | ja | | nein | |

| | | | | | |
|--------------------------------|--|---|------------------|------------------------|--------------------------|
| Morphologische Merkmale | | | | | |
| Behaarung Blattstiel | | 1 | kahl | Fruchtbreite | |
| | | 2 | vereinzelt Haare | | mm |
| | | 3 | behaart | Fruchtdeckfarbe | |
| Behaarung Blütenstiel | | 1 | kahl | | 1 Keine |
| | | 2 | vereinzelt Haare | | 2 Roter Hauch |
| | | 3 | behaart | | 3 Streifen, Marmorierung |

Alpen-Johannisbeere

| | | | | | |
|--------------------------------|-----|--------|-------------------------------|--------------------------|-------------------------|
| Erntegebiet | | Datum: | | Bearbeiter: | |
| Baum-ID: | RIB | | | | |
| Geschätzte Strauchhöhe | | cm | Geschlecht | | männlich weiblich |
| Vitalität | | 0 | <25% ohne Schäden | Standort | |
| | | 1 | 25-50% schwach geschädigt | | Wald |
| | | 2 | 51-75% mittelstark geschädigt | | Waldrand |
| | | 3 | >75% stark geschädigt | | Wegrand |
| | | | | | Freistehend / Offenland |
| | | | | | Feldrand |
| | | | | | Steinrücke |
| Augenscheinlich echt: | | ja | | nein | |
| Erkennbare Krankheiten | | | | | |
| Morphologische Merkmale | | | | | |
| Blattgröße | | 1 | <5cm | Fruchttraubenform | |
| | | 2 | >5cm | | 1 kurz u. aufrecht |
| Blattlappigkeit | | 1 | 3-lappig | | 2 lang u. hängend |
| | | 2 | 5-lappig | Fruchtgeschmack | |
| | | 3 | behaart | | 1 fad |
| Blattunterseite | | 1 | matt | | 2 sauer |
| | | 2 | glänzend | Blüte | |
| | | | | | 1 kurz u. aufrecht |
| | | | | | 2 lang u. hängend |
| Bemerkungen: | | | | | |

Wacholder

| | | | | | |
|------------------------|-----|--------|-------------------------------|-------------|-------------------------|
| Erntegebiet: | | Datum: | | Bearbeiter: | |
| Baum-ID: | JUN | | | | |
| Geschätzte Strauchhöhe | | cm | Geschlecht | | männlich weiblich |
| | BHD | | | | |
| Vitalität | | 0 | <25% ohne Schäden | Standort | Wald |
| | | 1 | 25-50% schwach geschädigt | | Waldrand |
| | | 2 | 51-75% mittelstark geschädigt | | Wegrand |
| | | 3 | >75% stark geschädigt | | Freistehend / Offenland |
| | | | | | Feldrand |
| | | | | | Steinrücke |
| Erkennbare Krankheiten | | | | | |

Anlage 2: Boniturstufen für Blattaustrieb und Blüte bei den Modellarten

Wildapfel

| Stufe | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
|-----------------|---|---|---|--|---|
| Blatt-aus-trieb |  |  |  |  | |
| Blüte |  |  |  |  |  |

Wildbirne

| Stufe | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
|-----------------|---|---|---|--|---|
| Blatt-aus-trieb |  |  |  |  | |
| Blüte |  |  |  |  |  |

Alpen-Johannisbeere

| Stufe | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
|-------------------------|---|---|---|--|---|
| Blatt- aus- trieb |  |  |  |  | |
| Blüte |  |  |  |  |  |

Eberesche

| Stufe | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
|-------------------------|---|---|---|--|---|
| Blatt- aus- trieb |  |  |  |  | |
| Blüte |  |  |  |  |  |

Anlage 3: Auswahl der SSR-Marker und ihre Kombination in Multiplex-PCRs für die Analyse der 5 Modellarten

| Art | Multiplex (Name) | Primer Name | Dye Beckman | |
|---------------------------|-----------------------------|--------------------|------------------------|----|
| <i>Juniperus communis</i> | Jun 01 | Jc016 | D3 | |
| | | Jc031 | D4 | |
| | | Jc032 | D2 | |
| | Jun 02 | Jc035 | D3 | |
| | | Jc37b | D2 | |
| | <i>Ribes alpinum</i> | Ribes1 | g1-A01 | D2 |
| g2-L17 | | | D3 | |
| e1-O21 | | | D4 | |
| Ribes2 | | e3-M04 | D3 | |
| | | e1-O01 | D4 | |
| Ribes3 | | e3-B02 | D2 | |
| | | g2-N20 | D4 | |
| <i>Sorbus aucuparia</i> | | Sor1 | CH01h10 | D2 |
| | | | CH02c09 | D3 |
| | CH01h01 | | D4 | |
| | Sor2 | CH05c06 | D2 | |
| | | Ch01f03b | D3 | |
| | | GD147 | D4 | |
| | Sor3 | CH01f02 | D2 | |
| | | EMPc117 | D3 | |
| | | CH01d09 | D4 | |
| | <i>Malus sylvestris</i> | Mal1 | CH01h10 | D2 |
| | | | CH04c07 | D3 |
| | | | CH01h01 | D4 |
| Mal2 | | Hi02c07 | D2 | |
| | | CH01f03b | D3 | |
| | | GD147 | D4 | |
| Mal3 | | CH02d08 | D2 | |
| | | CH04e05 | D3 | |
| | | CH02c11 | D4 | |
| <i>Pyrus pyraster</i> | Pyr1 | CH01f07a | D2 | |
| | | CH02b10 | D3 | |
| | | CH01d09 | D4 | |
| | Pyr2 | CH05c06 | D2 | |
| | | EMPc117 | D3 | |
| | | GD147 | D4 | |
| | Pyr3 | CH01f02 | D2 | |
| | | CH02C09 | D3 | |
| | | CH01H01 | D4 | |

Quelle: <http://www.hidras.unimi.it/>; <http://www.fruitbreeding.co.uk/RibesGenomicsSSRs.asp>;

Michalczyk 2008

Anlage 4: Saatgutprüfprotokoll am Beispiel von Ebereschensaatgut



Staatsbetrieb Sachsenforst Geschäftsleitung, Bonnewitzer Strasse 34, 01796 Pirna OT Graupa

Prüfprotokoll - Saatgut

| | | | |
|--------------------------|--|-----------------------------|----------|
| <i>Nr. Auftraggeber:</i> | 1873 | <i>Prüfnummer:</i> | 2014-040 |
| <i>Stammzertifikat:</i> | - | <i>Registernummer:</i> | - |
| <i>Auftraggeber:</i> | Staatsbetrieb Sachsenforst - GL Ref. 42, Herr Dr. Wolf | | |
| <i>Anschrift:</i> | Bonnewitzer Str. 34 01796 Pirna | | |
| <i>Baumart:</i> | Sorbus aucuparia (Gemeine Eberesche) | | |
| <i>Eingangsdatum:</i> | 30.09.2014 | | |
| <i>Eingangsgewicht:</i> | 2650 g | | |
| <i>Eingangs-FG:</i> | 4,2 % | (Fruchtmessgerät SARTORIUS) | |

Berechnung Reinheit

| | | | |
|--|--------|---------------|---------------|
| <i>Aktueller-FG:</i> | 4,2 % | <i>Datum:</i> | 07.10.2014 |
| <i>PSD-Definition:</i> | 010 | | |
| <i>Gesamtgewicht der Probe zum Datum:</i> | | 19,961 g | |
| <i>1. "Reine Samen":</i> | | | 86,8 % |
| <i>2. "Samen anderer Arten":</i> | | | 0,0 % |
| <i>3. "Unschädliche Verunreinigungen":</i> | Abrieb | | 13,2 % |
| Reinheitsprozent: | | | 86,8 % |

Bestimmung Tausendkornmasse (TKM)

Variante "8 Wiederholungen (WDH)"

| | | | |
|------------------------|------------|-------------------|--------------------|
| <i>Datum:</i> | 07.10.2014 | | |
| <i>Gesamtkornzahl:</i> | 800 | <i>N/WDH:</i> 100 | <i>WDH-Zahl:</i> 8 |
| TKM: | | | 3,34 g |

Bestimmung Lebensfähigkeit (TTC)

| | | | |
|--|--|--------------------|---------------------|
| <i>Beginn:</i> | 13.10.2014 | <i>Auszählung:</i> | 15.10.2014 |
| <i>Methode:</i> | ISTA-Handbuch f. TTC-Untersuchung (2011) ISTA-Vorschriften (2011) Tab. 6A Teil II | | |
| <i>Mittel:</i> | 2,3,5 Triphenyl-Tetrazoliumchlorid (1,0 %ig; ungepuffert) | | |
| <i>Ergebnis:</i> | | | 91 % |
| <i>Gesamtkornzahl:</i> | 400 | <i>N/WDH:</i> 100 | <i>WDH-Zahl:</i> 4 |
| Lebensfähigkeit: | | | 91 % |
| Anzahl lebensfähiger Samen je kg Saatgut: | | | 236023 Stück |

Graupa, den 17.10.2014

Mit freundlichem Gruß

Roland Brandt, FAM

