

Genetischen Analyse und phänologische Bonitur – Rückschlüsse für die Verwendung von gebietsheimischen Wildobstarten



Modell- und Demonstrationsvorhaben der biologischen Vielfalt „Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen“

Förderzeitraum: 2012 – 2017

Förderkennzeichen: 2810BM025 (Staatsbetrieb Sachsenforst) und
2810BM018 (Grüne Liga Osterzgebirge e.V.)

Gefördert durch:



Bundesministerium
für Ernährung
und Landwirtschaft

aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung



web: www.wildobstsachsen.de



- ❖ **Identifikation von Hybriden und genetisch identischen Pflanzen (Klone)**
 - ❖ **genetischen Diversität** innerhalb einer Population
 - ❖ **Genetische und phänologische Unterschiede** innerhalb einer Art aus verschiedenen Regionen
 - ❖ **Pollenflug / Samentransport** am Modell Wildapfel, Wacholder und Alpen-Johannisbeere
-
- **Etablierung von Erntevorkommen *in situ***
 - **Aussagen zur Einteilung der Vorkommensgebiete**

Modellarten

STAATSBETRIEB
SACHSENFORST



Freistaat
SACHSEN



Alpen-Johannisbeere
(*Ribes alpinum* L.)



Gemeiner Wacholder
(*Juniperus communis*)



Gemeine Eberesche
(*Sorbus aucuparia*)



Wildapfel
(*Malus sylvestris*)



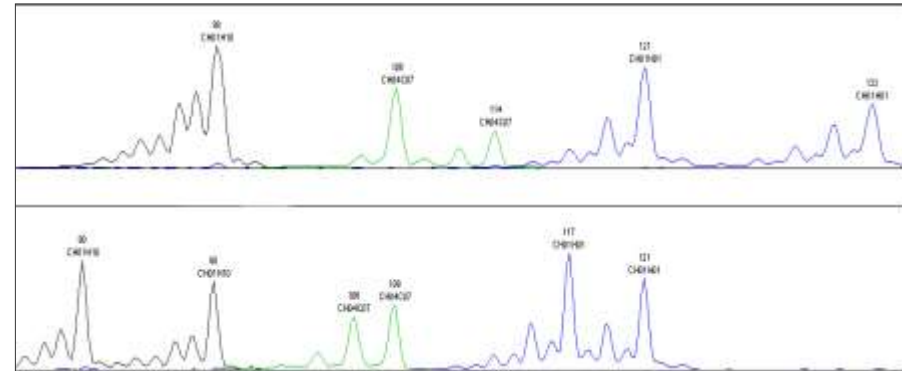
Wildbirne
(*Pyrus pyraster*)

Freistaat
SACHSEN



Genetische Analyse

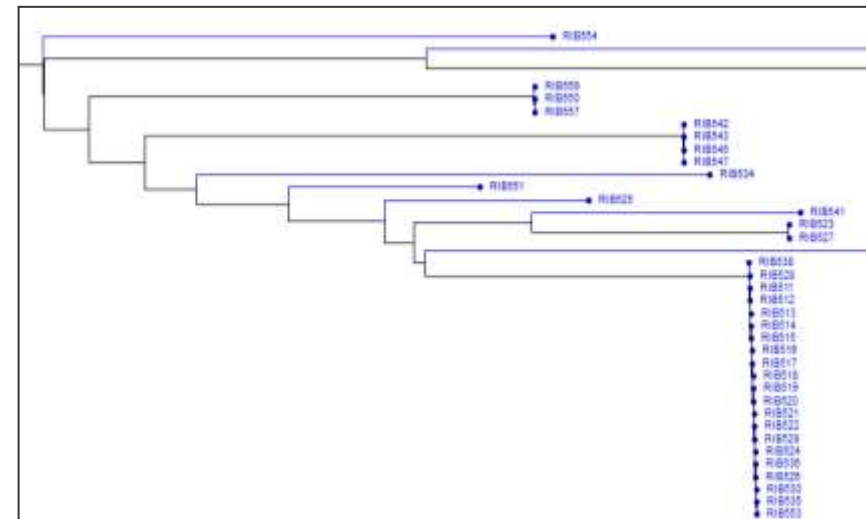
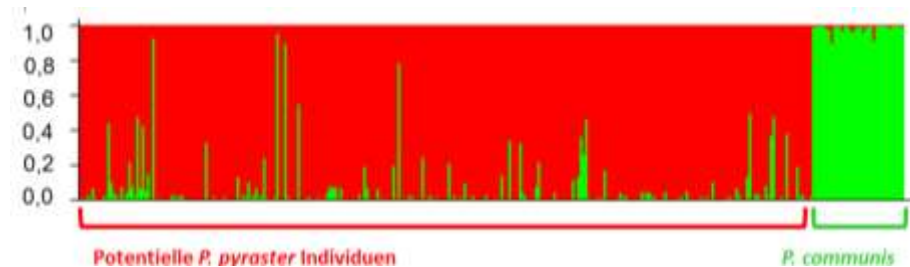
- 9 SSR Marker
 - Sehr variabel
 - Codominante Vererbung
 - Eignen sich besonders gut für die Bestimmung der genetischen Diversität und Auskreuzungsanalysen
- 5 Chloroplasten-Regionen
 - Werden nur mütterlich vererbt
 - Wenig variabel
 - Eignen sich besonders gut für das Auffinden von Unterschieden zw. Populationen oder Arten



Auswertung der genetischen Daten

❖ Identifizierung von Hybriden und genetisch identischen Pflanzen

- Hybride gefunden bei Wildapfel (17 %) und Wildbirne (22 %)
- Genetisch identische Genotypen gefunden bei Wildbirne (9,2 %) und Alpen-Johannisbeere (33 %)
- Höhe des Anteil von Hybriden bzw. Klonen in einem potentiellen Erntevorkommen



Auswertung der genetischen Daten

❖ Bestimmung der genetischen Diversität

- Gering-mittel: Alpen-Johannisbeere
 - Hoch: Wildapfel, Wildbirne und Gemeine Eberesche
 - Sehr hoch: Gewöhnlicher Wacholder
- Anzahl der Individuen als repräsentative Beerntungseinheit ausreichend?



Auswertung der genetischen Daten

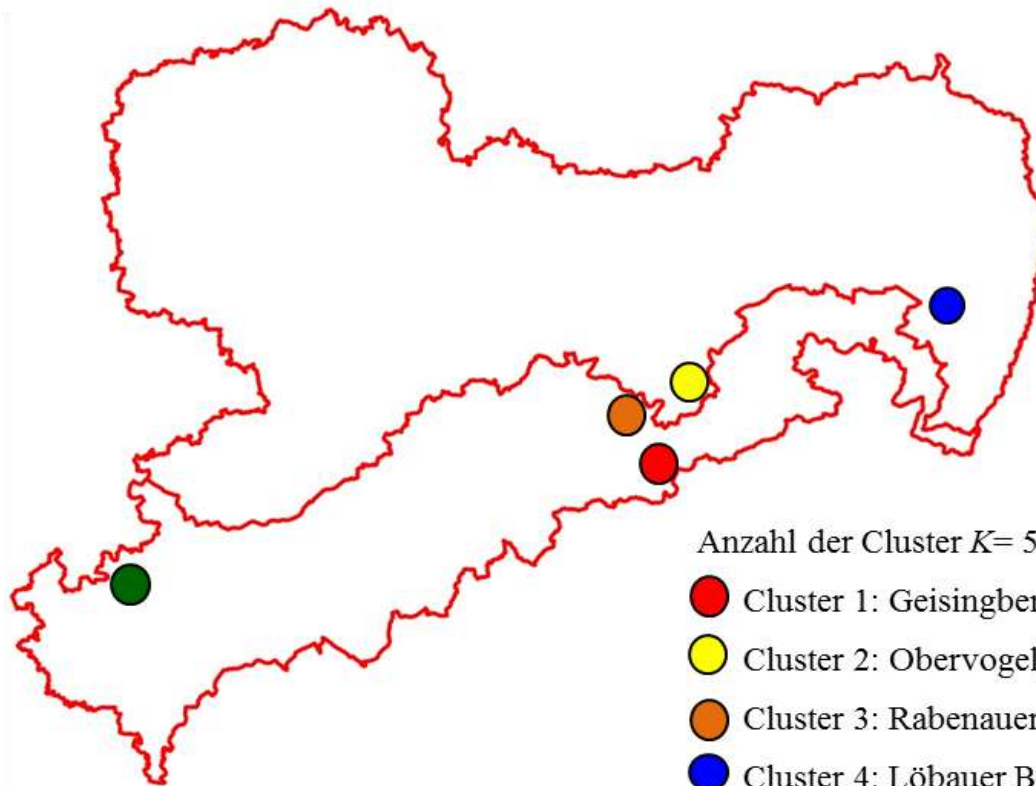
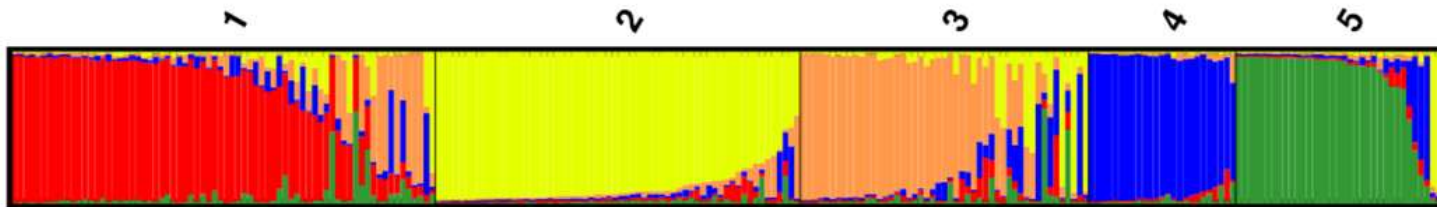
❖ Genetische Unterschiede innerhalb einer Art aus verschiedenen Regionen

- Hoch: Alpen-Johannisbeere
- Gering-mittel: Wildapfel, Wildbirne und Gemeine Eberesche
- Sehr gering: Gewöhnlicher Wacholder



➤ Ist die Einteilung der Vorkommensgebiete angemessen?

Auswertung der genetischen Daten: Alpen-Johannisbeere

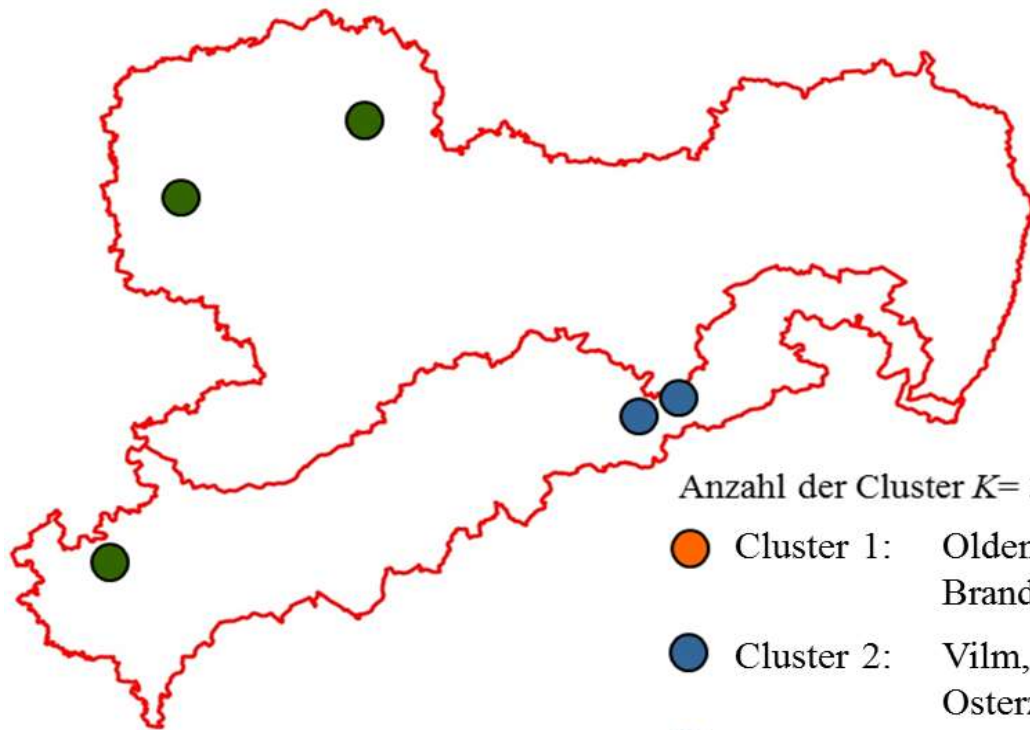
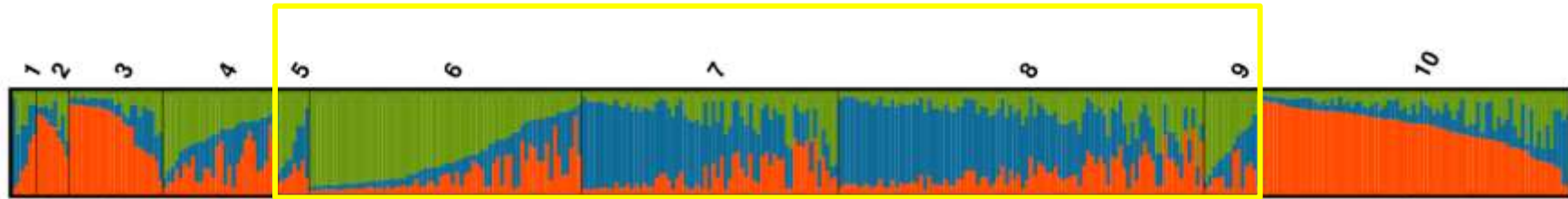


Anzahl der Cluster $K=5$

- Cluster 1: Geisingberg (III)
- Cluster 2: Obervogelgesang (II)
- Cluster 3: Rabenauer Grund (III)
- Cluster 4: Löbauer Berg (II)
- Cluster 5: Elstertal (III)

➤ Keine Abgrenzung der genetischen Gruppen nach Vorkommensgebieten

Auswertung der genetischen Daten: Wildapfel

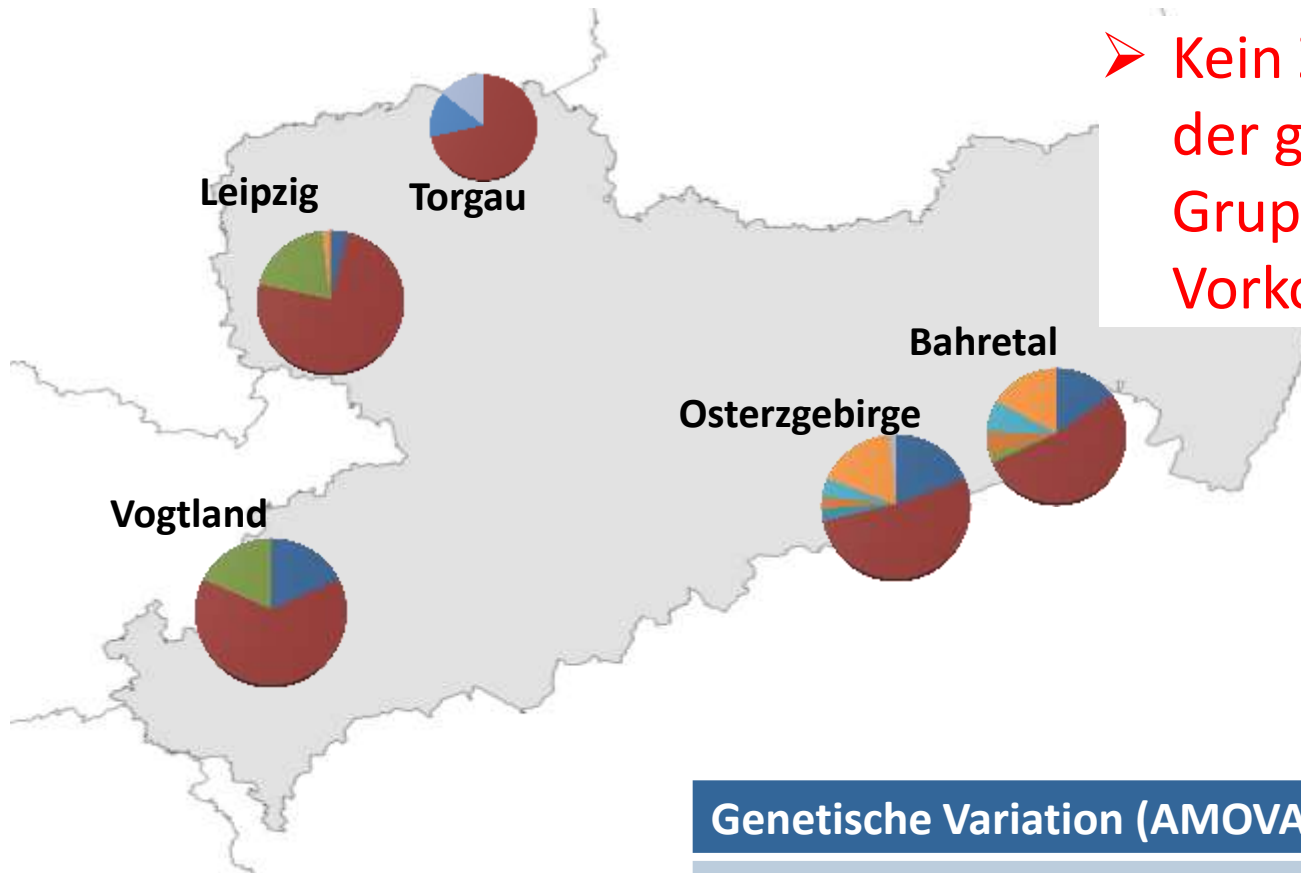


Anzahl der Cluster $K=3$

- Cluster 1: Oldenburg (Niedersachsen (I); Schorfheide-Chorin, Brandenburg (II); Arnsberg, Nordrhein-Westfalen (IV)
- Cluster 2: Vilm, Meckl.-Vorpommern (I); Bahretal, Sachsen (III); Osterzgebirge, Sachsen (III)
- Cluster 3: Dessau, Sachsen-Anhalt (II); Torgau, Sachsen (II); Leipzig, Sachsen (II); Vogtland, Sachsen (III)

➤ Keine Abgrenzung der genetischen Gruppen nach Vorkommensgebieten

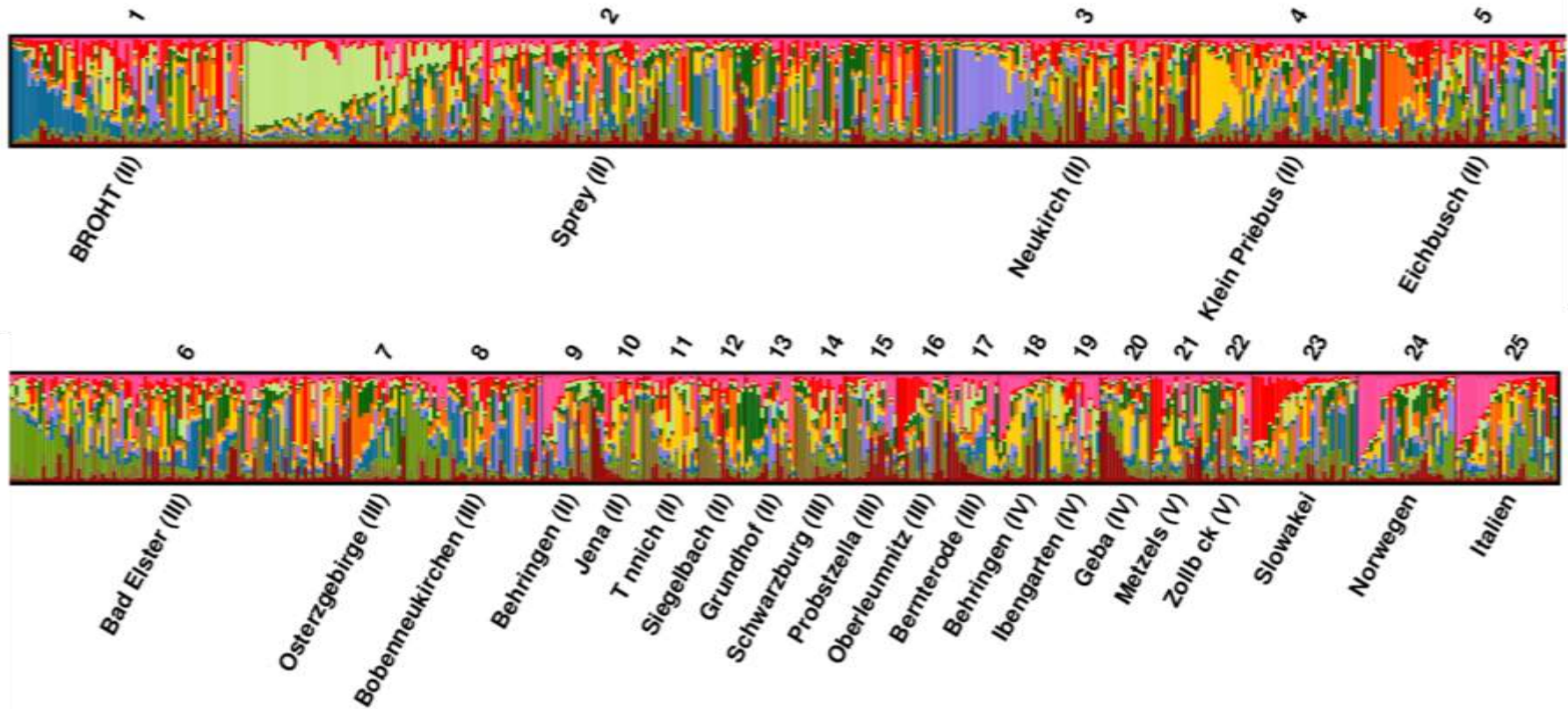
Auswertung der genetischen Daten: Wildapfel



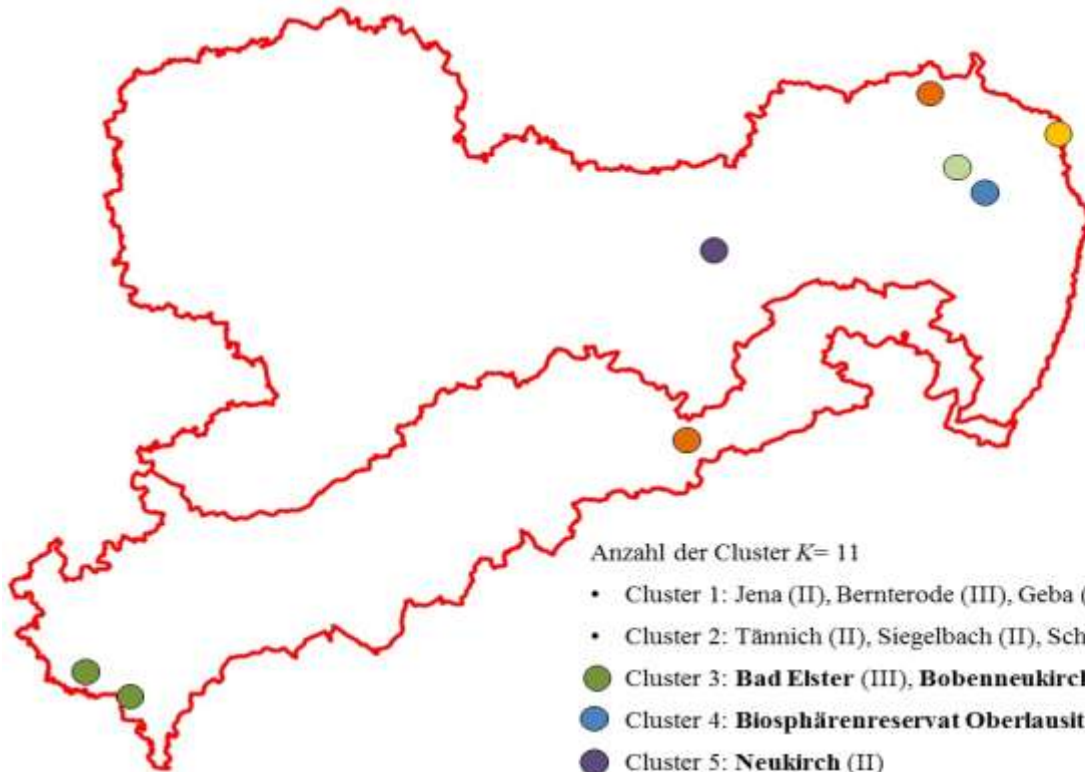
➤ Kein Zusammenhang der genetischen Gruppen mit den Vorkommensgebieten

Genetische Variation (AMOVA)	
Zwischen den Populationen	7 %
Zwischen allen Individuen	93 %

Auswertung der genetischen Daten: Wacholder



Auswertung der genetischen Daten: Wacholder



Anzahl der Cluster $K=11$

- Cluster 1: Jena (II), Bernterode (III), Geba (IV)
- Cluster 2: Tännich (II), Siegelbach (II), Schwarzburg (III), Probstzella (III)
- Cluster 3: **Bad Elster** (III), **Bobenneukirchen** (III)
- Cluster 4: **Biosphärenreservat Oberlausitzer Heide- und Teichlandschaft** (II)
- Cluster 5: **Neukirch** (II)
- Cluster 6: **Klein Priebus** (II), Ibengarten (IV)
- Cluster 7: **Eichbusch** (II), **Osterzgebirge** (III)
- Cluster 8: Grundhof (II); Zollbück (V)
- Cluster 9: **Sprey** (II)
- Cluster 10: Oberleumnitz (III), Metzels (V), Slowakei
- Cluster 11: Behringen (II+IV), Italien, Norwegen

➤ Kein Zusammenhang der genetischen Gruppen mit den Vorkommensgebieten

❖ **Pollenflug / Samentransport** am Modell Wildapfel, Wacholder und Alpen-Johannisbeere

- Genetische Analyse von Nachkommen aus der freien Abblüte bzw. Naturverjüngung
- Identifizierung der unbekannten Väter und Mütter
- Rückschlüsse auf die Distanz des Pollentransports und des Samentransports



Auswertung der genetischen Daten:

Auskreuzung bei der Alpen-Johannisbeere

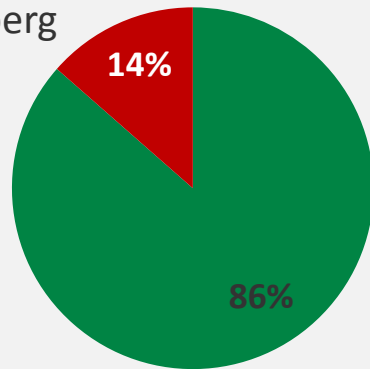
- Sämlinge nach freier Abblüte
- Geisingberg/ Obervogelgesang
- Insgesamt 774 Sämlinge
 - Für 185 Sämlinge Vater identifiziert



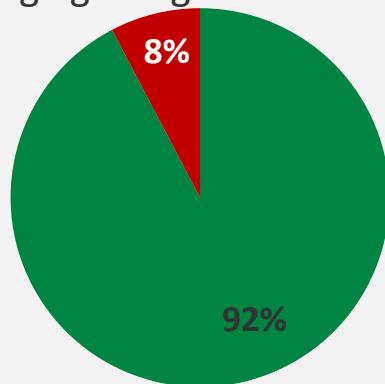
Auswertung der genetischen Daten: Auskreuzung bei der Alpen-Johannisbeere

Herkunft des Pollens

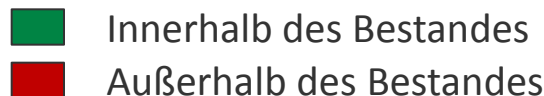
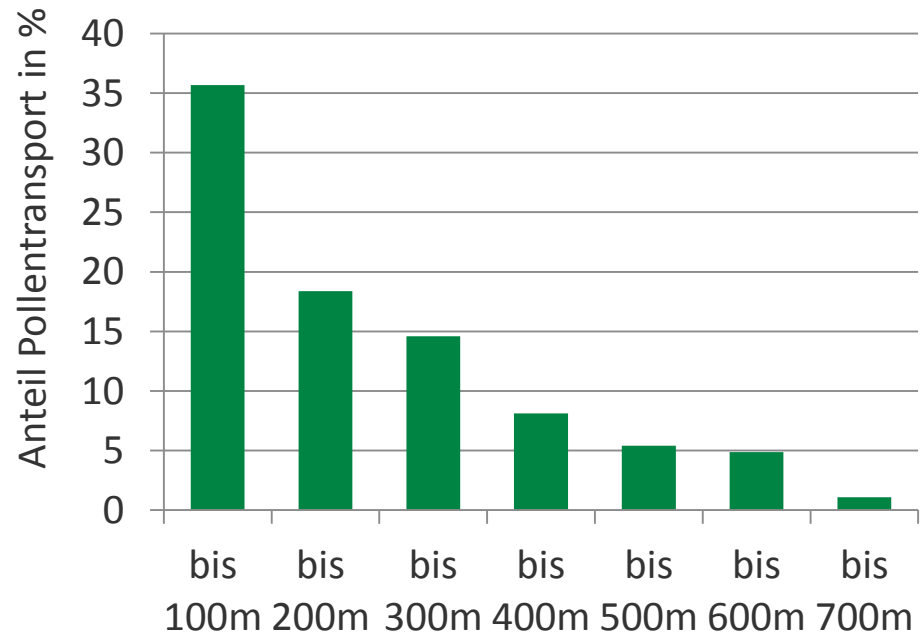
Geisingberg



Obervogelgesang



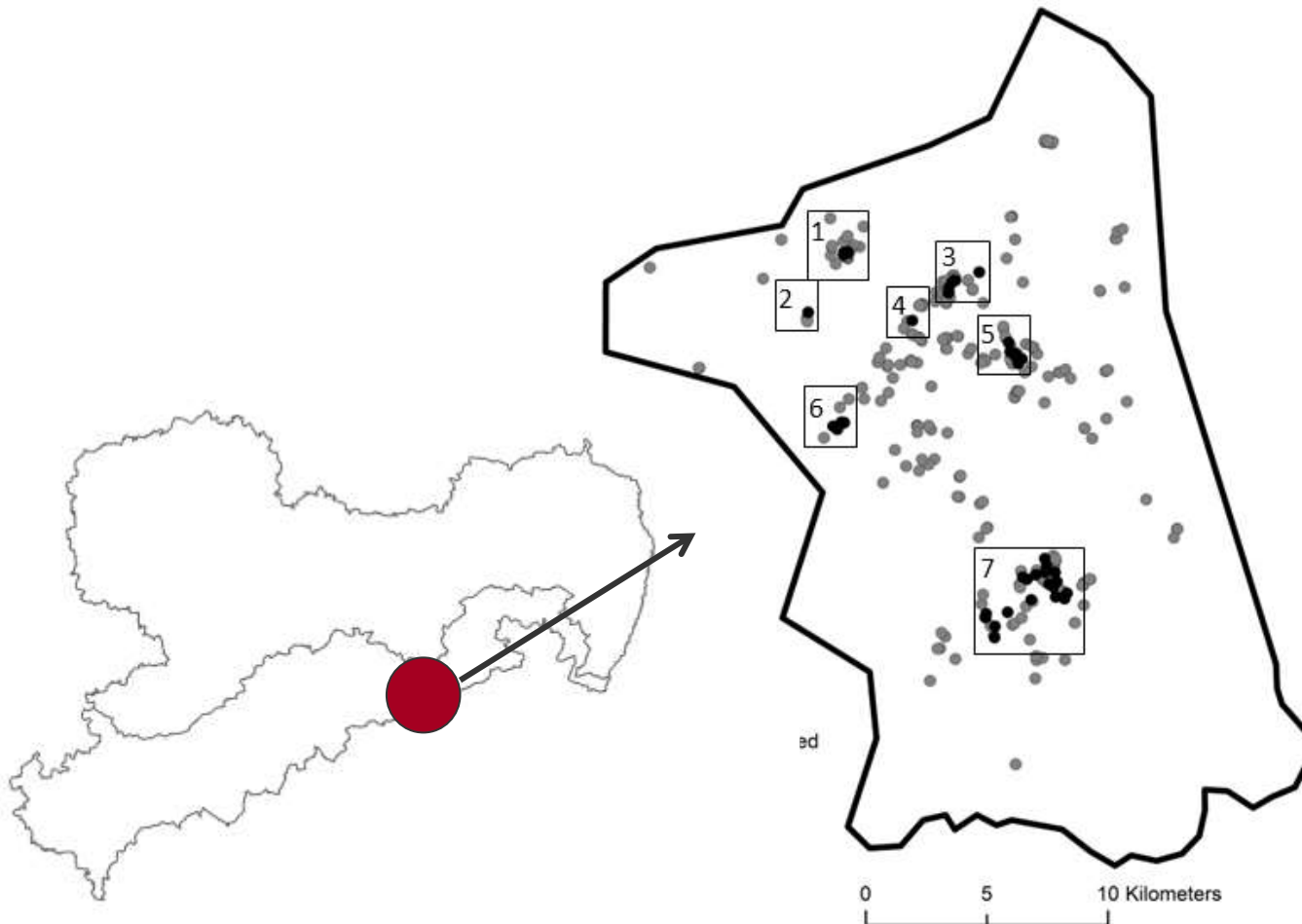
Pollentransport innerhalb der Vorkommen 'Geisingberg' und 'Obervogelgesang'



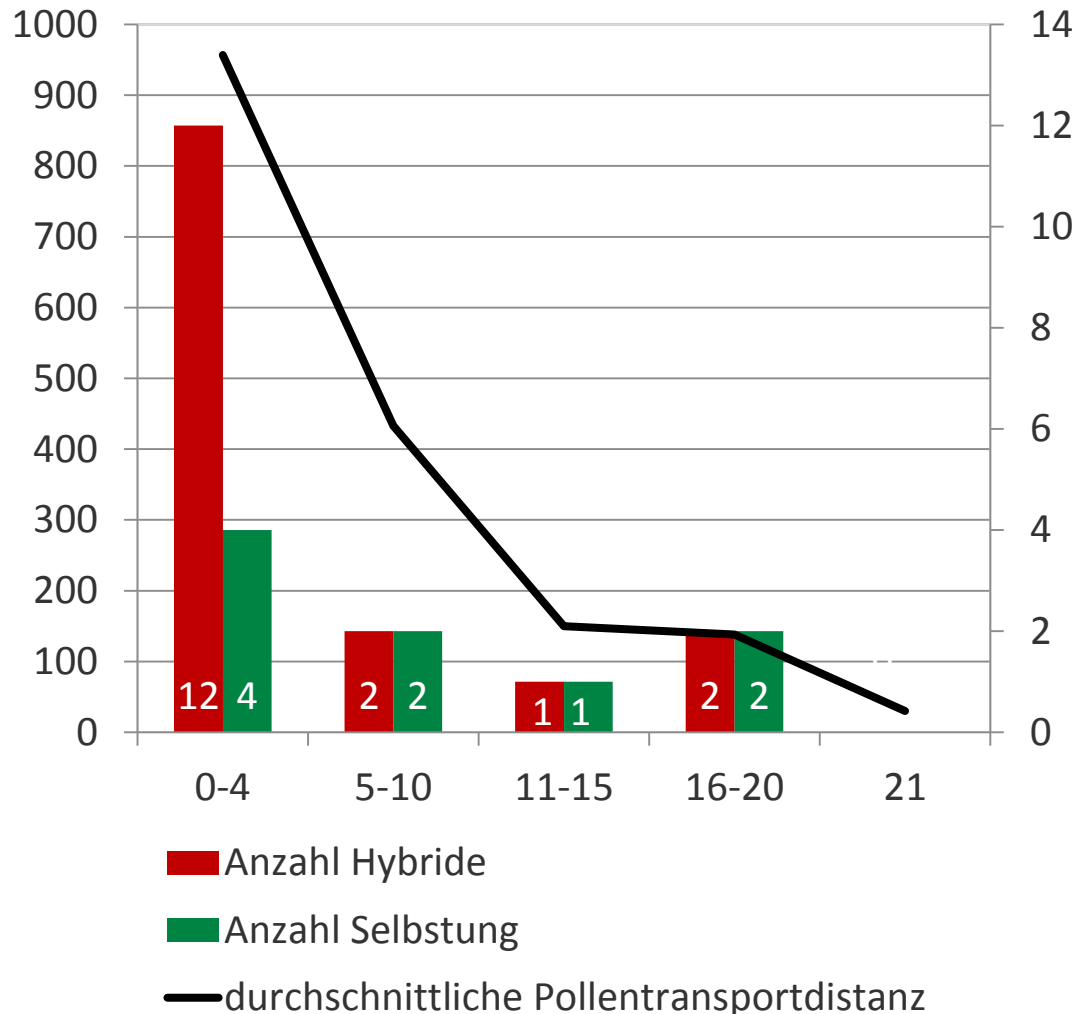
Auswertung der genetischen Daten: Auskreuzung beim Wildapfel

7 Erntegebiete

- 51 Mutterbäume
- 297 potentielle Väter
- 21 Kultursorten als Referenz
- 213 Sämlinge



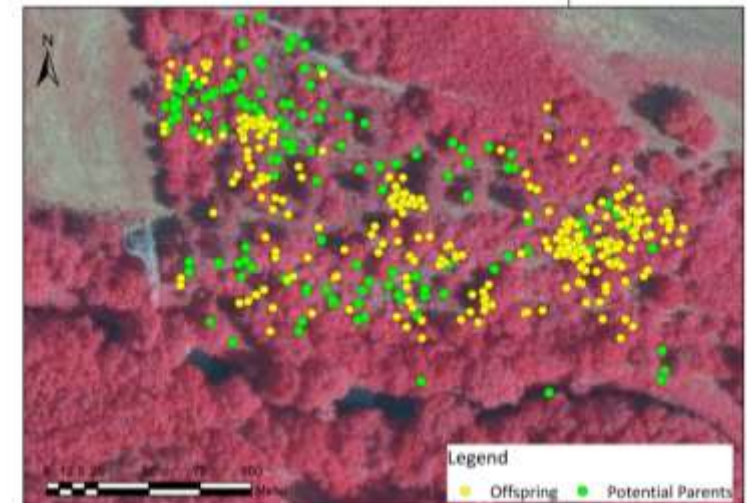
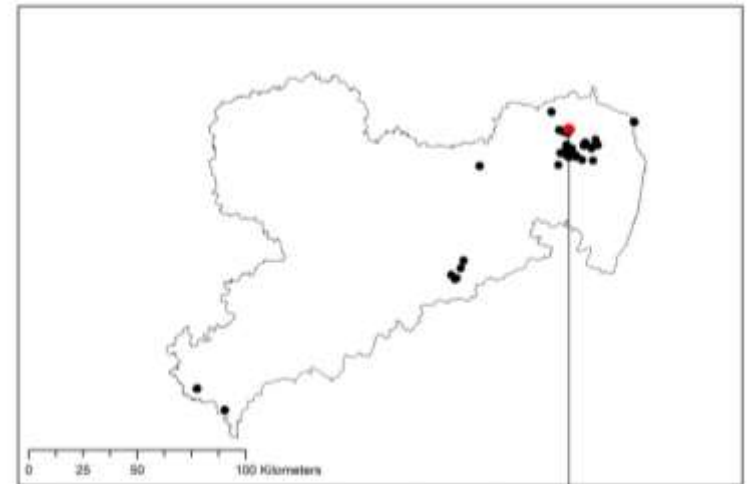
Auswertung der genetischen Daten: Auskreuzung beim Wildapfel



- 8 % Hybridisierung mit Kulturapfel
- 57% des Pollentransports < 100m
- Höchster nachgewiesener Pollentransport 11km
- Je mehr Bäume in einer Gruppe stehen, desto weniger weit wird der Pollen transportiert

Auswertung der genetischen Daten: Auskreuzung beim Wacholder

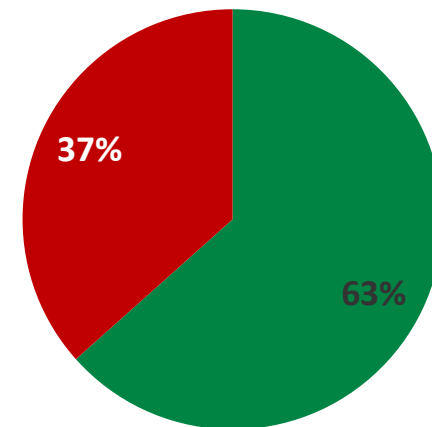
- Sprey
- Insgesamt 244 naturverjüngte Sträucher
- 181 Elternbäume



Auswertung der genetischen Daten: Auskreuzung beim Wachholder



Herkunft des Pollens

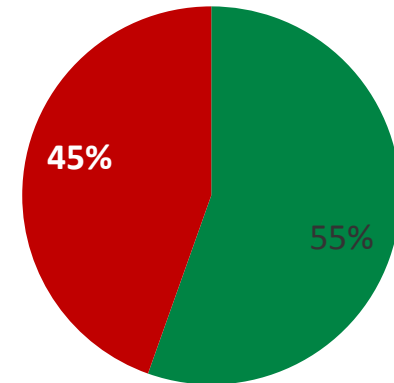


- innerhalb des Bestandes
- außerhalb des Bestandes

Auswertung der genetischen Daten: Auskreuzung beim Wachholder



Herkunft der Samen



- innerhalb des Bestandes
- außerhalb des Bestandes

Phänologische Untersuchungen

Stufe	1	2	3	4
Blatt- aus- trieb				



- Unterschiede beruhen möglicherweise weniger auf Vorkommensgebieten, sondern auf den spezifischen klimatischen Begebenheiten der jeweiligen Population





- Bei seltenen Arten mit pflanzenspezifischen Besonderheiten genetische Analyse sinnvoll
 - Beerntung von verschiedenen Vorkommen notwendig, um die genetische Diversität aufrecht zu erhalten
 - Auf Grundlage der Ergebnisse der genetischen Daten ist die Einteilung der VKG für die Modellarten nicht notwendig
 - Phänologische Daten scheinen diese Aussage zu bestätigen
- Weiterführende Untersuchungen sinnvoll

„Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen“

STAATSBETRIEB
SACHSENFORST



„Leitfaden für die Erfassung, Sicherung und Beerntung von Erntevorkommen seltener Gehölzarten“

Online:
www.wildobstsachsen.de



Abschlussbericht
,Wildobstprojekt‘

Online:
Internetseite der
Bundesanstalt für
Landwirtschaft

Gefördert durch:



ausgeführt durch:
Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung



Vielen Dank für Ihre Aufmerksamkeit!

