1.7 b. Der Wildapfel (*Malus sylvestris*): Genetische Analysen wichtige Grundlage der Arterhaltung

Der Wildapfel (*Malus sylvestris* (L.) Mill., Abb. 1) zählt zu den botanischen Raritäten Europas. Seine Bedeutung liegt vor allem im ökologischen Bereich, beispielsweise als Nahrungsquelle für zahlreiche Tierarten (Blüten, Früchte) oder als Vogelbrutstätte. Aber auch das besondere Holz des Wildapfels hat als Spezialität seine Liebhaber.

Als lichtbedürftige und konkurrenzschwache Baumart bleiben seine natürlichen Vorkommen auf Standorte beschränkt, an denen die Dominanz von Baumarten, wie zum Beispiel der Rotbuche, deutlich nachlässt. Außer in lichten, Laubmischwäldern, an Waldrändern oder felsigen Hängen ist diese Art auch in Hartholzauen anzutreffen, da der Wildapfel auch Überflutungen in Fließgewässerbereichen verträgt.

Nicht nur Eingriffe in Landschaftsstrukturen, auch veränderte forstwirtschaftliche Strategien haben zu einem starken Rückgang geeigneter Habitate geführt. Im Rahmen historischer Nutzungsformen dürfte das Vorkommen des Wildapfels sowie weiterer Wildobstarten (zum Beispiel Wildbirne, Vogelkirsche etc.) zunächst sogar gefördert worden sein. In früheren Mittelwaldbetrieben beispielsweise zählten diese Bäume zu den „fruchtbaren", im Oberholz gehaltenen Arten. Durch ihr Stockausschlagsvermögen sowie ihre Fähigkeit zur Ausbildung von Wurzelbrut konnten sie sich dort gegenüber der Buche vielerorts behaupten. Umstrukturierungen im Rahmen einer klassischen Hochwaldwirtschaft, geprägt durch dichte Bestände mit hohen Anteilen schattenertragender und konkurrenzstarker Baumarten wie Buche und Fichte, führten in den letzten Jahrhunderten zu einem Rückgang der Wildobst-Bestände. Sie stellen heute lediglich noch Relikte früherer Waldbauformen dar.

Um die Existenz des heimischen Wildapfels zu sichern und seinen Fortbestand als Art zu gewährleisten, sind neben ökologisch-standörtlichen Rahmenbedingungen genetische Aspekte von entscheidender Bedeutung. Denn ein weiterer Gefährdungsfaktor für den Wildapfel ist der Verlust der Artreinheit durch Hybridisierung mit Kulturäpfeln (= genetische Introgression), welche vermutlich vollständig vom Asiatischen Wildapfel (*Malus sieversii*) abstammen. Die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) hat deshalb ein genetisches Verfahren entwickelt, das als Ergänzung zu den nicht immer eindeutigen morphologischen Bestimmungsmethoden eine Differenzierung zwischen Wild- und Kulturapfel sowie potentiellen Hybriden ermöglicht. Grundlage ist ein großes DNA-Archiv der NW-FVA, welches die Erbsubstanz von 725 Wildäpfeln aus dem gesamten Bundesgebiet und 66 der gegenwärtig und historisch gebräuchlichsten Kulturapfelsorten enthält (Abb. 2).

Abb. 1: Die Blüten des Wildapfels bieten Hummeln, Bienen und anderen Insekten Nahrung (Foto: H.J. Arndt, NW-FVA)

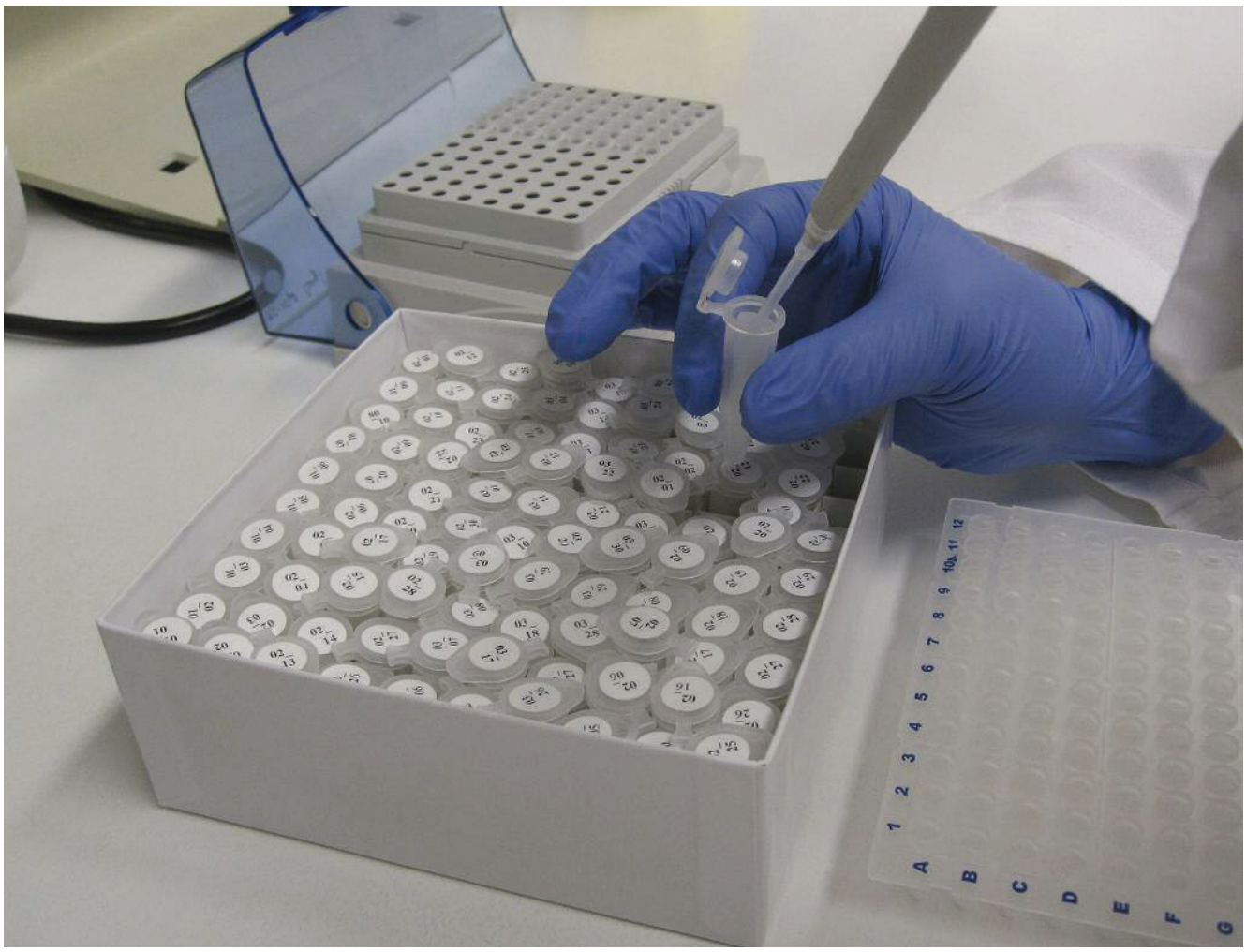

Abb. 2: Das Apfel-DNA-Archiv der NW-FVA, Abt. Waldgenressourcen; Einlagerung der Erbsubstanz bundesweiter Kollektionen des Wildapfels (725 Proben) und des Kulturapfels (66 Sorten) in kleinen Röhrchen bei -80°C (Foto: A.M. Höltken, NW-FVA)

In Zusammenarbeit mit den Landesforsten Schleswig-Holstein und verschiedenen Naturschutzverbänden konnten über 650 Wildäpfel nachgewiesen werden. Zu den besonderen Funden zählen unter anderem die Wildapfelvorkommen im Riesewohld, einem 700 Hektar großen, historischen Waldstandort in West-Holstein. Die von der Stiftung Naturschutz Schleswig-Holstein und vom Verein für Dithmarscher Landeskunde in den Jahren 2013 und 2016 eingesandten 47 Proben konnten fast alle (bis auf drei Fälle, zwei nahezu reine Kulturäpfel und ein Hybride) als heimischer, *Malus sylvestris* bestätigt werden. Damit weist der Riesewohld eine wichtige genetische *In-situ*-Ressource des Wildapfels in Schleswig-Holstein auf.

Genetische Daten der DNA-Analyse werden routinemäßig mit zwei verschiedenen statistisch-genetischen Verfahren analysiert, der Hauptkomponentenanalyse basierend auf einem genetischen Distanzmaß sowie dem STRUCTURE-Verfahren, das die einzelnen Wildäpfel in Reproduktionseinheiten zusammenfasst. Im Folgenden werden die Ergebnisse einiger Proben aus dem Riesewohld beispielhaft erläutert:

Die Ergebnisse der Hauptkomponentenanalyse für 19 Proben des Riesewohlder Wildapfels aus dem Jahr 2016 sind in Abb. 3 dargestellt. Jeder einzelne Baum (Wildapfelarchiv, Kulturapfelarchiv, eingesandte Proben aus dem Riesewohld) wird als Punkt in einem Koordinatensystem dargestellt. Man erkennt, dass Probebaum-Nr. 32 im Kulturkollektiv und Nr. 33 im Übergangsbereich zwischen Kultur- und Wildkollektiv liegt. Die übrigen Proben können nach der Hauptkomponentenanalyse als reine Wildäpfel bestätigt werden.

Abb. 4 zeigt die Ergebnisse nach der STRUCTURE-Analyse. Hierbei ist zu erkennen, dass auch mit dieser Methode der Kulturapfel deutlich von unserem Wildapfel unterschieden werden kann. Insgesamt liefert diese Methode nahezu identische Ergebnisse wie die Hauptkomponentenanalyse. 17 der eingesandten Proben können eindeutig den *Malus sylvestris* zugeordnet werden. Bäume Nr. 32 und 33 zeigen genetisch höhere Anteile des Kulturapfels und können somit als kulturnahe Formen beziehungsweise auch Hybriden zwischen Wild- und Kulturapfel bezeichnet werden.

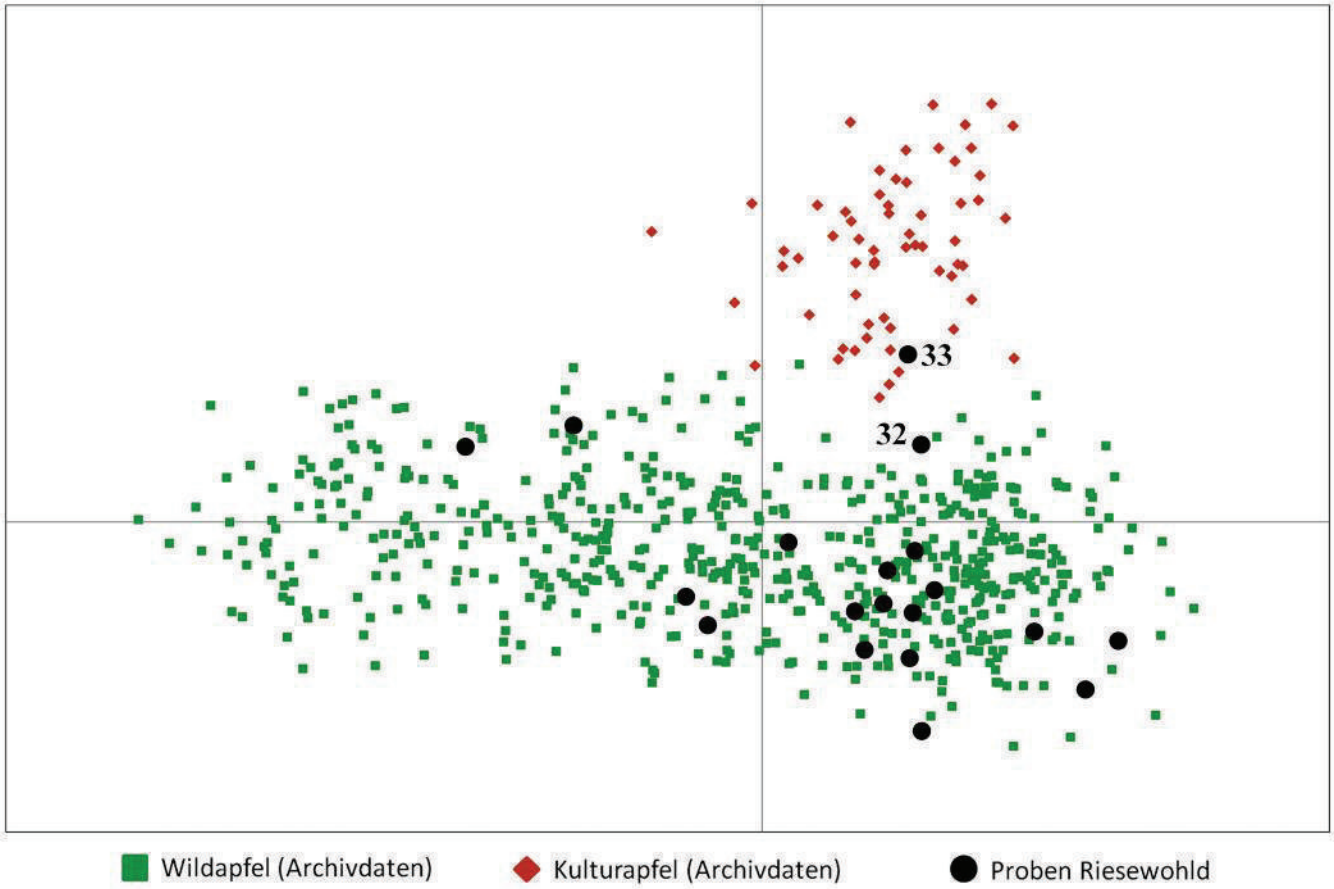

Abb. 3: Ergebnis der Hauptkomponenten-Analyse und Zuordnung der 19 Proben aus dem Riesewohld zum Wild- bzw. Kulturapfel

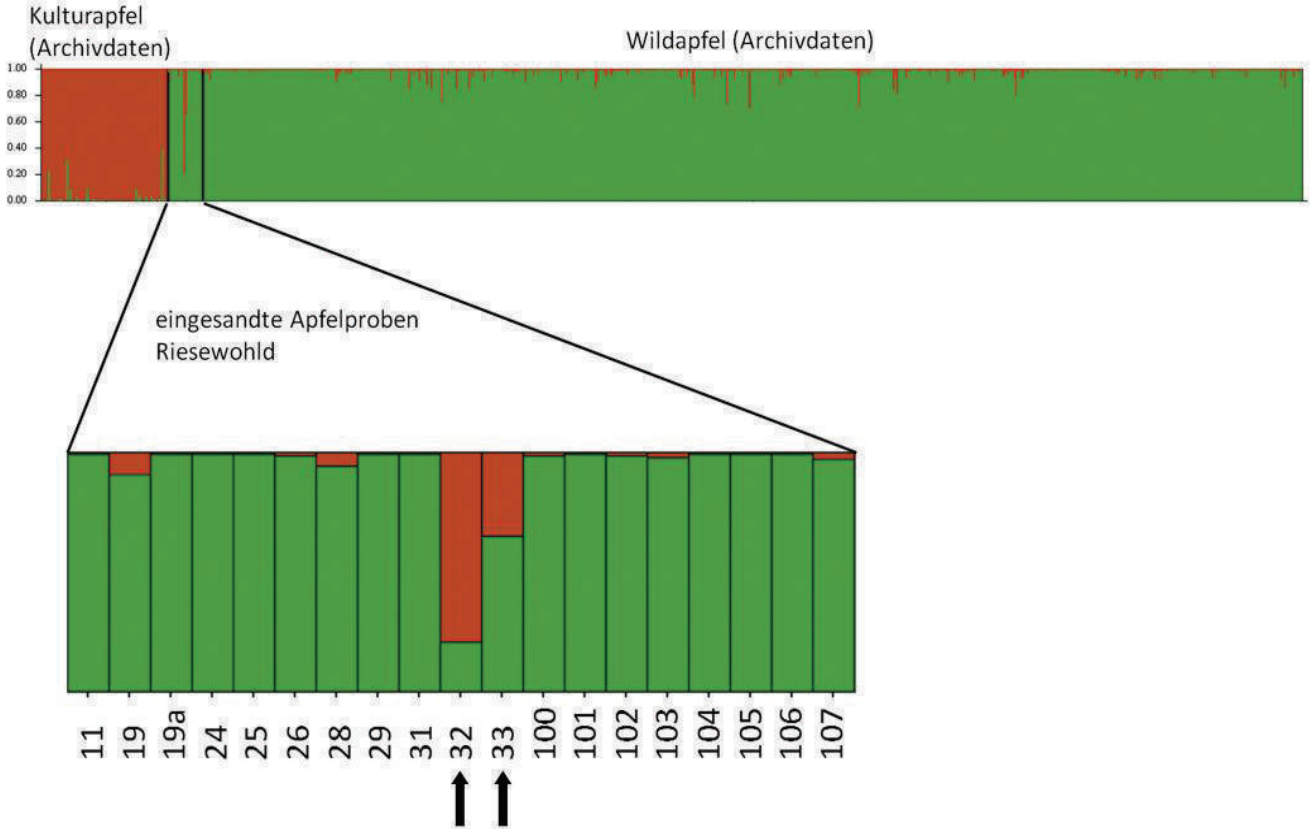

Abb. 4: Graphische Darstellung der Zugehörigkeit eines jeden Individuums zur Gruppe des Kultur- beziehungsweise Wildapfels nach der STRUCTURE-Analyse: die Farbkomponenten jedes einzelnen Balkens zeigen die Gruppenanteile innerhalb der Individuen an; oben: alle Referenzproben (links Kulturapfelarchiv sowie rechts Wildapfelarchiv) als auch Riesewohlder Proben (mittig); unten: Vergrößerung des Ausschnitts für die eingesandten Riesewohlder Proben mit Nummerierung

Jedoch nicht nur die Vermischung des Genpools unseres heimischen Wildapfels mit Kulturapfelsorten, auch die ungünstige Populationsentwicklung (sehr kleine Populationen, teilweise nur Einzelindividuen, starke Verinselung) haben zu starken Verlusten an genetischer Vielfalt geführt. Erhaltungsprogramme dürfen daher nicht nur auf Habitatschutz und waldbauliche Konkurrenzsteuerung setzen, sondern müssen auch Anreicherungspflanzungen und die Anlage neuer Vorkommen mit ausreichender genetischer Vielfalt ins Auge fassen. Nur so kann eine künftige Anpassungs- und Überlebensfähigkeit dieser seltenen Baumart gewährleistet werden.

Eine solche genetische Vielfalt ist in vielen natürlichen Vorkommen aber kaum noch vorhanden. Wie in Abb. 5 zu sehen ist, ist die genetische Diversität (Anzahl Genvarianten) in kleinen, aus wenigen Individuen bestehenden Populationen stark dezimiert. Erst ab einer Zahl von 60 bis 80 Individuen pro Population erreicht die genetische Vielfalt ein hohes, stabiles Niveau.

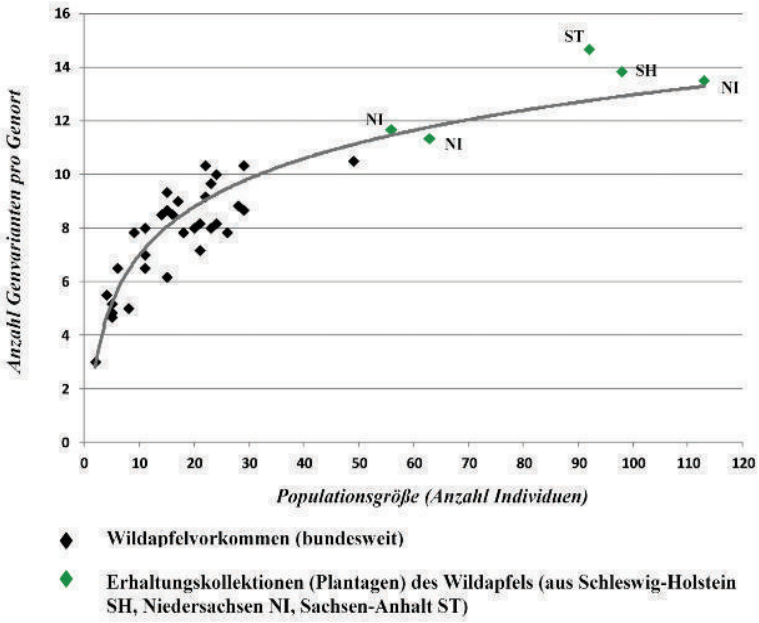

Abb. 5: Genetische Vielfalt des Wildapfels in Abhängigkeit von der Populationsgröße

Abb. 6: Links Wildapfel mit unbehaarten und glänzenden, rechts Kulturapfel mit dicht behaarten Blattstielen und Fruchtknoten (Fotos: H.-J. Arndt, NW-FVA)

Zur generativen Erzeugung von genetisch vielfältigem und artreinem Vermehrungsgut bedarf es also der Anlage spezieller *Ex-situ*-Populationen. Deshalb hat die NW-FVA in Hann. Münden für den schleswig-holsteinischen Wildapfel spezielle Samenplantagen entwickelt. Diese erfüllen folgende Qualitätskriterien:

1) Die Samenplantage enthält ausschließlich morphologisch und molekulargenetisch geprüfte, artreine Wildäpfel (s. Abb. 6).
2) Es liegt eine optimale Rekonstruktion des Wildapfel-Genpools hinsichtlich regionaler genetischer Vielfalt und genetischer Differenzierung vor: Abdeckung des nördlichen Bereichs von Vorkommensgebiet 1 (Schleswig-Holstein und nördliches niedersächsisches Flachland); mit über 226 Genotypen nachweislich sehr gute Absicherung der regionaltypischen genetischen Vielfalt.
3) Eine Bestäubung durch Kulturapfelpollen wird ausgeschlossen. Dafür sorgt die vollständige Abnetzung der Samenplantage mit einem Insektenschutznetz während der Blütezeit (Abb. 7).
4) Schaffung einer großen Reproduktionseinheit (Population) und damit Aufrechterhaltung einer hohen genetischen Vielfalt im Vermehrungsgut. Innerhalb des Netzes erfolgt eine effiziente Bestäubung durch kommerziell erhältliche Hummelvölker (Abb. 8).
5) Die Samenplantage bietet im Gegensatz zu *In-situ*-Beständen deutlich gesteigerte Erntemengen bei zeitlich-technisch einfacheren Beerntungsmöglichkeiten.
6) Es besteht die Möglichkeit einer effizienten und einfachen Herkunfts- und Identitätskontrolle (Zertifizierung) von gehandeltem Vermehrungsgut mit Hilfe genetischer Methoden.

Dr. Aki Michael Höltken und Matthias Paul
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA)
Abteilung Waldgenressourcen
Prof.-Oelkers-Straße 6
34346 Hann. Münden

Abb. 7: Abgenetzte Samenplantage mit blühenden Wildapfel-Pfropflingen (Foto: H.-J. Arndt, NW-FVA)

Abb. 8: Hummelvolk zur Bestäubung der Wildäpfel der Samenplantage (Foto: H.-J. Arndt, NW-FVA)

Schleswig-Holstein
Ministerium für Energiewende,
Landwirtschaft, Umwelt,
Natur und Digitalisierung
des Landes Schleswig-Holstein

Jahresbericht 2017

Zur biologischen Vielfalt

Jagd und Artenschutz

Schleswig-Holstein. Der echte Norden.