
Verbreitung, Genetik und Erhaltungsstrategien des Wildapfels in Deutschland und in Bayern

Gerhard Huber, Wilfried Steiner und Ralf Kätzel

Schlüsselwörter: Wildapfel, *Malus sylvestris*, Vorkommen, Genetik, Erhaltungsstrategie, Deutschland, Generhaltung, Gen-Zentren, genetische Vielfalt, Genressource, seltene Baumart, Biodiversität, Waldbau, Rote-Liste-Art

Zusammenfassung: Der Wildapfel ist in seinem Bestand in Deutschland eine besonders gefährdete Baumart. Im Rahmen eines Generhaltungsprojektes konnten in der freien Natur insgesamt 5.641 Bäume erfasst werden. Schwerpunkte der Wildapfel-Vorkommen sind Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern und Niedersachsen. In Bayern sind lediglich drei Vorkommen mit insgesamt 40 Individuen kartiert worden. 783 Bäume wurden genetisch hinsichtlich ihrer Artzugehörigkeit untersucht und Wild- und Kulturform voneinander abgegrenzt. Ein Bündel unterschiedlicher Erhaltungsstrategien soll mit *In-Situ*- und *Ex-Situ*-Maßnahmen den Genpool des Wildapfels erhalten.

Der Wildapfel (*Malus sylvestris*) ist eine seltene und gefährdete Baumart in Deutschland (Wagner 2005). Bislang fehlt ein bundesweiter Überblick über die Vorkommen und die Gefährdung des Wildapfels auf der Grundlage einheitlicher Erfassungs- und Auswertungsmethoden. Im Auftrag des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz wurden von 2010 bis 2013 die genetischen Ressourcen von zehn seltenen und gefährdeten Baumarten in Deutschland, darunter auch des Wildapfels (Kätzel 2013; Schulze 2013) erfasst und dokumentiert. Ziel war es, Empfehlungen für künftige Maßnahmen zum langfristigen Erhalt der genetischen Ressourcen der Arten und Populationen zu erarbeiten.

Im Unterschied zu vegetationskundlichen Erhebungen ist die Erfassung von Generhaltungsbeständen nicht auf die reine Inventur aller Vorkommen ausgerichtet, denn nicht jede Population erfüllt die Anforderungen, die an genetische Ressourcen gestellt werden. Als wichtigstes Erfassungskriterium für die Vorkommen sollte die Weitergabe der genetischen Informationen über Generationen hinaus gesichert sein. Als *Generhaltungsobjekt* wurde eine potenziell überlebensfähige

Population einer Art mit mindestens fünf Individuen definiert, die sich durch einen Abstand von mindestens einem Kilometer zur nächsten artgleichen Population abgrenzt. Bei der Aufnahme des Wildapfels wurde zudem besonderes Augenmerk darauf gelegt, Vorkommen von verwilderten Kulturäpfeln vom echten Wildapfel abzugrenzen. Hierzu wurden die Populationen im Frühjahr während des Blühens oder im Herbst zum Zeitpunkt der Fruchtreife aufgenommen. Für die größeren Populationen konnten erstmals genetische Analysen zur Artbestimmung bzw. Abgrenzung zu Kultursorten eingesetzt werden.

Erfassung der Wildapfel-Populationen

Die Wildapfel-Vorkommen wurden in vier Phasen erfasst. Im ersten Bearbeitungsschritt wurde nach bereits bekannten Vorkommen in verschiedenen Informationsquellen recherchiert, zum Beispiel bei forstlichen Versuchsanstalten, Forstbetrieben, Forstverwaltungen, Naturschutzbehörden, botanischen Vereinen, der Bundeswaldinventur, Betriebsinventuren, Biotopkartierungen, Forstsaatgutstellen sowie bei Privatwaldbesitzern.

In der zweiten Projektphase erfolgte die bundesweite Kartierung im Gelände in den Vegetationsperioden 2010 und 2011. Die Aufnahme wurde in allen Bundesländern mit einheitlichen Kartiervorgaben durchgeführt, um vergleichbare Ergebnisse zu erhalten. Beteiligt waren die zuständigen Behörden der Länder und private Kartierbüros. Neben der Artansprache und den räumlichen Lageparametern wurden auch die Populationsgrößen, die Durchmesserstruktur, die Begründungsart und die Vitalität der Bäume sowie die Verjüngung aufgenommen. Für jedes Vorkommen wurde ein wiederauffindbarer Koordinatenpunkt festgelegt. Alle Daten wurden anschließend in eine Datenbank übertragen.

Bundesland	Anzahl Vorkommen	Anzahl Individuen	Gesamtfläche [ha]	Individuen/ha Fläche des Vorkommens	Vorkommen/ 1.000 km ² Landesfläche	Individuen/ 1.000 km ² Landesfläche
BB	29	668	5.736,4	0,1	0,98	22,66
BW	39	800	541,2	1,5	1,09	22,38
BY	3	40	199,4	0,2	0,04	0,57
HE	4	193	2.170,8	0,1	0,19	9,14
MV	52	606	180,9	3,3	2,24	26,13
NI	42	663	5.775,2	0,1	0,88	13,92
NW	11	104	237,7	0,4	0,32	3,05
RP	6	58	5,8	10,0	0,30	16,57
SH	11	86	14,1	6,1	0,70	5,44
SL	2	18	1,4	12,9	0,78	7,01
SN	5	131	1.704,6	0,1	0,27	7,11
ST	20	1.847	7.915,5	0,2	0,98	90,32
TH	20	427	218,5	2,0	0,81	26,40
DE	244	5.641	24.701,5	0,2	0,70	15,90

Abkürzungen: BB Brandenburg, BW Baden-Württemberg, BY Bayern, HE Hessen, MV Mecklenburg-Vorpommern, NI Niedersachsen, NW Nordrhein-Westfalen, RP Rheinland-Pfalz, SH Schleswig-Holstein, SL Saarland, SN Sachsen, ST Sachsen-Anhalt, TH Thüringen, DE Deutschland

Tabelle 1: Zusammenfassende Darstellung der kartierten Wildapfel-Vorkommen (Genobjekte) über alle Bundesländer (ohne *Ex-situ*-Bestände) in Deutschland

In der nächsten Projektphase fand eine genetische Charakterisierung der Wildapfel-Populationen statt. Hierzu wurden 39 größere Vorkommen im gesamten Bundesgebiet ausgesucht und von 783 Einzelbäumen Proben gewonnen (20–30 Proben je Genobjekt). Die genetischen Analysen dienten zur:

- Absicherung der taxonomischen Zuordnung als Wildapfel
- Beschreibung der genetischen Struktur der Populationen
- Ermittlung der genetischen Differenzierung zwischen den Vorkommen

In der letzten Projektphase wurden die Daten hinsichtlich der räumlichen Konzentration, der Isolation von Vorkommen und ihres Gefährdungsgrades ausgewertet.

Baumzahl, Anzahl und Lage der Vorkommen

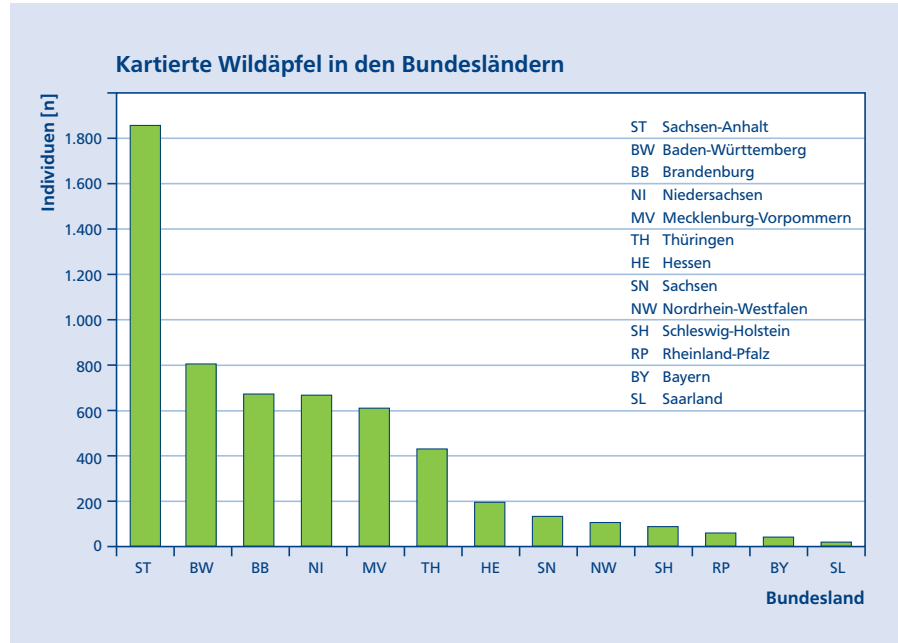
Im gesamten Bundesgebiet wurden 251 Vorkommen des Wildapfels mit insgesamt 8.325 Individuen (mit *Ex-situ*-Beständen) kartiert, die den Kriterien als Genobjekte ($n > 5$ Individuen) entsprachen. Die Anzahl der Bäume in den größeren Vorkommen wurden geschätzt. In einem Teil der untersuchten Populationen wurden verwilderte Kulturäpfel oder als kulturnah ein-

gestufte Bäume gefunden. Zudem wurde bei vielen untersuchten Vorkommen die geforderte Populationsgröße von fünf Individuen unterschritten. Sie wurden daher nicht als *Genressource* erfasst. Trotz der intensiven Rechercharbeit kann aber nicht gänzlich ausgeschlossen werden, dass Einzelbäume und kleinere Vorkommen aufgrund der Seltenheit und zerstreuten Lage unentdeckt geblieben sind.

Ohne Berücksichtigung der Samenplantagen und künstlich begründeten *Ex-situ*-Bestände konnten insgesamt nur noch 5.641 Bäume in 244 Vorkommen gezählt werden. Die mittlere Flächengröße (Medianwert) je Vorkommen beträgt 7,8 ha mit einer durchschnittlichen Populationsgröße von elf Bäumen.

Besonders viele natürliche Vorkommen befinden sich in Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern und Niedersachsen. Im mittleren Bereich sind Brandenburg, Sachsen-Anhalt und Thüringen. Mit weniger als je zehn Vorkommen gehören Bayern, Hessen, Sachsen, Rheinland-Pfalz und das Saarland zu den Bundesländern, in denen der Wildapfel sehr selten vorkommt. Auffällig sind relativ kleine, oft isolierte Vorkommen in größerer Zahl in Mecklenburg-Vorpommern, entlang der Donau zwischen Schwarzwald und Ulm sowie im westlichen Nordrhein-Westfalen (Tabelle 1; Abbildungen 1 und 2).

Abbildung 1: Anzahl der kartierten Wildäpfel in den Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände); Genobjekte mit mindestens fünf Bäumen



Individuenzahl nach Vorkommen

- 5–20
- 21–75
- 76–150
- 151–500
- 501–1.000
- ★ *Ex-situ*-Bestände

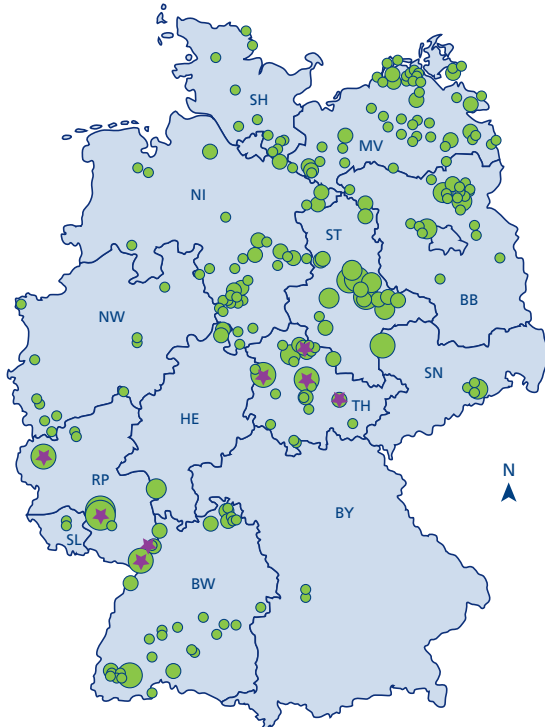


Abbildung 2: Lage der Wildäpfel-Vorkommen, klassifiziert nach der Anzahl der Individuen

Die Wuchsgebiete mit den meisten natürlich vorkommenden Wildäpfeln sind das »Mittlere nordostdeutsche Altmoränenland«, das »Oberrheinische Tiefland mit Rhein-Main-Ebene« und das »Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland«. Die Vorkommen des Wildäpfels liegen zu über 80% auf Flächen, die nach dem Naturschutzrecht unter Schutz stehen. Eine Vielzahl befindet sich in Waldflächen, die mehreren Schutzkategorien unterliegen. Insgesamt 160 Vorkommen wurden in Natura 2000-Gebieten (FFH und SPA) kartiert.

Gen-Zentren des Wildäpfels

Zur Ermittlung der Vorkommens-Zentren wurde für die Wildäpfel-Vorkommen die Kernel-Dichte berechnet (Bornmann und Waltman 2011). In Abbildung 3 sind die Verdichtungsräume unter Berücksichtigung der Baumzahl der einzelnen Vorkommen dargestellt. Populationen mit hoher Individuenzahl und enger Nachbarschaft werden dadurch besonders gewichtet und hervorgehoben. Für das Bundesgebiet ergaben sich fünf Vorkommens-Zentren für den Wildäpfel mit mehreren Unterzentren (Tabelle 2). Die mit Abstand wichtigste Schwerpunktregion für den Wildäpfel ist die Mittlere Elbe (3 a). Weitere Schwerpunktregionen sind das Küstengebiet in Mecklenburg-Vorpommern (1 a, 1 b), die Region Uckermark-Barnim in Brandenburg (2 a), das Osterzgebirge in Sachsen (4 a) sowie die Region Heilbronn-Franken (5 b) und der südliche Schwarzwald in Baden-Württemberg (5 c).

Gen-Zentrum	Unterzentrum
1: Küstenregion Mecklenburg-Vorpommern	1a: Ostsee
	1b: Rügen
2: Nordbrandenburg	2a: Uckermark-Barnim
	2b: Havelland
3: Mitteldeutschland	3a: Mittlere Elbe
	3b: Solling, Nordhessen
	3c: Saale-Unstrut
	3d: Nord-Thüringen
4: Sachsen	4a: Osterzgebirge
5: Südwestdeutschland	5a: Oberrhein
	5b: Heilbronn-Franken
	5c: Schwarzwald

Tabelle 2: »Gen-Zentren« und »Unterzentren« des Wildapfels in Deutschland

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

Tabelle 3: Anzahl der Vorkommen entsprechend ihrer Individuenzahl in Abundanzklassen

Populationsgrößen

Ein wichtiges Kriterium für die Bewertung der Überlebensfähigkeit von Wildapfel-Populationen ist deren Größe. Alle kartierten Vorkommen wurden entsprechend der Individuenanzahl in zehn Abundanzklassen unterteilt (Tabelle 3). Der Großteil der Vorkommen umfasst fünf bis zehn Individuen (Abundanzstufe 1). Fast 89% der Vorkommen umfassen nicht mehr als 50 Bäume. Große Wildapfel-Vorkommen (*In-situ*) mit mehr als 300 Bäumen gibt es in Deutschland nur zwei.

Durchmesser- und Altersstruktur

Neben der Individuenzahl beeinflusst die demografische Struktur einer Population deren Überlebensfähigkeit ganz wesentlich. Da das tatsächliche Baumalter nicht ermittelt werden konnte, wurde es anhand des Brusthöhendurchmessers (BHD – gemessen in einer Höhe von 130 cm) geschätzt. Dazu wurden die kartierten Bäume drei Durchmesserstufen zugeteilt (BHD < 7 cm, BHD 7–20 cm, BHD > 20 cm) und daraus die Altersstruktur der Population abgeleitet.

Für die Überlebensfähigkeit einer Population wird eine pyramidale Durchmesserstruktur mit großer Verjüngungsstufe als optimal angesehen. Je größer die Abweichung von dieser ist, desto ungünstiger erfolgte die Einstufung der Vorkommen. Der Anteil der Naturverjüngung wurde gesondert erfasst.

Zusammenfassend über alle kartierten Vorkommen Deutschlands nehmen die Bäume mit einem BHD von über 20 cm einen Anteil von 44% ein. Die Durchmesserklasse 7–20 cm umfasst 41% der Bäume. Die Verjüngungsklasse mit unter 7 cm BHD ist dagegen nur mit

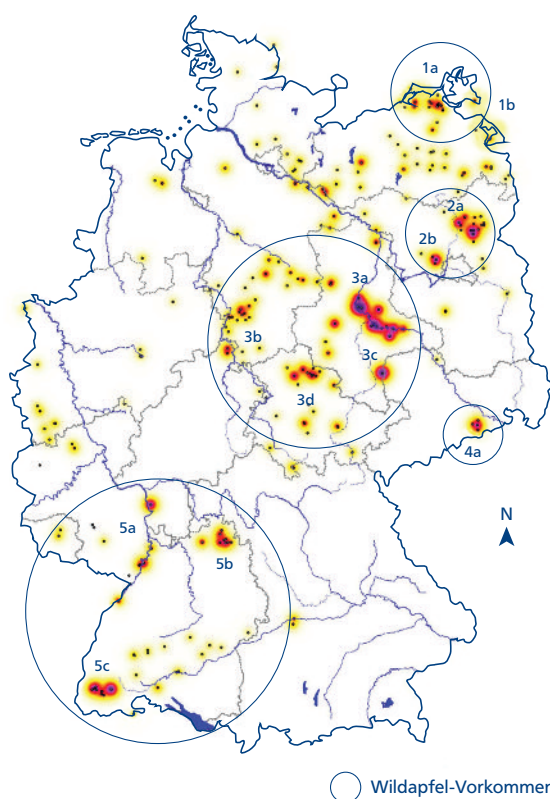


Abbildung 3: Darstellung der Kerneldichte der Wildapfel-Vorkommen unter Berücksichtigung der Baumzahl (ohne *Ex-situ*-Bestände)

15% beteiligt. Hier wird die in vielen Vorkommen fehlende Verjüngung des Wildapfels deutlich sichtbar (Abbildung 4).

Nur ein Fünftel der 244 Vorkommen des Wildapfels in Deutschland verfügen über Naturverjüngung. Die meisten Vorkommen mit Naturverjüngung konnten in Hessen und Sachsen-Anhalt (jeweils 50%) gefunden werden, gefolgt von Baden-Württemberg und Niedersachsen mit einem Anteil von circa 35%. In Bayern, Mecklenburg-Vorpommern, Schleswig-Holstein und im Saarland ist keine Naturverjüngung des Wildapfels nachgewiesen.

Entsprechend den Anteilen der drei Durchmesserklassen wurde jedes Vorkommen einer von fünf »Altersstrukturqualitätsklassen« zugeordnet (Tabelle 4). Langfristig überlebensfähige Populationen zeichnen sich durch einen großen Verjüngungsanteil (Durchmesserstufe < 7 cm) aus. Vorkommen mit geringen Anteilen dieser Durchmesserklasse und fehlende Naturverjüngung werden daher in Bezug auf die Überlebensfähigkeit als negativ gewertet.

Fast 40% der Wildapfel-Vorkommen fallen in die unteren Klassen 4 und 5 (schlecht, sehr schlecht). 43,3% der Vorkommen wurden noch als befriedigend (3) bewertet und lediglich 17,4% fallen in die Altersstrukturqualitätsklassen sehr gut (1) und gut (2).

Vitalität

Die Vitalitätseinschätzung der Einzelbäume der Vorkommen, differenziert nach Altersgruppen, ergibt weitere wichtige Hinweise über die potenzielle Überlebensfähigkeit von Populationen. Die Bewertung der Vitalität wurde auf der Grundlage der Kronenstruktur in vier Stufen 0 (sehr vital), 1 (vital), 2 (stark geschädigt) und 3 (absterbend) vorgenommen. Tote Bäume wurden nicht erfasst.

Bundesweit wurden 80% der Wildäpfel mit den Vitalitätsstufen sehr vital (0) und vital (1) bonitiert. Als stark geschädigt wurden lediglich 14% (Kategorie 2) der Bäume kartiert. 6% der Wildäpfel wurden als absterbend (3) angesprochen. Bäume mit schlechteren Vitalitätszuständen wurden in den Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern, Schleswig-Holstein, Thüringen und dem Saarland erfasst, wo mehr als 25% der Bäume den Stufen 2 und 3 zugeordnet wurden.

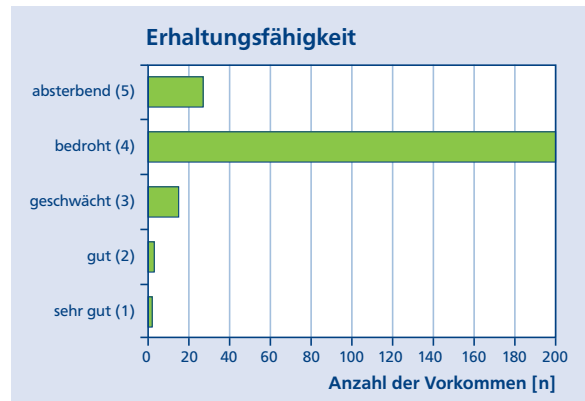


Abbildung 4: Anteile der Durchmesserstufen der Wildapfel-Vorkommen im Deutschland (ohne *Ex-situ*-Bestände)

Altersstruktur - qualitätsklasse	Anzahl der Vorkommen	Häufigkeit [%]
sehr gut (1)	21	8,5
gut (2)	22	8,9
befriedigend (3)	106	43,3
schlecht (4)	54	22,3
sehr schlecht (5)	41	17,0

Tabelle 4: Häufigkeiten der Vorkommen in den Altersstrukturqualitätsklassen

Gesamtbewertung der Erhaltungsfähigkeit (*In-situ*)

Für die Gesamtbewertung der Überlebensfähigkeit der Vorkommen (Erhaltungsfähigkeit) wurden die Populationsgröße, die Altersstrukturqualitätsklasse und die durchschnittliche Vitalität berücksichtigt. Als Vergleich diente eine fiktive stammzahlreiche Population, die eine pyramidale demografische Altersstruktur mit hohem Verjüngungsanteil und eine hohe Vitalität in allen Durchmesserstufen aufweist. Die Gesamtbewertung der Vorkommen erfolgte in fünf Stufen von sehr gut (1) bis absterbend (5) (Tabelle 5).

Insgesamt sind die Vorkommen des Wildapfels in Deutschland stark gefährdet (Abbildung 5). Ursächlich hierfür sind die geringen Populationsgrößen, die Überalterung der Vorkommen und die fehlende Verjüngung. Lediglich fünf von 247 Wildapfel-Vorkommen erhalten bezüglich der »*In-situ*-Erhaltungsfähigkeit« die Bewertung »sehr gut« (1) und »gut« (2). Der Großteil der Vorkommen (227) ist in seiner Erhaltungsfähigkeit bedroht oder bereits absterbend.

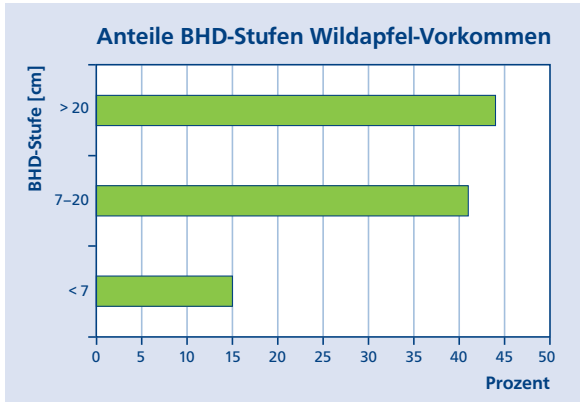


Abbildung 5: Anzahl der Vorkommen des Wildapfels in Deutschland in den Stufen der Erhaltungsfähigkeit (*In-situ*)

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

Tabelle 5: Bewertungskriterien für die integrative Gesamtbewertung der Vorkommen des Wildapfels (*In-situ*-Erhaltungsfähigkeit)

Wildapfel-Vorkommen in Bayern

Wie Abbildung 6 zeigt, gibt es in Bayern nur sehr wenige Vorkommen, die den Anforderungen als Genobjekt genügen. Lediglich drei Populationen wurden gefunden, die mindestens fünf Wildäpfel enthalten (grün). Einzelbaum-Vorkommen (<5, orange) wurden entlang der Donau und der Isar nachgewiesen. Eine Überprüfung mit den Ergebnissen von 1986 (BayStMELF 1986), die von den Oberforstdirektionen und Forstämtern durchgeführt wurde, ergab, dass der größte Teil der damals gefundenen Wildapfel-Bäume nicht mehr vorhanden ist oder es sich um verwilderte Kulturäpfel handelt (petrol). Auch damals wurden keine weiteren größeren Vorkommen gefunden. Aufgrund der schon damals sehr geringen Anzahl an Wildäpfeln in Bayern wurden vom Bayerischen Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) zwei Erhaltungsplantagen (*Ex-situ*) mit Sämlingen von 23 Wildäpfeln in Laufing und Übersee (violett) angelegt.

Nach der aktuellen Kartierung gibt es einschließlich der gefundenen Einzelbäume insgesamt nur noch 72 Wildapfel-Bäume in Bayern. Das sind 1,3% der in Deutschland kartierten Wildäpfel. Der Bestand des Wildapfels ist in Bayern extrem gefährdet.

Nur drei Vorkommen konnten als erhaltungsfähige Genobjekte ausgewiesen werden. Zwei Vorkommen an der Lechmündung bei Niederschönenfeld und Oberndorf und eine Population in Nordbayern im Landkreis Coburg bei Bad Rodach (Abbildung 6). Die beiden Vorkommen an der Lechmündung zur Donau (Abbildung 7) umfassen 16 bzw. 19 Wildäpfel. Sie befinden sich in unmittelbarer Nachbarschaft und stellen das größte noch erhaltene Wildapfel-Refugium in Bayern dar. Die Vorkommen sind für die Erhaltung des Wildapfels in Bayern von großer Bedeutung und wurden deshalb als Generhaltungsbestände ausgewiesen. Alle untersuchten Bäume der beiden Populationen konnten durch die genetische Analyse als reine Wildformen bestätigt werden. Im Frühjahr 2013 konnten im Umfeld noch weitere Exemplare des Wildapfels entdeckt werden, die allerdings noch nicht genetisch überprüft wurden.

Abbildung 6: Wildapfel-





Abbildung 7: Die beiden größten Wildapfel-Vorkommen in Bayern an der Lechmündung bei Niederschönenfeld und Oberndorf

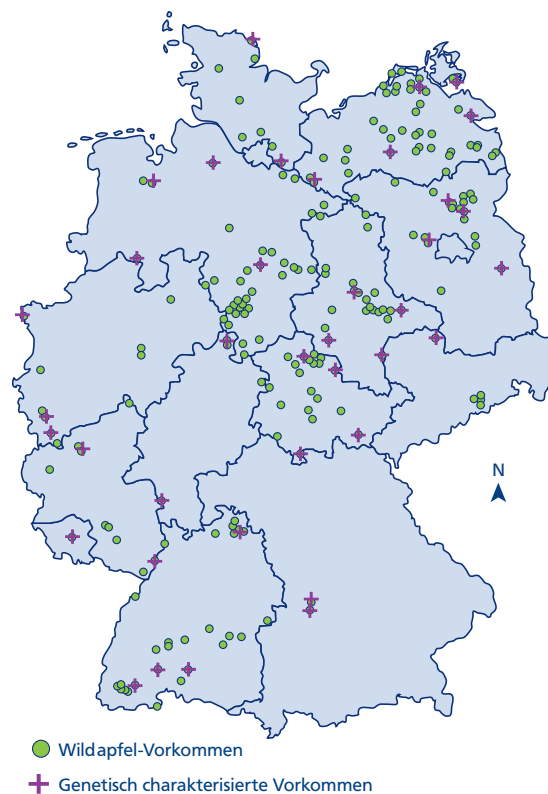


Abbildung 8: Wildapfel-Vorkommen (Genobjekte) und genetisch beprobte Populationen in Deutschland

Genetische Charakterisierung des Wildapfels in Deutschland

Ziel der genetischen Untersuchung war die Absicherung der taxonomischen Zuordnung als Wildapfel, die populationsgenetische Charakterisierung der Vorkommen und der populationsgenetische Vergleich der Wildapfel-Populationen in Deutschland. Daraus sollen Hinweise für Maßnahmen zur Erhaltung abgeleitet werden.

Für die genetische Analyse wurden große und potenziell »wildnahe« Vorkommen ausgewählt. Bestände in allen Bundesländern, in denen der Wildapfel vorkommt, sollten gleichverteilt vertreten sein. Die Probebäume wurden dauerhaft gekennzeichnet und ihre Koordinaten aufgenommen. Von 783 Bäumen aus 39 Vorkommen und 13 Bundesländern (mit Ausnahme der Stadtstaaten) wurden Blattproben gewonnen (Abbildung 8). Ein zusätzliches Vorkommen konnte aus einem anderen Projekt übernommen werden. Pro Genobjekt sollten 15 bis 30 vitale Individuen beprobt werden, diese Probenzahlen wurden jedoch nicht

immer erreicht. 57 Proben (7%) gehörten nicht der Gattung *Malus* an, meist lagen Verwechslungen mit Wildbirne (*Pyrus pyraeaster*) vor. Als genetische Marker wurden sechs Kern-Mikrosatelliten verwendet.

Unterscheidung der Arten von Wild- und Kulturapfel

Die Ergebnisse der genetischen Charakterisierung hinsichtlich der Zugehörigkeit zu den Gattungen *Malus* sowie die Differenzierung der Apfelproben nach »wild-« und »kulturnahen« oder zumindest »kulturbeeinflussten« Formen sind in Tabelle 6 dargestellt. 12% (87) der analysierten Bäume wurden als Kulturformen bzw. kulturnah eingestuft.

Der Anteil der Wildäpfel (oder wildnah eingestuften Bäume) schwankt in den Populationen zwischen 0% und 100%. Ein Drittel der Vorkommen besteht aus reinen Wildäpfeln. Der größte Teil der Vorkommen besitzt jedoch Beimischungen von Kulturäpfeln.

Die weiteren Betrachtungen beziehen sich nur noch auf die als wildnah eingestuften Individuen. Durch den Ausschluss falscher Arten und kulturnaher Individuen gab es für einige Vorkommen nur noch so wenige Proben, dass eine populationsgenetische Charakterisierung nicht mehr sinnvoll war. Neben 31 auswertbaren Populationen verblieben 44 Wildapfel-Individuen (aus Vorkommen mit zu geringer Probenzahl, aber auch einzelne Wildäpfel aus Birnen-Vorkommen). Da auch diese Individuen zur Gesamtvariation und zur Differenzierung beitragen, wurden sie in zwei »künstliche Kollektive« zusammengefasst und in die Gesamtbeurteilung mit einbezogen (DE-1 und DE-2 in Tabelle 7).

Genetische Variation allgemein und innerhalb der Vorkommen

An den einzelnen untersuchten Genloci wurden zwischen 18 und 26 Allel-Varianten gefunden (Tabelle 7). Die Diversität (v) der untersuchten Genorte schwankt zwischen 3,56 und 9,14. Die mittlere Diversität der natürlichen Wildapfel-Vorkommen (der sechs Genorte) variiert zwischen 3,36 und 6,12.

Von den untersuchten Populationen weist das Thüringer Vorkommen TH-1 die höchsten Multilocus-Werte auf, sowohl was die Anzahl der Allele als auch die Diversitätsmaße betrifft. Diese Population ist genetisch besonders vielfältig und variabel. Insgesamt konnten an den sechs untersuchten Genorten der 39 Populationen 134 verschiedene Allele beobachtet werden. In den einzelnen Vorkommen variiert die Anzahl der Allele (n) zwischen 33 (BB-1) und 69 (TH-1) Allelen. Zahlreiche Allele kommen jedoch nur in wenigen Populationen vor. Allele, die nur in einer der untersuchten Populationen vorkommen, werden als »private Allele« bezeichnet. Als »fast private Allele« werden hier solche bezeichnet, die in genau zwei Vorkommen auftreten. Bei der Analyse der 31 Vorkommen wurden in 23% der Vorkommen »private Allele« gefunden, die jeweils nur in einer Population auftreten (Tabelle 8). »Fast private Allele« treten bei 55% der Vorkommen auf. Drei der untersuchten Populationen (TH-1, BW-5, ST-1) weisen eine überdurchschnittliche Anzahl solcher Allele auf.

Differenzierung zwischen Vorkommen

Die genetischen Abstände der Wildapfel-Populationen geben Auskunft über die verwandtschaftlichen Beziehungen. Die Abstandsmatrix der paarweisen genetischen (allelischen) Abstände der 31 Vorkommen über alle sechs Genorte ist in Tabelle 9 dargestellt. Es fallen die insgesamt sehr hohen Abstandswerte auf. Sie variieren zwischen 0,25 und 0,65.

Stichprobeneffekte sind bei den genetischen Abständen aufgrund der zum Teil geringen Probenzahl nicht auszuschließen. Dies ist insbesondere bei der Beurteilung der Vorkommen BB-1, NW-3, SL-1 und TH-3 zu berücksichtigen, welche überdurchschnittlich hohe Abstände aufweisen und nur aus neun bis elf Bäumen bestehen. Der Thüringer Bestand TH-1, der eine sehr hohe Diversität aufweist, zeigt eher mittlere Abstandswerte und scheint diesbezüglich den vier Vorkommen aus Sachsen-Anhalt sehr ähnlich, die untereinander recht geringe Abstände aufweisen.

Nach der Betrachtung der genetischen Abstände und Differenzierung wurde die hierarchische Gliederung der Vorkommen nach genetischer Ähnlichkeit untersucht. Dazu werden die genetischen Abstände mit Hilfe eines UPGMA-Dendrogramms dargestellt (Abbildung 9). UPGMA steht für *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean* und bezeichnet eine Clustering-Methode, die zur Rekonstruktion phylogenetischer Bäume angewendet wird.

Betrachtet man die Vorkommen mit den geringsten Abstandskoeffizienten, so fällt auf, dass sie in der Regel auch räumlich benachbart sind (blau hinterlegte Gruppen, vergleiche auch Abbildung 9): BB-2, BB-3 und BB-4 weisen genetisch und geografisch geringe Abstände auf, ebenso die Paare NI-5/SH-1 und HE-1/RP-1. Auch die drei bayerischen Vorkommen bilden eine Gruppe. Und sechs Vorkommen aus Sachsen-Anhalt und Thüringen weisen untereinander größere genetische Ähnlichkeit auf als zu weiter entfernten Populationen. Lediglich das Paar mit dem geringsten Abstandskoeffizienten (MV-A und NI-4) liegt geografisch relativ weit auseinander (orange hinterlegt).

Bundesland	Bez.	GO Nr.	Lage	Proben	Größe [Individuen]	Größe [ha]	Wildform [%]	andere Art [%]	Kulturform [%]
BB	BB-1	169	Rassmannsdorfer Werder	12	10	50	75		25
BB	BB-2	23	Brieselang	30	120	400	97		3
BB	BB-3	7	Altenhof	50	121	505	98		2
BB	BB-4	4	Zehdenick	31	96	2	97		3
BW	BW-1	645	Mergentheim	10	100	1,5	19		81
BW	BW-2	629	Mergentheim	16	50	3	0		100
BW	BW-3	61	Furtwangen	5	11	10	100		
BW	BW-4	241	NSG Feldberg	29	200	12	93		7
BW	BW-5	n. n.	Unteres Donautal	16	n. n.	n. n.	94		6
BY	BY-1	2	Bad Rodach	11	11	64,1	45	55	
BY	BY-2	3	Mittelstätten	15	17	19,1	100		
BY	BY-3	4	Schönfelder Holz	17	19	116,2	100		
HE	HE-1	2	Kühkopf-Knoblochsau	26	120	1.985,2	92	x	x
HE	HE-2	1	Sababurg	22	50	94,3	100		
MV	MV-1	12	Buggenhagen	26	30	16	92	8	
MV	MV-2	8	Nossentiner Heide	21	28	0,1	0	x	x
MV	MV-3	38	Schuenhagen	20	25	36	85		15
MV	MV-4	6	Rügen	26	28	7,8	4	96	
NI	NI-1	31	Hasbruch	22	23	41,5	91		9
NI	NI-2	37	Grünenjäger	25	32	310,2	100		
NI	NI-3	45, 42	Bramsche	5	10	42,1	100		
NI	NI-4	25	Hämeler Wald	27	50	412,8	100		
NI	NI-5	41	Beverner Wald	24	22	284,1	96		
NW	NW-1	4	Nideggen	11	11	0,1	55	x	x
NW	NW-2	8	Kleve	18	18	200	61	x	x
NW	NW-3	7	Mechernich	11	13	7	100		
RP	RP-1	5	Hördt	15	20	1	100		
RP	RP-2	9	NSG Virneburg	15	18	1	87		13
SH	SH-1	4	Lauenburg	11	11	1,5	91		9
SH	SH-2	10	Flensburg	19	19	1	79		21
SL	SL-1	2	Eppelborn	17	17	1	59	x	x
SN	SN-1	1	NSG Voigts Busch	9	9	0,1	44		56
ST	ST-1	6	NSG Kreuzhorst	27	315	286,7	81	19	
ST	ST-2	17	Wörlitz	22	50	657,4	100		
ST	ST-3	2	Wippa	24	33	20,4	100		
ST	ST-4	4	Annarode	24	285	223,3	71	x	x
TH	TH-1	25	LEG Wald Ostramondra	30	30	9	83		17
TH	TH-2	46	Rev. Straufhein	15	15	4,5	87		13
TH	TH-3	24	Gräfenwarth	10	16	3	100		
TH	TH-4	2	Hagenberg	30	52	4	100		

Abkürzungen: BB Brandenburg, BW Baden-Württemberg, BY Bayern, HE Hessen, MV Mecklenburg-Vorpommern, NI Niedersachsen, NW Nordrhein-Westfalen, RP Rheinland-Pfalz, SH Schleswig-Holstein, SL Saarland, SN Sachsen, ST Sachsen-Anhalt, TH Thüringen, DE Deutschland

Tabelle 6: Beprobte Vorkommen für genetische Untersuchungen des Wildapfels in Deutschland

Auch auf höherer Hierarchiestufe des Abstands-dendrogramms zeigt sich noch der Zusammenhang zwischen genetischer und geografischer Distanz. So ergibt sich ein Cluster aus neun Populationen (in Abbildung 9 von BB-2 bis SH-1), die alle im Nordosten liegen. Und die Gruppe der beiden bayerischen Vorkommen ist einem relativ benachbarten Vorkommen aus Baden-Württemberg (BW-5) am ähnlichsten.

Lediglich drei Vorkommen fallen völlig aus dem Rahmen und gruppieren als letzte (BB-1, TH-3 und SL-1). Dies sind auch die Vorkommen mit der geringsten Stichprobengröße (neun bzw. zehn), was diese Sonderstellung erklären könnte.

Insgesamt zeigen die Ergebnisse, dass genetisch-geografische Strukturen in den untersuchten Wildapfel-Populationen vorkommen. Aufgrund der teilweise geringen Populationsgrößen können Artefakte jedoch nicht ausgeschlossen werden. Da die gefundenen Cluster tendenziell zunächst in den nördlichen und erst später in den südlichen Populationen aggregieren, dürfte die Variabilität in diese Richtung zunehmen.

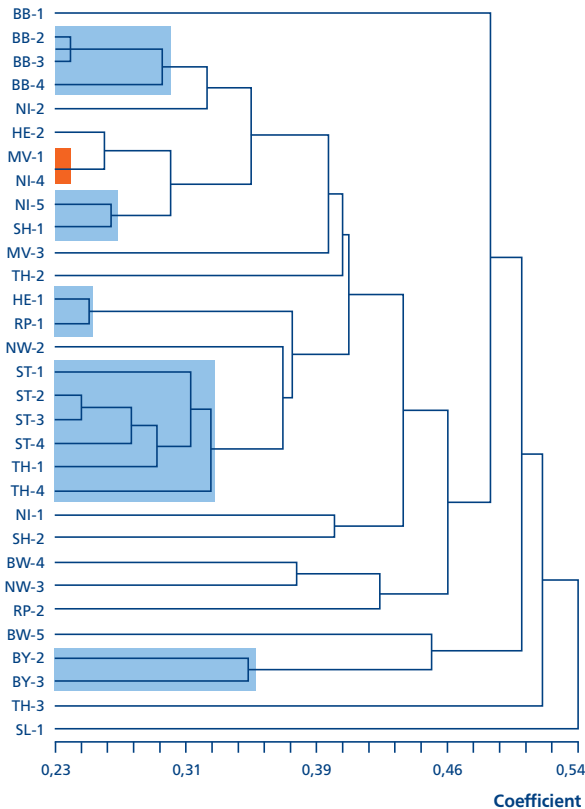


Abbildung 9: Dendrogramm der 31 untersuchten Vorkommen des Wildapfels in Deutschland

Schlussfolgerungen und Erhaltungsmaßnahmen für den Wildapfel

Die über zwei Vegetationsperioden aufwendig durchgeführten Kartierarbeiten wiesen ohne die künstlich angelegten *Ex-situ*-Bestände 244 Wildapfel-Vorkommen mit mindestens fünf Individuen in Deutschland nach. Insgesamt wurden 5.641 Bäume kartiert. Die meisten Vorkommen haben zwar eine vergleichsweise hohe Vitalität, sie sind jedoch meistens überaltert. In vielen Regionen Deutschlands ist der Wildapfel sehr selten und gefährdet. Die Vorkommensschwerpunkte liegen in Mittel- und Nordostdeutschland sowie im Südwesten. In den Bundesländern Hessen, Nordrhein-Westfalen und Bayern ist der Wildapfel extrem selten (siehe Abbildung 3).

Die Erhaltungsfähigkeit wird deutschlandweit nur in 15 Vorkommen als »sehr gut« oder »gut« (Stufe 1 und 2) beurteilt. Die überwiegende Anzahl der Wildapfel-Vorkommen (81%) ist jedoch bedroht. In Bayern sind nur die beiden Vorkommen an der Lechmündung als erhaltungsfähig klassifiziert (Stufe 1). Alle übrigen Fundnachweise sind Einzelbäume, die für die zukünftige Erhaltung des Wildapfels in der jetzigen Form nicht geeignet sind. Aufgrund der Befruchtungsbarrieren (vorwiegend weibliche Blüten), der Gefahr des Fremdpolleneintrags durch Kultursorten, die genetische Isolation und die schwierige Verbreitungsbiologie können diese Einzelbäume fast keinen Beitrag zur Erhaltung des Wildapfels in Bayern leisten.

Ein Grund für seine Seltenheit und Gefährdung ist auch in seiner Konkurrenzschwäche gegenüber forstlichen Wirtschaftsbaumarten begründet, durch die er aus genutzten Wäldern auf Randlagen und Extremstandorte verdrängt wird. Im Wirtschaftswald ist es daher notwendig, dass er waldbaulich gefördert wird.

Darüber hinaus führt die genetische Vermischung (Hybridisierung) mit Kulturäpfeln zum fortschreitenden Verlust der Wildform. Besonders schwer wiegen auch der Rückgang geeigneter und bevorzugter Habitate (Feldgehölze, lichte Waldränder, Auengebiete) und die geringen Populationsgrößen.

Fehlende Verjüngung, die Verinselung von Vorkommen mit geringer Populationsgröße und -dichte sowie die starke Überalterung der Populationen mindern die Überlebensprognose. So konnte bei rund 80% der Vorkommen keine natürliche Verjüngung nachgewiesen werden. Da die Generhaltung grundsätzlich das Ziel

verfolgt, große, vitale und genetisch vielfältige Populationen zu erhalten oder diese aus kleineren aufzubauen, ist die Isolation und die damit einhergehende genetische Verarmung des Wildapfels zu vermeiden. Die relativ hohen genetischen Abstände zwischen den Populationen sind ein deutlicher Hinweis auf die Isolation der bestehenden Wildapfel-Vorkommen.

Die Erhaltung des Genpools als Voraussetzung für die zukünftige Anpassungsfähigkeit macht es daher notwendig, die aktiven Erhaltungsmaßnahmen für den Wildapfel zu intensivieren. Die noch wenigen großen Populationen müssen als Generhaltungsobjekte von herausragender Bedeutung für den Wildapfel geschützt und im Rahmen eines genetischen Monitorings über-

	Vork.	(n)	nz23g4		ch02d12		gd162		ch01h10		ch01h01		gd96		alle Loci		
			n	v	n	v	n	v	n	v	n	v	n	v	\bar{v}	v_{gam}	
1	BB-1	9	4	2,66	7	4,91	5	3,86	5	3,06	6	2,45	6	4,76	33	3,36	1,798
2	BB-2	29	3	2,88	11	6,60	11	6,14	10	4,78	9	6,42	9	6,49	53	5,08	23,193
3	BB-3	49	4	2,50	9	5,97	11	4,94	11	6,95	12	7,01	10	5,41	57	4,83	19,427
4	BB-4	30	6	2,20	13	5,83	8	6,67	11	5,86	9	5,98	9	5,25	56	4,60	15,705
5	BW-4	27	5	2,35	9	5,01	10	4,45	16	7,18	14	7,59	9	6,23	63	4,68	17,769
6	BW-5	15	4	2,57	11	8,82	8	6,25	11	8,33	6	4,64	11	7,26	51	5,28	39,790
7	BY-2	15	5	2,60	9	4,46	6	3,54	10	6,72	10	3,85	12	4,37	52	3,92	4,635
8	BY-3	17	4	2,44	8	3,27	7	4,07	14	8,03	12	5,96	9	5,61	54	4,19	8,702
9	HE-1	24	8	2,95	10	5,65	11	5,19	11	4,54	10	6,19	10	6,90	60	4,85	16,730
10	HE-2	22	4	2,99	10	4,34	11	5,32	10	4,94	10	6,21	10	5,20	55	4,58	11,001
11	MV-1	24	4	2,89	8	3,34	8	5,28	8	4,27	10	5,79	11	5,91	49	4,25	7,434
12	MV-3	17	5	2,85	9	4,16	6	3,75	12	6,42	8	4,45	7	3,48	47	3,93	4,418
13	NI-1	20	5	2,77	4	1,99	10	6,40	10	3,85	8	4,40	9	4,10	46	3,43	2,445
14	NI-2	25	7	2,31	10	4,51	10	5,06	13	6,58	10	6,41	11	6,28	61	4,55	13,978
15	NI-4	27	4	2,95	7	3,65	9	5,61	12	5,05	8	5,52	7	3,97	47	4,22	6,678
16	NI-5	23	3	2,79	7	4,20	8	4,74	10	5,78	9	6,53	8	4,62	45	4,45	9,700
17	NW-2	11	6	2,92	5	4,32	7	5,50	7	5,04	7	4,75	7	3,97	39	4,23	6,577
18	NW-3	11	6	2,60	6	3,97	7	4,65	10	8,34	9	7,12	9	5,38	47	4,62	15,346
19	RP-1	15	6	3,19	9	7,14	11	6,08	10	5,29	10	5,77	10	6,43	56	5,28	27,219
20	RP-2	13	8	3,80	11	7,86	7	3,84	11	7,86	12	9,14	8	4,97	57	5,51	40,925
21	SH-1	10	4	2,41	5	2,94	8	5,41	8	6,67	7	5,26	7	5,41	39	4,10	7,266
22	SH-2	15	3	2,27	6	3,69	6	3,95	9	4,41	7	4,33	6	3,41	37	3,50	2,153
23	SL-1	10	4	2,99	11	8,33	6	3,45	8	5,56	8	5,56	8	5,71	45	4,69	15,129
24	ST-1	22	4	1,96	13	5,94	9	3,53	9	3,77	9	5,20	11	6,87	55	3,83	5,521
25	ST-2	22	5	3,51	11	4,84	8	3,49	7	3,46	10	7,07	10	4,63	51	4,21	6,711
26	ST-3	24	5	3,06	9	5,73	8	3,52	9	4,25	8	5,49	9	4,66	48	4,23	6,710
27	ST-4	17	6	3,01	10	4,35	6	2,63	9	4,98	10	6,64	13	7,81	54	4,22	8,888
28	TH-1	25	7	3,80	13	7,53	13	6,25	13	6,41	10	7,18	13	7,76	69	6,12	63,932
29	TH-2	13	6	3,25	10	4,97	8	5,37	9	6,63	9	7,04	10	5,93	52	5,19	23,985
30	TH-3	10	4	2,86	8	5,26	5	3,77	10	6,90	9	5,88	7	4,08	43	4,40	9,396
31	TH-4	30	5	2,59	14	7,63	15	5,13	10	4,15	8	5,34	10	4,21	62	4,35	9,438
32	DE-1	29	9	4,29	14	6,62	9	4,60	11	7,82	16	10,07	12	6,70	71	6,14	68,948
33	DE-2	15	7	3,63	9	5,92	8	5,11	11	5,63	9	7,26	9	6,00	53	5,35	26,916
	alle	665	18	3,56	26	7,14	22	5,96	26	7,52	22	9,14	20	7,30	134	6,20	76,032

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

Tabelle 7: Mittlere Diversität (sechs Mikrosatelliten-Genorte) der untersuchten Wildapfel-Vorkommen

wacht werden (Kätzler et al. 2005). Diese Populationen stellen gleichfalls die wichtigste Saatgutquelle für die Anzucht gebietsheimischer Gehölze dar. Als mögliche weitere Maßnahmen kommen in Frage:

- Erhöhung der Individuenzahl innerhalb existierender Populationen, so dass eigenständige große Populationen mit mehreren Baumgenerationen entstehen.

- Begründung neuer Wildapfel-Populationen (*Ex-situ*-Populationen) auf geeigneten Standorten mit genetisch überprüften Pflanzen zwischen vorhandenen Vorkommen, um langfristig einen Genaustausch zu ermöglichen und dadurch größere Metapopulationen zu schaffen.

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

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

Tabelle 8: Anzahl »privater« und »fast privater« Allele an sechs Mikrosatelliten-Genorten in 33 Demen des Wildapfels

Darüber hinaus müssen mittelfristig die Lücken innerhalb der und vor allem zwischen den Populationen über Biotop-/Populationsverbünde auf standörtlich geeigneten Flächen (wenn immer möglich) geschlossen werden, so dass ein Genaustausch zwischen benachbarten Vorkommen überhaupt möglich wird.

Obwohl der Wildapfel fast jedes Jahr blüht und fruktifiziert, verjüngt er sich kaum. Künstliche Verjüngungsmaßnahmen für die seltene Baumart sind daher zwingend erforderlich. Erfahrungen aus den zurückliegenden Jahrzehnten verdeutlichen aber, dass die bisherigen Erhaltungskonzepte an die neuen Erkenntnisse angepasst werden müssen. Zunächst sollte ein Schwerpunkt der Maßnahmen auf die vielen überalterten, isolierten Vorkommen gelegt werden, um ihren Erhalt nachhaltig zu sichern und Bedingungen für eine natürliche Verjüngungsdynamik zu schaffen. Die zu empfehlenden Maßnahmen reichen von der Freistellung der Bäume über die Anlage von Waldrändern und

Förderung der natürlichen Verjüngung bis hin zur Regulierung überhöhter Wildbestände.

Waldbaulich sind Wildäpfel wie Z-Stämme zu behandeln (Albrecht 1999). Die Kronen sind bereits frühzeitig freizustellen, damit sie sich voll entwickeln können. Unter- und zwischenständige Bäume müssen vorsichtig auf den Freiland vorbereitet werden, damit sie Lichtkronen entwickeln können. Wegen des geringen Höhenwuchses ist großes Augenmerk auf die umgebenden Bäume zu legen. Regelmäßige Durchforstungseingriffe mindern den Seitendruck. Durch rechtzeitige Eingriffe sollten konkurrierende waldbauliche Zielsetzungen vermieden werden.

Bei künstlichen Verjüngungsmaßnahmen müssen genetisch überprüfte Wildäpfelpflanzen verwendet werden. Die Nachzucht sollte insgesamt verstärkt werden, damit die Nachfrage nach geprüften Wildäpfeln in allen Regionen gedeckt werden kann. Über die Einführung

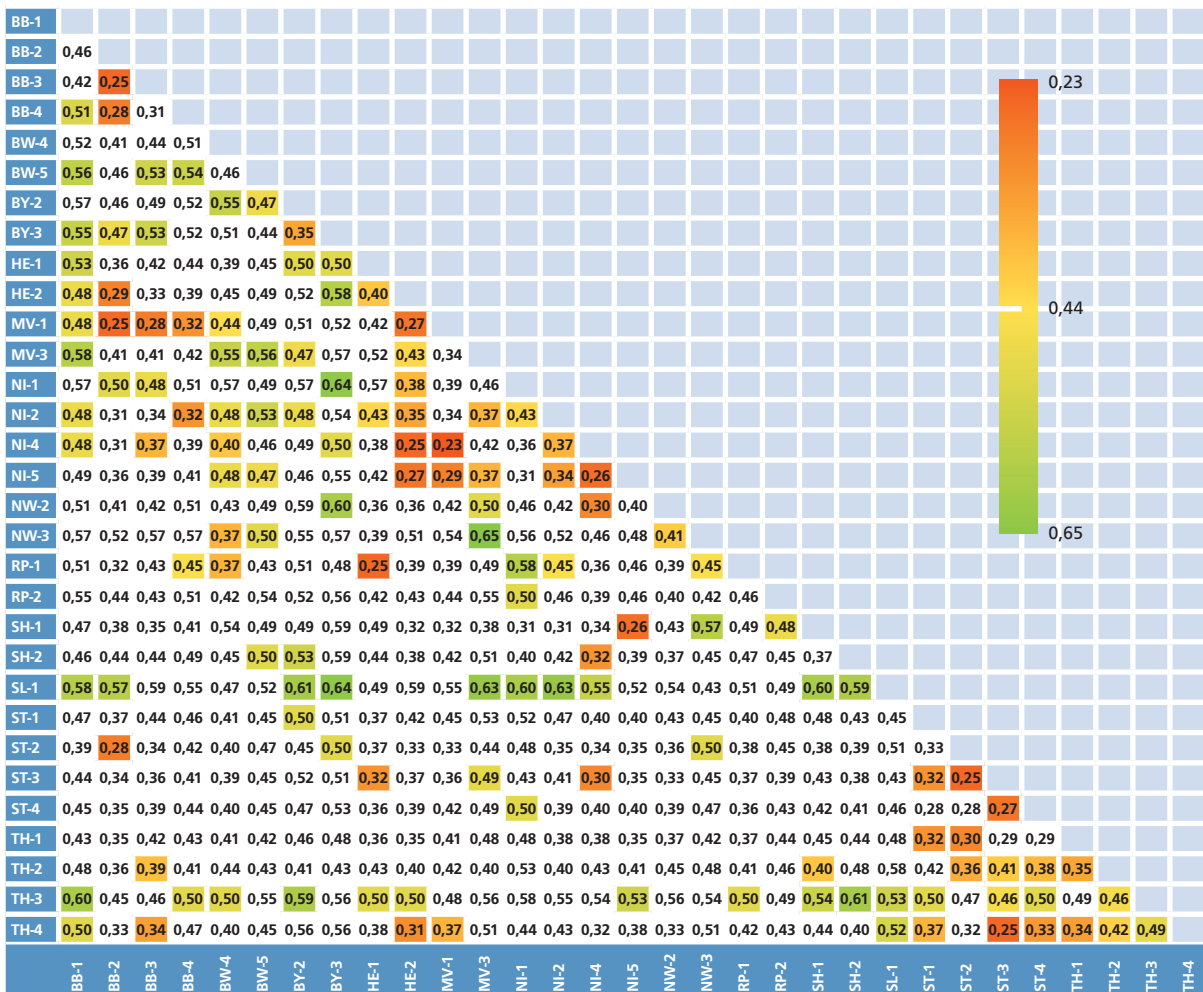


Tabelle 9: Paarweise allelische Abstände (d0) der Wildapfel-Vorkommen

eines Wildapfel-Zertifikats für nachgezogenes, überprüftes Pflanzgut sollte nachgedacht werden, damit der Wildapfel als reine Art in seinem Bestand gesichert wird.

Bei der künstlichen Einbringung des Wildapfels ist darauf zu achten, dass die Populationen über eine ausreichende Individuenzahl verfügen, um sich langfristig selbst erhalten zu können und dass diese genügend Abstand zu Kulturäpfeln aufweisen. Als Faustzahl sollten im Alter 40 mindestens 20 Bäume in einer Bestäubungseinheit vorhanden sein und ein Abstand von circa 5 km zu Siedlungen eingehalten werden.

Trotz der Konzentration der *In-situ*-Maßnahmen ist die parallele Sicherung der wichtigsten Genotypen in weiteren *Ex-situ*-Erhaltungsquartieren (Wildapfel-Plantagen) notwendig. Wegen der Hybridisierungsgefahr sind sie abseits von Kulturobstanbauten zu begründen. Neben dem Gesichtspunkt der Generhaltung stellen sie eine wichtige Quelle für die Erzeugung qualitativ hochwertigen Saatgutes dar, das jährlich und kontrolliert gewonnen werden kann.

Die Förderung des Wildapfels sollte zudem als fester Bestandteil in eine naturnahe Waldwirtschaft integriert werden. In die Forstbetriebspläne (zum Beispiel Forsteinrichtung) sind alle waldbaulichen Erhaltungsmaßnahmen für den Wildapfel explizit aufzunehmen und regelmäßig zu überprüfen. Bäume im Bestand sollten dauerhaft markiert und Verbreitungskarten auf Revierebene erstellt werden. Nur so kann eine nachhaltige Sicherung des Wildapfel-Bestands gewährleistet werden. Zudem sollten geeignete größere Populationen als Generhaltungsbestände ausgewiesen werden.

Literatur

Albrecht, L. (1987): Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Vielfalt seltener Baumarten in Hessen. Der Forst- und Holzwirt, Nr. 8.

Albrecht, L. (1999): Die Wildbirne im Bereich des Forstamtes Uffenheim. LWF-Wissen 23 Beiträge zur Wildbirne, S. 27–32

BayStMELF – Bayerisches Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten (1986): Förderung seltener und gefährdeter Bäume und Sträucher im Staatswald. 127 S. + Anlagen

Bornmann, L.; Waltman, L. (2011): The detection of »hot regions« in the geography of science: A visualization approach by using density maps. ArXiv:1102.386

Kätzel, R.; Maurer, W. D.; Konnert, M.; Scholz, F. (2005): Genetisches Monitoring in Wäldern. Forst und Holz 5, S. 179–183

Kätzel, R.; Schulze, T.; Becker, F.; Schröder, J.; Riederer, J.; Kamp, Th.; Wurm, A.; Huber G. (2011): Seltene Baumarten in Deutschland – Erfassung und Erhaltung. AFZ/Der Wald 19, S. 37–39

Kätzel, R.; Schulze, T.; Schröder, J. (2013): Der Wild-Apfel in Deutschland. AFZ/Der Wald 12, S. 7–10

Paul, M.; Hinrichs, T.; Jansen, A.; Schmitt, H.-P.; Soppa, B.; Stephan, B. R.; Dörflinger, H. (2010): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Aktualisierte Auflage, 83 S.

Roloff, A. (2001): Baumkronen – Verständnis und praktische Bedeutung eines komplexen Naturphänomens. Verlag E. Ulmer, Stuttgart, 164 S.

Schröder, J.; Kätzel, R.; Schulze, T.; Kamp, T.; Huber, G.; Höltken, A.; Steiner, W.; Konnert, M. (2013): Seltene Baumarten in Deutschland – Zustand und Gefährdung. AFZ/Der Wald 12, S. 4–6

Schulze, T.; Schröder, J.; Kätzel, R. (2013): Endbericht zum Projekt »Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland«, Teillos 2: Wild-Apfel (*Malus sylvestris*) und Wild-Birne (*Pyrus pyraeaster*), Berichtsteil Wild-Apfel. Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (Hrsg.), 126 S.

Wagner, I. (2005): *Malus sylvestris* (L.) Mill., 1768. In: Enzyklopädie der Holzgewächse, 42. Erg. Lfg.

Keywords: *Malus sylvestris*, assemblages, genetics, preservation strategies, Germany, gene-preservation, gene center, genetic diversity, genetic resources, endangered tree species, biological diversity, silviculture, red listed species

Summary: The crab apple is a very endangered tree species in Germany. In the context of an gene-preservation project altogether 5641 trees could be recorded out in the nature. The main emphasis of the crab apple incidences is Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern and Niedersachsen. In Bavaria there were only mapped three incidences with altogether 40 individuals. 783 trees have been examined genetically with regard to their species belonging and to enclose the wild form and cultivars. A bundle of different preservation strategies shall preserve the gene pool of the crab apple with *In-Situ* and *Ex-Situ* measures.
