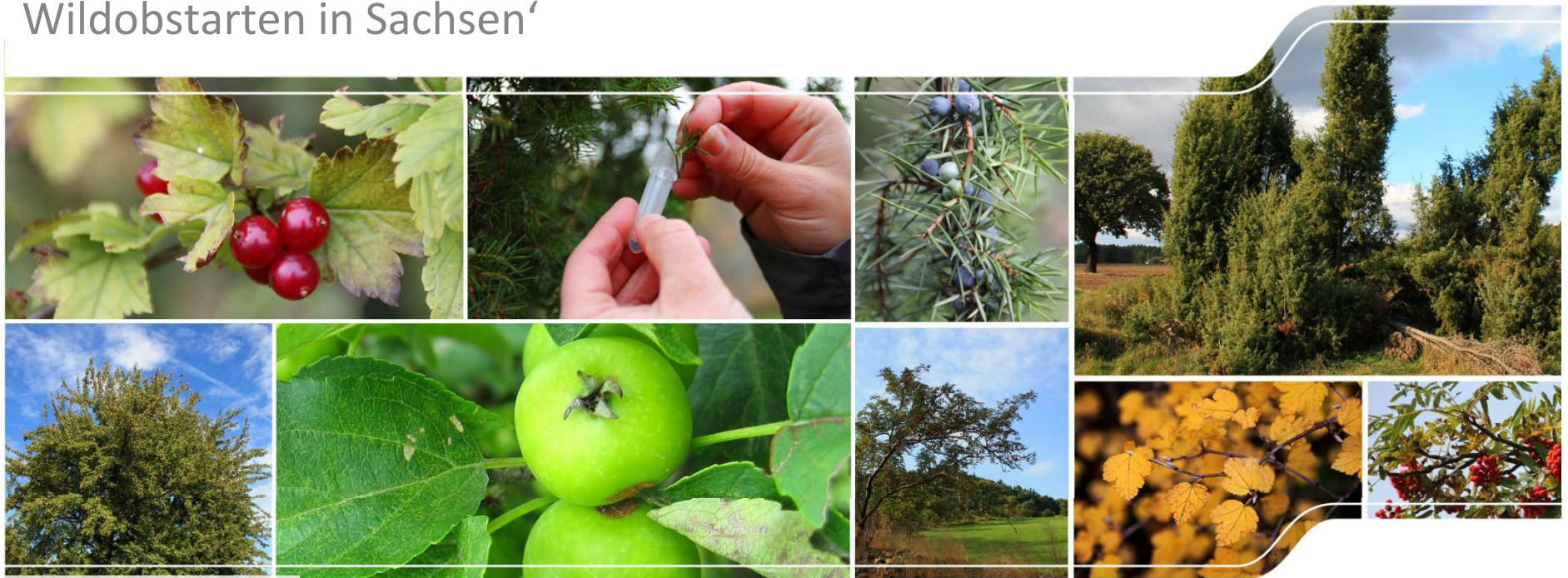


Was sagen uns genetische Marker über gebietseigene Wildobstarten?

„Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen“



Gefördert durch:



Bundesministerium
für Ernährung
und Landwirtschaft

aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages



Bundesministerium
für Ernährung
und Landwirtschaft



Sachsenforst



Überblick

- Zielstellung
- Was ist ein Marker?
- Genetische Analyse
- Genetische Untersuchung der Wildobstarten
- Ergebnisse
- Zusammenfassung und Ausblick
- Weitere Arbeiten im Wildobstprojekt

- ❖ **Identifizierung von Hybriden und Klonen** innerhalb einer Population
 - Wie viele ‚artreine‘ und genetisch unterschiedliche Individuen sind in dem Vorkommen vorhanden?

- ❖ **genetischen Diversität** innerhalb einer Population
 - Sind genügend Individuen in dem Vorkommen vorhanden, um die Population langfristig aufrecht zu erhalten?



- ❖ **genetische Unterschiede** innerhalb einer Art aus verschiedenen Populationen
 - Gibt es eine populationspezifische genetische Ausstattung, die erhalten werden sollte?
- ❖ **Pollenflug** am Modell Wildapfel, Wacholder und Alpen-Johannisbeere
 - Wie groß ist die räumliche Ausdehnung von Populationen?
 - Gefahr von Einkreuzungen anderer Arten?



Was ist ein Marker?

➤ eindeutig identifizierbares und bekanntes Merkmal

- Morphologische Marker (z.B. Blatt- und Fruchtmerkmale)
- Biochemische Marker (z.B. Isoenzyme)
- Genetische Marker (z.B. Mikrosatelliten, SNP, AFLP)



Mikrosatelliten

- Sehr variabel
- In großer Anzahl im Genom vorhanden
- Neutraler Marker (kodiert nicht für ein Protein)

1. GTAGTAGTAGTAGTAGTA
2. GTAGTAGTAGTAGTAGTA
3. GTAGTAGTAGTAGTAGTAGTA
4. GTAGTAGTAGTAGTAGTAGTA

Unterschiedliche Anzahl an
Wiederholungen

Genetische Analyse: Durchführung

STAATSBETRIEB
SACHSENFORST



Freistaat
SACHSEN



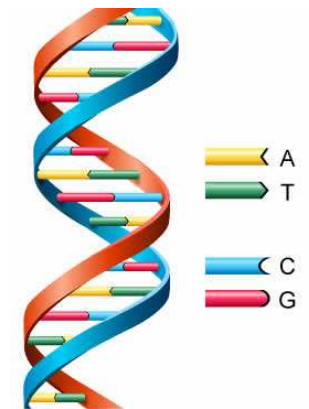
Strauch



Probenahme



DNA



Visualisierung der
Sequenzabschnitte

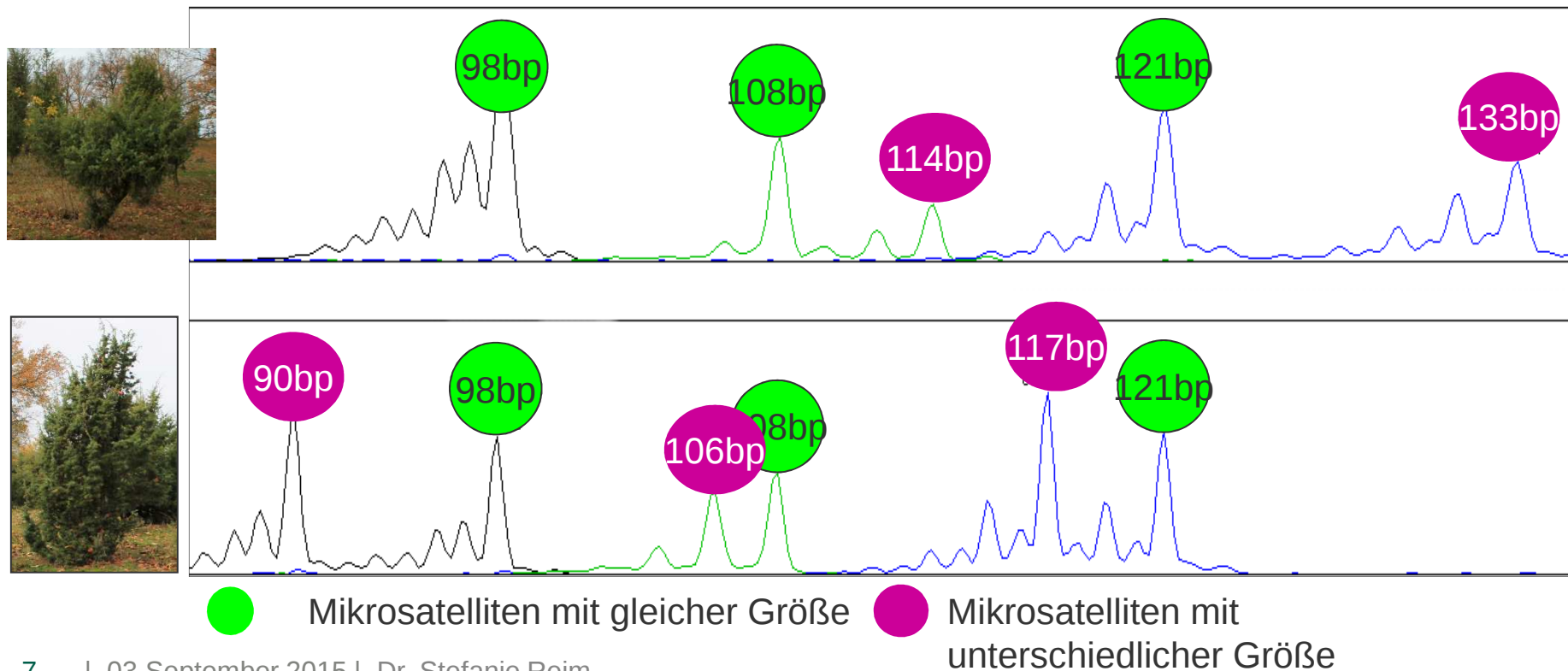


Vervielfältigung eines
DNA-Abschnittes
(Mikrosatelliten-Sequenz)



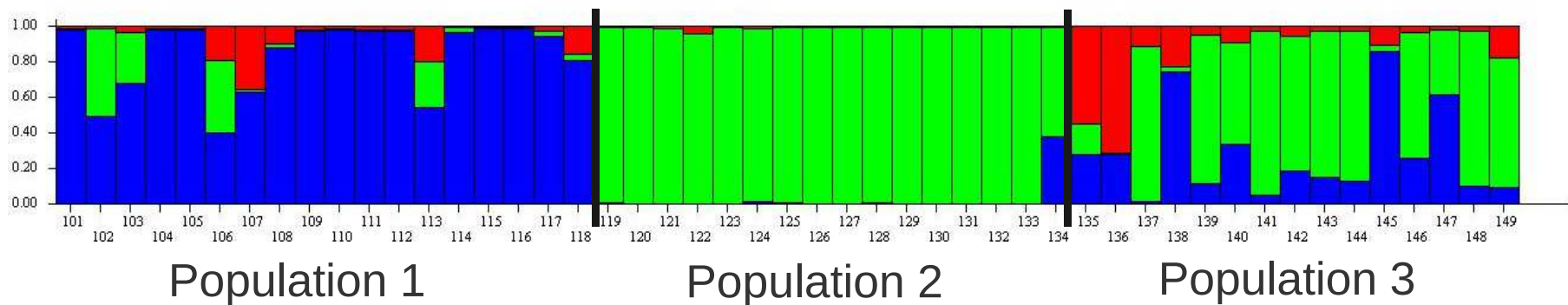
Ergebnis der genetischen Analyse

z.B. 3 Mikrosatelliten-Marker = Marker 1
Marker2
Marker 3



Genetische Analyse: **Auswertung** der genetischen Daten

- Auf Basis der **Allel-Anzahl, homozygoter und heterozygoter Allele** sowie **gemeinsamer und unterschiedlicher** Allele werden populationsgenetische Parameter ermittelt:
 - ✓ Genetische Diversität
 - ✓ Inzucht innerhalb Population
 - ✓ Genetische Differenzierung von Populationen aus verschiedenen Regionen



Genetische Analyse der Wildobstarten

Art	Befruchtungs- system	Anzahl sächsische Vorkommen	Anzahl sächsische Individuen
<i>Ribes alpinum</i>	Zweihäusig, Insektenbestäuber	6	362
<i>Juniperus communis</i>	Zweihäusig, Windbestäuber	7	404
<i>Pyrus pyraster</i>	Einhäusig, Insektenbestäuber	8	313
<i>Sorbus aucuparia</i>	Einhäusig, Insektenbestäuber	13	474
<i>Malus sylvestris</i>	Einhäusig, Insektenbestäuber	7	299
Gesamtanzahl		41	1852

Genetische Analyse der Wildobstarten: **Ergebnisse**

❖ **Identifizierung von Hybriden und Klonen** innerhalb einer Population

- Wildapfel und Wildbirne: 17,3 % bzw. 14 % keine echten Wildformen
- Wildbirne: 9 % der Pflanzen genetisch identisch (Klone)
- Alpen-Johannisbeere: 31% der Pflanzen genetisch identisch (Klone)
- Gemeiner Wacholder und Gemeine Eberesche: weder Klone noch Hybride nachgewiesen



➡ **Berücksichtigung der artspezifischen Eigenschaften**

Genetische Analyse der Wildobstarten: Ergebnisse

❖ genetischen Diversität innerhalb einer Population

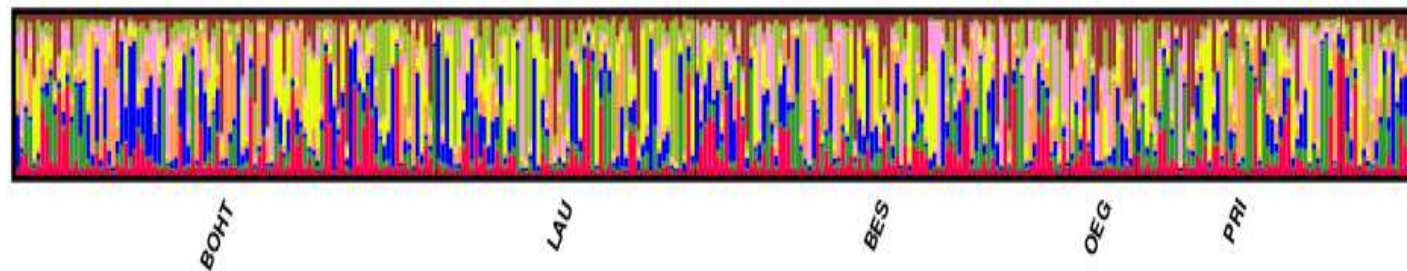
Art	Genetische Diversität
Wildapfel	hoch
Wildbirne	hoch
Gemeine Eberesche	sehr hoch
Gemeiner Wacholder	sehr hoch
Alpen-Johannisbeere	gering

- Bei den meisten Arten z. Z. noch genügend Individuen für die Aufrechterhaltung der Population vorhanden
- **Aber:** Abnahme der genetischen Diversität durch fehlende Naturverjüngung und Lebensraumverlust zu erwarten

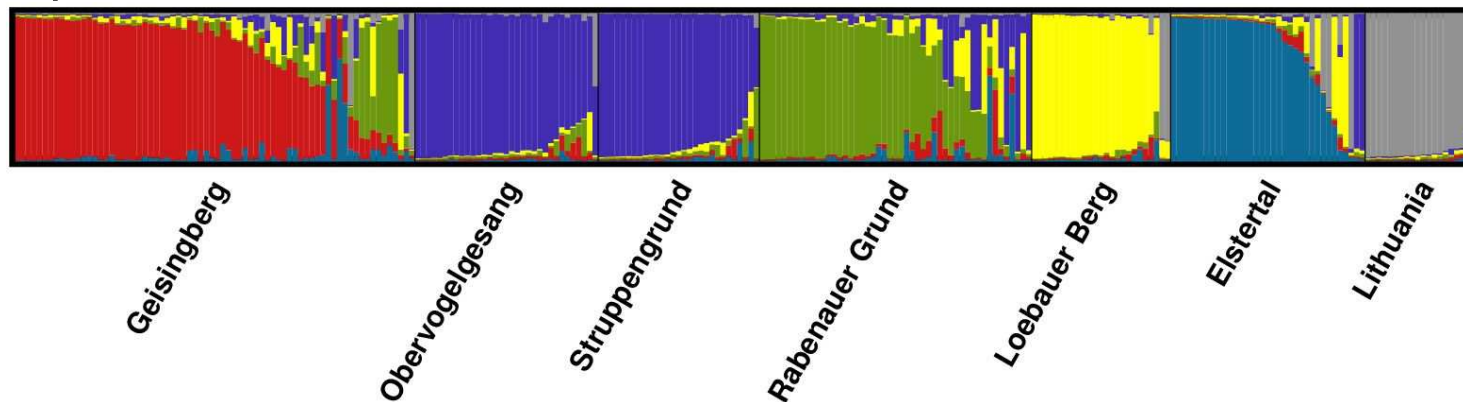
Genetische Analyse der Wildobstarten: Ergebnisse

- ❖ **genetische Unterschiede** innerhalb einer Art aus verschiedenen Populationen

Gemeiner Wacholder



Alpen-Johannisbeere



Genetische Analyse der Wildobstarten: Ergebnisse

❖ genetische Unterschiede innerhalb einer Art aus verschiedenen Populationen

Art	Genetischer Unterschied
Wildapfel	gering-mittel
Wildbirne	gering-mittel
Gemeine Eberesche	gering-mittel
Gemeiner Wacholder	sehr gering
Alpen-Johannisbeere	hoch

- Eine populationsspezifische genetische Ausstattung ist vorwiegend gering ausgeprägt
- Für Aussagen über eine Anpassung an regionale Gegebenheiten sind weiterführende Analysen notwendig
 - Phänologische Aufnahmen
 - Genexpressionsanalysen

Genetische Analyse der Wildobstarten: Ergebnisse

STAATSBETRIEB
SACHSENFORST

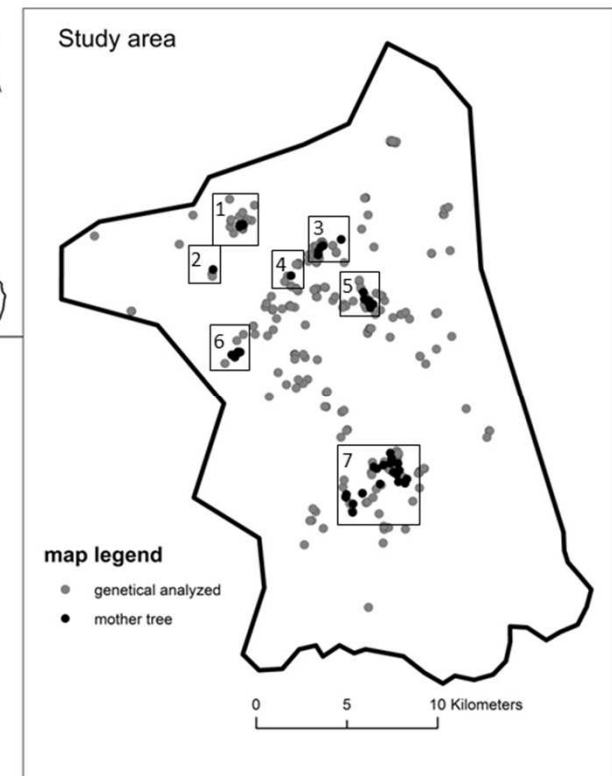


❖ **Pollenflug** am Modell Wildapfel

- Wie groß ist die räumliche Ausdehnung von Populationen?
- Gefahr von Einkreuzungen anderer Arten?

7 Erntegebiete

- 51 Mutterbäume
- 297 potentiellen Väter
- 21 Kultursorten als Referenz
- 213 Sämlinge aus freier Abblüte



Genetische Analyse der Wildobstarten: Ergebnisse

Pollenflug am Modell Wildapfel

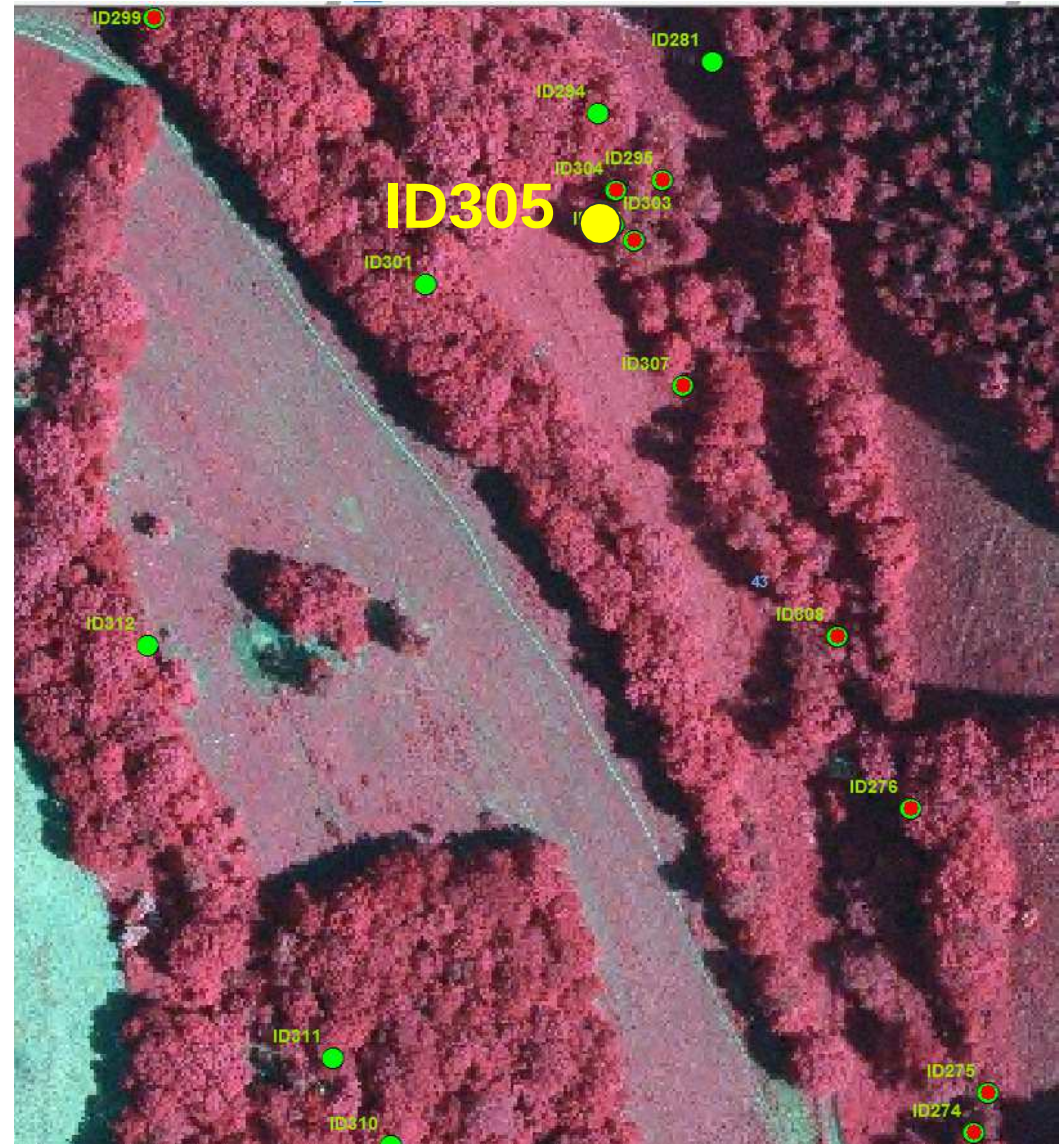
- Vergleich des genetischen Musters mit dem der Mutter und potentiellen Vätern
- Statistische Berechnung der wahrscheinlichen Väter mit einem Softwareprogramm
- Bestimmung der Entfernung von Mutter und Vaterbaum = Pollentransportdistanz

Mutterbaum			
150		172	
Sämling 1		Sämling 2	
172	165	150	140
Pot. Vater 1		Pot. Vater 2	
140	130	135	165
Pot. Vater 3		Pot. Vater 4	
135	130	180	145

Genetische Analyse der Wildobstarten: Ergebnisse

4. Pollenflug am Modell Wildapfel

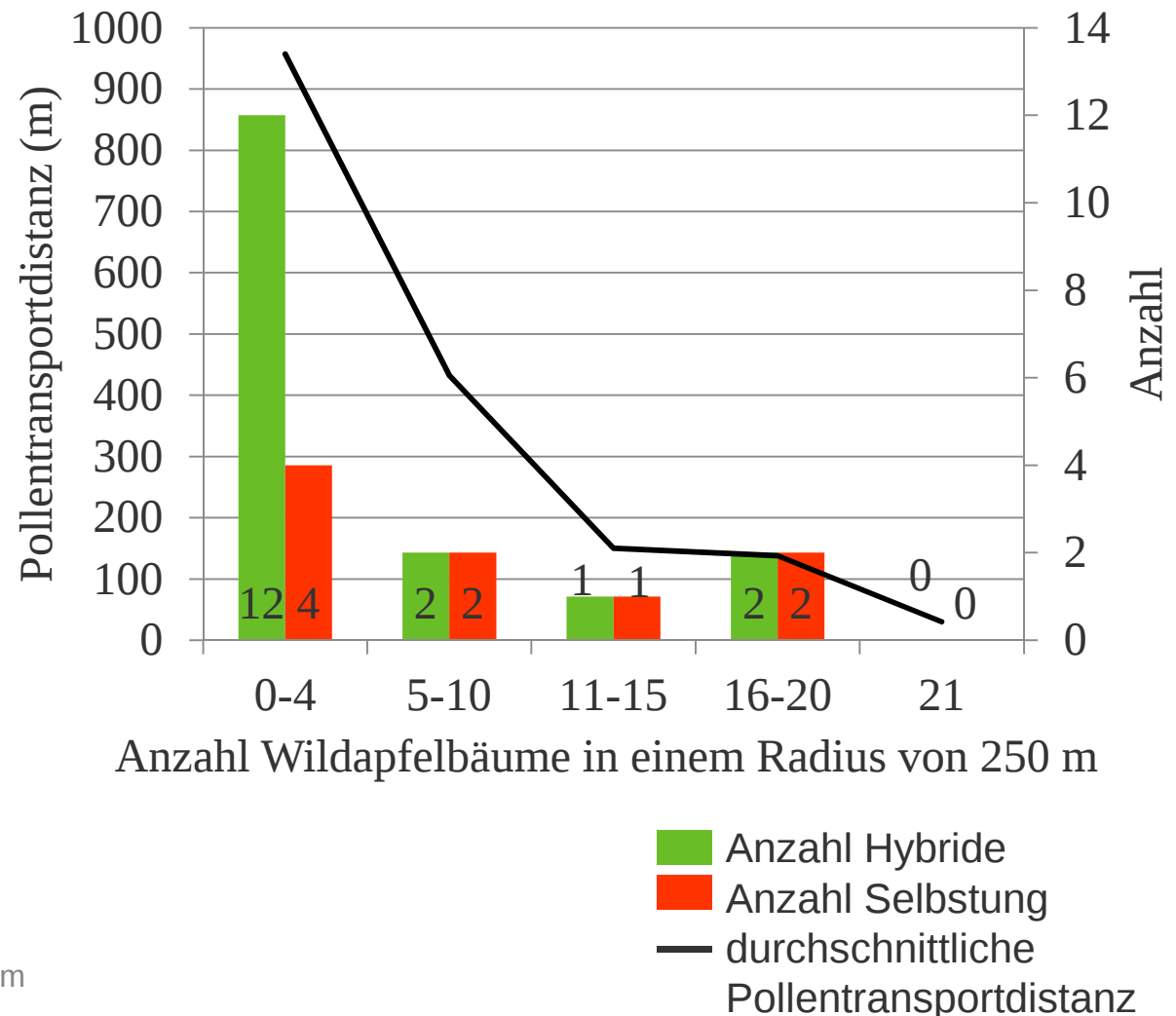
Sämling	Identifizierter Vater	Entfernung zwischen Mutter- und Vaterbaum (m)
ID305_01	ID303	6
ID305_02	ID019	3345
ID305_05	ID303	6
ID305_06	ID303	6
ID305_07	ID294	46
ID305_11	ID307	40
ID305_15	ID308	114
ID305_16	ID304	13
ID305_20	ID714	5622



Genetische Analyse der Wildobstarten: Ergebnisse

4. Pollenflug am Modell Wildapfel

- 42,4 % des Pollentransports < 50m
- Höchster nachgewiesener Pollentransport 11km
- Ø 8 % Hybridisierung mit Kulturapfel
- Je mehr Bäume in einer Gruppe stehen, desto weniger weit wird der Pollen transportiert



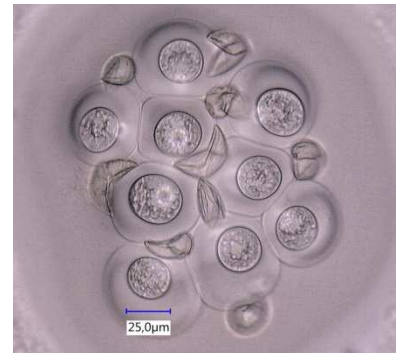
Genetische Analyse der Wildobstarten: **Zusammenfassung und Ausblick**

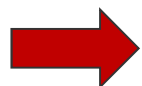


- Anteil der Hybriden und Klone in den Vorkommen gering
- Je mehr Bäume im Bestand desto geringer die Gefahr einer Kreuzung mit Kultursorten
- Genetische Diversität in der Regel hoch, variiert aber je nach Modellart
- Genetische Unterschiede zwischen den Populationen bei den meisten Modellarten gering ausgeprägt
 - Untersuchung regionaler Anpassung anhand von phänologischen Aufnahmen
 - Genetische Analyse spezifischer Gene für Blattaustrieb und Blühbeginn

Weitere Arbeiten im Wildobstprojekt beim Sachsenforst

- Saatgutprüfung und Stratifikation
- Aussaat und Steckholzvermehrung
- Anzucht von Pflanzenmaterial
- Reiserschnitt und Veredelung
- Anlage von Versuchsflächen für phänologische Untersuchungen
- Anlage von Samenplantagen



 Exkursion: Beginn 13. 45h im Staatsbetrieb Sachsenforst in Graupa

Vielen Dank für ihre Aufmerksamkeit!

