

Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland

Endbericht

„Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland“, Teillos 4: Grauerle (*Alnus incana*), Grünerle (*Alnus viridis*) und Traubenkirsche (*Prunus padus*).

AZ 114-02.05-20.0074/09-E – Los 4

Untersuchungen zur Grau-Erle (*Alnus incana*)



Teisendorf, 05.03.2013

„Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland“, Teillos 4: Grauerle (*Alnus incana*), Grünerle (*Alnus viridis*) und Traubenkirsche (*Prunus padus*)

AZ 114-02.05-20.0074/09-E – Los 4

Untersuchungen zur Grau-Erle (*Alnus incana*)

Berichtszeitraum: 15.03.2010 – 06.11.2012

Laufzeit: 15.10.2009 – 31.03.2013

Endbericht

Teisendorf, 05.03.2013

Auftraggeber:



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE)
Deichmanns Aue 29
53179 Bonn

Mit Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft
und Verbraucherschutz (BMELV)

Auftragnehmer:



BAYERISCHE 
FORSTVERWALTUNG

Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht
Forstamtsplatz 1
83317 Teisendorf

Projektleitung:	Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde Prof. Dr. habil. Ralf Kätzel
Gesamtkoordination:	Humboldt-Universität zu Berlin Dr. Jens Schröder
Koordination Los 4:	Bayerisches Amt für forstliche Saat-und Pflanzenzucht Forstoberrat Gerhard Huber
Bericht/Auswertung:	Bayerisches Amt für forstliche Saat-und Pflanzenzucht Gerhard Huber, Andreas Wurm
Genetische Analysen:	Bayerisches Amt für forstliche Saat-und Pflanzenzucht Dr. Monika Konnert, Dr. Barbara Fussi
Datenmanagement:	IDaMa GmbH Freiburg Jürgen Kayser
Kartierung/Probenahme: Bayern	Bayerisches Amt für forstliche Saat-und Pflanzenzucht Andreas Wurm Forstbüro Ostbayern Sepp Riederer, Markus Fritsch, Otfried Horn
Kartierung/Probenahme: Baden-Württemberg	Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Freiburg Manuel Karopka, Thomas Weich
Kartierung/Probenahme: Brandenburg	Forstbüro Lausitz Marius Schuster
Kartierung/Probenahme: Hessen Niedersachsen Schleswig-Holstein Sachsen-Anhalt	Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt Claudia Quandt Bernhard Hosius
Kartierung/Probenahme: Mecklenburg-Vorpommern	Partnergemeinschaft Waldkonzepte Kay Hagemann, Michael Pohlens
Kartierung/Probenahme: Nordrhein-Westfalen	Forst-Planungsbüro Köln Michael Pelzer, Norbert Glieden, Thomas Kamp
Kartierung/Probenahme: Rheinland-Pfalz Saarland	Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Trippstadt Patrick Lemmen
Kartierung/Probenahme: Sachsen	Staatsbetrieb Sachsenforst Lutz Weinbrecht

Inhalt

1	Einleitung.....	11
1.1	Ökologie und Verbreitung	11
2	Ziele und Aufgabenstellung des Projektes.....	13
2.1	Ablauf und Planung des Projektes.....	13
2.1.1	Weiterentwicklung der Datenbank.....	15
2.1.2	Erfassung von Vorkommen	15
2.1.3	Schematische Übersicht des Projektverlaufes	16
2.2	Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde.....	16
3	Material und Methoden.....	17
3.1	Projektmanagement	17
3.2	Datenrecherche	18
3.3	Auswertung der Quellenabfrage	18
3.4	Kartierung	19
3.5	Datenbank und GIS-Anwendungen.....	20
3.6	Auswertung der Datenbank	23
3.6.1	Schutzstatus.....	23
3.6.2	Abundanz.....	23
3.6.3	Altersstruktur	24
3.6.4	Vitalität	25
3.6.5	Demografische Strukturen	25
3.6.6	Ermittlung der Erhaltungsfähigkeit nach phänotypischen Kriterien.....	25
3.6.7	Dichteanalysen	26
3.6.8	Bundeswuchsgebiete	26
3.6.9	Potentielle natürliche Vegetation	26
3.6.10	Naturverjüngung	27
3.7	Auswahl von Genobjekten für die genetischen Analysen	27
3.8	Beprobung ausgewählter Genobjekte.....	27
3.9	Genetische Untersuchung.....	29
3.9.1	Probenmaterial	29
3.9.2	Methodische Details zur Isoenzymanalyse.....	29
3.9.3	Parameter zur Beschreibung der genetischen Variation	29
3.10	Statistische Auswertungen	30
4	Darstellung der wichtigsten Ergebnisse	31
4.1	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen.....	31
4.1.1	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten.....	37

4.1.2	Potentielle natürliche Vegetation	42
4.2	Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl	44
4.2.1	Abundanz.....	45
4.3	Durchmesserstruktur und Altersstruktur	45
4.3.1	Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen	45
4.3.2	Altersstrukturqualitätsklassen	48
4.4	Vitalitätsstufen.....	48
4.5	Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen	52
4.6	Naturverjüngung	53
4.7	Eigentumsverhältnisse.....	56
4.8	Schutzstatus und Höhenlage.....	59
4.9	Anteil der Zielbaumart.....	60
4.10	Flächengröße.....	62
4.11	Individuen mit großen Durchmessern.....	63
4.12	Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen.....	64
4.12.1	Allelhäufigkeiten.....	64
4.12.2	Genetische Variation innerhalb der Vorkommen.....	68
4.12.3	Genetische Abstände und Differenzierung zwischen den Populationen der Grau-Erlen.....	70
4.12.4	Schlussfolgerungen für Erhaltungsstrategien bei der Grau-Erle aus genetischer Sicht.....	71
5	Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse.....	72
5.1	Bewertung nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit	72
5.2	Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen.....	81
5.3	Schlussfolgerung mit dem Ziel der Politikberatung.....	81
6	Zusammenfassung.....	82
7	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen ...	83
8	Literatur.....	84
9	Anhang Inhalt.....	86

Abbildungsverzeichnis:

Abbildung 1: Europäischer Teil des Verbreitungsgebietes von *Alnus incana* (Quelle: Enzyklopädie der Holzgewächse, Schütt.)..... 12

Abbildung 2: Schematische Darstellung der Projektstruktur (Quelle: LFE) 17

Abbildung 3: Eingabemaske zur Erfassung der erhobenen Daten (Erfassungsbogen) 21

Abbildung 4: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Abundanzklassen in der MS-Access Routine „fgr_auswertung.mdb“ 22

Abbildung 5: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Altersstrukturklassen in der MS-Access Routine „fgr_auswertung.mdb.“ 22

Abbildung 6: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Erhaltungsfähigkeit in der MS-Access Routine „fgr_auswertung.mdb.“ 23

Abbildung 7: Einteilung und Bewertung der Qualitätsklassen der Altersstrukturen anhand der Durchmesserstufen 24

Abbildung 8: Beispiel für Alterspyramiden 25

Abbildung 9: Genetisch beprobte Vorkommen der Grau-Erle in Deutschland..... 28

Abbildung 10: Darstellung eines BoxPlot (auch Box-Whisker-Plot) mit Benennung der Kernwerte. Zusätzlich ist der Mittelwert des Datensatzes angegeben. 30

Abbildung 11: Anzahl der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen nach Bundesländern 32

Abbildung 12: Anzahl der kartierten Grau-Erlen nach Bundesländern 32

Abbildung 13: Genobjektklassen der Grau-Erlen-Vorkommen der Bundesländer und Anzahl der Grau-Erlen 33

Abbildung 14: Lage der kartierten Grau-Erlen-Bestände mit Größenklassen der kartierten Baumzahlen. 34

Abbildung 15: Kartierte Vorkommen der Grau-Erle (Vorkommens-Klassen) und deren Höhenlage 36

Abbildung 16: Anzahl der kartierten Grau-Erlen-Bestände bezogen auf die Fläche (je 1.000 km²) der Bundesländer 37

Abbildung 17: Anzahl der kartierten Grau-Erlen bezogen auf die Fläche (je 1.000 km²) der Bundesländer 37

Abbildung 18: Anzahl der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen in den Bundeswuchsgebieten..... 38

Abbildung 20: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen..... 42

Abbildung 21: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen..... 43

Abbildung 22: Durchschnittliche Baumzahl der Grau-Erlen-Vorkommen pro Bundesland 44

Abbildung 23: Durchschnittliche Flächengröße der Grau-Erlen-Vorkommen pro Bundesland 44

Abbildung 24: Grau-Erlen-Baumzahlen der drei Durchmesserstufen in Deutschland	45
Abbildung 25: Altersstrukturpyramide der Durchmesserstufen der Grau-Erle im Bundesgebiet.....	46
Abbildung 26: Grundtypen (Altersstrukturen) der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen und deren Häufigkeit in Deutschland.....	46
Abbildung 27: Prozentuale Verteilung der drei Durchmesserstufen der Grau-Erlen in den Bundesländern	47
Abbildung 28: Anteile der Vitalitätsstufen der Grau-Erle in Deutschland in Prozent	49
Abbildung 29: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen bei der Grau-Erle in den Bundesländern ...	49
Abbildung 30: Verteilung der durchschnittlichen Vorkommens-Vitalität der Grau-Erlen-Vorkommen .	50
Abbildung 31: Durchschnittliche Vitalität der Grau-Erlen-Vorkommen.....	51
Abbildung 32 Vitalitätsanteile in den Durchmesserklassen der Grau-Erle	52
Abbildung 33 Durchmesserverteilung in den Vitalitäts-stufen der Grau-Erlen	52
Abbildung 34: Anteile der Grau-Erlen-Vorkommen mit Naturverjüngung.....	53
Abbildung 36: Grau-Erlen-Vorkommen mit Verjüngung kleiner als 1,50 m	55
Abbildung 37: Verteilung der Grau-Erlen-Vorkommen nach Eigentumsart in Deutschland	56
Abbildung 38: Prozentuale Verteilung der Grau-Erlen-Bestände auf die Eigentumsarten in den Bundesländern	57
Abbildung 39: Eigentumsarten der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen in Deutschland	58
Abbildung 40: Anzahl der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen in Deutschland in Gebieten mit Schutzstatus.....	59
Abbildung 41: Höhenlagen der Grau-Erlen-Vorkommen.....	60
Abbildung 42: Anteil Zielbaumart Grau-Erle in Prozent	61
Abbildung 43: Flächengrößen der Grau-Erlen-Vorkommen	62
Abbildung 44: Vorkommen mit starken Grau-Erlen (BHD>40 cm)	63
Abbildung 45: Allelhäufigkeiten am Genort MDH-C.....	65
Abbildung 46: Allelhäufigkeiten am Genort PGM-A.....	65
Abbildung 47: Allelhäufigkeiten am Genort MDH-C bei der Grau-Erle	66
Abbildung 48: Allelhäufigkeiten am Genort PGM-A bei der Grau-Erle	67
Abbildung 49: Beobachtete (hellgrün) und erwartete (blau) Heterozygotie in den untersuchten Grau-Erlen-Vorkommen	70
Abbildung 50: Differenzierungswerte (Dj) der untersuchten Grau-Erlen-Populationen. Die rote Linie zeigt die mittlere Differenzierung aller Populationen mit $\delta = 4,9\%$ an	71

Abbildung 51: Bewertungsparameter zur Bestimmung des Grades der Erhaltungsfähigkeit und der Erhaltungsdringlichkeit (Quelle: LFE)	73
Abbildung 52: Stufen der Erhaltungsfähigkeit mit den Anteilen der Grau-Erlen-Vorkommen im Bundesgebiet	74
Abbildung 53: <i>In-situ</i>-Erhaltungsfähigkeit der Grau-Erlen-Vorkommen in den Bundesländern (in Prozent).....	74
Abbildung 54: <i>In-situ</i>-Erhaltungsfähigkeit der Grau-Erlen-Vorkommen der Bundesländer (Anzahl)	75
Abbildung 55: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Grau-Erlen-Vorkommen im Bundesgebiet	76
Abbildung 56: Kerneldichtendarstellung der Grau-Erlen-Vorkommen mit einem Radius von 5 km	78
Abbildung 57: Darstellung der Kerneldichte ohne Berücksichtigung der Baumzahl.(5 km Radius)	79
Abbildung 58 Genzentren der Grau-Erle in der Bundesrepublik Deutschland auf Grundlage von Kerneldichten	80
Abbildung 59: Einstellungen des GPS-Empfängers, hier Garmin eTrex-Reihe im UTM Format.....	90
Abbildung 60: Anzahl der kartierten Grau-Erlen-Baumzahlen nach Bundesländern.....	99
Abbildung 61: Flächengröße der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen nach Bundesländern	100
Abbildung 62: Grau-Erlen-Baumzahlen pro Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern	101
Abbildung 63: Verteilung der mittleren Vorkommensvitalität der Grau-Erlen-Vorkommen in den Bundesländern	102

Tabellenverzeichnis:

Tabelle 1: Übersicht der Arbeitsschritte im Projektverlauf 16

Tabelle 2: Übersicht der verwendeten Abundanzklassen und zugeordneten Individuenzahlen für die Grau-Erle..... 24

Tabelle 3: Gesamtbewertung der Vorkommen der Grau-Erle..... 26

Tabelle 4: In Graphiken und Tabellen verwendete Kürzel für die Bundesländer (BL) und die Bundesrepublik Deutschland, sowie die für Berechnungen verwendeten Landesflächen. 31

Tabelle 5a: Kennzahlen der Grau-Erlen-Vorkommen in Deutschland..... 35

Tabelle 5: Anzahl der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen und Anzahl der kartierten Grau-Erlen in den Bundeswuchsgebieten..... 41

Tabelle 6: Verteilung der Grau-Erlen-Vorkommen in den Abundanzstufen 45

Tabelle 7: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen der (<7 cm, 7-20 cm, >20 cm) der Grau-Erlen in den kartierten Vorkommen 48

Tabelle 8: Häufigkeiten der Vorkommen in den Altersstrukturqualitätsklassen der kartierten Grau-Erlen-Bestände in Deutschland..... 48

Tabelle 9: Populationsgenetische Parameter für die 26 Grau-Erlenvorkommen im Vergleich 69

Tabelle 10: Genzentren und Teilbereiche der Grau-Erle 77

Tabelle 11: Kennziffern der Bundesländer 89

1 Einleitung

Das Jahr 2010 wurde von den Vereinten Nationen zum Internationalen Jahr der Biodiversität und das Jahr 2011 mit der Resolution 61/193 zum Internationalen Jahr der Wälder erklärt. Die Jahre 2011 bis 2020 sind als internationale UN-Dekade Biologische Vielfalt ausgerufen worden.

Waldökosysteme sind für die biologische Vielfalt von besonderer Bedeutung unter anderem als Lebensgrundlage für zahlreiche Arten, als Kohlenstoffdioxid-Senke, als Speicher für Niederschlagswasser oder für die Bereitstellung des nachwachsenden Rohstoffes Holz und wichtiger Sozialleistungen. Die Erfüllung dieser Funktionen bedarf eines stabilen, funktionsfähigen und somit artenreichen Ökosystems. Die nachhaltige Forstwirtschaft ist auf struktur- und artenreiche Lebensräume, auf eine große genetische Vielfalt der Waldbäume und Waldökosysteme angewiesen, da nur so die notwendige Stabilität und die Funktionen der Wälder auch in Zukunft erhalten und gesichert werden können. Eine möglichst große genetische Vielfalt wird den heutigen Ansprüchen und Bedürfnissen künftiger Generationen unter sich ändernden Umweltbedingungen am ehesten gerecht.

Die - aus forstlicher Sicht - Nebenbaumarten tragen in besonderem Maße zu dieser Vielfalt bei und besetzen wichtige ökologische Nischen. Auf diese Weise leisten sie ihren Beitrag zur Stabilität der Waldökosysteme. Andererseits sind seltene Baumarten häufig gefährdet durch Bestockungswandel, Verlust von Lebensräumen oder Änderung der Bewirtschaftungsformen. Das Wissen über diese Baumarten ist zudem oft unvollständig. Bisherige Arbeiten haben ihren Fokus auf regionale Vorkommen ausgerichtet, eine bundesweite Erfassung sowie eine Dokumentation der genetischen Ressourcen nach einheitlichen Kriterien sowie eine Zusammenstellung des Kenntnisstandes der untersuchten Baumarten fehlen.

Aus diesem Grund hat die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Auftrag des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) das Vorhaben „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener Baumarten in Deutschland“ initiiert und vergeben. Dieses Projekt soll einen Beitrag leisten, die genetischen Ressourcen der zehn ausgewählten Baumarten zu erhalten und zu fördern.

In dem Verbundvorhaben „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland“ unter Beteiligung mehrerer Fachinstitutionen in Deutschland war das Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) Koordinator für die Baumarten Grau-Erle (*Alnus incana*), Grün-Erle (*Alnus viridis*) und Trauben-Kirsche (*Prunus padus*).

Im vorliegenden Bericht sind die Ergebnisse zur Grau-Erle dargestellt.

1.1 Ökologie und Verbreitung

Alnus incana ist eine sommergrüne, bestandesbildende Baumart, die in Mittel- und Nordeuropa sowie in Osteuropa häufig vertreten ist. Sie ist anspruchslos und frosthart, wächst anfangs rasch, ist aber kurzlebig und erreicht nur selten eindrucksvolle Dimensionen. Die Bedeutung der Grau-Erle liegt weniger im forstlichen Bereich, sondern in ihrer Fähigkeit zur

Bodenmelioration durch Bindung von Luftstickstoff und zur Befestigung rutschgefährdeter Hänge und Böschungen sowie in ihren ökologischen Funktionen als Bestandteil der Auwälder. *Alnus incana* ist von Natur aus häufig auf kalkhaltigen Kies- und Schotterterrassen der Alpenflüsse anzutreffen. Die Art bildet reichlich Stockausschläge und Wurzelbrut und kann daher gut im Niederwaldbetrieb bewirtschaftet werden.

Ihr Areal reicht im Süden bis zu dem nördlichen Apennin, über die Gebirge des Balkan bis zum Kaukasus. In Skandinavien liegt die Nordgrenze der Verbreitung bei 70° 30' nördlicher Breite. Weniger eindeutig ist der Verlauf der westlichen Verbreitungsgrenze, da Grau-Erlen seit langem in Westeuropa angebaut werden und häufig aus Kultur verwildert sind. Nach der natürlichen Verbreitungsgrenze fehlt die Art in Schleswig-Holstein und in der nordwestdeutschen Tiefebene. Vertreten ist sie hingegen in Mecklenburg-Vorpommern, Ost- und Westpreußen sowie Schlesien, selten aber in Sachsen. In Bayern ist sie zahlreich im Alpenvorland und in den Bayerischen Alpen (Abb. 1).

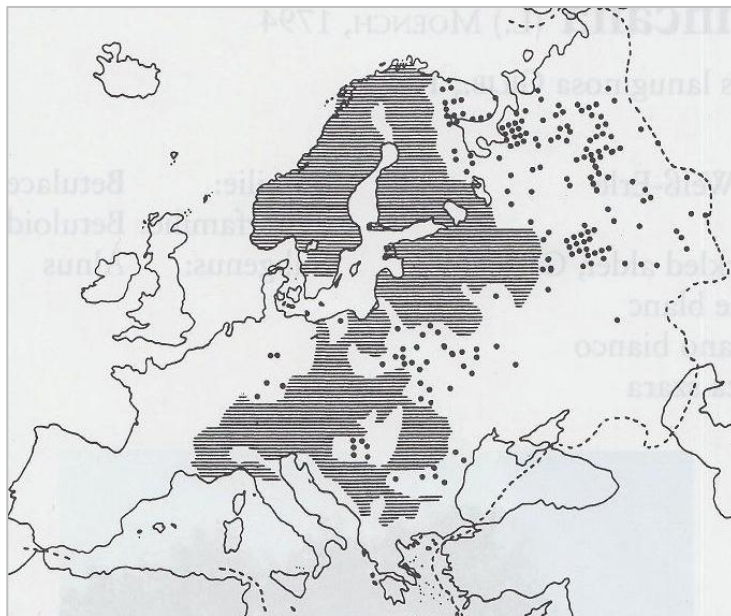


Abbildung 1: Europäischer Teil des Verbreitungsgebietes von *Alnus incana* (Quelle: Enzyklopädie der Holzgewächse, Schütt.)

Die Grau-Erle besiedelt meist Höhenlagen von 500 bis 1.400 Meter Höhe, im Osten des natürlichen Verbreitungsgebietes auch tiefere Lagen. In den Bayerischen Alpen erreicht sie Höhen bis 1.400 Meter, im Apennin und im Tessin bis 1.800 Meter und in Graubünden bis 1.850 Meter. Damit besiedelt sie höhere Lagen als die Schwarz-Erle.

Alnus incana ist eine Baumart der Flussufer. Sie begleitet Bergbäche und Bergflüsse bis in die Ebene. Weiterhin verträgt sie eine große Vielfalt von Klimabedingungen und gedeiht auch außerhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebiets gut, so im atlantischen Mitteleuropa. Sie bevorzugt gut mit Wasser versorgte Standorte, meidet aber nasse und schlecht durchlüftete Böden, die von der Schwarz-Erle besetzt werden. Sie erträgt zeitlich begrenzte Überschwemmungen.

Die Grau-Erle erreicht eine Höhe von 10 bis 15, maximal 25 Metern, sowie einen Stammdurchmesser von bis zu 50 Zentimetern. Sie ist ein- oder mehrstämmig, reich verzweigt mit dichter Krone, kann aber auch strauchförmig wachsen.

An natürlichen Standorten verjüngt sich die Grau-Erle sowohl generativ durch Samen, als auch vegetativ durch Wurzelbrut und Stockausschlag. Die reifen mit einem schmalen Flügelraum versehenen Früchte fallen während der Wintermonate aus den Zapfen und werden durch Wind (Anemochorie) und Wasser (Hydrochorie) verbreitet. Der Keimvorgang verläuft epigäisch. Grau-Erlen werden selten älter als 60 Jahre. Unter extremen Bedingungen verliert die Vermehrung durch Samen an Bedeutung, an der Waldgrenze in Skandinavien erfolgt die Verbreitung deshalb beinahe ausschließlich vegetativ.

In autochthonen Beständen der montanen Vegetationsstufe bildet *Alnus incana* die Charakterart des Alnetum incanae. Begleitet wird sie u.a. von mehreren *Salix*-Arten, von *Sorbus aucuparia*, *Populus tremula*, *Prunus padus* und *Hippophae rhamnoides*.

Als Folge des guten Stockausschlagvermögens der Grau-Erle wurde sie in den vergangenen Jahrhunderten durch die Niederwaldbewirtschaftung stark begünstigt. Im Landschaftsbau wird sie häufig zur Aufforstung von Abraumhalden und zur Stabilisierung von Hängen und Böschungen verwendet.

Das Holz der Grau-Erle ist wenig fest und wenig elastisch und in diesen Eigenschaften vergleichbar mit Lindenholz. Der Witterung ausgesetzt oder bei Kontakt mit der Erde ist es wenig dauerhaft, zeigt aber unter Wasser verbaut eine ähnlich hohe Dauerhaftigkeit wie Eichenholz. Das Holz ist einfach zu bearbeiten und kann mühelos gesägt, gemessert und geschält werden, es lässt sich gut fräsen, dreheln und schnitzen. Das Holz wird als Brennholz genutzt und als Faserholz, zur Herstellung von Spanplatten, Spanholzformteilen und Faserplatten. Es liefert ein gutes Ausgangsmaterial zur Papierherstellung, wird aber auch für Drechslerarbeiten und zur Herstellung von Spielwaren und Holzschuhen eingesetzt.

2 Ziele und Aufgabenstellung des Projektes

Die Zielstellung des Projekts ist die Erfassung, die Charakterisierung und die Dokumentation der genetischen Ressourcen der Baumarten über alle Wuchsgebiete der Bundesrepublik Deutschland sowie die Evaluierung nach den Aspekten „Erhaltungswürdigkeit“ und „Erhaltungsdringlichkeit“. Die Ergebnisse der Erfassung sollen eine geeignete Grundlage für die Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen und für ein genetisches Monitoring bilden sowie als Entscheidungshilfe für Fachbehörden im Bereich Forstwirtschaft, Natur- und Umweltschutz zur langfristigen Sicherung der Biodiversität dienen.

2.1 Ablauf und Planung des Projektes

Das Gesamtvorhaben „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener Baumarten in Deutschland“ gliedert sich in vier Lose, innerhalb derer die Baumarten Elsbeere, Eibe, Feld-Ahorn, Flaum-Eiche, Grau-Erle, Grün-Erle, Speierling, Traubenkirsche, Wild-Apfel und Wild-Birne untersucht wurden. Das Forstbüro Ostbayern, als Auftragnehmer

der Lose 1 und 3 und das Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE) sowie das Bayerische Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) in Teisendorf, als Auftragnehmer der Lose 2 und 4, haben eine enge Kooperation bei der Bearbeitung der Aufgaben vereinbart. In der Praxis ergab sich eine gute Zusammenarbeit über alle 4 Lose hinweg, bei Kartierungen, Beprobungen, Auswertung und Präsentationen/Publikationen.

Die vier Lose untergliedern sich wie folgt:

- Los 1: Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Flaum-Eiche (*Quercus pubescens*), der Elsbeere (*Sorbus torminalis*) und des Speierlings (*Sorbus domestica*) in Deutschland. Bearbeitung: Forstbüro Ostbayern
- Los 2: Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen des Wild-Apfels (*Malus sylvestris*) und der Wild-Birne (*Pyrus pyraeaster*) in Deutschland. Bearbeitung: Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde
- Los 3: Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen des Feld-Ahorns (*Acer campestre*) und der Eibe (*Taxus baccata*) in Deutschland. Bearbeitung: Forstbüro Ostbayern
- Los 4: Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Grün-Erle (*Alnus viridis*), der Grau-Erle (*Alnus incana*) und der Traubenkirsche (*Prunus padus*) in Deutschland. Bearbeitung: Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP)

Bei der Bearbeitung des Vorhabens wurde auf eine enge Orientierung an die bereits abgeschlossenen Forschungsprojekte von BMELV/BLE zu Schwarzpappel (*Populus nigra*)¹ und zu den Ulmenarten (*Ulmus spec.*)² geachtet. Ziel ist eine Vergleichbarkeit zwischen vorherigen und aktuellen Baum-Erhebungen zu erreichen.

In der Projektlaufzeit war die Datenrecherche bekannter Vorkommen der Baumarten, die Weiterentwicklung der aus den vorangegangenen Schwarzpappel- und Ulmen-Vorhaben vorhandenen Erfassungsbögen, die Abstimmung von Kartierpraktiken, die Kartierung von Beständen bzw. Vorkommen, die Weiterentwicklung der vorhandenen Datenbank, die Eingabe der erhobenen Ergebnisse in die Datenbank, die Auswahl und Beprobung geeigneter Bestände, die genetische Analyse der beprobten Bestände, sowie die Auswertung und Visualisierung der Ergebnisse, vorgesehen.

Der tatsächliche Projektverlauf und die einzelnen Projektschritte wurden mit dem Auftraggeber und den Projektpartnern Forstbüro Ostbayern und LFE entsprechend abgestimmt. Das Vorhaben „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener Baumarten

¹ „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Schwarz-Pappel und der Ulmenarten in Deutschland“ – Teillos 1: „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Schwarzpappel (*Populus nigra*) in Deutschland“. Landesforstanstalt Eberswalde, Staatsbetrieb Sachsenforst, Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg. Laufzeit Juli 2005-Juli 2007. Aktenzeichen: 541-73.01/05BE002

² „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Schwarz-Pappel und der Ulmenarten in Deutschland“ – Teillos 2: „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Ulmenarten (*Ulmus spec.*) in Deutschland“. Landesforstanstalt Eberswalde, Thüringer Landesanstalt für Wald, Jagd und Fischerei, Landesamt für Forsten und Großschutzgebiete Mecklenburg-Vorpommern, Staatsbetrieb Sachsenforst. Laufzeit Juli 2005-Juli 2007. Aktenzeichen: 541-73.01/05BE001

in Deutschland“ wurde in verschiedenen parallel und/oder zeitlich und inhaltlich aufeinander folgenden Projektschritten bearbeitet, die im Folgenden aufgeführt sind:

- Datenrecherche
- Erhebung von Informationen über bereits bekannte Vorkommen aus den Quellen der Forstlichen Landesanstalten und Erhebungen sonstiger staatlicher und privater Institutionen
- Weiterentwicklung von Kartieranleitung, Erfassungsbögen und Datenbank
- Einweisung, Schulung und Betreuung der Kartierer
- Terrestrische Erfassung und Charakterisierung der Vorkommen nach Erhaltungswürdigkeit und Erhaltungsdringlichkeit
- Eingabe der Kartiererergebnisse in die Datenbank und Auswertung der Ergebnisse
- Auswahl und Beprobung von Vorkommen für genetische Analysen
- Genetische Analytik und Auswertung der Ergebnisse
- Zusammenfassende Bewertung aller Informationen zu Vorkommen und zur Gefährdung der Baumart in Deutschland
- Erstellung der Zwischenberichte und des Endberichts
- Abstimmung mit Auftraggeber, Gesamtkoordination und Projektpartnern

2.1.1 Weiterentwicklung der Datenbank

Die erstellte Microsoft Office Access Datenbank aus den Vorhaben „Erfassung der genetischen Ressourcen der Schwarzpappel“ und „Erfassung der genetischen Ressourcen der Ulmenarten“ wurde von der IDaMa GmbH weiterentwickelt und an das aktuelle Vorhaben angepasst. Für jedes Bundesland wurde eine spezielle Ausgabe Datenbank (Auflistung Landkreise, Gemeinden, Forstreviere, etc.) erstellt und den Kartierern übermittelt. Inkompatibilitäten bzgl. Betriebs-Systemen und Office Anwendungen wurden behoben.

2.1.2 Erfassung von Vorkommen

Mit Beginn der Vegetationsperiode wurden alle Bearbeiter/Kartierer in die Vorgehensweisen bei den Erhebungen im Gelände geschult (Kartieranleitung, Erfassungsbögen, etc.), sowie mit der Aufarbeitung der erhobenen Daten zur Eingabe in die Datenbank vertraut gemacht. Die Einweisungen erfolgten sowohl auf theoretischer Basis als auch mehrfach im Gelände, um eine qualitativ hochwertige und einheitliche Erhebung der Geländedaten zu gewährleisten. Die Erhebungen im Gelände erfolgten während der Vegetationsperiode 2010 und 2011.

Die Erfassung der phänotypischen Merkmale hatte zum Ziel, die Erhaltungswürdigkeit, die Erhaltungsdringlichkeit und die *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit zu identifizieren. Die zu erhebenden Angaben umfassten unter anderem:

- Populationsgröße (Anzahl der Individuen, Fläche)
- Demografische Struktur des Vorkommens
- Bewertung der Verjüngung
- Vitalität
- Gefährdung und Gefährdungsursachen

- Hinweise zur Begründungsart
- Lage (Bundesland, Wuchsgebiet, Koordinaten)
- Schutzstatus
- Eigentumsart
- Anteil Zielbaumart
- Anteil kreuzbarer Arten

2.1.3 Schematische Übersicht des Projektverlaufes

Der Projektverlauf wurde mit dem Auftraggeber und der Gesamtkoordination laufend abgestimmt und an erforderliche Gegebenheiten angepasst. Die Übersicht in Tabelle 1 stellt die Arbeitsschritte im Projektverlauf dar.

Tabelle 1: Übersicht der Arbeitsschritte im Projektverlauf

Jahr	2010				2011				2012			
	I	II	III	IV	I	II	III	IV	I	II	III	IV
Arbeitsleistung												
Projektstart	X											
Projektmanagement	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
Erstellen einer Kartieranleitung												
Kartiererschulung												
Datenbankerstellung												
Abfrage Datenquellen	X	X										
Auswertung Quellenabfrage		X	X									
Charakterisierung (Phänotyp)		X	X	X	X	X	X	X				
Charakterisierung (Genotyp)								X	X	X	X	
Datenauswertung									X	X	X	X
Berichterstattung				X				X				X

2.2 Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

Sowohl bei den praktischen als auch bei den theoretischen Arbeitsschritten waren die abgeschlossenen Vorhaben zur Charakterisierung von Schwarzpappel und Ulmenarten von großer Bedeutung, an denen die Orientierung erfolgte.

Zu Projektbeginn lagen bundesweit keine, nach einheitlichen Kriterien erhobenen Daten zu Vorkommen der Grau-Erle vor. Weiterhin lagen für die Grau-Erle im Erfassungsgebiet bisher keine Arbeiten zur Genetik vor. Die Kartieranleitung sowie der Erfassungsbogen wurden bei den bereits abgeschlossenen Vorhaben zur Untersuchung der Schwarz-Pappel und der Ulmenarten entwickelt und an neue Fragestellungen angepasst. Die Struktur der verwendeten Datenbank wurde ebenfalls aus den beiden Vorgängerprojekten übernommen und vom Auftraggeber zur Verfügung gestellt. Notwendige Anpassungen an neue Baumarten und geänderte Erfassungsbögen wurden zu Projektbeginn durch die IDaMa durchgeführt. Innerhalb des Projektverlaufes wurden mehrere Weiterentwicklungen vorgenommen.

3 Material und Methoden

3.1 Projektmanagement

Nach Auftragserteilung erfolgte das erste Treffen am 01.12.2009 in Bonn in den Räumlichkeiten des BMELV im Vorfeld einer BLAG-Sitzung. Das Treffen hatte zum Ziel, die Projektteilnehmer gegenseitig vorzustellen und die Vorgehensweise nach einheitlichen Kriterien abzustimmen. Zwischen dem Bayerischen Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht in Teisendorf und dem Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, zusammen mit dem Forstbüro Ostbayern, wurde eine enge Kooperation vereinbart und die Humboldt-Universität zu Berlin mit der Gesamtkoordination aller vier Lose beauftragt (Abb. 2).

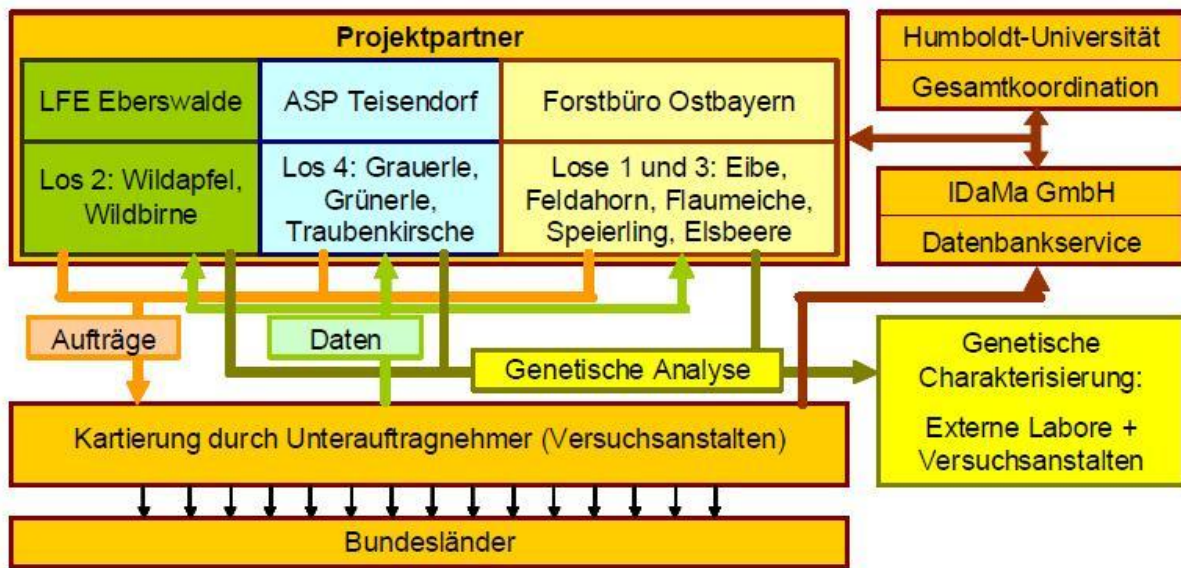


Abbildung 2: Schematische Darstellung der Projektstruktur (Quelle: LFE)

In der ersten Jahreshälfte 2010 fanden mehrere Abstimmungsgespräche bzgl. Art und Umsetzung der vorhandenen Daten in den einzelnen Bundesländern statt. Die Kommunikation und Zusammenarbeit mit den Landeseinrichtungen hat sich als außerordentlich gut erwiesen. Diese haben zum erfolgreichen Verlauf und Abschluss des Vorhabens wesentlich beigetragen. Die Projektpartner standen während der gesamten Projektlaufzeit in ständigem Kontakt. Somit waren zeitnahe Informationen aller Beteiligten und die Qualitätssicherung der Arbeiten sichergestellt.

Um eine bundesweit einheitliche Aufnahme der zu erhebenden Daten zu gewährleisten wurde mit Projektbeginn eine Kartiererschulung durch die LFE durchgeführt. An der Schulung am 06/07.05.2010 im Landeskompetenzzentrum Forst in Eberswalde nahmen alle Kartierer sowie Sachbearbeiter aus den Bundesländern teil. Themen waren unter anderem die Erfassung der Baumarten nach ihren phänotypischen Merkmalen, die Aufnahme in den Erfassungsbogen und der Umgang mit der Datenbank. Die praktische Schulung erfolgte an einem Vorkommen der Traubenkirsche (*Prunus padus*) in der Nähe von Eberswalde.

Am 11.11.2010 fand das erste Koordinierungstreffen in Berlin statt. Es erfolgte eine Darstellung des aktuellen Kartierungsstandes. Ein weiterer Punkt der Tagesordnung waren Probleme bei der Kartierung sowie die Datenbank. Geklärt wurde anschließend das Vorgehen

bei der genetischen Beprobung/Analyse. Abschließend wurden die anstehenden Zwischenberichte besprochen sowie Möglichkeiten der Darstellung des Projektes bzgl. Öffentlichkeitsarbeit.

Am 20.01.2011 wurde bei der Thüringer Landesanstalt für Wald, Jagd und Fischerei in Gotha, ein Projekttreffen der Kartierer abgehalten. Anwesend waren die Bearbeiter der Lose 1 bis 4, Vertreter von LFE und ASP Teisendorf sowie Forstbüro Ostbayern und der Firma IDaMa. Schwerpunkt war der aktuelle Stand der Kartierungen der vier Lose sowie die Schulung der Kartierer in den anzuwendenden Aufnahme-standards gemäß der vorliegenden Kartieranleitung und die Klärung von Erfassungsproblemen im Feld (z.B. Abgrenzung von großen Beständen entlang von Flüssen).

Ende Oktober 2011 fand das zweite Koordinierungstreffen in Berlin statt, bei dem Herr Kowarsch, die Leiter der beiden Bietergemeinschaften sowie die jeweiligen Koordinatoren der vier Lose anwesend waren. Von den Koordinatoren der vier Lose wurden die Kartierergebnisse der zehn Baumarten vorgestellt und eine erste Bewertung der Arbeiten vorgenommen. Ein weiterer Besprechungspunkt befasste sich mit dem aktuellen Stand der genetischen Beprobungen. Im Anschluss stellte Herr Kayser (IDaMa) die Auswertungsmöglichkeiten und -methoden der erfassten Daten dar. Abschließend wurden die weiteren Projektschritte zwischen allen Beteiligten abgestimmt.

Am 07.02.2012 fand ein weiteres Treffen der Leiter der beiden Bietergemeinschaften und der jeweiligen Koordinatoren der vier Lose, im Landeskompetenzzentrum Forst in Eberswalde statt. Schwerpunkte lagen bei der Auswertung der Daten (z.B. Kernel-Dichten). Geplant wurde ebenfalls eine Abschlussveranstaltung des Projektes für das Jahr 2013 in Eberswalde.

3.2 Datenrecherche

Ein Teil der Datensätze zu Baum-Vorkommen wurde von den forstlichen Landesanstalten in unterschiedlicher Qualität und Umfang zur Verfügung gestellt. Zur Datenübergabe wurden mit einzelnen Bundesländern gesonderte Datennutzungsvereinbarungen abgeschlossen. Zusätzlich wurden weitere Quellen auf Hinweise von Vorkommen recherchiert. Unter anderem wurden je nach Bundesland staatliche Forstbetriebe (Forstamtsumfragen, Forsteinrichtung, Betriebsinventur), Naturschutzbehörden (Biotopkartierung, Großschutzgebiete, FFH-Gebiete), Umweltbehörden, Naturschutzverbände, Bundeswaldinventur, Bundesforsten, Forstsaatgutstellen sowie Privatwaldbesitzer (Forstbetriebsgemeinschaften, Privatwaldbesitzerverbände) abgefragt. Diplomarbeiten, Dissertationen, Buchveröffentlichungen und andere Literatur sowie Internetseiten stellten weitere Quellen dar.

3.3 Auswertung der Quellenabfrage

Die ermittelten Daten wurden auf die Eignung als Gen-Objekt im Sinne der Kriterien der Kartieranleitung überprüft. Hierzu wurden in einem ersten Schritt alle georeferenziert vorliegenden Daten in ein einheitliches Datum, bzw. Koordinatenbezugssystem (KBS) umgewandelt. Alle Projektpartner einigten sich auf das KBS "WGS84 / UTM Zone 32N" (EPSG: 32632). Bei Daten, die nur aus Kartenwerken bestanden, wurde versucht möglichst genau

geographische Koordinaten abzuleiten. Eines der Hauptkriterien zur Definition eines geschlossenen Genobjektes ist die Ausdehnung, bzw. die Entfernung der Individuen von maximal 1.000 m voneinander. Durch Bildung entsprechender Puffer konnten einzelne Koordinaten zu größeren oder kleineren Vorkommen zusammengefasst werden und für die Kartiererteams der einzelnen Bundesländer aufbereitet werden. Soweit es aufgrund der vorliegenden Daten möglich war, erfolgte eine kartenmäßige Darstellung der potentiellen Genobjekte. In den Bundesländern, in welchen keine Daten vorhanden waren, wurden mögliche Vorkommensgebiete systematisch aufgesucht und abgearbeitet. Dies erwies sich als sehr arbeitsintensiv und sehr zeitaufwendig. Als Vorkommen wurden nur Bestände ausgewiesen, die folgende Definitionskriterien erfüllten:

- Ein Vorkommen grenzt sich vom nächsten der gleichen Art durch einen Mindestabstand von 1.000 m ab.
- Wurde ein Vorkommen durch die Grenze eines Bundeslandes geteilt, so wurden zwei, nach Bundesländern getrennte Genobjekte ausgeschieden und entsprechend kartiert.
- Weitere Grenzen, wie z.B. Schutzgebiets- oder Gemeinde- bzw. Forstamtsgrenzen führten nicht zur weiteren Aufgliederung.
- Die zahlenmäßige Untergrenze der zu erfassenden Bestände liegt bei 5 Individuen, wobei mehrere Stämme aus einer Wurzel als ein Individuum gelten.
- Einzelbäume wurden nur erfasst, wenn es sich um besonders starke und ältere Individuen handelte.

3.4 Kartierung

Die Kartierung der Vorkommen wurde an die zuständigen Forstlichen Versuchsanstalten und Ämter der Bundesländer sowie teilweise an das Forstbüro Ostbayern vergeben. In Bayern wurde auch von Mitarbeitern des ASP kartiert. Durch die Übernahme der Geländearbeiten durch regional ansässige Kartierer waren Ortskenntnisse und spezifische Erfahrungen der lokalen Flora gesichert. Alle Beteiligten wurden vor Beginn der Kartierung entsprechend geschult und nahmen während des Projektzeitraums an weiteren Besprechungen oder Treffen teil (vgl. Kapitel 3.1).

Die Erfassung vor Ort erfolgte von Mai 2010 bis November 2011. Die Ermittlung der UTM32N-Koordinaten im Gelände wurde mit mobilen GPS-Geräten durchgeführt. Für Naturschutzgebiete, Biosphärenreservate, Nationalparke oder andere Schutzgebiete sowie Truppenübungsplätze und Privatwald wurden, falls notwendig, die zuständigen Stellen informiert und in bestimmten Fällen mündlich oder schriftlich Betretungsrechte vereinbart.

Bei der Kartierung wurden die Bäume phänotypisch charakterisiert, es erfolgten neben der morphologischen Artbestimmung auch Vitalitäts- und Struktureinschätzungen sowie Angaben zur Naturverjüngung. Im Einzelnen wurden nachfolgende Daten laut Kartieranleitung zu jedem Vorkommen erhoben:

- Aufnahmetrupp
- Datum
- Bundesland
- Laufende Nummer des Genobjektes
- Artbezeichnung/Artdetermination
- Etabliertes Generhaltungsobjekt
- Koordinaten
- Forstbehörde
- Reviernamen/Reviernummer
- Landkreis/Gemeinde
- Bundeswuchsgebiet/
Bundeswuchsbezirk
- Eigentumsart
- Angaben zum Genobjekt
- Gesamtfläche
- Anzahl
- Isoenzym-/DNA-Untersuchungen
vorhanden/empfohlen
- Bestandesbeschreibung
- Durchmesserstruktur
- Begründungsart
- Verjüngung
- Altbäume
- Anteil der Zielbaumart
- Mischbaumarten
- Vitalität
- Anteil der kreuzbaren Arten
- Beschreibung

Weitere Angaben zur Weiterverarbeitung/Auswertung sind:

- Bearbeitungszustand
- EDV
- Schutzstatus
- Kartenausschnitt

Die erhobenen Daten wurden im Gelände vor Ort i.d.R. analog erfasst und zu einem späteren Zeitpunkt in die Datenbank eingegeben. Zusätzlich zu den Beschreibungen der Genobjekte sowie den Koordinaten wurden die Abgrenzungen der Vorkommen auf Karten eingezeichnet und den Erfassungsbögen angeheftet.

3.5 Datenbank und GIS-Anwendungen

Die Dokumentation der Daten erfolgte über Microsoft Office Access Anwendungen, die im Rahmen der Vorgänger-Vorhaben zur Untersuchung der Schwarzpappel und der Ulmenarten von Jürgen Kayser, IDaMa GmbH Freiburg, entwickelt wurden. Neben der Datenbank zur Speicherung der erhobenen Daten (fgrXX_d.mdb) lagen zwei Access-Routinen mit Eingabemasken vor. Eine Routine (fgr2003.mdb) diente der Eingabe der Feldaufnahmen und der Plausibilisierung der eingegebenen Daten. Die Eingabemaske für die Feldaufnahmen war mit der Kartieranleitung und dem Erfassungsbogen abgestimmt (Abbildung 3).

Abbildung 3: Eingabemaske zur Erfassung der erhobenen Daten (Erfassungsbogen)

Alle Kartierer erhielten die Datenbankanwendung einschl. der erstellten modifizierten Eingabemasken, eine Anwendungsschulung und ausführliche Nutzereinweisung. In regelmäßigen Abständen wurden die Datenbanken an die Zentralstelle (IDaMa GmbH) geschickt, zur Überprüfung und Einspielung der einzelnen Teil-Datenbanken (fgrXX_d.mdb) in die Gesamt-Datenbank (fgr_stamm_d.mdb). Um Verwechslungen oder Datenverlust bei der zentralen Verarbeitung der Daten vorzubeugen, waren die Datenbanken (fgrXX_d.mdb) personenbezogen gekennzeichnet.

Die Eingaben der Daten in die Datenbank erfolgten direkt nach Vorliegen der jeweiligen Ergebnisse, um frühzeitig Erkenntnisse für nachfolgende Projektschritte, wie z.B. Auswahl geeigneter Populationen für genetische Untersuchungen, treffen zu können. Die zweite Access-Routine (fgr_auswertung.mdb) diente der Datenauswertung. Über Eingabemasken konnten Parameter für die Abundanzklassen (Abb. 4), die Altersstrukturklassen (Abb. 5) und die Erhaltungsfähigkeit (Abb. 6) eingetragen und die Ergebnisse tabellarisch ausgegeben werden.

Die Firma IDaMa wurde beauftragt, die vorhandenen Anwendungen an neue Anforderungen anzupassen und weiter zu entwickeln sowie vorhandene Fehler zu beseitigen. Im Verlauf des Vorhabens erfolgten mehrere Aktualisierungen. Die Access-Routine zur Dateneingabe (fgr2003.mdb) liegt mittlerweile in der Version 2.04 (Juni 2012) vor, die Routine zur Datenauswertung (fgr_auswertung.mdb) liegt in der Version 2.11 (August 2012) vor.

Die kartographische Darstellung der erzielten Ergebnisse erfolgte mit den GIS-Programmen Quantum GIS6 und ESRI ArcGIS7. Die Kartenauswertungen erfolgten direkt nach Vorliegen der jeweiligen Ergebnisse, um frühzeitig Erkenntnisse für nachfolgende Projektschritte, wie z.B. Auswahl geeigneter Populationen für genetische Untersuchungen, treffen zu können.

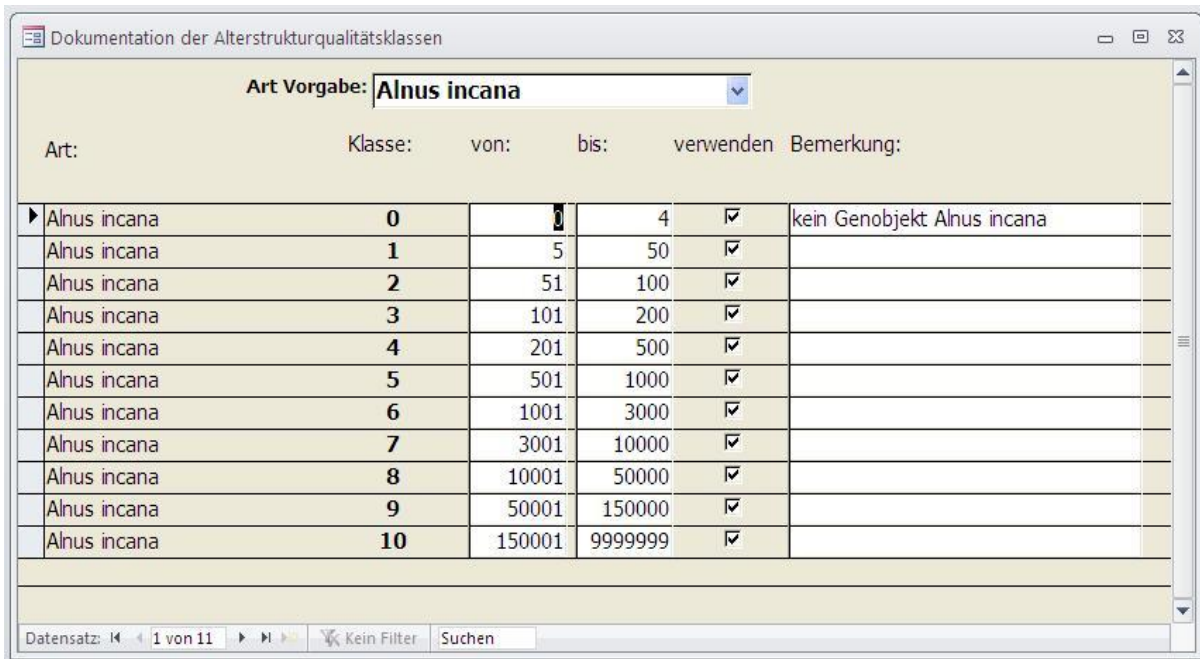


Abbildung 4: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Abundanzklassen (MS-Access Routine „fgr_auswertung.mdb“)

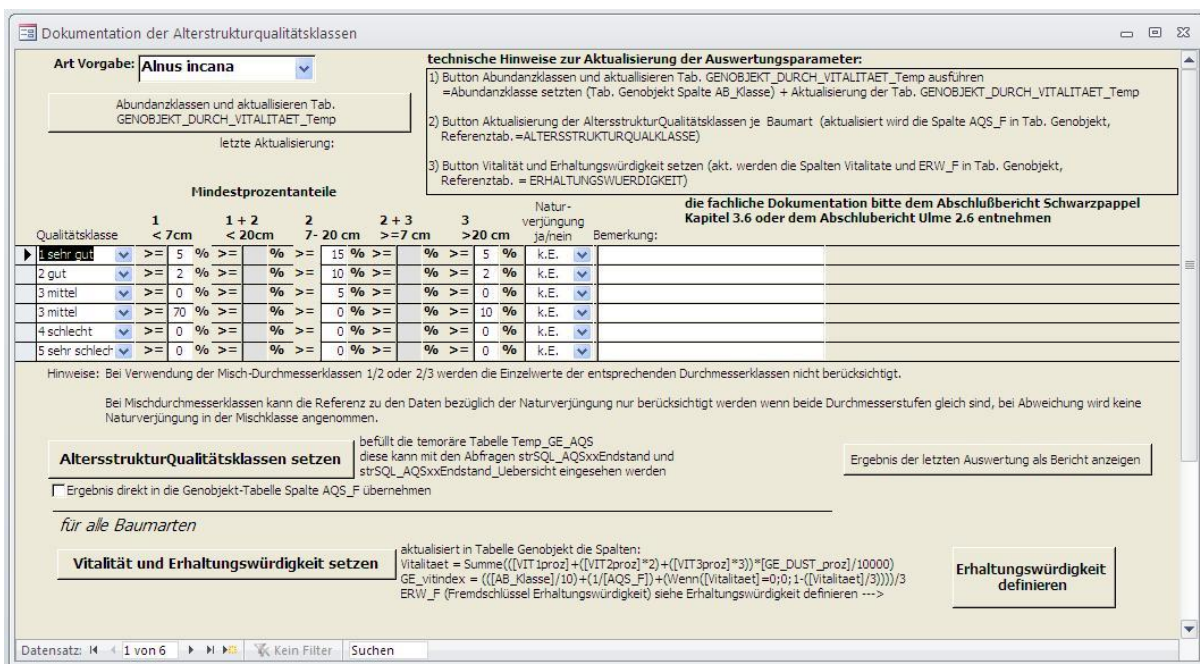


Abbildung 5: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Altersstrukturklassen (MS-Access Routine „fgr_auswertung.mdb“)

ERW_P: Kurz	Erhaltungswürdigkeit:	Sort	Bemerk.	Abundanz-klasse Min.	Altersstruktur-klasse Min.	Vitalitaet Minimal	Vitalitaet Maximal
1 shr. gt.	sehr gut	10		6	2	0	1
2 gut	gut	20		5	3	0	1,5
3 mittel	mittel	30		4	3	1,51	2
4 wenig geeigr	wenig geeignet	40		2	4	2,01	2,5
5 nicht geeign	nicht geeignet	50		1	4	2,51	4
9 k.E.	-	90	keine Eingab			0	

Abbildung 6: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Erhaltungsfähigkeit (MS-Access Routine „fgr_auswertung.mdb“)

3.6 Auswertung der Datenbank

Die Datenbankinhalte der Kartierer wurden von der Firma IDaMa mehrfach auf Plausibilität und Koordinatenfehler geprüft und zu einem Gesamtdatenpool zusammengeführt. In dieser Gesamtdatenbank konnten nun die Abfragen für die verschiedenen Auswertungen formuliert werden. Die erhobenen Daten wurden in beschreibender Form, sowie in Karten, Graphiken und Tabellen dargestellt.

3.6.1 Schutzstatus

Das Bundesamt für Naturschutz (BfN) stellte für die Ermittlung der Schutzkategorien aktuelle Geoinformationen als GIS-Daten zur Verfügung:

- FFH Gebiete (Version vom 07.10.2011)
- Vogelschutzgebiete (Version vom 07.10.2011)
- Nationalparke (Version vom 29.09.2011)
- Biosphärenreservate (Version vom 30.09.2011)
- Naturschutzgebiete (Version vom 21.10.2011)
- Naturparke (Version vom 26.01.2012)
- Landschaftsschutzgebiete (Version vom 26.01.2012)

Über eine Verschneidungsroutine im GIS wurden jedem Vorkommen die Angaben zum Schutzstatus zugeordnet.

3.6.2 Abundanz

Die Abundanz ist ein Maß für die Individuendichte von Populationen und gibt die Gesamtzahl von Individuen pro Vorkommen an. Die Festlegung der Kriterien zur Berechnung der Abundanz erfolgte über eine Eingabemaske der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb" (vgl. auch Abbildung 5). Die einzelnen Vorkommen wurden nach ihrer Gesamtbaumzahl

den in Tabelle 2 dargestellten zehn Abundanzklassen zugeordnet. Die berechneten Werte wurden direkt in die Spalte Abundanz_Klasse der Datenbank "fgr_stamm_d.mdb" eingetragen.

Tabelle 2: Übersicht der verwendeten Abundanzklassen und zugeordneten Individuenzahlen für die Grau-Erle

Stufe	Individuenzahl
1	5 - 50
2	51 - 100
3	101 - 200
4	201 - 500
5	501 - 1.000
6	1.001 - 3.000
7	3.001 - 10.000
8	10.001 - 50.000
9	50.001 - 150.000
10	>150.001

3.6.3 Altersstruktur

Da das Alter von Bäumen durch phänotoyische Ansprache nicht ohne weiteres zu bestimmen ist, wurde zur Veranschaulichung der Altersstruktur die Durchmesserverteilung geschätzt. Um die Durchmesserstruktur der Vorkommen zu bewerten, wurde ein eigenes Bewertungsschema geschaffen (Abb. 7). Die Strukturen von wasserbeeinflussten Baumarten wie die Grau-Erlen variieren oft erheblich von Bestand zu Bestand. Auch die Lage der Genobjekte, z.B. an großen Flüssen oder kleinen Gebirgsbächen, liefert gänzlich andere Strukturmerkmale. Eine pyramidale Verteilung ist bei diesen Baumarten oft nicht vorhanden und aufgrund der natürlichen Gegebenheiten gar nicht möglich. Fast alle Vorkommen befinden sich im mittleren Durchmesserbereich. Die Altersstruktur wurde deshalb bei der Auswertung der Datenbank weniger stark gewichtet, da sonst viele vitale, stammzahlreiche Genobjekte herabgestuft worden wären.

Qualitätsklasse	1 < 7cm	1 + 2 < 20cm	2 7- 20 cm	2 + 3 >=7 cm	3 >20 cm
1 sehr gut	>= 5 %	>= %	>= 15 %	>= %	>= 5 %
2 gut	>= 2 %	>= %	>= 10 %	>= %	>= 2 %
3 mittel	>= 0 %	>= %	>= 5 %	>= %	>= 0 %
3 mittel	>= 70 %	>= %	>= 0 %	>= %	>= 10 %
4 schlecht	>= 0 %	>= %	>= 0 %	>= %	>= 0 %
5 sehr schlecht	>= 0 %	>= %	>= 0 %	>= %	>= 0 %

Abbildung 7: Einteilung und Bewertung der Qualitätsklassen der Altersstrukturen anhand der Durchmesserstufen

Zur Beschreibung und Bewertung der Altersstruktur wurde eine fünfstufige Einordnung von "Qualitätsklassen" (1 sehr gut, 2 gut, 3 mittel, 4 schlecht, 5 sehr schlecht) erstellt, die durch zu definierende Anteile der Durchmesserstufen in den einzelnen Vorkommen berechnet werden (Abbildung 7).

Die Festlegung der Kriterien zur Berechnung der Qualitätsklassen (prozentuale Anteile der Durchmesserstufen) erfolgte über eine Eingabemaske der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb" (vgl. auch Abbildung 5). Die berechneten Qualitätsklassen wurden direkt in die Spalte AQS_F (als Zahl), bzw. in die Spalte AQS (als Beschreibung) der Datenbank "fgr_stamm_d.mdb" eingetragen.

3.6.4 Vitalität

Die Vitalität ist ein wesentlicher Parameter zur Einschätzung des aktuellen Gesundheitszustandes der Vorkommen. Sie wurde für jede der drei Durchmesserstufen getrennt erfasst, um den Zustand einer Population differenziert nach dem Alter der Bäume bewerten zu können. Zur Vergleichbarkeit der Vorkommen untereinander wurde die durchschnittliche Vitalität des einzelnen Vorkommens berechnet. Dazu war es zunächst notwendig, pro Vorkommen die durchschnittliche Vitalität jeder Durchmesserstufe zu errechnen. Hieraus wurde dann die durchschnittliche Vitalität des gesamten Vorkommens in Abhängigkeit der prozentualen Durchmesseranteile berechnet. Die berechneten Ergebnisse wurden direkt in die Spalte GE_vitindex und Vitalität der Datenbank „fgr_stamm_d.mdb“ eingetragen.

3.6.5 Demografische Strukturen

Zur graphischen Veranschaulichung der demographischen Strukturen der Populationen der Baumarten wurden Durchmesserstrukturpyramiden erstellt (Abbildung 8). Dafür wurden verschiedene Typen gebildet, die durch repräsentative Grafiken veranschaulicht wurden. Die verschiedenen Typen weisen unterschiedliche Dominanzen in den Durchmesserstufen auf. Die Darstellung dient einer visuellen Einschätzung, welcher Typ von Durchmesserstrukturen mit welcher Häufigkeit vertreten ist. Die Grafiken spiegeln dabei die durchschnittliche Struktur der jeweiligen Typen wieder.

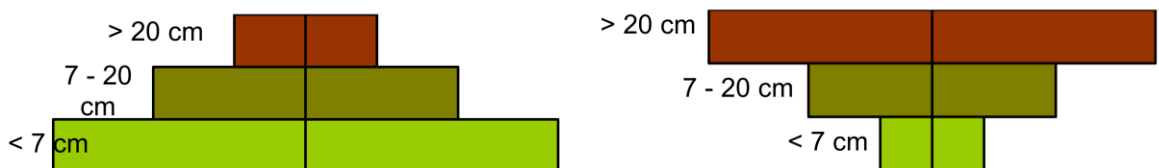


Abbildung 8: Beispiel für Alterspyramiden

3.6.6 Ermittlung der Erhaltungsfähigkeit nach phänotypischen Kriterien

Über die Erhaltungswürdigkeit entscheiden die Populationsgröße, die Vitalität, die Verjüngungsfreudigkeit und ggf. die genetische Vielfalt. Aus den hier vorliegenden drei neu generierten Werten für Abundanz, Durchmesserstruktur und Vitalität wurde nun ein Wert zur Zuordnung der Erhaltungswürdigkeit der Vorkommen abgeleitet. Bei der Auswertung der Da-

tenbank wurde jedes Vorkommen in eine Bewertung von sehr gut (1), gut (2), mittel (3), wenig geeignet (4) bis nicht geeignet (5) eingeteilt. Für die Einteilung in eine der entsprechenden Stufen lagen folgende Kriterien zugrunde:

Tabelle 3: Gesamtbewertung der Vorkommen der Grau-Erle

Gesamtbewertung	Abundanzklasse	Durchmesserstruktur-Qualitätsklasse	Durchschnittliche Vitalität
sehr gut (1)	≥ 6	≤ 2	0-1
gut (2)	≥ 5	≤ 3	1,1-1,5
mittel (3)	≥ 4	≤ 3	1,51-2
wenig geeignet (4)	≥ 2	≤ 4	2,01-2,5
nicht geeignet (5)	≥ 1	≥ 4	2,51-4

Die Festlegung der Kriterien zur Berechnung der Erhaltungsfähigkeit erfolgte über eine Eingabemaske der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb" (vgl. auch Abbildung 5). Die in Tabelle 3 dargestellten Einstellungen wurden für die hier vorliegenden Untersuchungen gewählt. Die berechneten Ergebnisse wurden direkt in die Spalte ERW der Datenbank "fgr_stamm_d.mdb" eingetragen.

3.6.7 Dichteanalysen

Zur Visualisierung von Konzentrationen von Vorkommen sowie der Darstellung der Isolation wurde mittels GIS die Kerneldichte berechnet. Die Kerneldichte wird wie folgt ermittelt: Eine glatte gekrümmte Oberfläche wird über jeden Punkt des Punkt-shapes der Vorkommen gelegt. Der Oberflächenwert ist an der Punktposition am größten und nimmt innerhalb des Suchradius mit zunehmendem Abstand stetig ab bis zum Wert Null. Für die Grau-Erle wurde ein Radius von 5 km festgelegt. Das Volumen unter der Oberfläche entspricht dem Wert des Bevölkerungsfeldes für den Punkt. Die Dichte jedes Rasterpunktes (Ausgabe-Raster-Zelle) wird durch Aufaddieren der Kerneloberflächenwerte berechnet, die den Mittelpunkt der Raster-Zelle überlagern. Die Funktion basiert auf einer von SILVERMAN (1986) beschriebenen quadratischen Kernelfunktion.

3.6.8 Bundeswuchsgebiete

Für die Zuordnung der Vorkommen zu den Bundeswuchsgebieten wurden die Punktdaten der Vorkommen mit den vom Johann Heinrich von Thünen-Institut (vti) bereitgestellten aktuellen GIS-shapes der Wuchsgebietsgrenzen verschnitten (Version vom 20.03.2012). Die Angaben zum Bundeswuchsgebiet wurden anschließend in der Datenbank abgespeichert.

3.6.9 Potentielle natürliche Vegetation

Das Bundesamt für Naturschutz (BfN) stellte für die Ermittlung der Potentiellen natürlichen Vegetation aktuelle Geoinformationen als GIS-shapes zur Verfügung (PNV500 Deutschland, Version vom 23.03.2011).

Über eine Verschneidungsroutine im GIS wurden zu jedem Vorkommen die Angaben zur Potentiellen natürlichen Vegetation zugeordnet und in der Datenbank abgespeichert.

3.6.10 Naturverjüngung

Bei der Kartierung wurde die Naturverjüngung bis zu einer Höhe von 3 m erfasst. Aufgenommen wurde der Anteil der vorhandenen Verjüngung in Prozent der Fläche. Bei der Verjüngung wurden zudem zwei Höhenstufen (Pflanzen bis und über 1,50 m) unterschieden.

3.7 Auswahl von Genobjekten für die genetischen Analysen

Da im Rahmen des Vorhabens nicht alle untersuchten Vorkommen genetisch analysiert werden konnten und zudem viele Populationen für weitergehende Untersuchungen nicht geeignet sind, mussten weitere Auswahlkriterien festgelegt werden, um für die Ziele des Vorhabens möglichst vielversprechende Genobjekte auszuwählen. Als Kriterien wurden herangezogen: Baumzahlen bzw. Bestandesdichten, Vitalität und Altersstrukturen. Besonderer Wert wurde auf eine geographisch möglichst weitgefächerte Verteilung der zu beprobenden Vorkommen gelegt, damit z.B. auch extreme oder isolierte Standorte einbezogen werden können. Deshalb wurden nicht immer die größten und ältesten, sondern auch kleinere Vorkommen für eine Beprobung ausgewählt.

3.8 Beprobung ausgewählter Genobjekte

Die Probenahme in den ausgewählten Genobjekten (Abb. 9) wurde von Projektmitarbeitern in allen Bundesländern zwischen Ende August 2011 und Ende Februar 2012 durchgeführt. Dabei wurde auf eine möglichst flächendeckende Beprobung der Gesamtverbreitung in Deutschland geachtet.

Entnommene Proben wurden für jeden Baum getrennt in Tütchen gesammelt und beschriftet. Feuchte Proben wurden im Gelände zwischen Zeitungspapier kurz getrocknet. Alle Proben eines Standortes wurden gemeinsam verpackt, beschriftet und bis zum Versand kühl aufbewahrt. Mit wenigen Ausnahmen wurden pro Vorkommen 100 Bäume beprobt. Im ASP-Labor wurden die Proben anschließend bei -50 °C bis zur genetischen Analyse zwischengelagert.

Für jedes Genobjekt wurde ein Beprobungsprotokoll angefertigt. Folgende Parameter wurden hier festgehalten:

- Genobjektnummer aus der Datenbank
- Koordinaten des Genobjekts bzw. der Beprobung
- Bundesland
- Baumart
- Anzahl der Proben
- Art der Probenahme (z.B. Knospen mit Stangenschere)
- Name des Beprobenden
- Datum der Probenahme

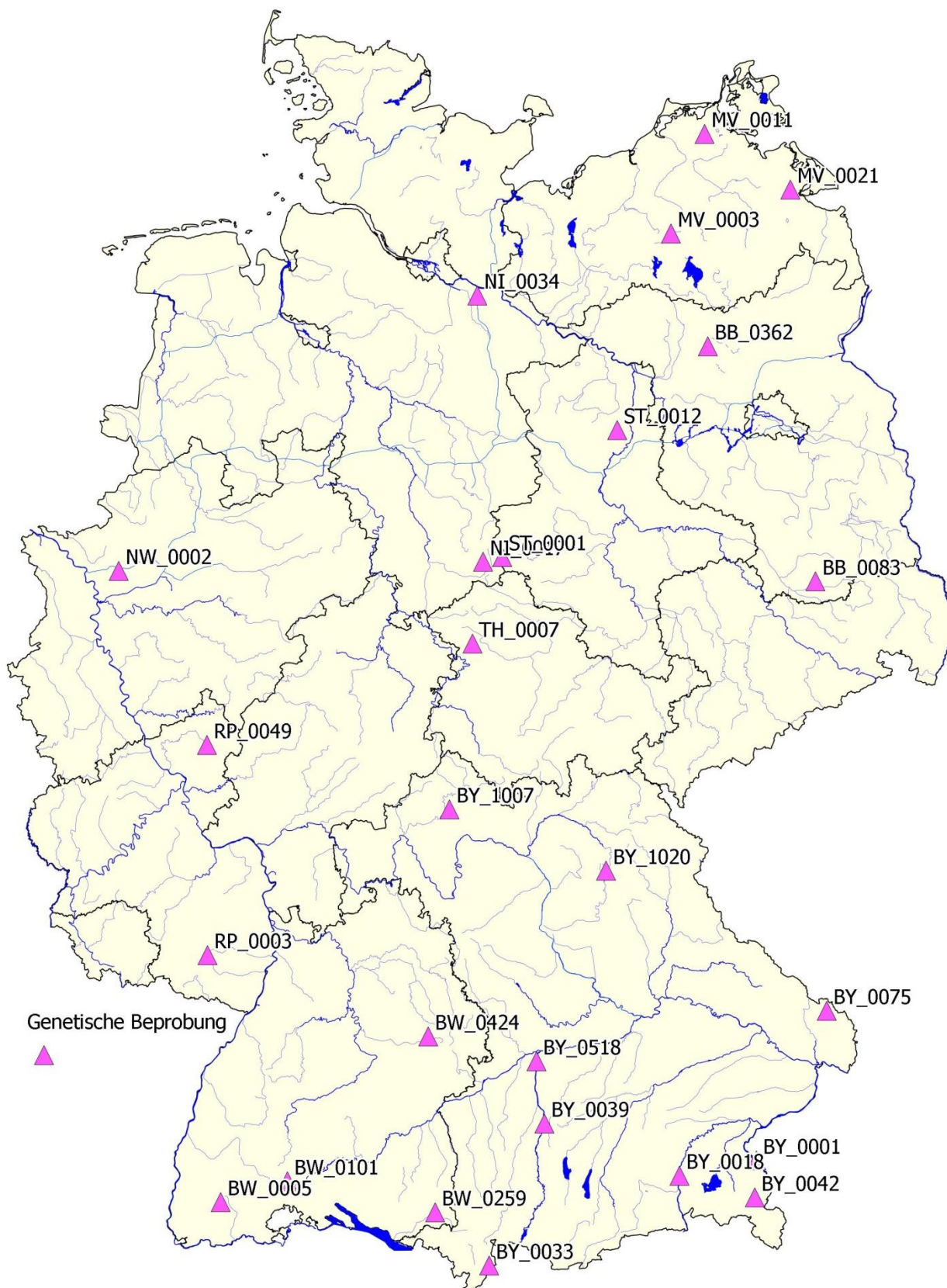


Abbildung 9: Genetisch beprobte Vorkommen der Grau-Erle in Deutschland

3.9 Genetische Untersuchung

Ziel der Untersuchungen war es, die genetische Variation der Grau-Erle in Deutschland zu erfassen und darauf aufbauend Empfehlungen für Erhaltungsmaßnahmen aus genetischer Sicht abzuleiten. Die Analysen und die Interpretation der Ergebnisse übernahm das Labor des Bayerischen Amtes für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) in Teisendorf.

3.9.1 Probenmaterial

Das Probenmaterial der Einzelbäume bestand aus Zweigen mit Knospen in Winterruhe. Die Liste der beprobten Vorkommen sowie die Anzahl der je Vorkommen eingesandten Proben kann den Ergebnissen der genetischen Untersuchungen entnommen werden. Die Trennergebnisse (Zymogramme) wurden fotografisch dokumentiert und sind am ASP als Fotodateien hinterlegt.

3.9.2 Methodische Details zur Isoenzymanalyse

Zur biochemisch-genetischen Charakterisierung wurden Isoenzymanalysen auf der Grundlage der Stärkegelelektrophorese durchgeführt. Als Untersuchungsmaterial diente Meristemgewebe aus vegetativen Knospen in Winterruhe. Die Extraktion und Anfärbung der Isoenzyme erfolgten nach KONNERT (1995). In die Analysen einbezogen wurden die im Folgenden aufgelisteten Isoenzymgenorte. Die entsprechenden Enzymsysteme sind in Klammern angegeben. Bis auf den Genort ACO-A wurden bei der Grau-Erle und Grün-Erle dieselben Genorte untersucht. Da ACO-A bei Grau-Erle nicht anfärbte, konnte dieser Genort nur bei Grün-Erle ausgewertet werden.

- AAT-A, AAT-B (Enzymsystem: Aspartat-aminotransferase, E.C. 2.6.1.1)
- ACO-A, ACO-B (Enzymsystem: Aconitase, E.C. 4.2.1.3)
- IDH-A, IDH-B (Enzymsystem: Isocitratdehydrogenase, E.C. 1.1.1.42)
- MDH-A, MDH-C (Enzymsystem: Malatdehydrogenase, E.C. 1.1.1.37)
- MNR-A (Enzymsystem: Menadionreduktase, E.C. 1.6.99.2)
- 6-PGDH-A, 6-PGDH-B (Enzymsystem: 6-Phosphogluconatdehydrogenase, E.C. 1.1.1.44)
- PGI-A, PGI-B (Enzymsystem: Phosphoglucoisomerase, E.C. 5.3.1.9)
- PGM-A (Enzymsystem: Phosphoglucomutase, E.C. 2.7.5.1)
- SDH-A (Enzymsystem: Shikimatdehydrogenase, E.C. 1.1.1.25)

3.9.3 Parameter zur Beschreibung der genetischen Variation

Ausgehend von den für die Einzelbäume bestimmten Multilocus-Genotypen wurden zuerst die Allelhäufigkeiten und daraus folgende Parameter berechnet, die die genetische Variation innerhalb der Vorkommen beschreiben:

- genetische Vielfalt als durchschnittliche Anzahl der Allele pro Genort
- genetische Diversität als mittlere effektive Anzahl von Allelen je Genort (N_e) und als hypothetische gametische Multilocus-Diversität (v_{gam});

- Heterozygotiegrad als beobachteter prozentualer Anteil heterozygoter (gemischt-erbiger) Individuen (H_b) und unter Hardy-Weinberg-Gleichgewicht erwarteter prozentualer Anteil heterozygoter (gemischterbiger) Individuen (H_e);

Die genetischen Unterschiede zwischen den Flächen wurden durch den genetischen Abstand nach GREGORIUS (1974) quantifiziert. Weiterhin wurde die genetische Subpopulationsdifferenzierung zwischen den Beständen mittels des Differenzierungsmaßes D_j nach GREGORIUS & ROBERDS (1986) bestimmt. D_j quantifizieren für jeden Bestand den Unterschied (genetischen Abstand) seiner Allelzusammensetzung zu der Allelstruktur des gesamten untersuchten Materials, d.h. der restlichen drei Bestände zusammengenommen. Auch diesen Berechnungen liegen die Verteilungen der Allele in den einzelnen Kollektiven als Allelhäufigkeiten zugrunde.

Zur Bestimmung der Klonstrukturen wurde das Programm GenA1Ex6.1 verwendet (Peakall & Smouse 2006). Aufgrund der Multilocusgenotypen wurden hier idente Individuen bestimmt. Dadurch kann eine mögliche Klumpung von Genotypen im Bestand festgestellt werden, die durch vegetative Vermehrung entstanden ist.

Für eine zusätzliche Berechnung der genetischen Strukturierung der Bestände wurde das Programm STRUCTURE (Pritchard et al. 2000) angewendet. Diese Software beruht auf einem bayesischen Modellverfahren. Der Wert ΔK gibt an, wie viele Untergruppen sich im gesamten Genpool befinden, basierend auf der Änderungsrate zwischen aufeinanderfolgenden K-Werten (Evanno et al. 2005).

3.10 Statistische Auswertungen

Zur Veranschaulichung und Beschreibung bestimmter Sachverhalte wurden Daten nach statistischen Verfahren ausgewertet. Da die Datensätze eine sehr große Spannweite aufzeigen, ist die Verwendung und die Aussagefähigkeit von "arithmetischen Mittelwerten" nicht in allen Fällen zielführend. In den vorliegenden Untersuchungen wurde deshalb der "Median" (Zentralwert; 0,5-Quantil) verwendet. Graphisch wurden die Ergebnisse als BoxPlot oder Box-Whisker-Plot dargestellt (Abb. 10).

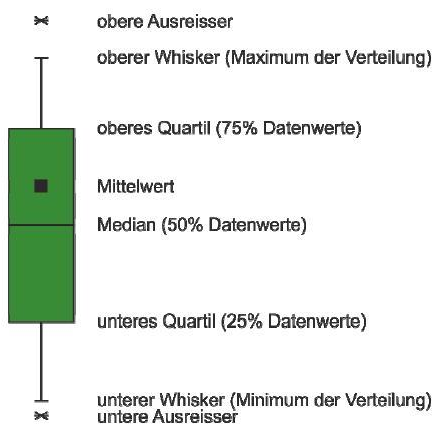


Abbildung 10: Darstellung eines BoxPlot (auch Box-Whisker-Plot) mit Benennung der Kernwerte. Zusätzlich ist der Mittelwert des Datensatzes angegeben.

Für die Vergleichbarkeit der Erhebungen zwischen den Bundesländern ist ein Bezug zur Landesfläche notwendig. In der Tabelle 4 sind die im Bericht verwendeten Abkürzungen für die Bundesländer und die für Berechnungen verwendeten Flächengrößen angegeben. Die Bundesländer Hamburg, Bremen und Berlin sind auf Grund ihres geringen Flächenanteils bei den Darstellungen über die Bundesländer nicht aufgeführt. In den Staatstaaten wurden keine natürlichen Vorkommen erfasst. Kleinere Vorkommen wurden ggf. den Ländern Schleswig-Holstein, Niedersachsen oder Brandenburg zugeordnet.

Tabelle 4: In Graphiken und Tabellen verwendete Kürzel für die Bundesländer (BL) und die Bundesrepublik Deutschland, sowie die für Berechnungen verwendeten Landesflächen.

Abk.	Bedeutung	Flächengröße (km ²)
BB	Brandenburg	29.482,0
BW	Baden-Württemberg	35.751,5
BY	Bayern	70.550,0
HE	Hessen	21.114,9
MV	Mecklenburg-Vorpommern	23.189,0
NI	Niedersachsen	47.635,0
NW	Nordrhein-Westfalen	34.088,0
RP	Rheinland-Pfalz	19.853,6
SH	Schleswig-Holstein	15.799,1
SL	Saarland	2.568,7
SN	Sachsen	18.419,7
ST	Sachsen-Anhalt	20.448,9
TH	Thüringen	16.172,4
DE	Deutschland (Gesamt)	355.072,5

4 Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

Die Erfassung liefert grundlegende Erkenntnisse zur Gesamtzahl der Vorkommen und Bäume sowie zur Altersstruktur, zur Vitalität und zu den Verjüngungsanteilen in den einzelnen Bundesländern. Darüber hinaus können den erfassten Beständen Schutzstatus und Eigentumsverhältnis zugeordnet werden.

Zur Feststellung von Baumkonzentrationen oder „baumfreien“ Gebieten wird die räumliche Verteilung der Vorkommen hinsichtlich Bundesländern und Wuchsgebieten dargestellt. In der Gesamtbewertung ergibt sich aus den erhobenen Parametern die errechnete Erhaltungsfähigkeit eines Vorkommens.

4.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen

Insgesamt wurden 506 Grau-Erlenvorkommen mit über 2,1 Millionen Bäumen aufgenommen (Tab. 5a, S. 35). Aufgrund der Größe der Vorkommen beruhen die Angaben zu den Baumzahlen zumeist auf Schätzwerten. Die meisten kartierten Vorkommen (182) liegen in Bayern. Am Inn (Voralpenraum bei Rosenheim) wurde auch das größte zusammenhängende Einzelvorkommen mit über 370.000 Bäumen auf einer Fläche von ca. 220 ha kartiert.

In Schleswig-Holstein und Sachsen wurden keine Populationen der Grau-Erle gefunden. Es ist jedoch darauf hinzuweisen, dass es aufgrund der großen Verbreitung nicht möglich war alle Vorkommen zu erfassen. Dies trifft z.B. auch auf die Vielzahl der kleineren Gebirgsbäche in den Alpen zu, wo sie natürlich vorkommt. Bekannte künstlich eingebrachte Vorkommen, wie z.B. in Sachsen wurden ebenfalls nicht kartiert.

Die Anzahl der Vorkommen in den Bundesländern ist stark unterschiedlich. So verteilen sich die meisten Vorkommen auf die Bundesländer Baden-Württemberg, Bayern, Niedersachsen und Rheinland-Pfalz. (Abb. 11). Die Vorkommensgröße in den Bundesländern kann durch die Baumzahl verdeutlicht werden. Bayern besitzt mit geschätzten 1.583.691 Exemplaren die meisten Grau-Erlen (Abb.12).

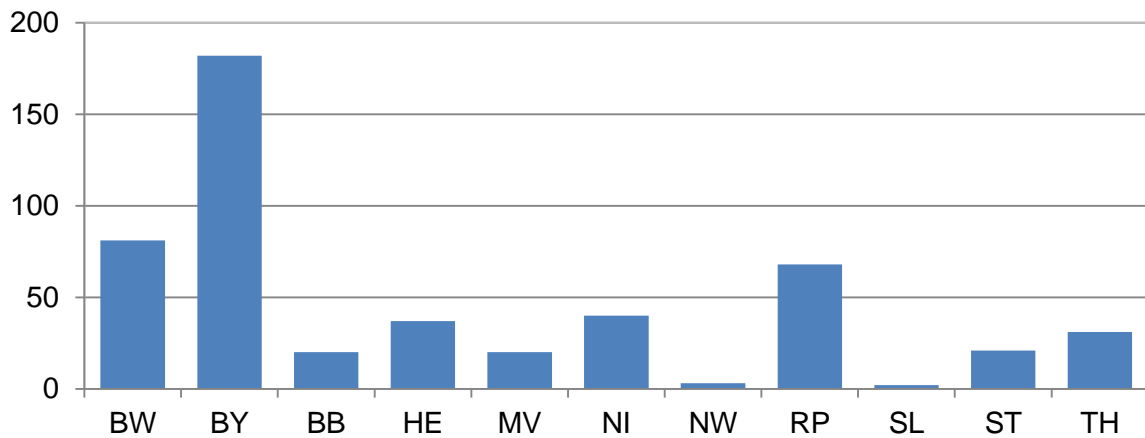


Abbildung 11: Anzahl der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen nach Bundesländern

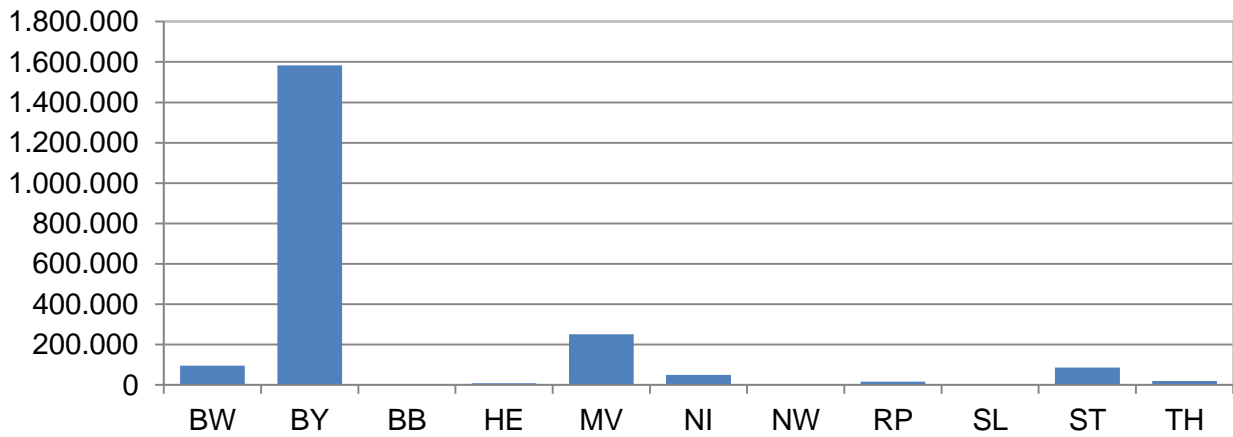


Abbildung 12: Anzahl der kartierten Grau-Erlen nach Bundesländern

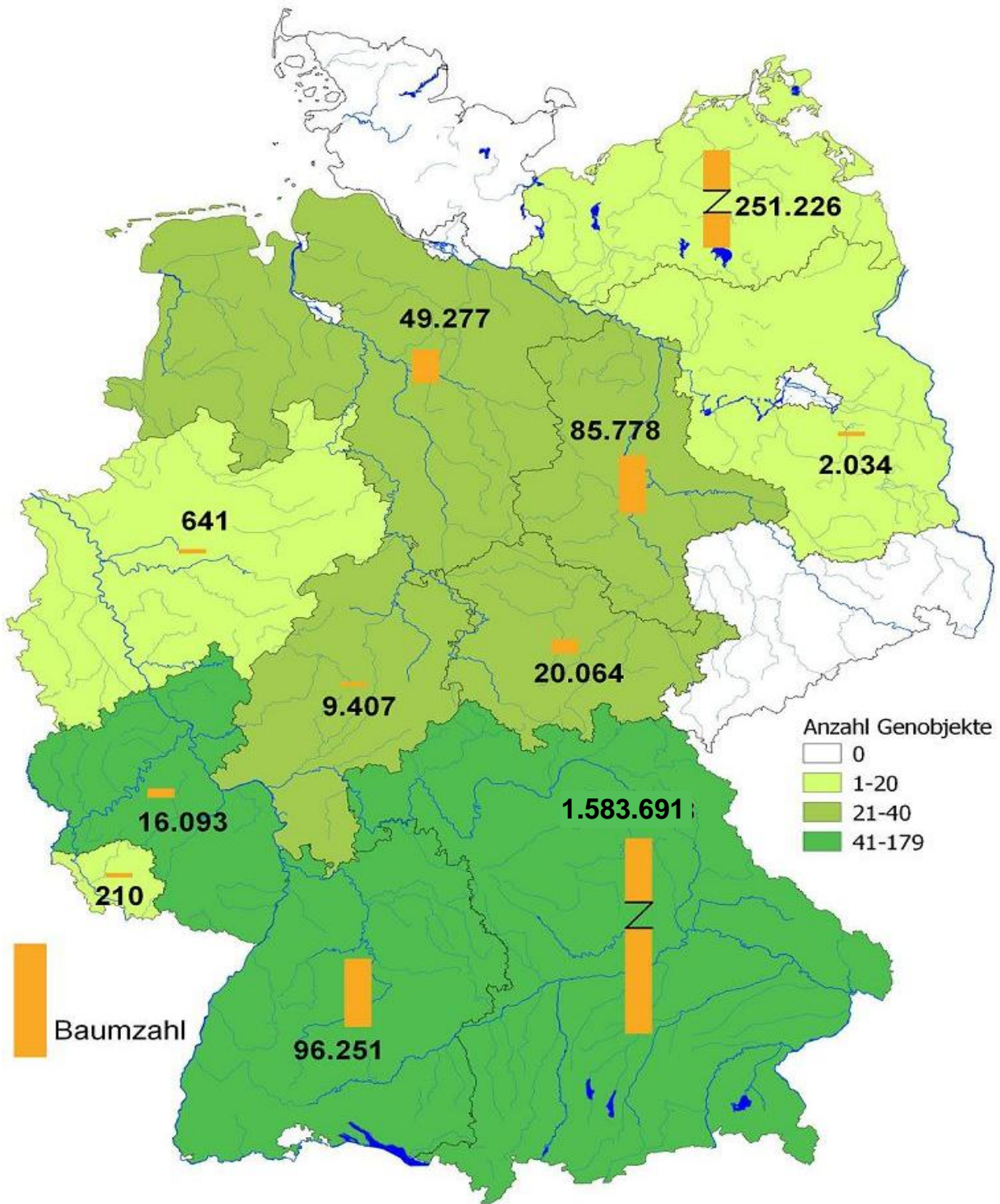


Abbildung 13: Genobjektklassen der Grau-Erlen-Vorkommen der Bundesländer und Anzahl der Grau-Erlen

Die Individuenstärke der einzelnen Vorkommen wird in verschiedenen großen Punkten (Abundanzklassen) dargestellt (Abb. 14). Die Grau-Erle ist eine Fließgewässer begleitende Baumart. Auf vernästen Standorten oder langsam fließenden Gewässern wird sie meistens durch die Schwarz-Erle abgelöst.

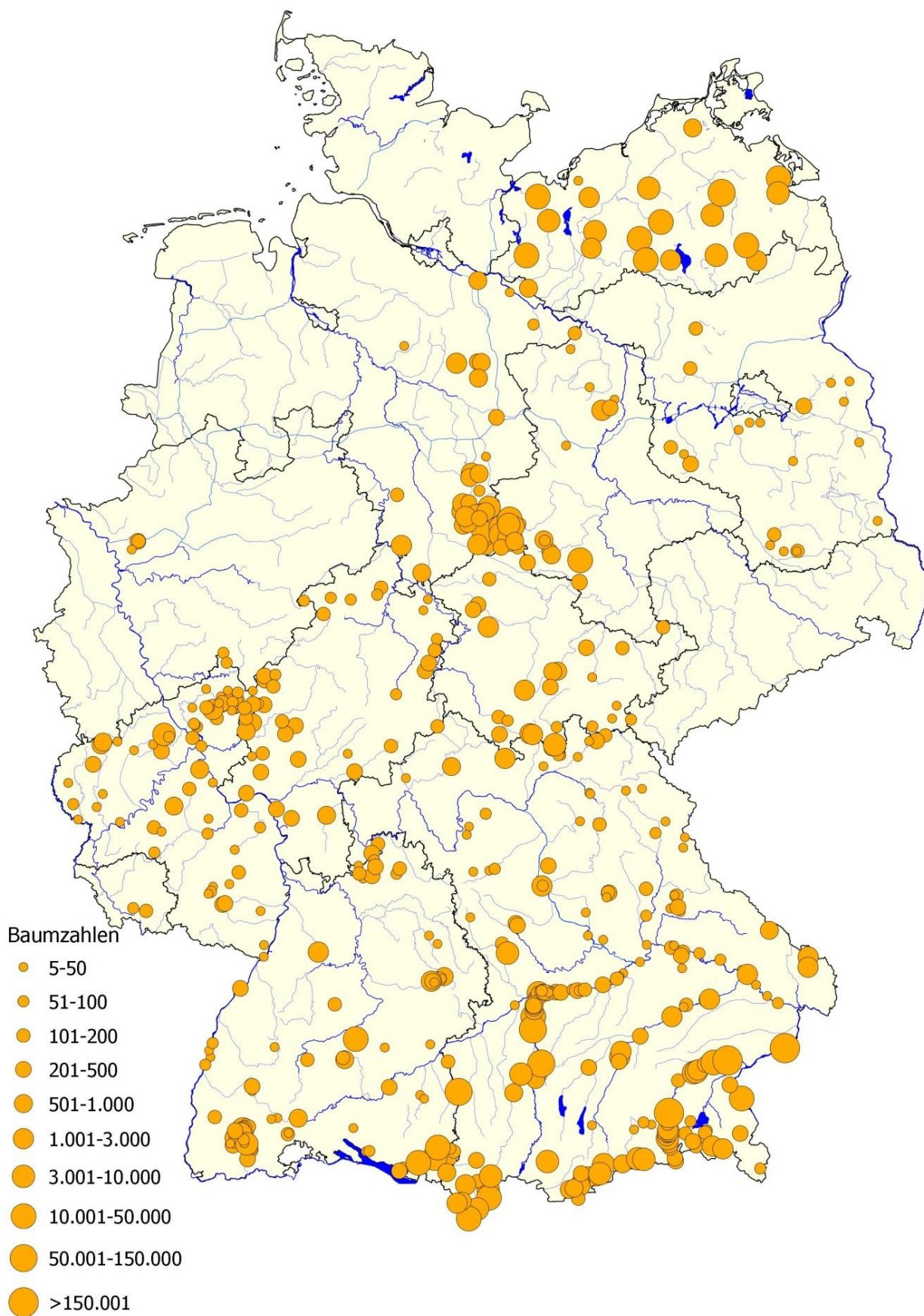


Abbildung 14: Lage der kartierten Grau-Erlen-Bestände mit Größenklassen der kartierten Baumzahlen.

Abbildung 15 zeigt die Verteilung der Vorkommen in Verbindung mit der Höhenlage (Höhenlinien). Viele große Vorkommen finden sich an den großen Flüssen des Voralpengebietes v.a. an Inn, Salzach und Lech. Im gesamten bayerischen Alpengebiet sind nahezu an jedem Fließgewässer Grau-Erlen bis in Höhen von 1400 m zu finden. Im östlich gelegenen bayerischen Wald ist sie wahrscheinlich aufgrund des geologischen Grundsubstrats (Urgestein) sehr selten.

In den mitteldeutschen Mittelgebirgen ist die Grau-Erle im Rheinischen und Saarpfälzer Bergland, im Thüringer Wald und Frankenwald sowie im Harz zu finden. Größere Vorkommen wurden auch in Mecklenburg-Vorpommern kartiert. Ob es sich dort um natürliche Vorkommen handelt, konnte nicht zweifelsfrei geklärt werden. Einige Autoren weisen auf die Möglichkeit eines künstlichen Anbaus hin. Ähnliche Zweifel gibt es auch für Vorkommen im Harz, in Westfalen, in der Rhön und im mittleren Württemberg (Schütt et al. 1999).

Auch die genetischen Befunde (siehe 4.12) geben keinen Aufschluss darüber, ob die Vorkommen der Grau-Erle in Mecklenburg-Vorpommern autochton sind. Im Bundesland Sachsen gelten dagegen alle Bestände als künstlich begründet. Sie wurden deshalb nicht kartiert.

Die Grau-Erle ist mit Ausnahme der Vorkommen in Mecklenburg-Vorpommern und den östlichen Mittelgebirgen in Bayern und Sachsen eine Fließgewässer begleitende Baumart der montanen Lagen und des Alpenvorlandes sowie der Alpen. Sie ist aber in vielen Teilen der Mittelgebirge, in Nordbayern und in Baden-Württemberg selten und in geringen Dichten vorzufinden.

Tab. 5a: Kennzahlen der Grau-Erlen-Vorkommen in Deutschland

Bundesland	Anzahl Vorkommen	Anzahl Bäume	Fläche der Vorkommen [ha]	Anzahl Bäume /ha Fläche	Vorkommen je 1000 km ²	Bäume je 1000 km ²	% Anteil der Vorkommen mit NVJ
BB	20	2.034	230	9	0,7	69	55%
BW	81	96.251	1.756	55	2,3	2.692	80%
BY	182	1.583.691	5.071	312	2,6	22.448	44%
HE	37	9.407	450	21	1,8	446	97%
MV	20	251.226	73	3441	0,9	10.838	65%
NI	40	49.277	195	253	0,8	1.035	90%
NW	3	641	10	64	0,1	19	0%
RP	68	16.093	38	424	3,4	811	52%
SL	2	210	< 1	503	0,8	82	100%
ST	21	85.778	443	194	1,0	4.195	100%
TH	31	20.064	219	92	1,9	1.241	68%
DE	506	2.114.672	8.486	249	1,6	6.591	63%

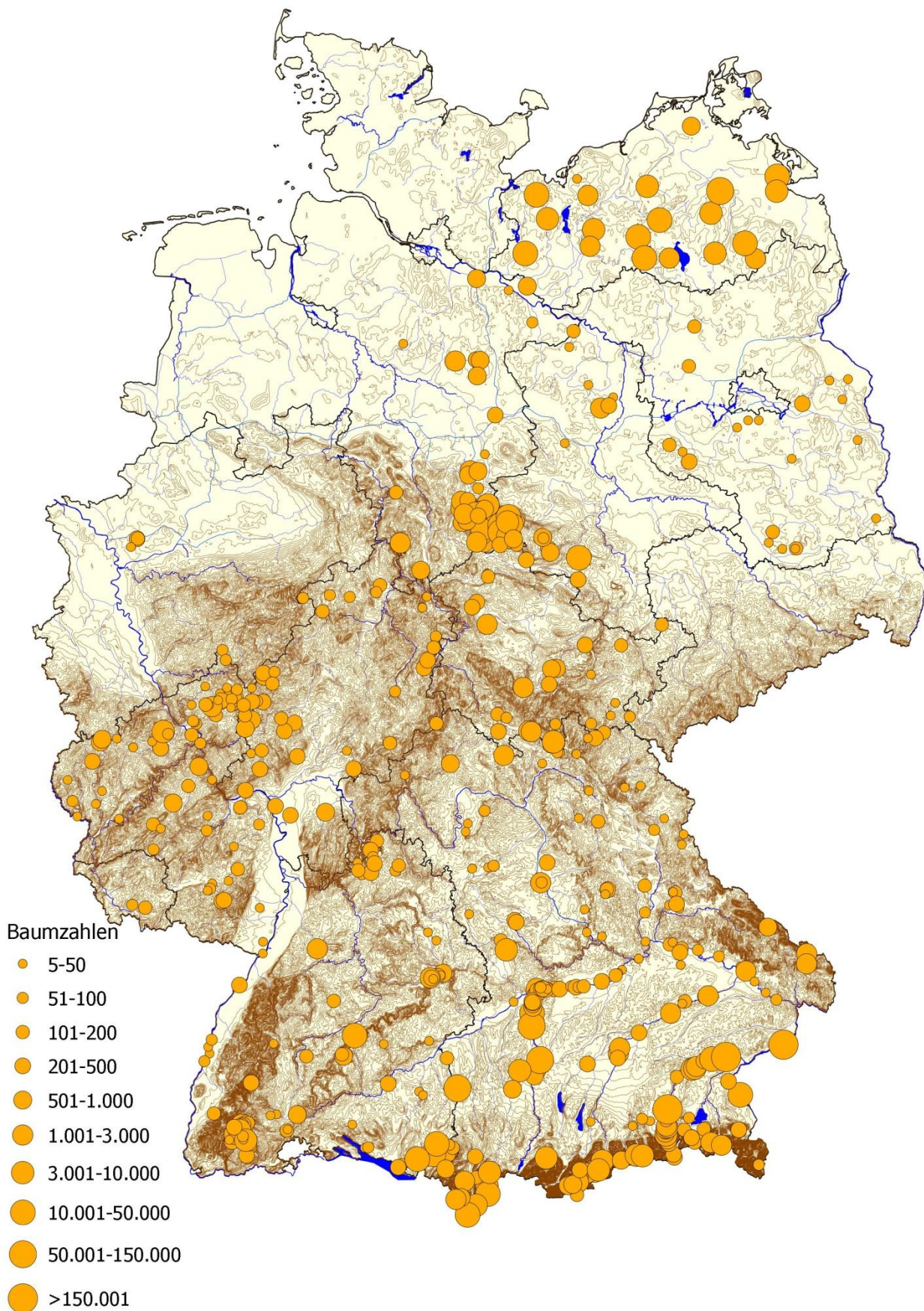


Abbildung 15: Kartierte Vorkommen der Grau-Erle (Vorkommens-Klassen) und deren Höhenlage

Im Vergleich zwischen den Bundesländern wird der Anteil der Vorkommen in Bezug zu ihrer Größe errechnet. Es wurde deshalb die Anzahl der Vorkommen (Abb. 16) sowie die der Einzelindividuen pro tausend km² Landesfläche berechnet (Abb. 17). Die meisten Vorkommen pro Quadratkilometer (3,43/1.000 km²) sind in Rheinland-Pfalz. Jedoch ist die Individuenanzahl pro Vorkommen dort nicht sehr hoch (811 Bäumen/1000 km²) und rangiert im Bundesländervergleich im unteren Bereich. Bayern besitzt mit 2,58 Vorkommen und 22.447 Individuen pro tausend km² die jeweils höchsten Werte.

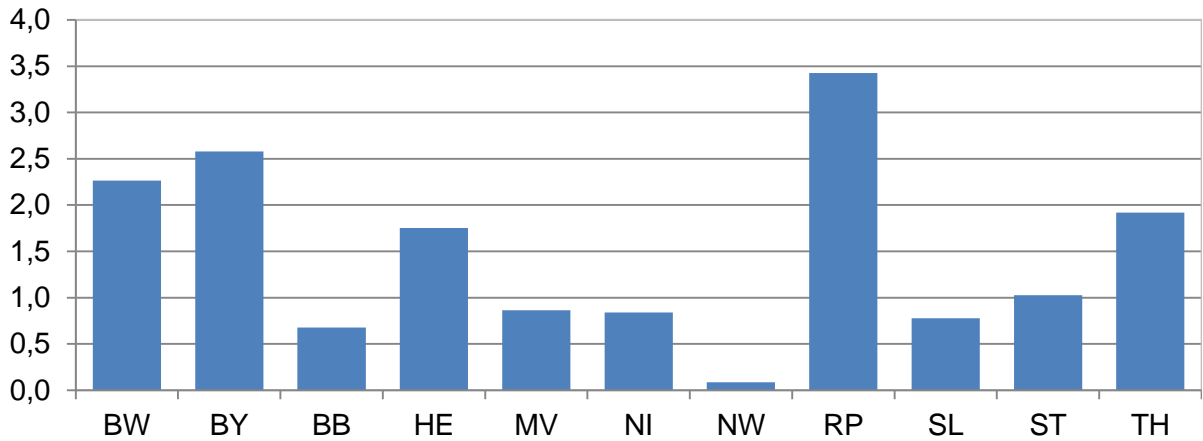


Abbildung 16: Anzahl der kartierten Grau-Erlen-Bestände bezogen auf die Fläche (je 1.000 km²) der Bundesländer

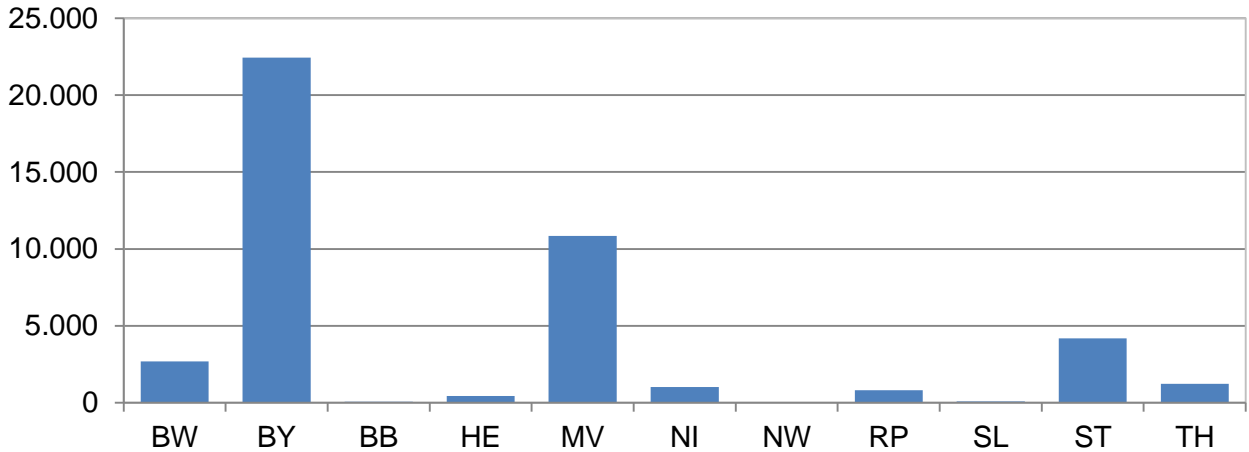


Abbildung 17: Anzahl der kartierten Grau-Erlen bezogen auf die Fläche (je 1.000 km²) der Bundesländer

4.1.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten

Untersucht wurde ebenfalls die Grau-Erlen-Häufigkeit in den einzelnen Bundeswuchsgebieten (Abb. 18 und Abb.19). Die genauen Zahlen sind in Tabelle 5 zusammengestellt. Deutschlandweit befinden sich die meisten Grauerlen Vorkommen im Wuchsgebiet Tertiäres Hügelland (Nr. 78). Hier sind ca. 550.000 Exemplare in 41 Vorkommen kartiert worden. Das größte Einzelvorkommen besteht aus 178.075 Grau-Erlen.

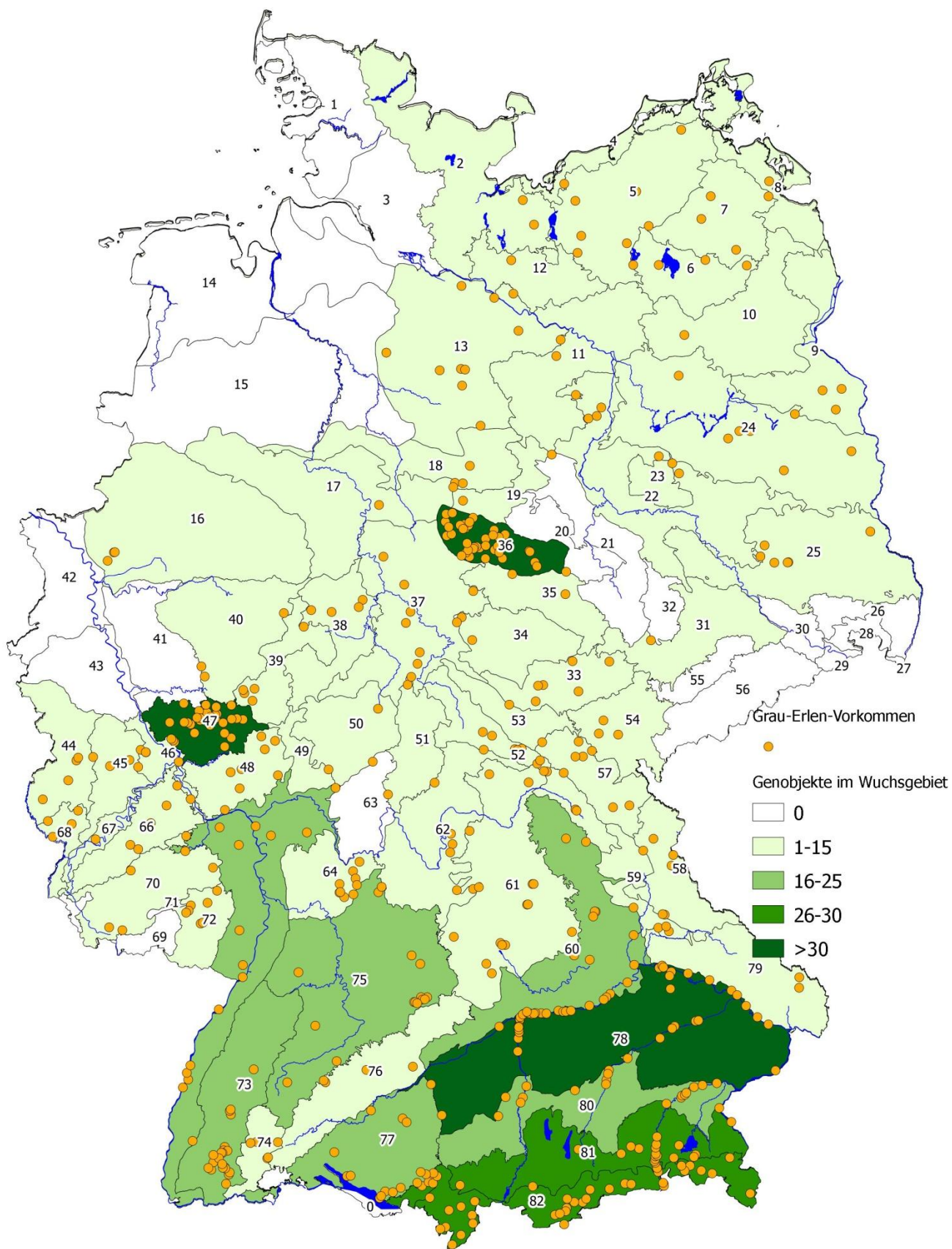


Abbildung 18: Anzahl der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen in den Bundeswuchsgebieten

Die Häufung von Grau-Erlen-Vorkommen in Süddeutschland an größeren Flussläufen und in den Nordalpen ist deutlich erkennbar (Abb.19). Diese Gebiete entsprechen den natürlichen Standortbedingungen dieser Baumart. So befinden sich die stammzahlreichsten Vorkommen in den Auwäldern entlang des Inns, der Salzach und der vielen Flüsse im Alpenraum. In Mitteldeutschland befinden sich die Genobjekte meist in Feuchtbiotopen und an kleineren Flüssen. Man findet aber auch vereinzelt Vorkommen an Hecken, Parkplätzen und Straßen. Diese Vorkommen sind wahrscheinlich künstlich angepflanzt. Weitere Schwerpunkte befinden sich im Harz und an der Seenplatte von Mecklenburg-Vorpommern. Im Norden sowie Nordwesten Deutschlands trifft man seltener auf Grau-Erlen.

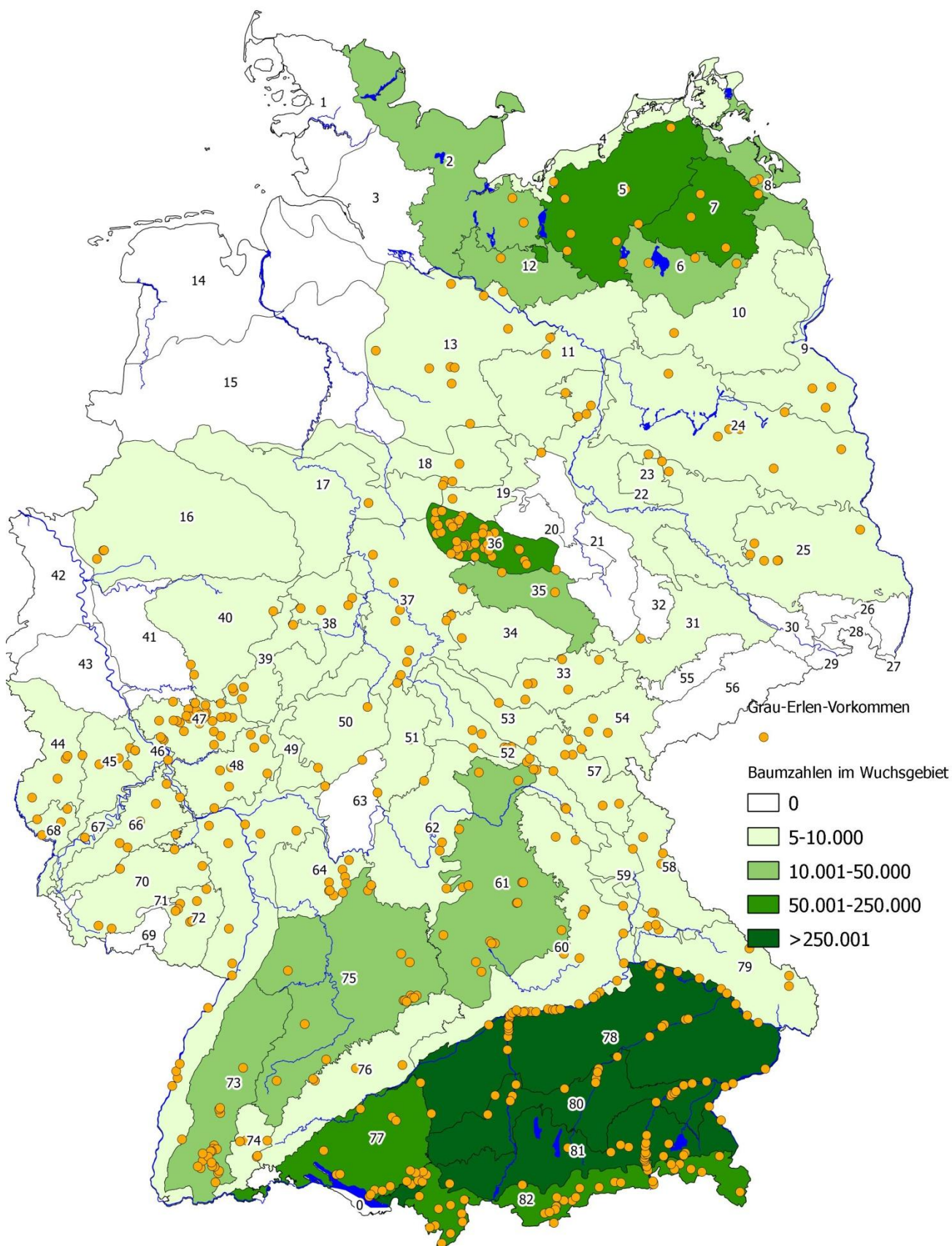


Abbildung 19: Anzahl der kartierten Grau-Erlen in den Bundeswuchsgebieten

Tabelle 5: Anzahl der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen und Anzahl der kartierten Grau-Erlen in den Bundeswuchsgebieten

WG Code	Bundeswuchsgebiet	Baumzahl	Genobjektanzahl
2	Jungmoränenlandschaft Schleswig-Holstein Ost / Nordwest-Mecklenburg	19.740	2
4	Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland	40	1
5	Ostholsteinisch-Westmecklenburger Jungmoränenland	55.736	7
6	(Mittel-) Mecklenburger Jungmoränenland	21.655	4
7	Ostmecklenburg-Vorpommersches Jungmoränenland	103.700	4
8	Ostvorpommersches Küstenland	38.130	2
9	Nordostbrandenburger Jungmoränenland (Mittelbrandenburger Jungmoränenland)	28	3
10	Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nordbrandenburger Jungmoränenland)	150	1
11	Ostniedersächsisch-Altmärkisches Altmoränenland (Westprignitz-Altmärkisches Altmoränenland)	255	3
12	Südost-Holsteinisch-Südwestmecklenburger Altmoränenland	13.725	1
13	Ostniedersächsisches Tiefland	5.466	10
16	Westfälische Bucht	641	3
17	Weserbergland	1.069	2
18	Nordwestdeutsche Berglandschwelle	3.227	3
19	Nordwestliches Harzvorland	55	1
22	Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland	2.690	6
23	Hoher Fläming	12	1
24	Mittelbrandenburger Talsand- und Moränenland	734	7
25	Düben-Niederlausitzer Altmoränenland	510	6
31	Sächsisch-Thüringisches Löss-Hügelland	118	1
33	Ostthüringisches Trias-Hügelland	2.364	6
34	Thüringer Becken	1.850	2
35	Nordthüringisches Trias-Hügelland	13.685	3
36	Harz	106.971	37
37	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	4.518	9
38	Nordwesthessisches Bergland	414	4
39	Nördliches hessisches Schiefergebirge	1.590	5
40	Sauerland	200	3
44	Nordwesteifel	1.880	5
45	Osteifel	36	2
46	Mittelrheintal	5.771	7
47	Westerwald	6.998	31
48	Taunus	2.160	8
49	Wetterau und Giessener Becken	45	1
50	Vogelsberg und östlich angrenzende Sandsteingebiete	250	2
51	Rhön	493	3
52	Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland	9.962	14
53	Thüringer Gebirge	1.500	1
54	Vogtland	174	3
57	Frankenwald, Fichtelgebirge und Steinwald	743	7
58	Oberpfälzer Wald	395	6
59	Oberpfälzer Becken- und Hügelland	493	4
60	Frankenalb und Oberpfälzer Jura	9.644	20
61	Fränkischer Keuper und Albvorland	11.440	15
62	Fränkische Platte	1.226	7
64	Odenwald	1.332	9
65	Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene	2.860	16
66	Hunsrück	1.730	5
67	Moseltal	6	1
68	Gutland	177	4
70	Saar-Nahe Bergland	345	5
72	Pfälzerwald	863	7
73	Schwarzwald	16.927	22
74	Baar-Wutach	908	4
75	Neckarland	21.640	17
76	Schwäbische Alb	123	3
77	Südwestdeutsches Alpenvorland	54.591	19
78	Tertiäres Hügelland	549.486	41
79	Bayerischer Wald	6.230	6
80	Schwäbisch-Bayerische Schotterplatten- und Altmoränenlandschaft	513.209	16
81	Schwäbisch-Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge	393.861	26
82	Bayerische Alpen	83.335	30

4.1.2 Potentielle natürliche Vegetation

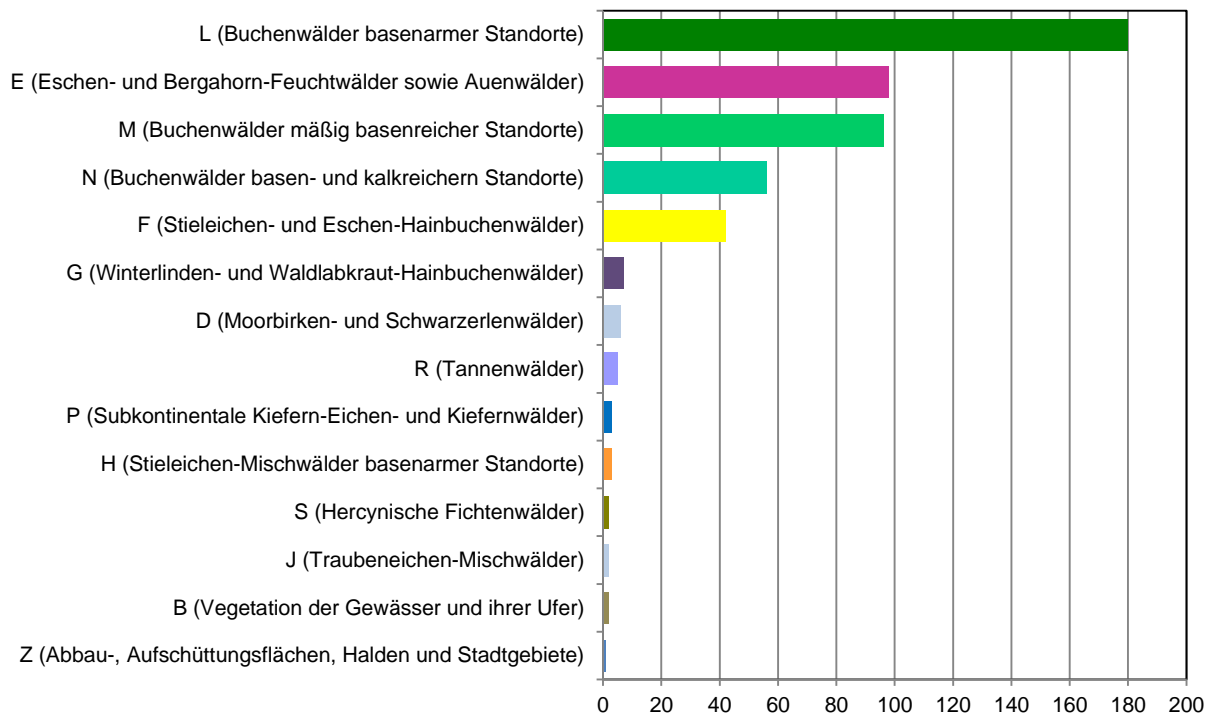


Abbildung 20: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen

Abbildung 20 und Abbildung 21 zeigen die Verteilungen der Vorkommen nach der potentiellen natürlichen Vegetation (pnV). Viele der Vorkommen befinden sich auf basenarmen Buchenstandorten.

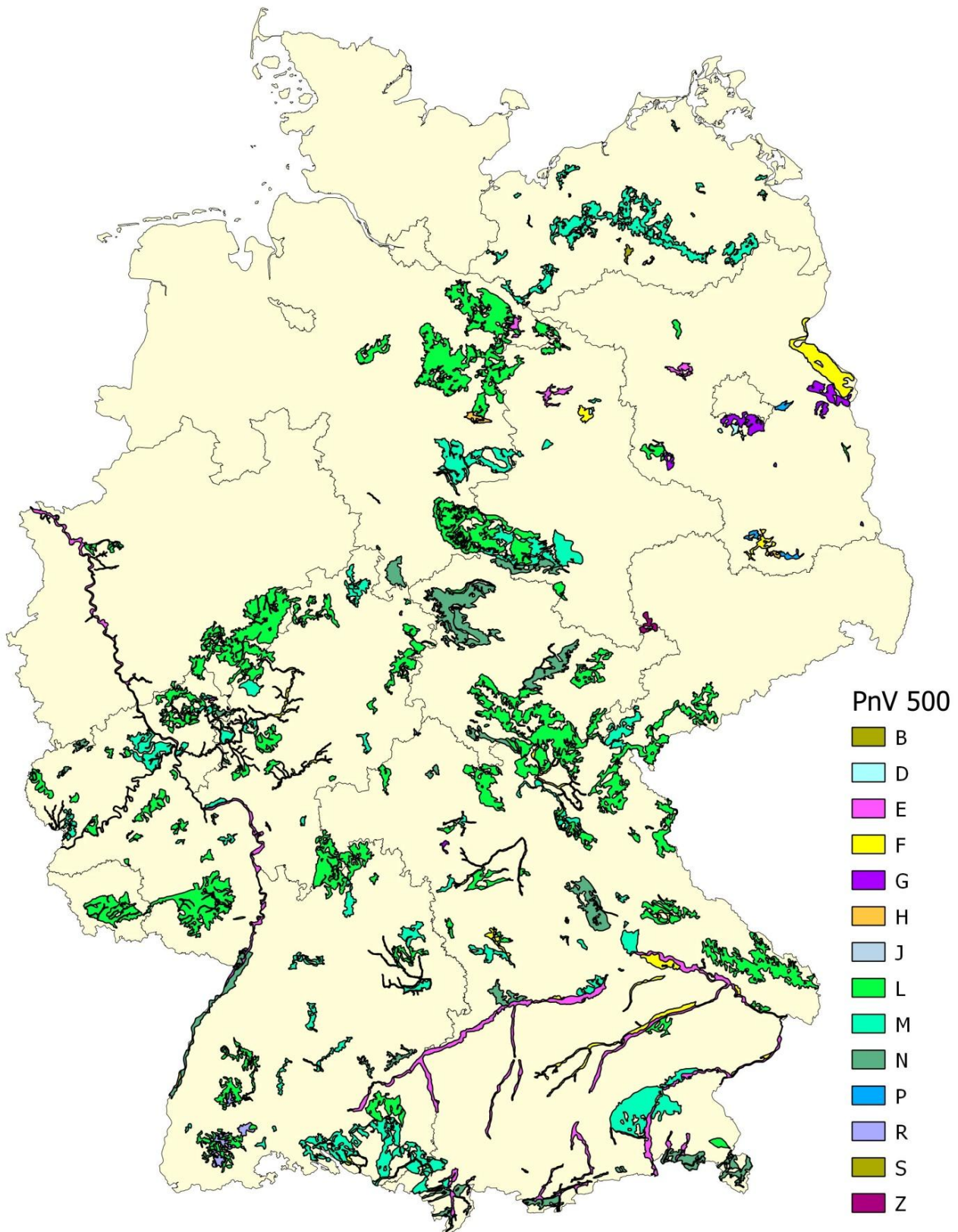


Abbildung 21: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen in Deutschland

4.2 Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl

Die Vorkommen der erfassten Grau-Erlen besitzen bundesweit eine Durchschnittsfläche von 16,8 ha sowie eine durchschnittliche Baumzahl je Vorkommen von 4.179 Individuen. Die mit deutlichem Abstand größten Vorkommen der Grau-Erlen liegen mit durchschnittlich 27,9 ha (Baumzahl 8.702) in Bayern (Abb. 23). In Mecklenburg-Vorpommern sind die Vorkommen durchschnittlich nur 3,5 ha groß, wobei dort die höchste durchschnittliche Baumzahl von 12.035 Stück erreicht wird (Abb. 22). In den anderen Bundesländern liegen die Durchschnittswerte zwischen 0,2 und 22 ha sowie 102 und 7.906 Bäumen je Vorkommen.

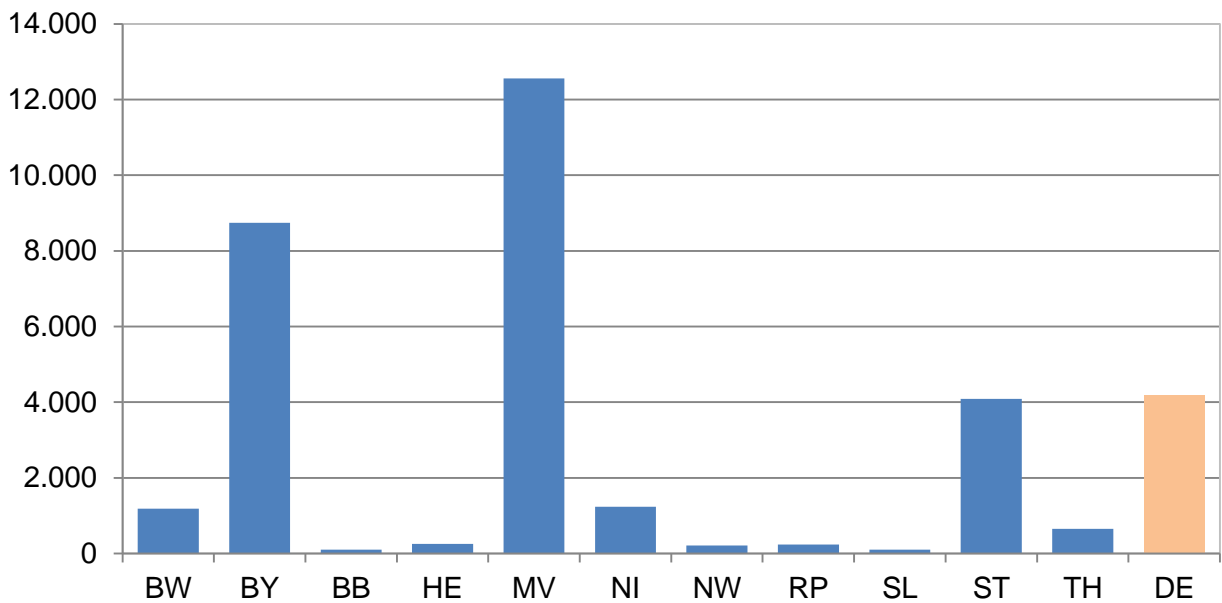


Abbildung 22: Durchschnittliche Baumzahl der Grau-Erlen-Vorkommen pro Bundesland

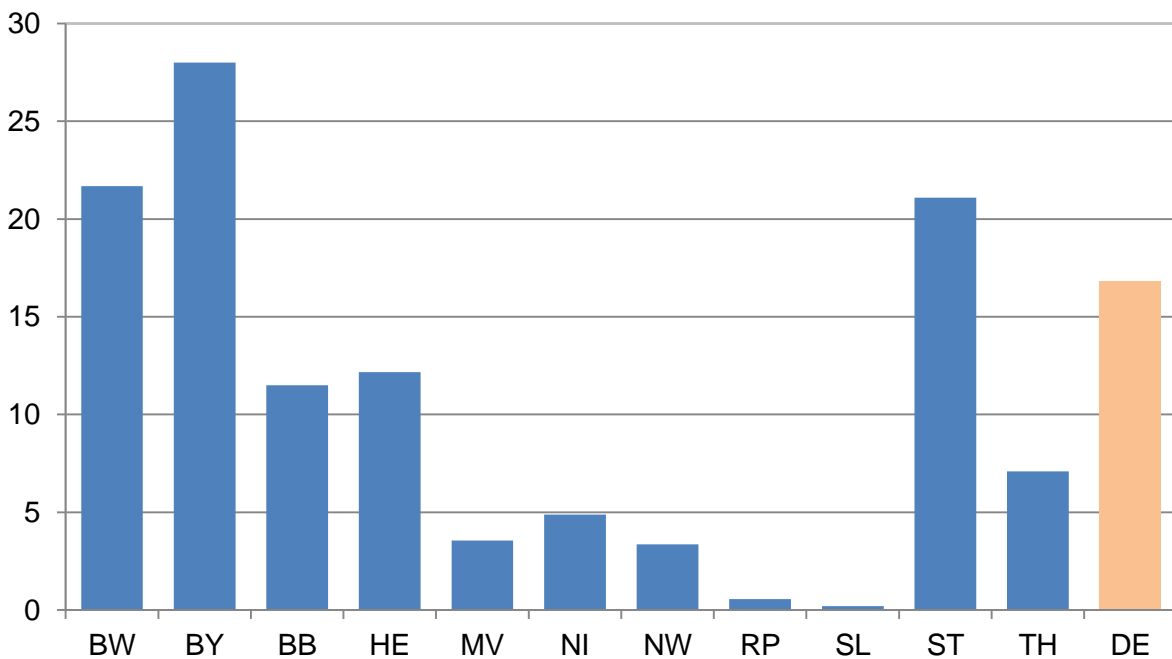


Abbildung 23: Durchschnittliche Flächengröße der Grau-Erlen-Vorkommen pro Bundesland

4.2.1 Abundanz

Die Abundanz ist ein Maß der Individuendichte der Populationen und gibt die Gesamtzahl von Individuen pro Vorkommen an. Zur Klassifizierung der Vorkommen hinsichtlich der Erhaltungsfähigkeit wurde die Datenbank nach den bereits beschriebenen Abundanzstufen ausgewertet (Tab. 6). Rund 70% der Vorkommen weisen Individuenzahlen bis 500 Bäumen auf (Klassen 1, 2, 3 und 4). Etwa 24% der Vorkommen umfassen 501 bis 10.000 Individuen (Klasse 5, 6 und 7). Knapp 6% der Vorkommen liegen in den Abundanzklassen 8, 9 und 10 zwischen 10.001 und 370.000 Bäumen. Die Tabelle 6 zeigt die Verteilung der Abundanzklassen im Überblick.

Tabelle 6: Verteilung der Grau-Erlen-Vorkommen in den Abundanzstufen

Stufe	Individuenzahl	Anzahl	%
1	5- 50	135	26,7%
2	51- 100	65	12,8%
3	101- 200	71	14,0%
4	201-500	84	16,6%
5	501- 1.000	46	9,1%
6	1.001- 3.000	45	8,9%
7	3.001- 10.000	30	5,9%
8	10.001- 50.000	22	4,3%
9	50.001- 150.000	5	1,0%
10	>150.001	3	0,6%

4.3 Durchmesserstruktur und Altersstruktur

4.3.1 Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen

Rund 33 % der kartierten Grau-Erlen haben einen geringeren Brusthöhendurchmesser (BHD) als 7 cm. Etwa 57 % der Bäume weisen Durchmesser zwischen 7 cm und 20 cm auf und nur 10 % der Individuen haben einen BHD über 20 cm. Insgesamt überwiegen die mittleren Durchmesser deutlich, gefolgt von den Durchmessern kleiner 7 cm (Abb.24). Abbildung 25 zeigt die gefundenen Grundtypen (Altersstrukturen) der Grau-Erlen-Vorkommen.

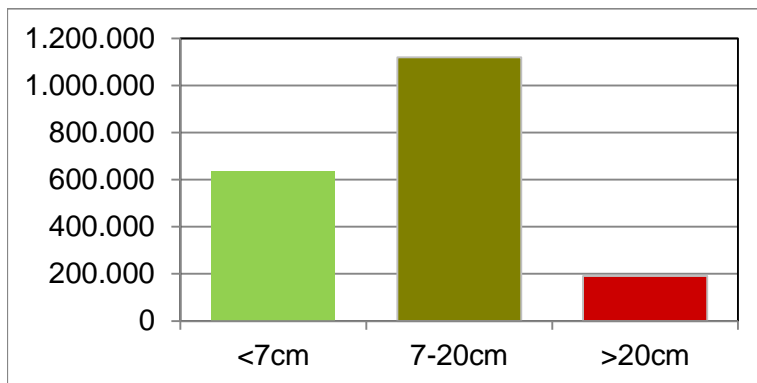


Abbildung 24: Grau-Erlen-Baumzahlen der drei Durchmesserstufen in Deutschland



Abbildung 25: Altersstrukturpyramide der Durchmesserstufen der Grau-Erle im Bundesgebiet

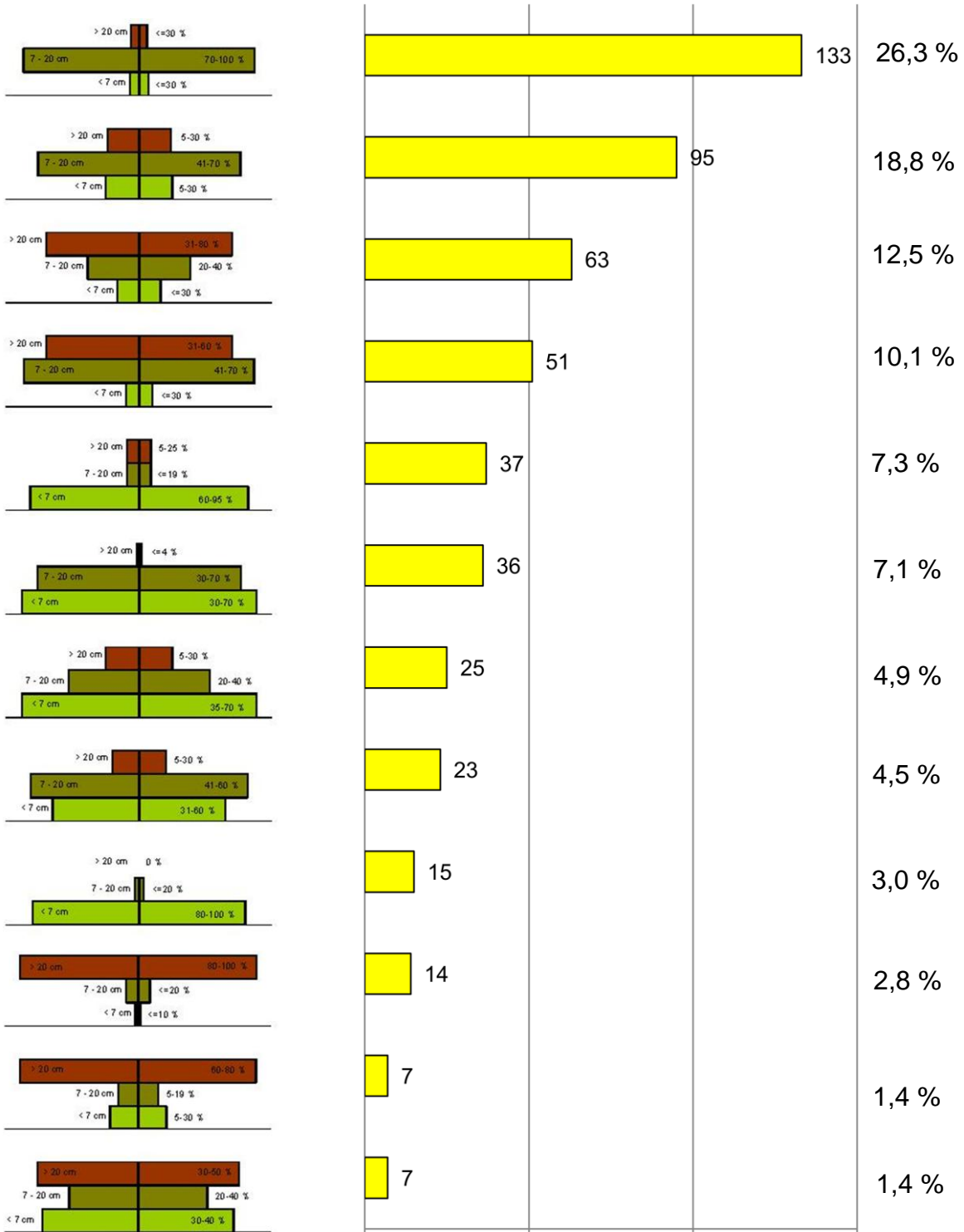


Abbildung 26: Grundtypen (Altersstrukturen) der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen und deren Häufigkeit in Deutschland

Für die analysierten Grau-Erle-Vorkommen wurden 12 Grundtypen des Altersaufbaus gefunden (Abb. 26). 60 % der Vorkommen weisen Strukturen auf, in denen die Durchmesserstufe 7-20 cm dominiert. Vorkommen in denen die kleinste Durchmesserstufe (<7 cm) am häufigsten vorkommt, sind in 24 % der Bestände zu finden. Dominierende Strukturen mit dicken Bäumen (>20 cm) treten nur in 15 % der Vorkommen auf.

Die Verteilung der Altersstrukturen in den Bundesländern ist etwas differenzierter (Abb. 27). Der Anteil der Bäume mit einem Durchmesser über 20 cm schwankt in den Bundesländern von 5 % bis 40 %. Die Anteile der Stufe unter 7 cm variieren von 0 % in Nordrhein-Westfalen bis fast 80 % in Mecklenburg-Vorpommern. Der Anteil der mittleren Durchmesserstufe ist bei fast allen Bundesländern am größten und liegt durchschnittlich bei ca. 45 %. In Tabelle 7 sind die konkreten Baumzahlen in den Durchmesserstufen für die einzelnen Bundesländer aufgelistet.

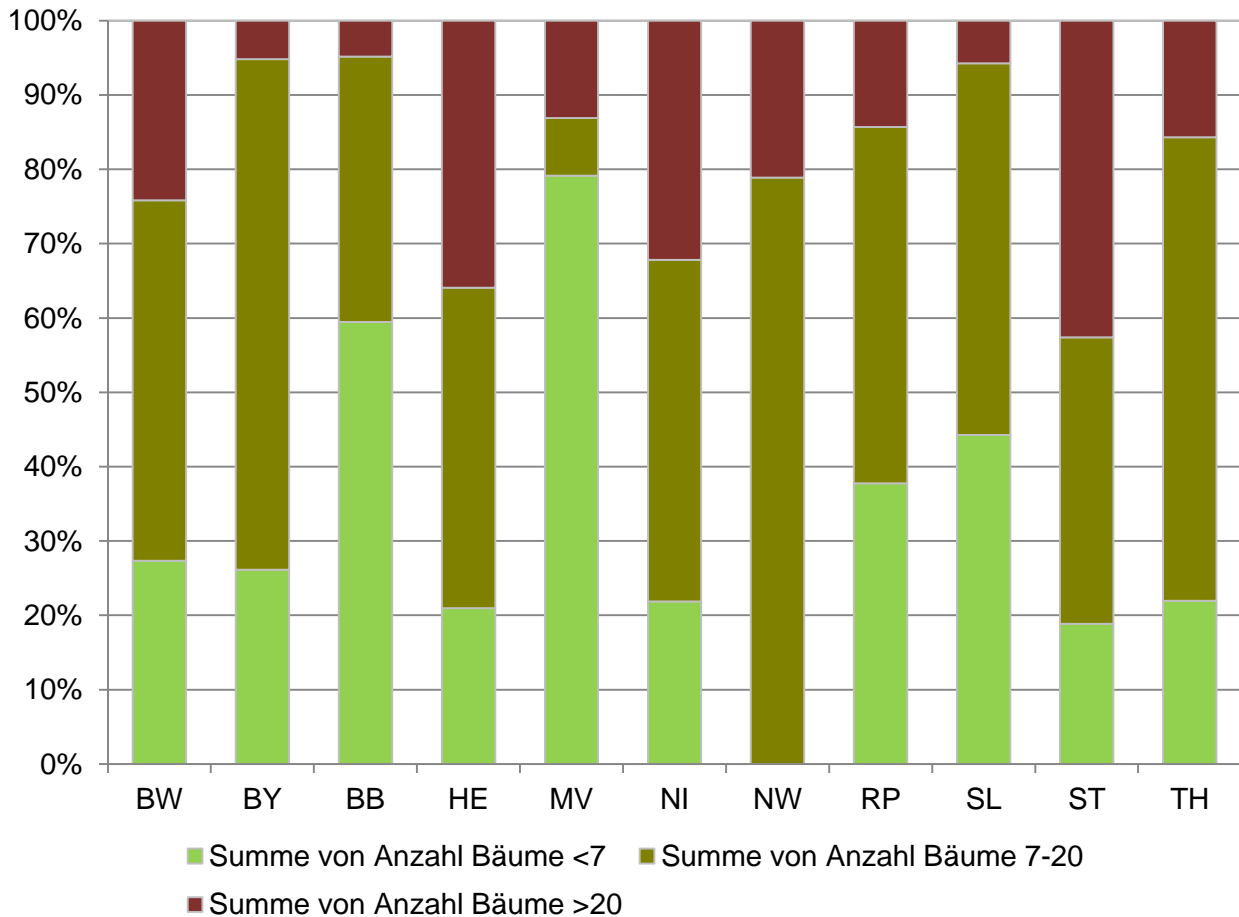


Abbildung 27: Prozentuale Verteilung der drei Durchmesserstufen der Grau-Erlen in den Bundesländern

Tabelle 7: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen der (<7 cm, 7-20 cm, >20 cm) der Grau-Erlen in den kartierten Vorkommen

Bundesland	Anzahl Bäume <7 [cm]	Anzahl Bäume 7-20 [cm]	Anzahl Bäume >20 [cm]	Summe
BB	1.210	726	98	2.034
BW	26.312	46.698	23.241	96.251
BY	385.940	1.122.561	75.190	1.583.691
HE	1.972	4.055	3.380	9.407
MV	198.817	19.459	32.950	251.226
NI	10.781	22.630	15.866	49.277
NW	0	506	135	641
RP	6.075	7.719	2.299	16.093
SL	93	105	12	210
ST	16.183	33.045	36.550	85.778
TH	4.410	12.512	3.142	20.064
DE	650.993	1.269.316	192.863	2.114.672

4.3.2 Altersstrukturqualitätsklassen

Die Altersstrukturqualitätsklassen (siehe Kap. 3.6.3) stellen ein Bewertungsschema dar, mit dem die Abweichung von einer idealen Durchmesserverteilung beschrieben werden kann. Tabelle 8 zeigt die Übersicht der Altersstrukturklassen der kartierten Grau-Erlen in Deutschland.

Tabelle 8: Häufigkeiten der Vorkommen in den Altersstrukturqualitätsklassen der kartierten Grau-Erlen-Bestände in Deutschland

Altersstrukturqualitätsklasse	Anzahl	Anzahl %
sehr gut (1)	266	52,6 %
gut (2)	43	8,5 %
befriedigend (3)	162	32,0 %
schlecht (4)	35	6,9 %

4.4 Vitalitätsstufen

Die Klassifizierung eines Vorkommens hinsichtlich der Erhaltungsfähigkeit richtet sich insbesondere nach seiner Vitalität. Zur Bonitierung der Vitalität der Bäume wurden die Stufen 0 (sehr gut) bis 4 (abgestorben) vergeben (siehe Kap. 3.6.4). Auf der Grundlage der Vitalität der Einzelindividuen wurden die bundesweiten Anteile berechnet und sind in der Abbildung 31 dargestellt:

Über alle Alterstufen hinweg haben die meisten Bäume eine hohe Vitalität (Stufe 0 und 1) (Abb. 28). Nur 5,5 % aller Bäume in Deutschland besitzen eine geringe bis schlechte Vitalität.

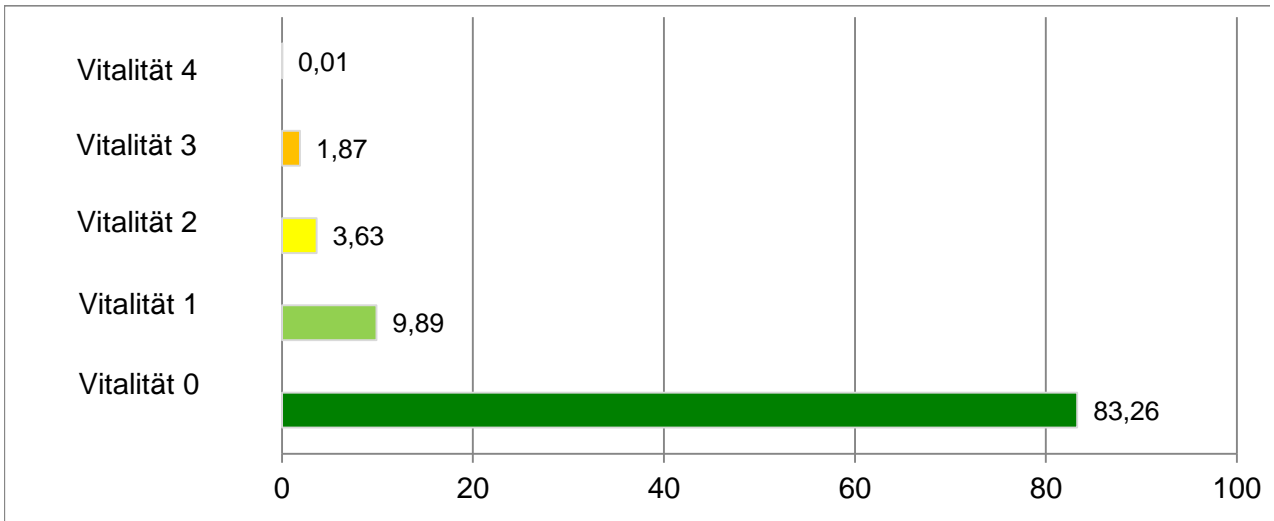


Abbildung 28: Anteile der Vitalitätsstufen der Grau-Erle in Deutschland in Prozent

In fast allen Bundesländern erreichen die Stufen 0/ 1 die 60 % Marke (Abb. 29). Nur Nordrhein-Westfalen liegt unter dem Durchschnitt, ist aber aufgrund der geringen Anzahl an Vorkommen (3 Objekte) vernachlässigbar. Abgestorbene Bäume (Vitalitätsklasse 4) finden sich zu 20 % in Sachsen-Anhalt und zu jeweils 10 % in Niedersachsen und Hessen.

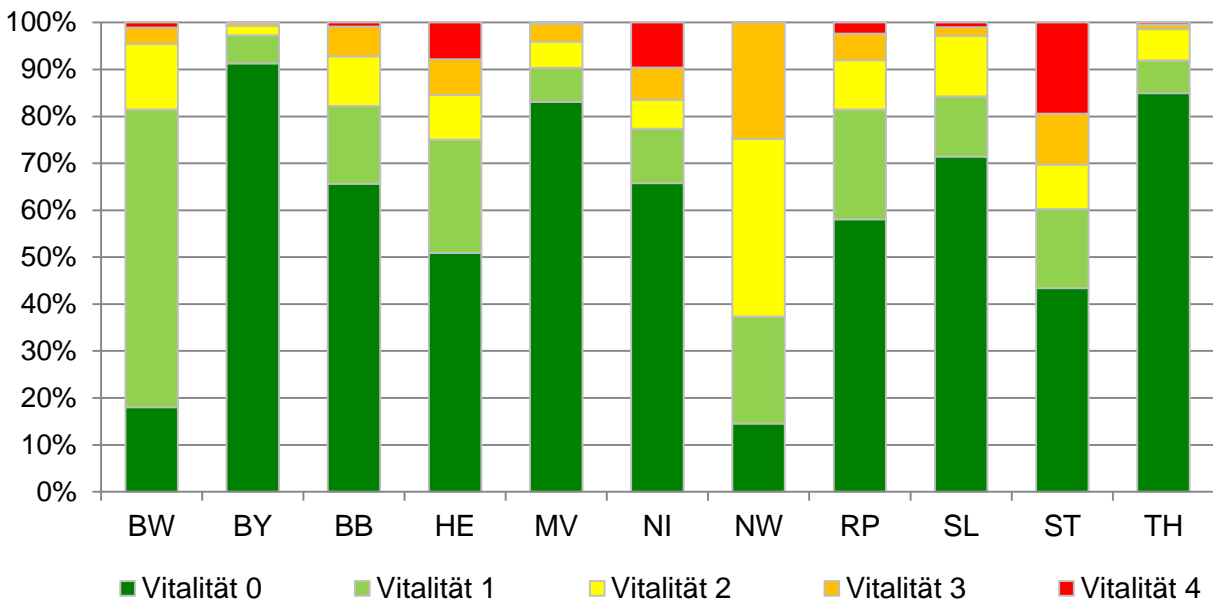


Abbildung 29: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen bei der Grau-Erle in den Bundesländern

Für jedes Vorkommen wurde die durchschnittliche Vitalität berechnet, die auf der Vitalität der Einzelindividuen basiert. Der für jedes Bundesland ermittelte Mittelwert dieser Vitalitätsindizes ist in Abbildung 30 dargestellt.

Eine sehr gute durchschnittliche Vitalität weisen die Vorkommen in Mecklenburg-Vorpommern auf. V.a. Bäume unter 7 cm Durchmesser verfügen über einen sehr hohen Vitalitätswert. Mit Ausnahme von Baden-Württemberg und Nordrhein-Westfalen erreichen alle Bundesländer eine sehr gute Vitalitätsbewertung (Vit. <1).

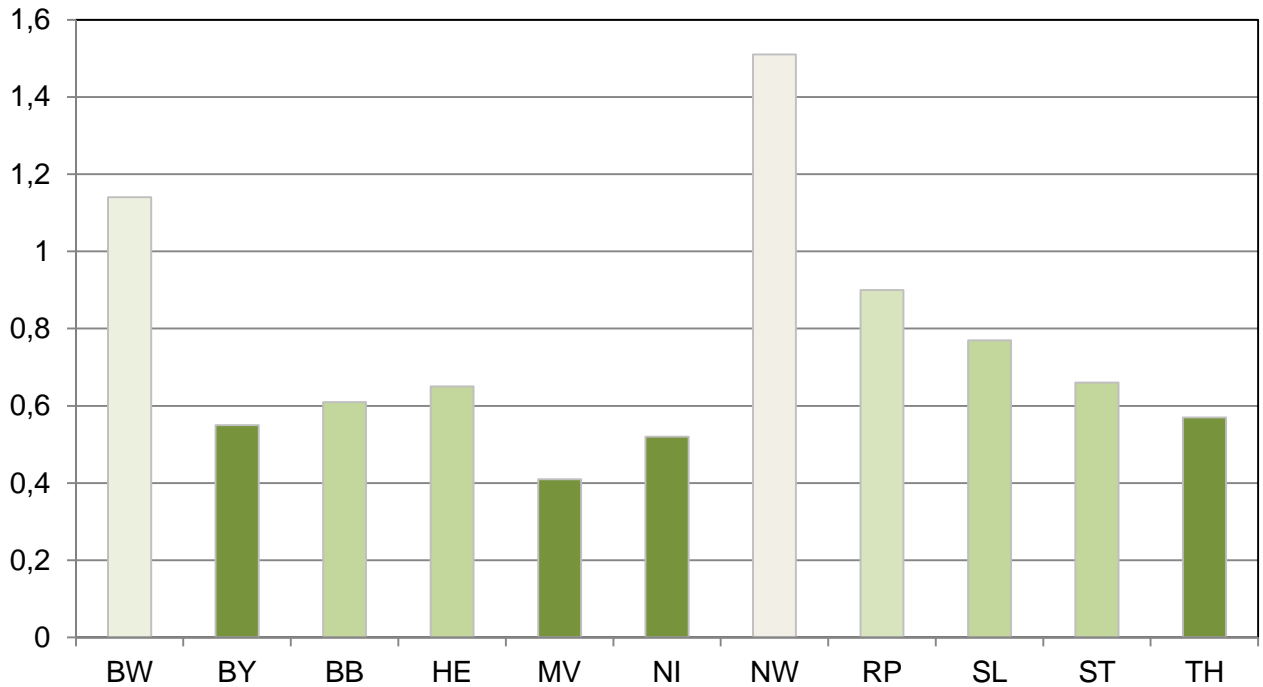


Abbildung 30: Verteilung der durchschnittlichen Vorkommens-Vitalität der Grau-Erlen-Vorkommen

In Abbildung 31 wird die durchschnittliche Vitalität der Vorkommen in Deutschland dargestellt. Die Mehrzahl der Genobjekte liegt im Bereich der Vitalitätsstufen 0 und 1.

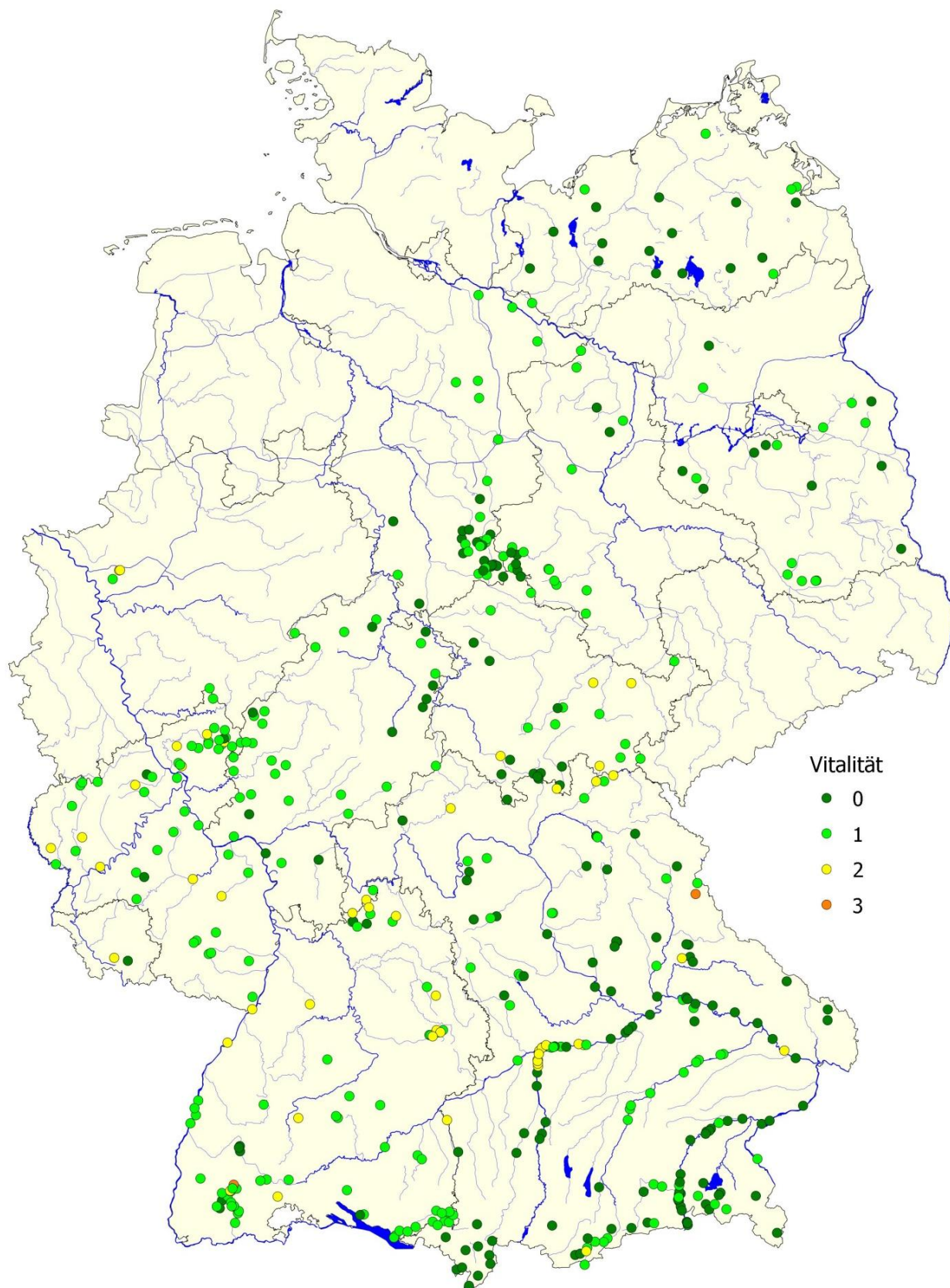


Abbildung 31: Durchschnittliche Vitalität der Grau-Erlen-Vorkommen

4.5 Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen

In den folgenden Diagrammen (Abb. 32, Abb. 33) sind einerseits die Verteilung der Vitalitätsstufen in den drei Durchmesserklassen und andererseits die Anteile der Durchmesserklassen in den fünf Vitalitätsstufen dargestellt.

Aus Abbildung 32 ist ersichtlich, dass die Vitalität mit zunehmendem Durchmesser (bzw. Alter) abnimmt. 94 % der Bäume der Durchmesserstufe < 7 cm besitzen die Vitalitätsstufe 0. Auch in der Durchmesserklasse 7 – 20 cm sind ca. 82 % der Bäume in Stufe 0 eingeordnet.

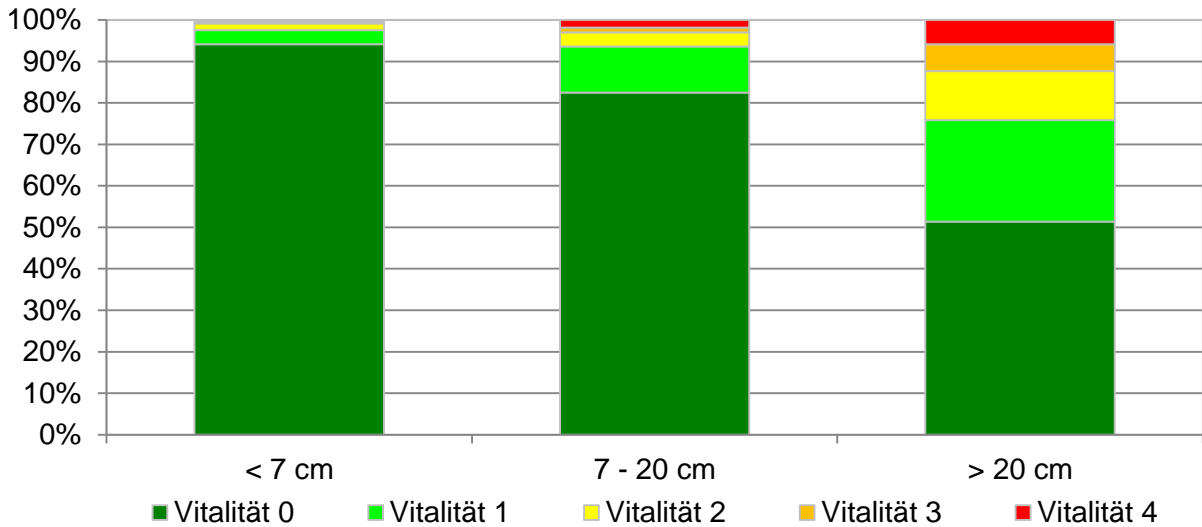


Abbildung 32 Vitalitätsanteile in den Durchmesserklassen der Grau-Erle

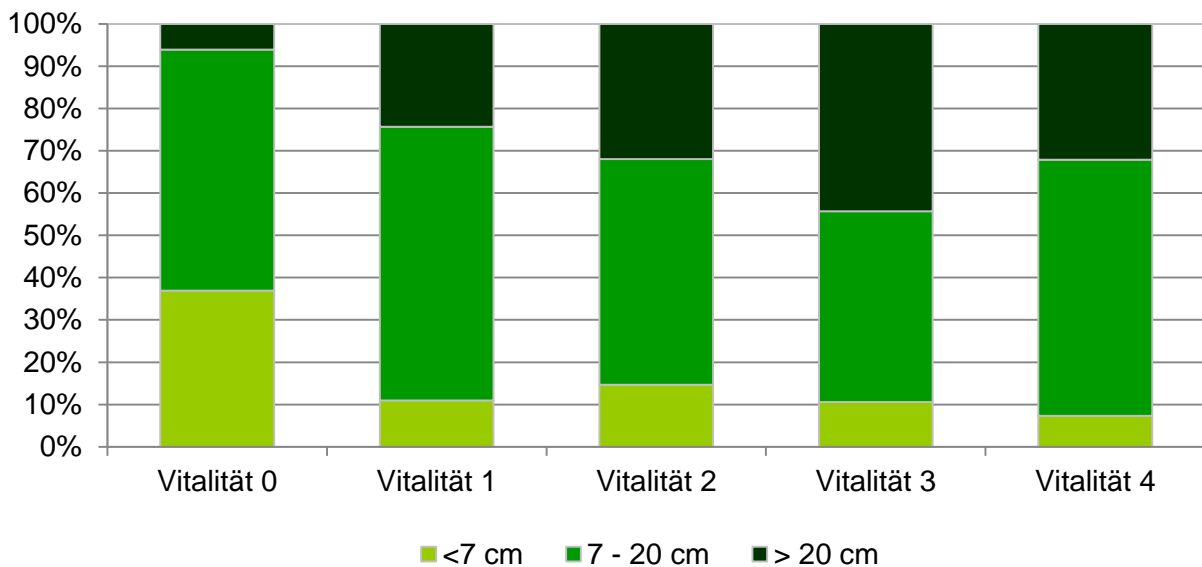


Abbildung 33 Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen der Grau-Erlen

4.6 Naturverjüngung

In 318 der Grau-Erlen-Vorkommen wurde Naturverjüngung gefunden, 186 Vorkommen weisen keine Naturverjüngung auf.

Die höchsten Anteile mit über 80 % Naturverjüngung weisen Vorkommen in den Bundesländern Baden-Württemberg, Hessen, Niedersachsen, Saarland und Sachsen-Anhalt auf (Abb. 34). Den geringsten Naturverjüngungsanteil besitzen Bayern, Rheinland-Pfalz und Brandenburg sowie Nordrhein-Westfalen. Da große Grau-Erlen-Bestände meist gleichförmig, dicht und gleichaltrig sind, finden sich in solchen Beständen oft nur geringe Naturverjüngungsanteile. Dies erklärt auch den geringen Naturverjüngungsanteil im Hauptvorkommensgebiet in Bayern.

Abbildung 35 zeigt die Verteilung der Vorkommen im Bundesgebiet mit und ohne Naturverjüngung, Abbildung 36 mit Verjüngung unter 1,50 m. Grau-Erlen-Bestände entwickeln sich sehr dicht und bilden oft Reinbestände, unter denen selten Naturverjüngung zu finden ist. Durch die Verbauung der Flüsse werden zudem die für die Verjüngung notwendigen Weichholzauen weiter zurückgedrängt. V.a. fehlen Blößen und Überschwemmungsbereiche, auf denen sich die Pionierbaumart verjüngen kann. Durch Hochwasserfreilegungen entwickeln sich viele Weichholzauen hin zu Hartholzauen, in denen die Grau-Erle durch andere konkurrenzstarke Baumarten des Auwaldes verdrängt wird.

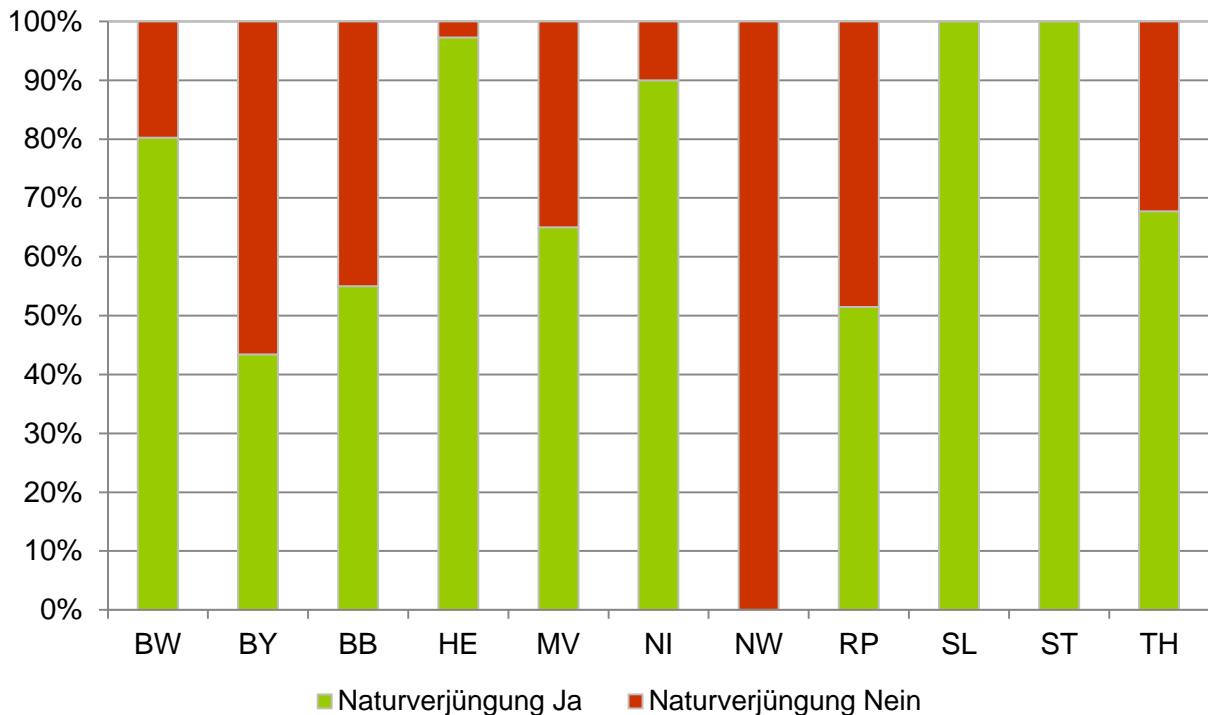


Abbildung 34: Anteile der Grau-Erlen-Vorkommen mit Naturverjüngung

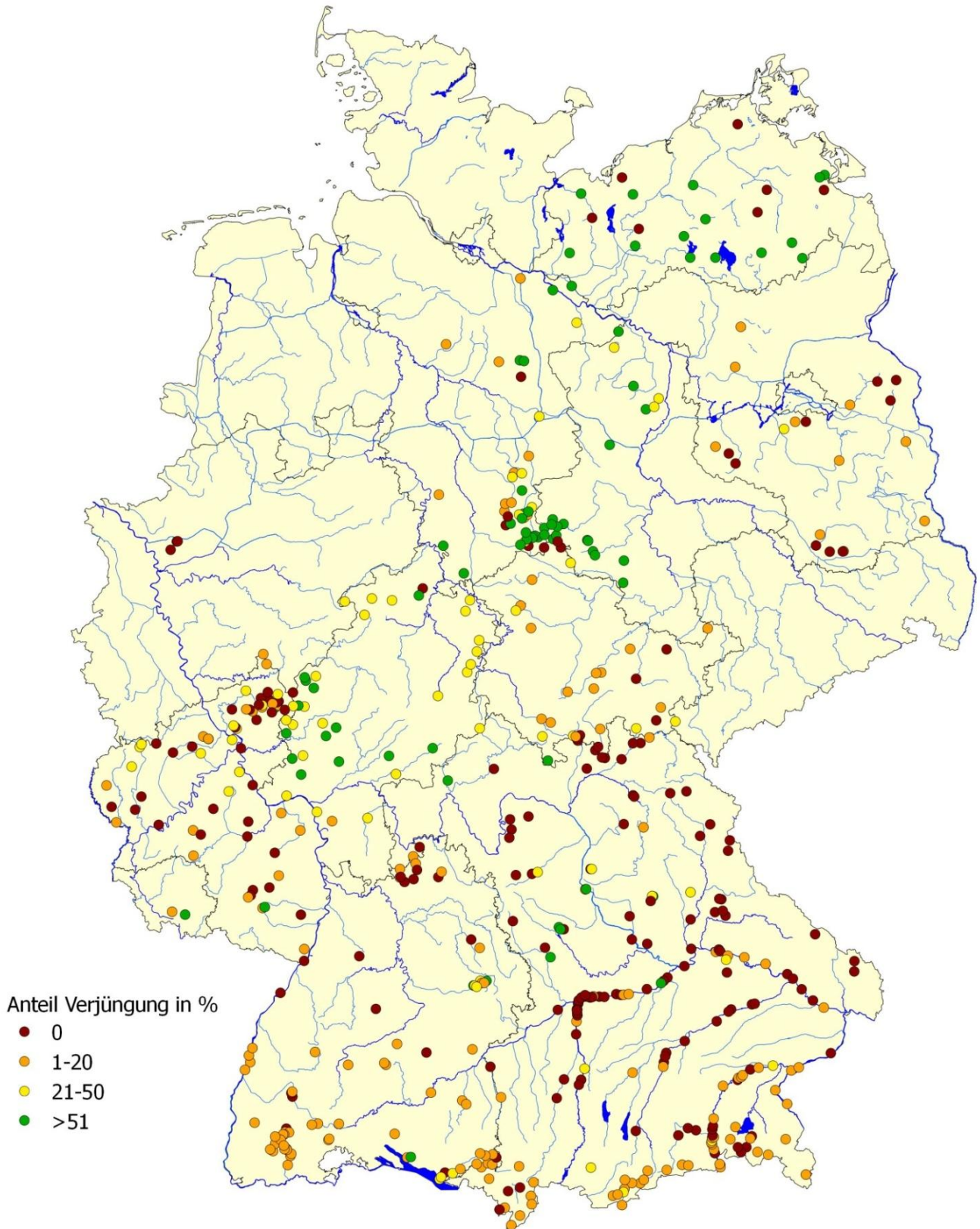
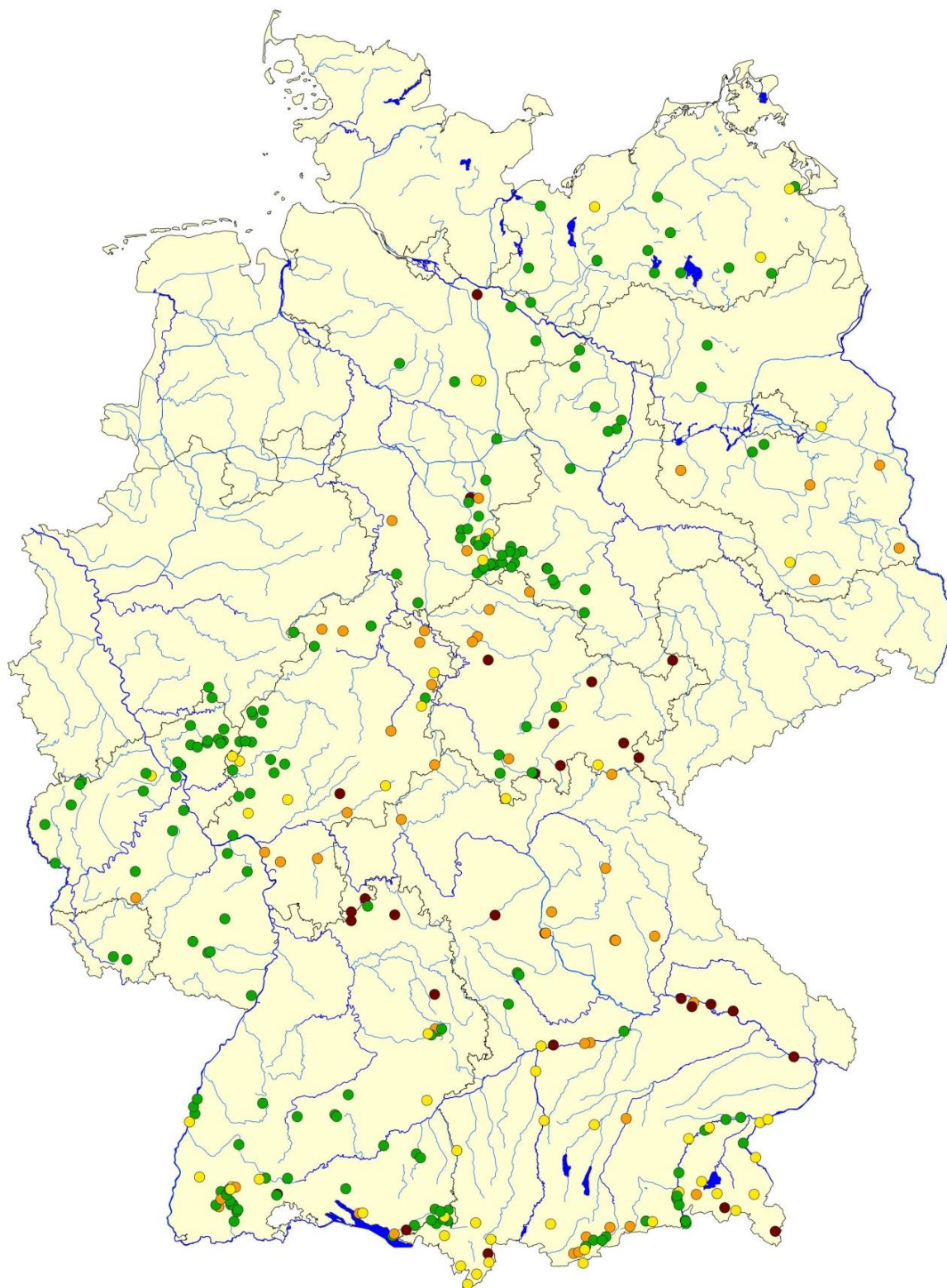


Abbildung 35: Übersicht der Grau-Erlen-Vorkommen mit bzw. ohne Naturverjüngung



Verjüngung kleiner als 1,50m in %

- 0
- 1-20
- 21-50
- >50

Abbildung 36: Grau-Erlen-Vorkommen mit Verjüngung kleiner als 1,50 m

4.7 Eigentumsverhältnisse

Viele Vorkommen erstrecken sich über mehre Eigentumsarten und Eigentümer, so dass die Flächengrößen die Eigentumsverhältnisse etwas verzerren. Bei einem Teil der Vorkommen konnte die Eigentumsart nicht recherchiert werden. Ein wesentlicher Grund dafür sind die Vorkommen in Auwaldgebieten, wo eine Eigentumsartbestimmung sehr schwierig war.

Der Vergleich in Abb. 37 zeigt, dass bundesweit nur sehr wenige Vorkommen dem Bund und der Treuhand gehören. Insgesamt teilen sich nur 7 Vorkommen auf diese zwei Eigentumsarten auf. Ein hoher Anteil der Grau-Erlenwälder wächst im Staats- und Körperschaftswald, nämlich 322 Vorkommen (64 %). 129 Vorkommen (26 %) sind Privatwald. Fast 24 % ist im Eigentum der staatlichen Forstverwaltungen und –betriebe sowie der Wasserwirtschaft.

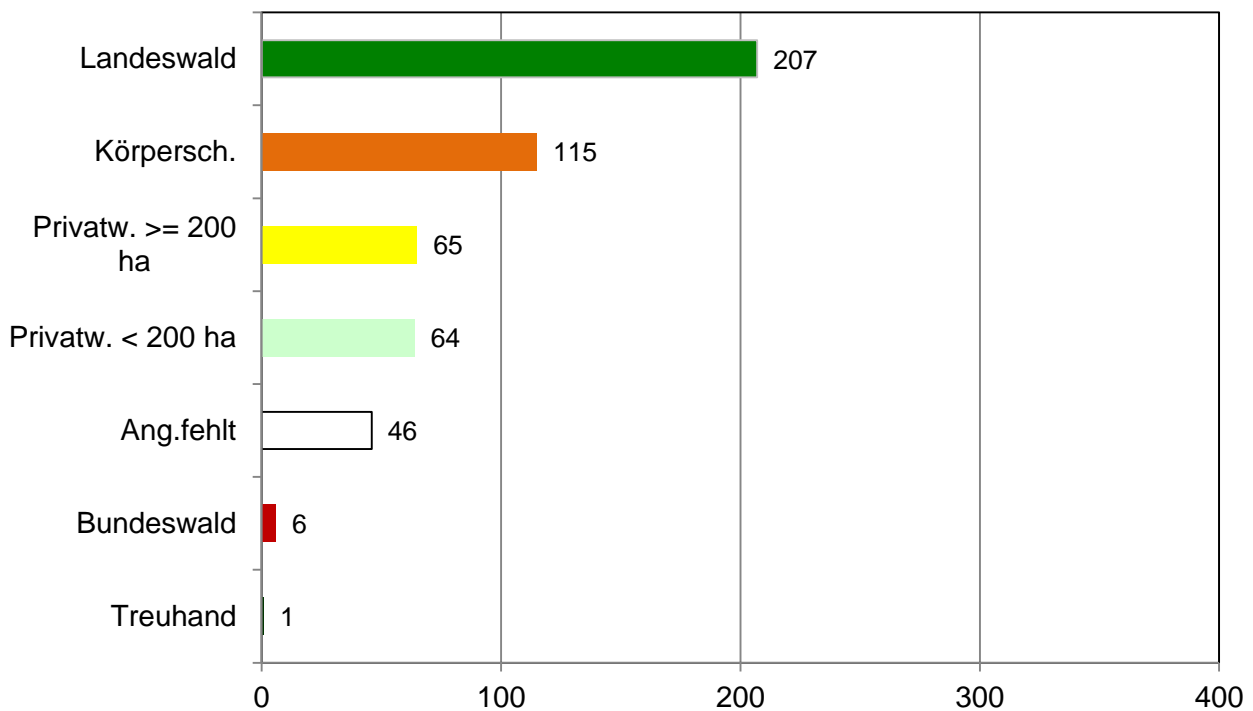


Abbildung 37: Verteilung der Grau-Erlen-Vorkommen nach Eigentumsart in Deutschland

Die Verteilung der Vorkommen auf die Eigentumsarten in den Bundesländern ist hingegen sehr unterschiedlich (Abb. 38). Vorkommen im Landesbesitz dominieren in Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Brandenburg, Sachsen-Anhalt und Bayern. In Bayern befinden sich 74 Vorkommen im Staatswald. Einen hohen Anteil von Vorkommen im Körperschaftswald haben die Bundesländer Rheinland-Pfalz, Saarland, Hessen und Baden-Württemberg. Dort liegt der Anteil bei über 35 %. Die zwei Vorkommen in Nordrhein-Westfalen liegen auch im Körperschaftswald. Bestände im Privatwald (<= 200 ha) nehmen über alle Bundesländer hinweg einen geringen Anteil (< 10 %) ein. Vorkommen im Privatwald finden sich v.a. in Bayern, Thüringen und im Saarland. Abbildung 39 zeigt eine genaue Übersicht der Vorkommen und Eigentumsarten in Deutschland.

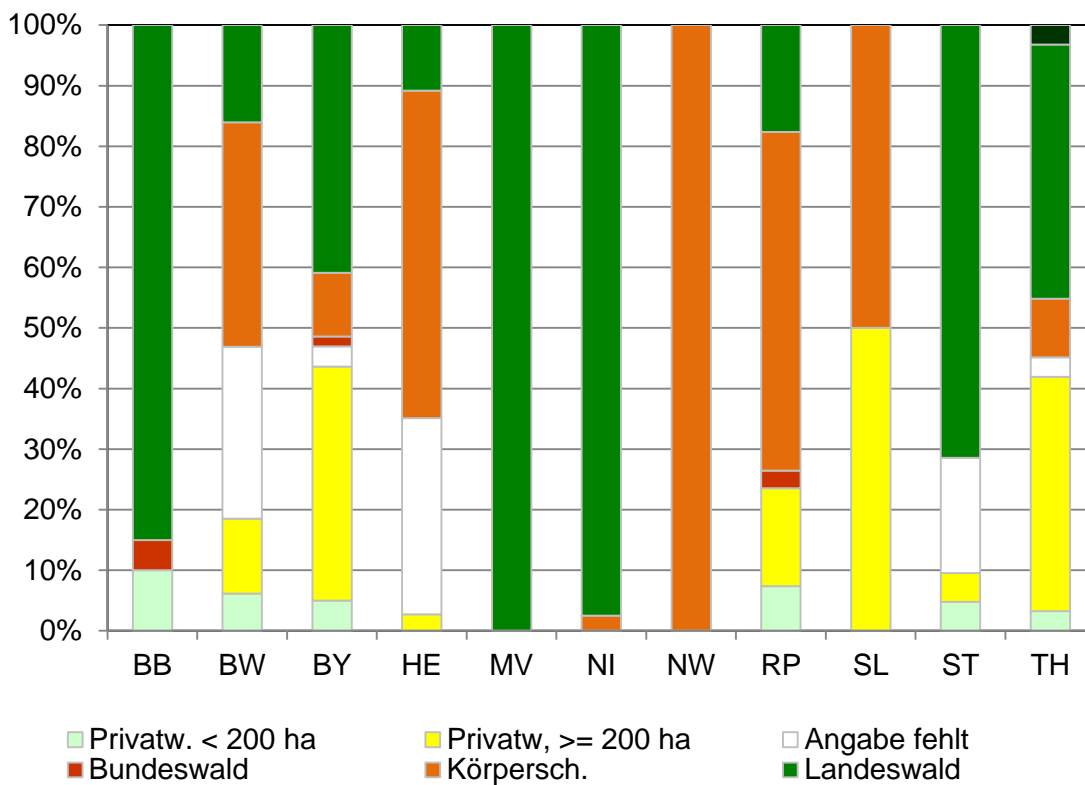


Abbildung 38: Prozentuale Verteilung der Grau-Erlen-Bestände auf die Eigentumsarten in den Bundesländern

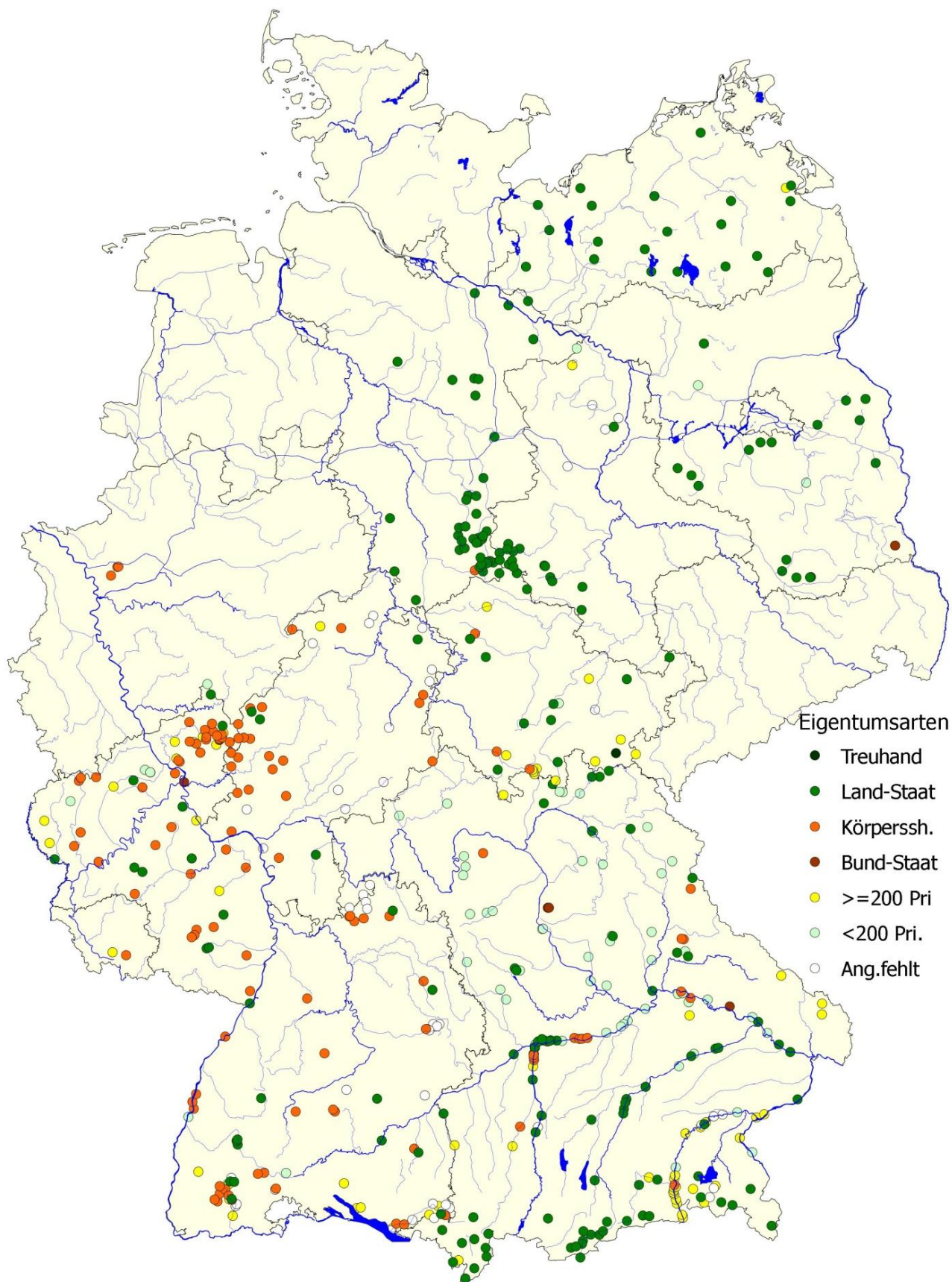


Abbildung 39: Eigentumsarten der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen in Deutschland

4.8 Schutzstatus und Höhenlage

Grundlage der nachfolgenden Auswertungen (Abb. 40) sind die erfassten Schutzgebiete der Bundesrepublik Deutschland. Der Schutzstatus wurde durch Verschneidung (GIS) der Schutzgebiete mit den Koordinatenpunkten der Vorkommen ermittelt.

Da Vorkommen mehreren Schutzkategorien zugeordnet werden können, gibt es Doppelzählungen. Nur 140 Grau-Erlen-Vorkommen können keiner Schutzgebietskategorie zugeordnet werden. Landschaftsschutzgebiete, Naturparke und FFH-Gebiete nehmen den größten Anteil ein. In Biosphärenreservaten konnten nur 12 Vorkommen gefunden werden.

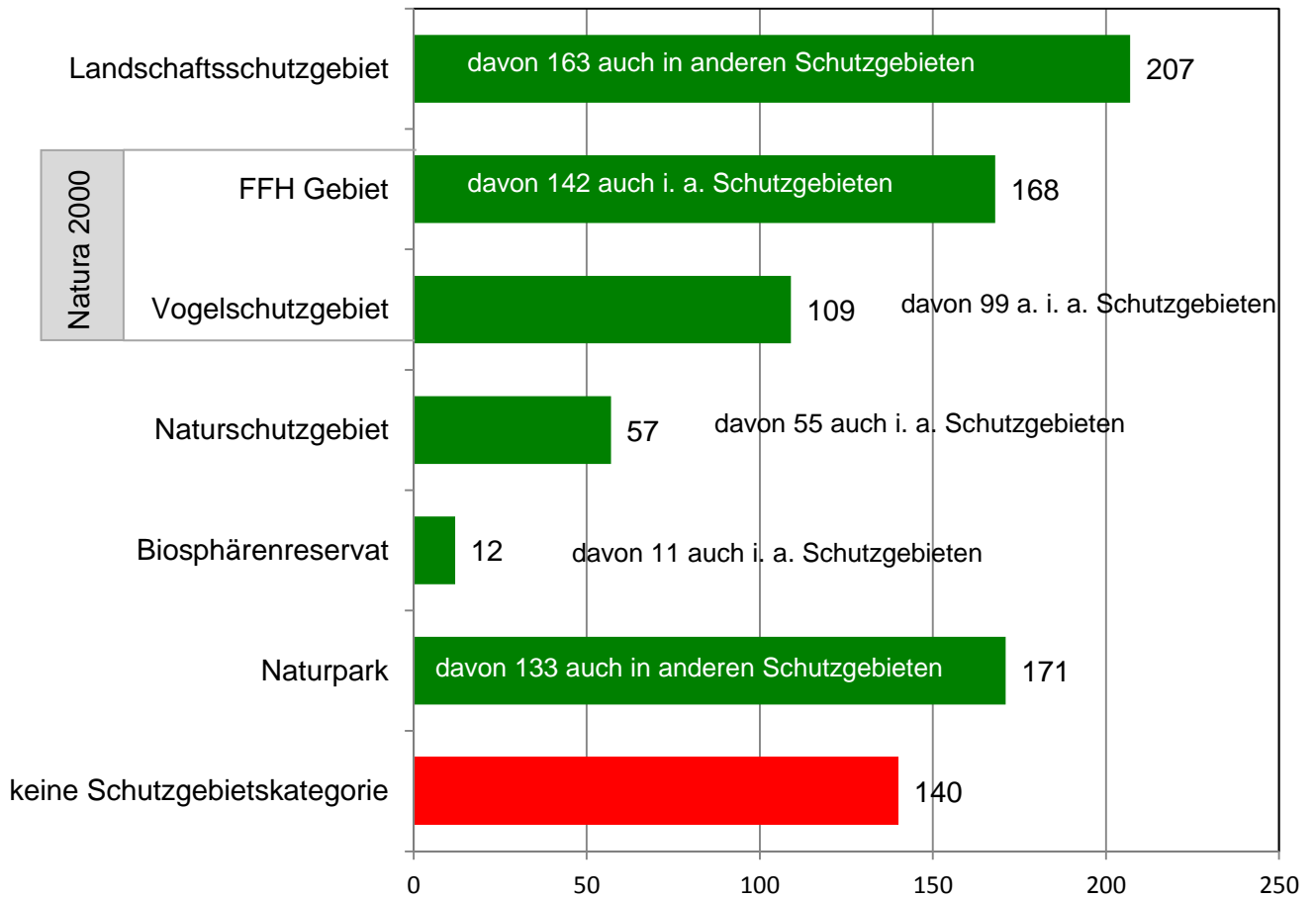


Abbildung 40: Anzahl der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen in Deutschland in Gebieten mit Schutzstatus

Höhenlage der Grau-Erlen-Vorkommen

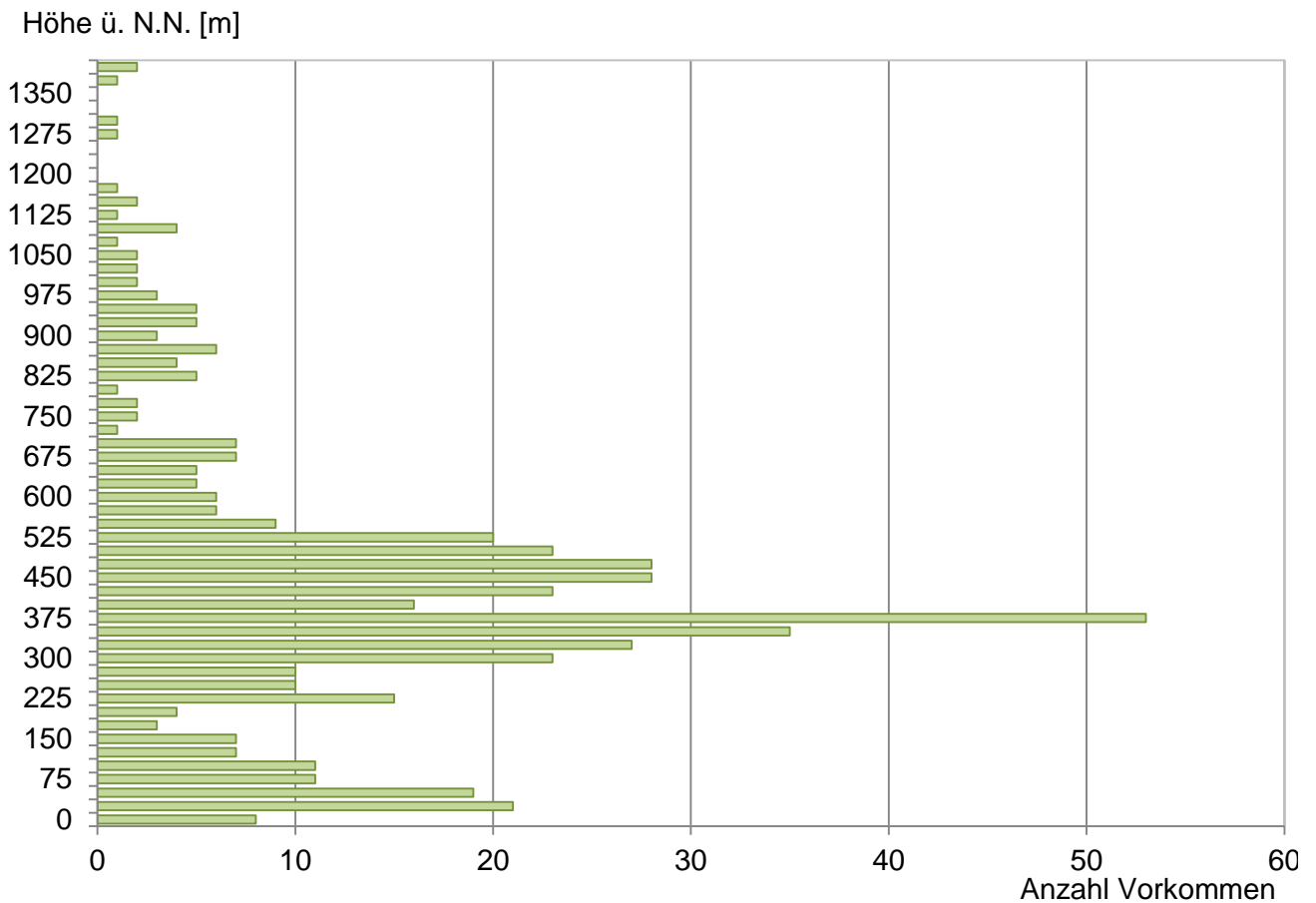


Abbildung 41: Höhenlagen der Grau-Erlen-Vorkommen

Der Großteil der kartierten Vorkommen liegt in Höhenlagen von 200 m bis 700 m (Abb. 41). Die Grau-Erle kommt in den Nordalpen bis in Höhen von 1400 m vor. Erst in den Zentralalpen steigt sie noch höher. Da im Alpenbereich sehr viele kleinere Gewässer nicht kartiert werden konnten, gibt die Übersicht nicht die genaue Vorkommens-Häufigkeit wieder - dies trifft v.a. auf Standorte über 800 m zu. Dort ist sie an den meisten Fließgewässern zu finden, sofern sie nicht durch wasserbauliche Maßnahmen oder sonstigen menschlichen Eingriffen zurückgedrängt wurde. Im montanen Grauerlenwald ist sie gegenüber andern Pioniergehölzen wie z.B. Weiden aufgrund ihrer starken Beschattung sehr konkurrenzstark.

Die Grau-Erle, die große Teile in Nord- und Osteuropas besiedelt, ist gut an kühle Klimaverhältnisse angepasst. Ihr Verbreitungsschwerpunkt in den Alpen, dem Alpenvorland und den Mittelgebirgen lässt sich dadurch erklären.

4.9 Anteil der Zielbaumart

Der Anteil der Zielbaumart gibt wichtige Hinweise darüber, ob in den gefundenen Genobjekten auch andere Baumarten vorkommen. In Abbildung 42 sind die Mischanteile der Grau-Erle in Bezug auf die Vorkommensflächen dargestellt. Vorkommen mit 80 % - 100 % Grau-Erle kommen nur mit ca. 10 % vor, der Hauptteil besteht aus Vorkommen mit einem geringen Anteil der Grau-Erle von unter 30 % an der Baumartenzusammensetzung.

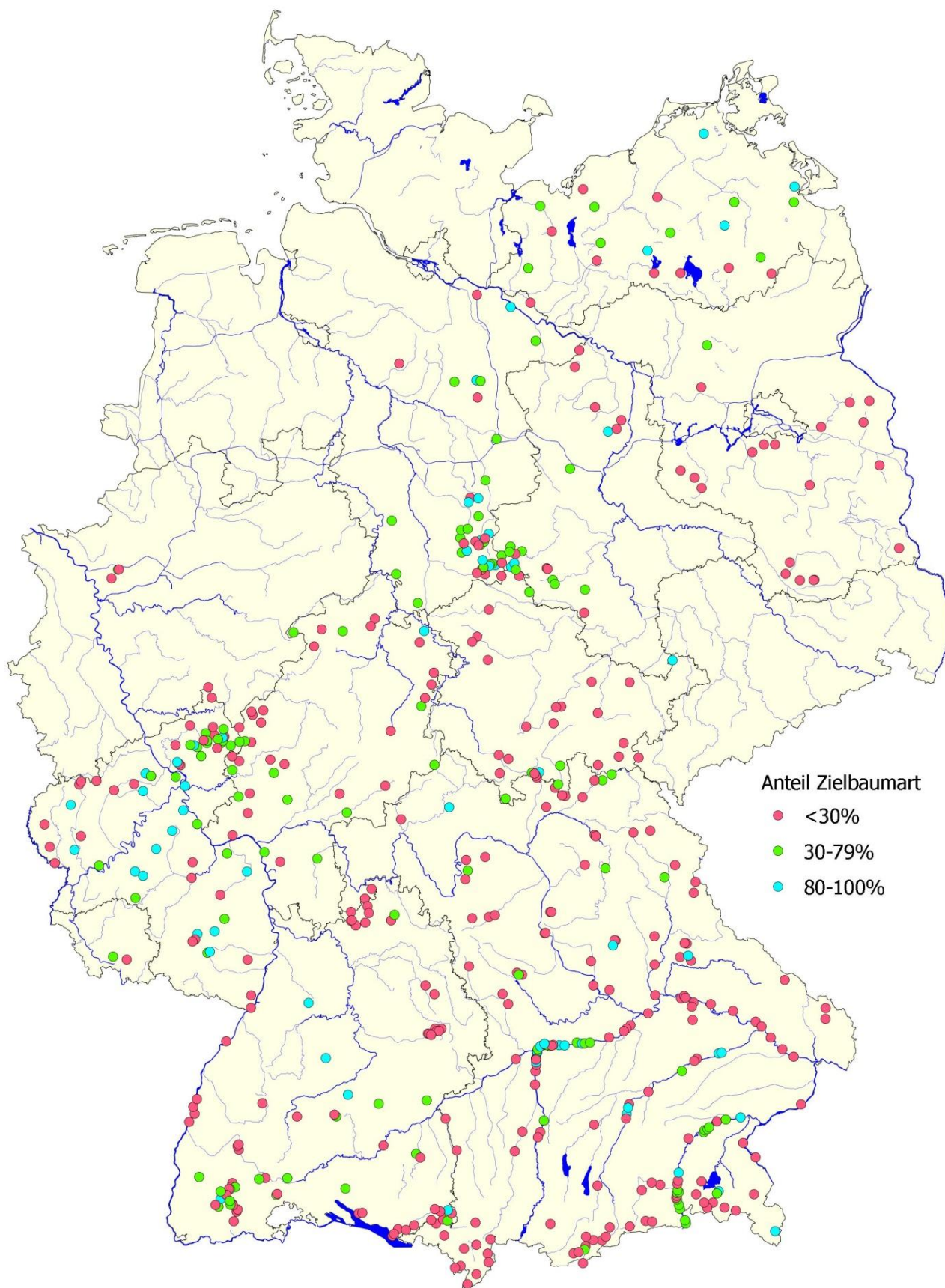


Abbildung 42: Anteil der Zielbaumart Grau-Erle (in Prozentstufen)

4.10 Flächengröße

Die flächenmäßig größten Genobjekte der Grau-Erle befinden sich an den großen Flüssen im Alpenvorland, wie z.B. am Inn und Lech sowie in den Alpen. Dort finden sich auch die stammzahlreichsten Vorkommen. Große Genobjekte wurden auch im Allgäu kartiert. Abbildung 43 zeigt die kartierten Vorkommen abgestuft nach der jeweiligen Flächengröße.

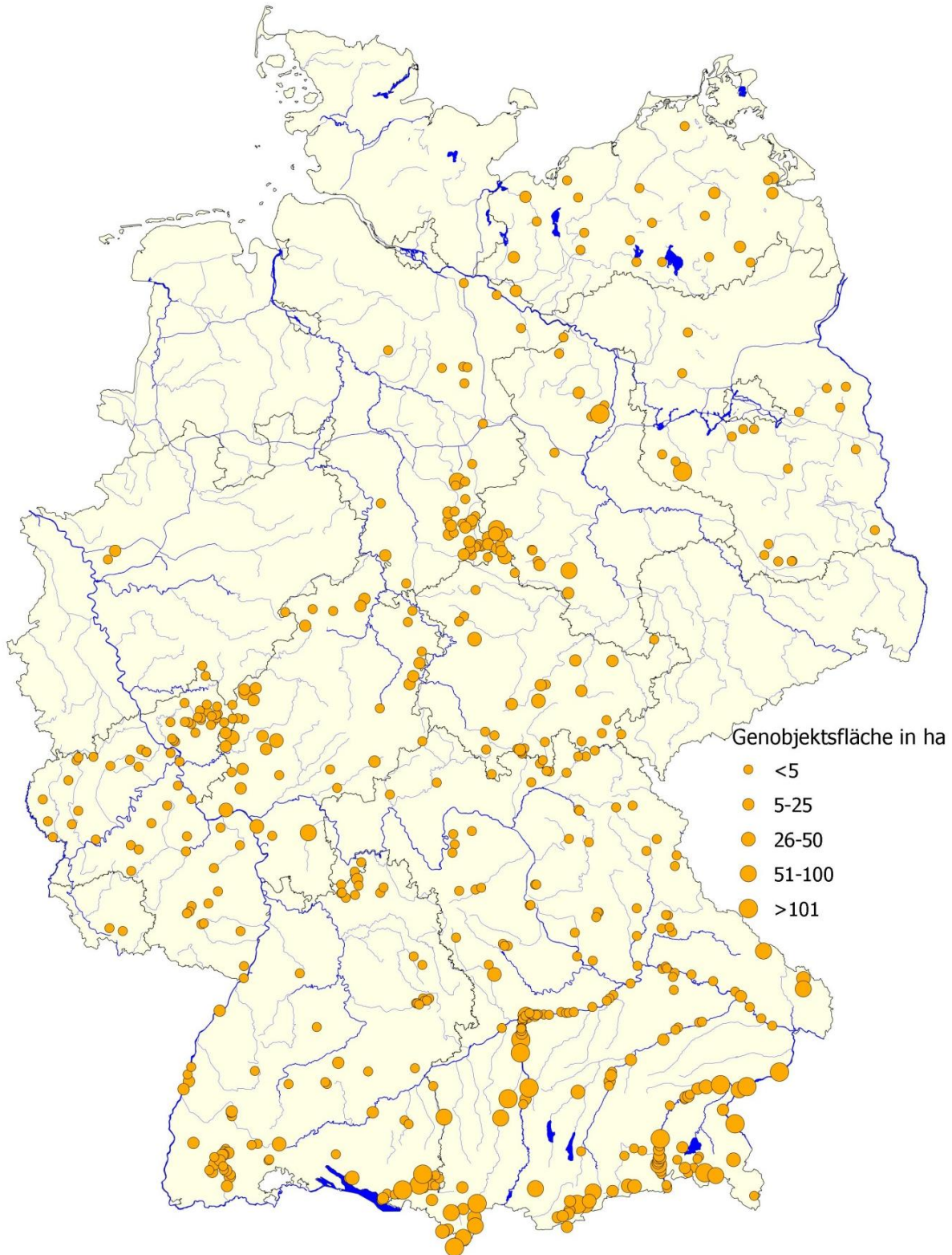


Abbildung 43: Flächengrößen (Größenklassen) der Grau-Erlen-Vorkommen

4.11 Individuen mit großen Durchmessern

Starke Grau-Erlen mit einem Durchmesser größer als 40 cm sind deutschlandweit eine Seltenheit. Nur zehn Genobjekte besitzen Bäume mit diesen großen Durchmessern. Abbildung 44 zeigt die Lage dieser Vorkommen.

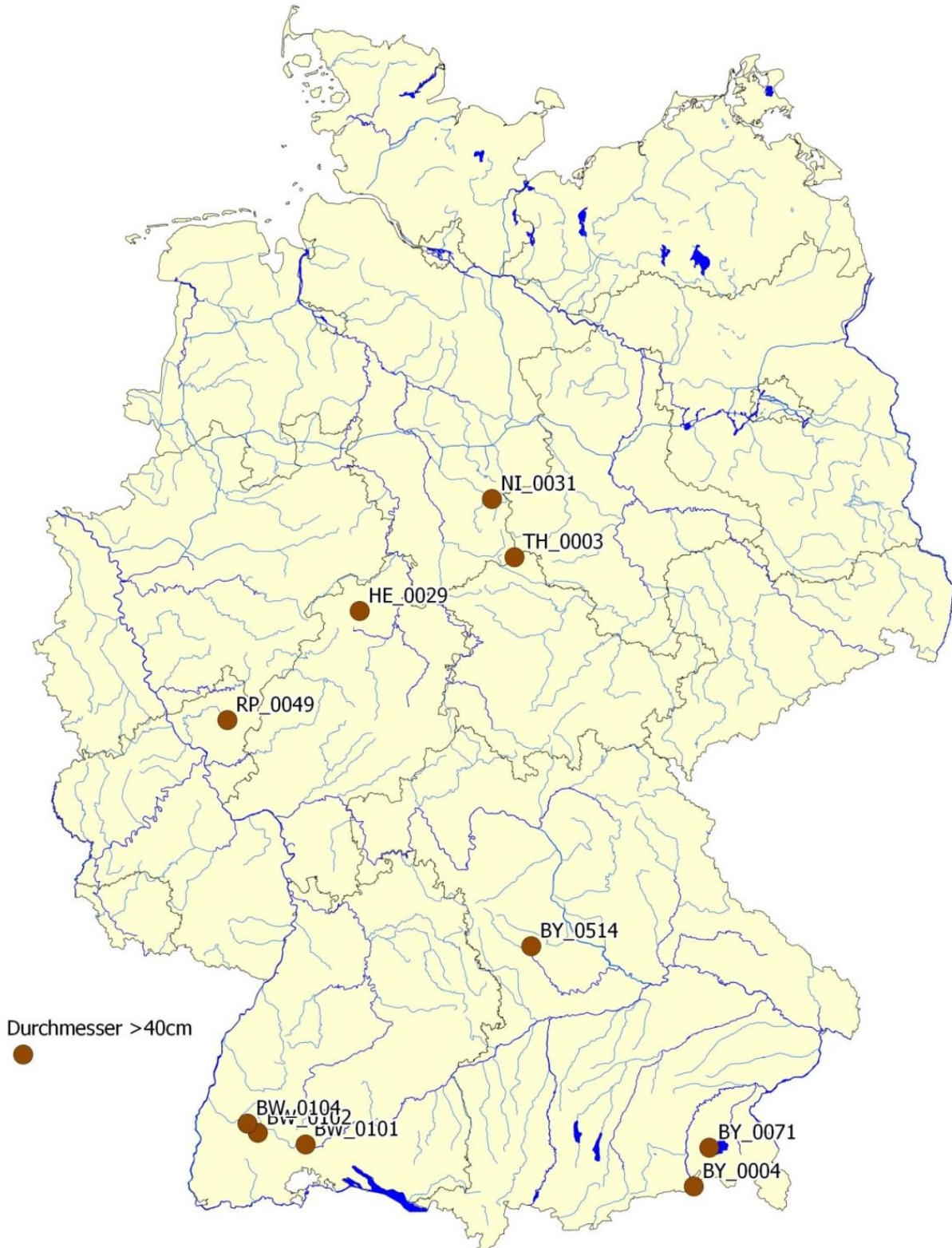


Abbildung 44: Vorkommen der Grau-Erle mit BHD >40 cm

4.12 Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen

Es war geplant jeweils 100 Proben je Vorkommen mittels Isoenzymanalysen zu untersuchen. Die Anzahl der Proben in einigen Vorkommen ist aber geringer als 100 (vgl. Tab. 9), weil einige Proben fälschlicherweise von Schwarz-Erlen gewonnen worden sind. Dies ist umso verwunderlicher als eine Überschneidung der Vorkommen beider Erlenarten eher selten ist, da sich die Standortansprüche der beiden Arten deutlich voneinander unterscheiden. In Mischung treten sie meistens an kleineren Gewässern mit anschließenden landwirtschaftlich genutzten Flächen auf, weil dort die kleinwüchsigeren Grau-Erle mit der Schwarz-Erle konkurrieren kann (Seitenlicht).

Die Trennung von Schwarz-Erle und Grau-Erle anhand der Zymogramme ist aber eindeutig, so dass keine Zweifel an der Artzuordnung bestehen können. Die Schwarz-Erlen-Proben wurden bei der Berechnung der genetischen Variationsparameter nicht berücksichtigt.

4.12.1 Allelhäufigkeiten

Insgesamt wurden an den vierzehn untersuchten Isoenzym-Genorten 39 Genvarianten (Allele) nachgewiesen, darunter aber viele Allele, die nur in einer oder ganz wenigen Populationen auftreten. Die maximale Anzahl an Genvarianten in einer Population betrug 28 (Tab. 9). An den Genorten ACO-B und MDH-A wurde keine Variation gefunden. Sie waren in allen 26 Vorkommen monomorph auf dasselbe Allel. An den Genorten PGI-A, AAT-B, IDH-A, 6PGDH-A und 6PGDH-B trat in einer oder wenigen Populationen (max. 4) ein zweites Allel auf, allerdings in sehr geringen Häufigkeiten (unter 5 %). Weitere 5 Genorte, nämlich PGI-B, AAT-C, IDH-B, SDH-A und MNR-A sind zwar in mehreren Populationen (aber nicht in allen) variabel, aber nur mit einem ausgeprägten Minorpolymorphismus, d.h. ein Allel hat Häufigkeiten von über 90 % während des zweite oder fallweise auch dritte Allel nur in Häufigkeiten von 1- 10 % auftritt. Nur die Genorte MDH-C und PGM-A sind in allen Populationen variabel mit 2 bis 4 Allelen in nennenswerter Häufigkeit. Die Häufigkeiten dieser Allele bzw. der Genotypen an diesen beiden Genorten sind aus den Abbildungen 45 bzw. 47 (MDH-C) und 46 bzw. 48 (PGM-A) ersichtlich. Man sieht, dass an diesen Genorten, teilweise sehr große Unterschiede in den Allelverteilungen zwischen den 26 Populationen auftreten.

An dem Genort MDH-C ist fallweise mal das Allel C2, mal das Allel C3 häufiger, ein regionaler Trend ist nicht erkennbar. Am Genort PGM-A ist das Allel A2 bis auf eine Ausnahme (RP_Johanniskreuz_0003) immer das häufigste Allel. Die Häufigkeiten des Allels schwanken zwischen 42 % (RP_Johanniskreuz_0003) und 89 % (BY_Untergeisenfelden_0001). Auch hier ist kein regionaler Trend erkennbar.

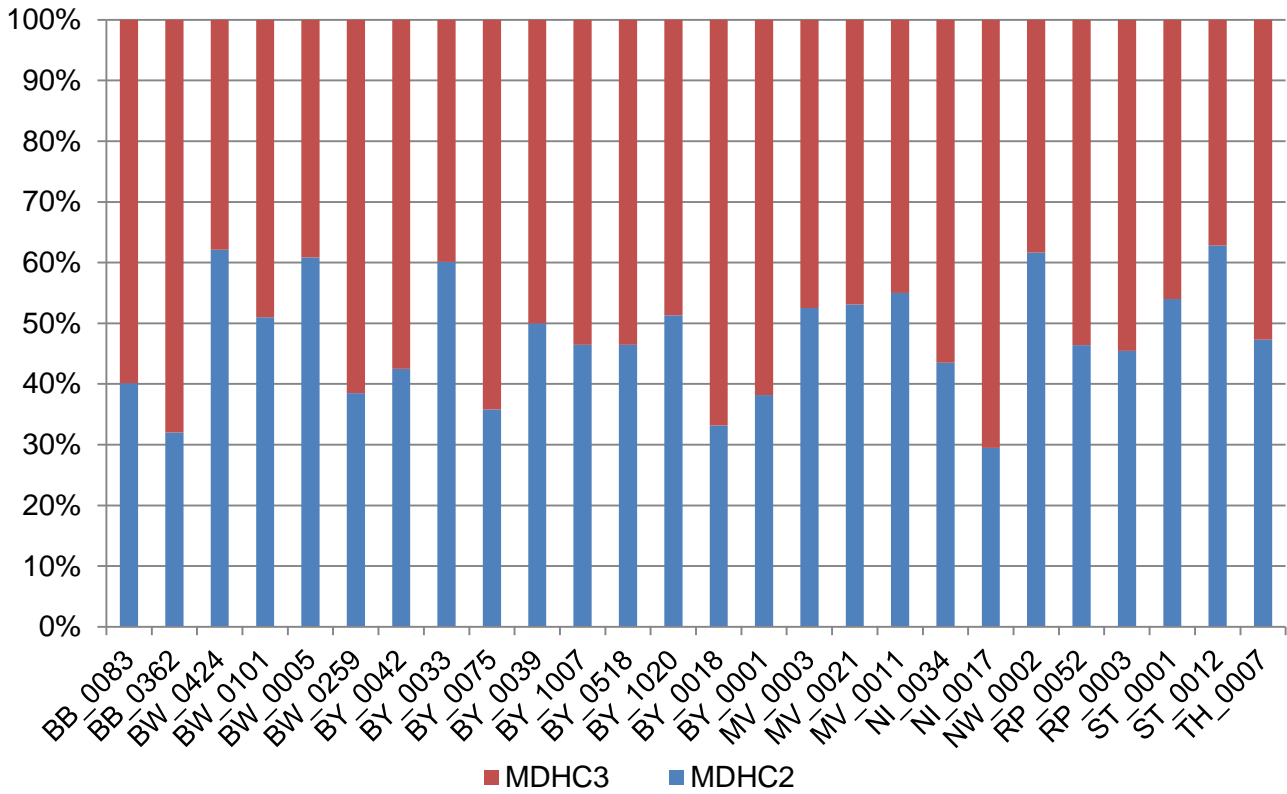


Abbildung 45: Allelhäufigkeiten am Genort MDH-C

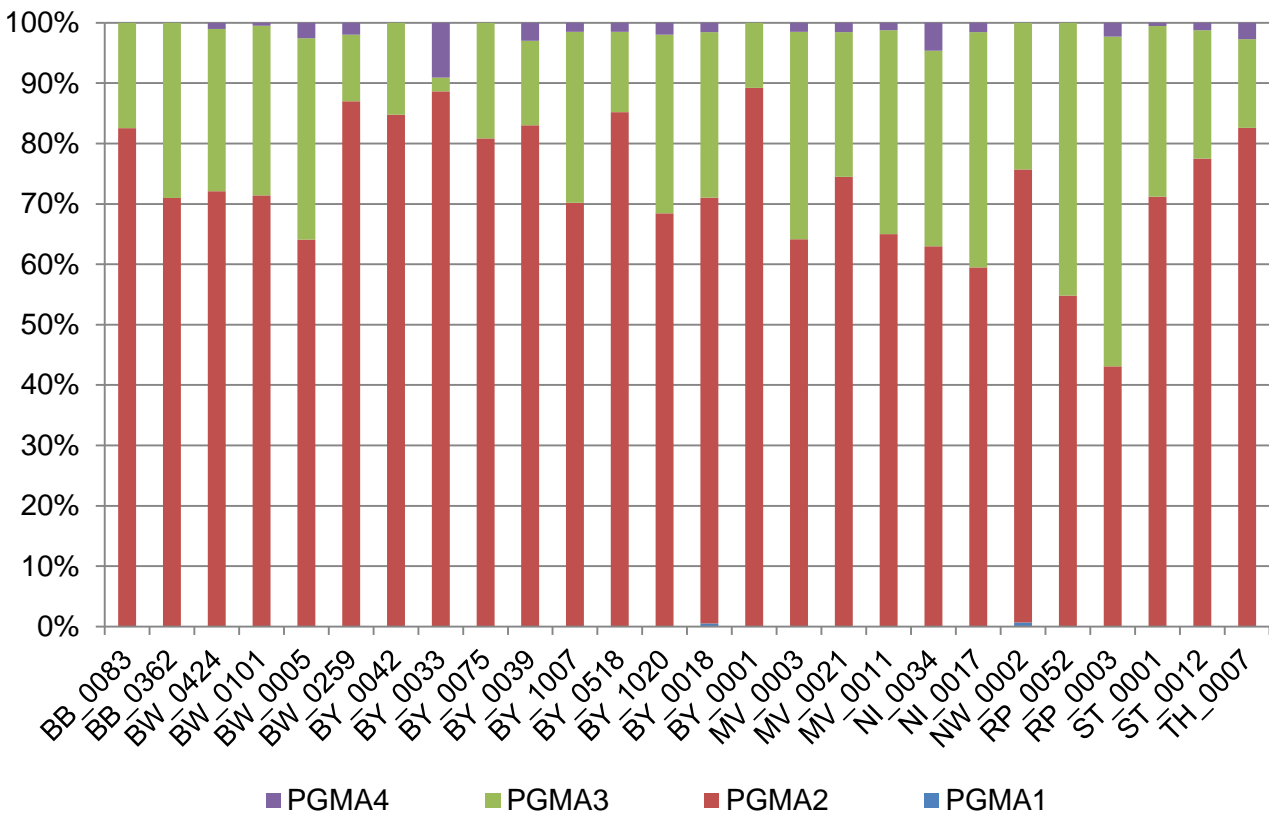


Abbildung 46: Allelhäufigkeiten am Genort PGM-A

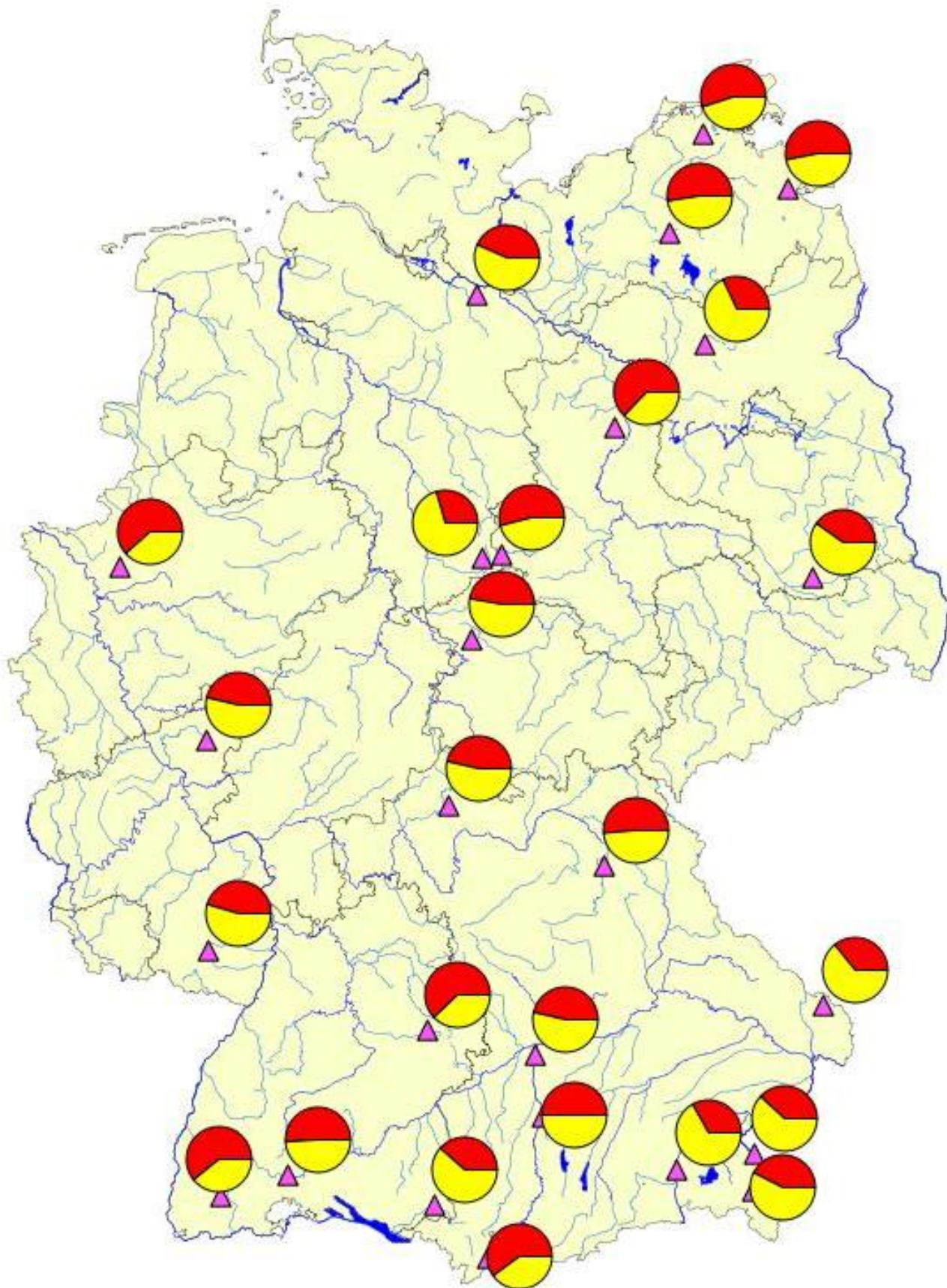


Abbildung 47: Allelhäufigkeiten am Genort MDH-C bei der Grau-Erle

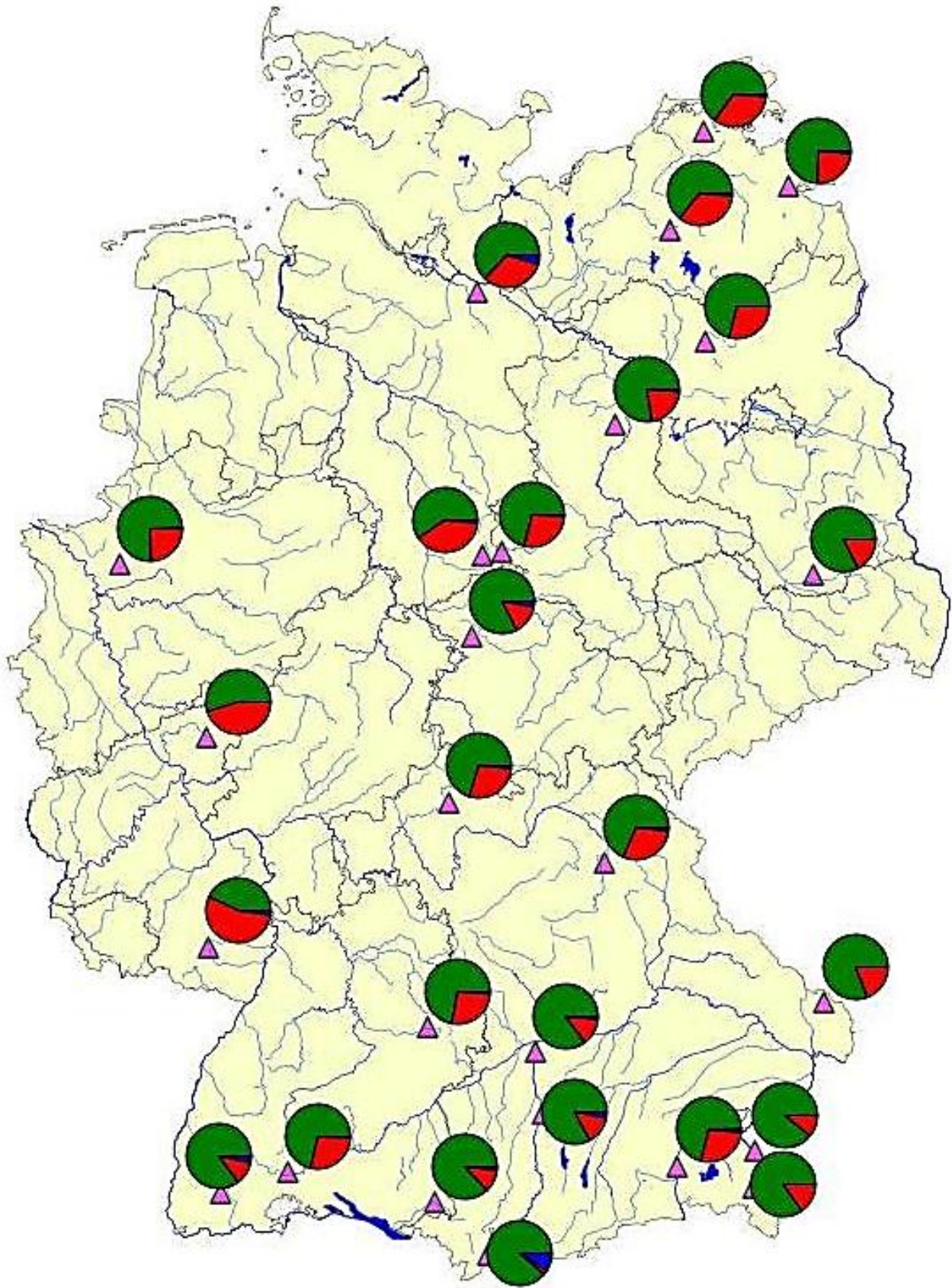


Abbildung 48: Allelhäufigkeiten am Genort PGM-A bei der Grau-Erle

Ein so stark ausgeprägter Minor-Polymorphismus an der Mehrzahl der untersuchten Genorten ist uns bei anderen Baumarten nicht bekannt. Da sich die Grau-Erle auch vegetativ vermehrt, wurde über eine sog. „Multilocus Matches“ Analyse mit dem Programm Genalex nach identischen Genotypen gesucht. Auch wenn aufgrund der vergleichsweise geringen Variabilität an den untersuchten Genorten diese Analyse keine so hohe Aussagekraft hat wie bei der Verwendung von hochvariablen Markern (z.B. DNA-Mikrosatelliten), kann sie doch wichtige Hinweise auf Klonstrukturen in den Populationen geben.

Bei den 2.217 untersuchten Individuen wurden insgesamt nur 217 Genotypen gefunden. Nur bei 129 Individuen ist der Genotyp einmalig. Bei den anderen 2.088 Individuen kommen nur 88 Genotypen vor. So kommt z.B. in der Population „BW_Wangen_0259“ ein Genotyp 30 mal vor, in der Population „TH_Eigenrieden_0007“ ein anderer Genotyp sogar 33 mal. Bei näherer Betrachtung der einzelnen Populationen merkt man die teilweise Klumpung identischer Genotypen, allerdings liegen manche Klone auch weiter voneinander entfernt. Die gemeinsamen Genotypen sind aber nicht nur auf einzelne Populationen beschränkt. Mit Sicherheit ist die vegetative Vermehrung eine Ursache für die auffallend niedrige genetische Variation innerhalb der Vorkommen der Grau-Erle.

4.12.2 Genetische Variation innerhalb der Vorkommen

Die Werte der Parameter, die die genetische Variation innerhalb der Vorkommen beschreiben, sind in Tabelle 9 eingetragen. Die genetische Vielfalt, d.h. die mittlere Anzahl der Genvarianten je Genort, variiert in den 26 Vorkommen zwischen 1,14 (BB_Neuruppin_0362) und 2,00 (RP_Johanniskreuz_0003), die der Genotypen zwischen 1,14 (BB_Neuruppin_0362) und 2,43 (RP_Johanniskreuz_0003). D.h. in dem Vorkommen BB_Neuruppin_0362 wurden an den 14 Genorten bei den 50 Proben nur 16 Einzellocus-Genotypen identifiziert, während es in dem Vorkommen RP_Johanniskreuz mehr als doppelt so viel, nämlich 34 waren. Diese Unterschiede in der genetischen Vielfalt sind als sehr hoch einzuschätzen.

Die genetische Diversität in allen 26 Vorkommen ist extrem gering. Zum Vergleich: Bei der Grün-Erle waren die Diversitätswerte 2 - 4 mal höher, bei der Eibe sogar bis zu 100 mal. Auch die Spreitung der Werte ist bei der Grau-Erle auffallend hoch. So liegt v_{gam} in drei Vorkommen (BW_Wangen_0259, BY_Adlgaß_0042, BY_Untergeisenfelden_0001) unter 3, erreicht aber in 3 weiteren Vorkommen (NI_Brietlingen_0034, RP_Herschbach_0052, RP_Johanniskreuz_0003) Werte über 7. Gleichfalls hervorzuheben sind die extrem niedrigen Werte der Heterozygotie (Tab. 9, Abb. 49), wobei in mehreren Populationen ein deutliches Heterozygotendefizit vorliegt (H_e Werte höher als H_b - Werte). Eine Ursache für diese niedrige genetische Variabilität in den Vorkommen der Grau-Erle könnten die bereits erwähnten, auf vegetative Vermehrung zurückzuführenden Klonstrukturen sein, so dass viele Individuen der Population genetisch identisch sind.

Tabelle 9: Populationsgenetische Parameter für die 26 Grau-Erlenvorkommen im Vergleich

Populationsbezeichnung	Anzahl untersuchter Proben	Vielfalt		Diversität		Heterozygotie	
		Anzahl Allele	Anzahl Genotypen	V_{gam}	N_e	H_b	H_e
BB_Lauchhammer_0083	86	1,50	1,71	3,29	1,07	6,44	6,85
BB_Neuruppin_0362	50	1,14	1,14	3,01	1,06	8,71	6,05
BW_Böbingen_0424	95	1,50	1,71	3,86	1,08	7,91	7,60
BW_Geisingen_0101	99	1,86	2,07	4,42	1,09	7,47	8,33
BW_Präg_0005	47	1,57	1,86	4,44	1,09	6,77	8,70
BW_Wangen_0259	100	1,36	1,50	2,87	1,06	6,00	6,07
BY_Adlgaß_0042	60	1,43	1,57	2,92	1,06	6,35	6,05
BY_Hinterstein_0033	101	1,57	1,64	3,71	1,08	8,27	7,61
BY_Mauth_0075	60	1,43	1,57	3,87	1,08	7,86	7,97
BY_Mering_0039	100	1,50	1,64	3,51	1,08	7,07	7,14
BY_Nüdlingen_1007	99	1,93	2,21	4,90	1,09	7,43	8,96
BY_Oberdorf_0518	99	1,43	1,57	3,21	1,07	6,31	6,62
BY_Schnabelwaid_1020	78	1,57	1,71	5,14	1,10	8,48	9,12
BY_Sulmaring_0018	100	1,71	2,00	3,87	1,08	6,77	7,68
BY_Untergeisenfelden_0001	100	1,50	1,71	2,88	1,06	4,93	6,17
MV_Hallalit_0003	99	1,43	1,71	4,34	1,08	8,08	7,90
MV_Murchin_0021	96	1,71	2,14	4,93	1,10	7,52	9,15
MV_Velgast_0011	80	1,43	1,57	3,93	1,08	7,23	7,29
NI_Brietlingen_0034	54	1,93	2,21	7,27	1,13	9,95	11,25
NI_Sieber_0017	96	1,86	2,14	4,94	1,10	8,33	9,06
NW_Heidhof_0002	78	1,57	1,78	3,74	1,08	6,80	7,51
RP_Herschbach_0052	125	1,50	1,71	7,33	1,12	12,11	11,00
RP_Johanniskreuz_0003	88	2,00	2,43	7,36	1,12	9,49	11,01
ST_Elend_0001	100	1,64	1,86	4,57	1,09	8,46	8,54
ST_Weißewarte_0012	40	1,36	1,57	4,38	1,09	8,28	8,33
TH_Eigenrieden_0007	92	1,36	1,50	3,05	1,07	6,37	6,20

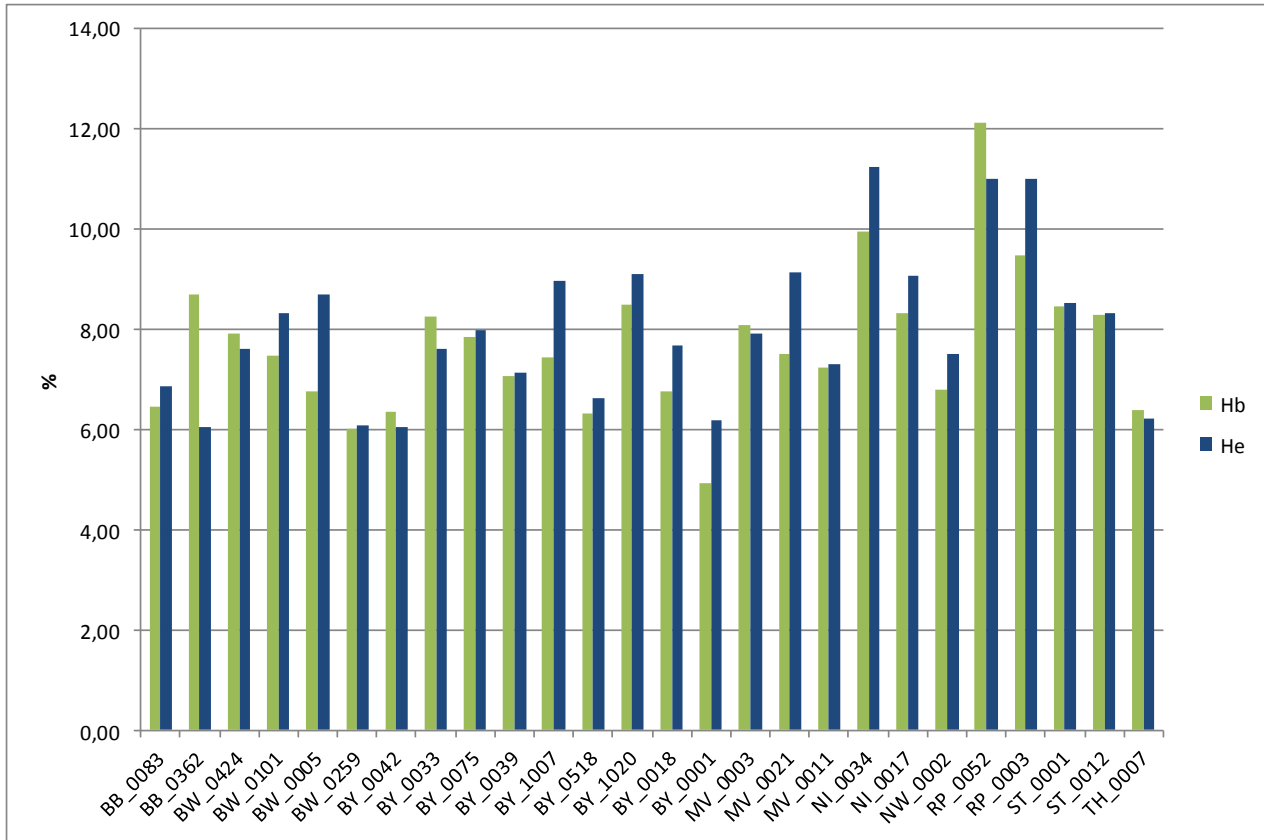


Abbildung 49: Beobachtete (hellgrün) und erwartete (blau) Heterozygotie in den untersuchten Grau-Erlen-Vorkommen

4.12.3 Genetische Abstände und Differenzierung zwischen den Populationen der Grau-Erlen

Die paarweisen genetischen Abstände zwischen den 26 Vorkommen der Grau-Erle sind gering. 36 % der Abstände liegen unter 2 %, nur 11 % liegen zwischen 5,0 und 6,7 %. Über 50 % der Abstandswerte liegen zwischen 2 und 4 %. Nur die beiden Vorkommen aus Rheinland-Pfalz (RP_Herschbach_0052 und RP_Johanniskreuz_00039) fallen durch konstant höhere Abstandswerte gegenüber allen anderen Vorkommen auf.

In Abbildung 50 ist die Subpopulationsdifferenzierung (D_j) dargestellt. Die Höhe der Balken zeigt die jeweiligen Differenzierungswerte des einzelnen Bestandes, der als Linie dargestellte Mittelwert \bar{D} zeigt die mittlere Differenzierung aller acht Bestände an. Je höher der D_j Wert ist, umso spezifischer ist der betreffende Bestand und umso weniger repräsentiert er die Gesamtpopulation „Grau-Erle in Deutschland“. Die mittlere Differenzierung \bar{D} ist mit ca. 2 % (rote Linie in der Abb. 50) im Vergleich zu anderen Baumarten als gering einzustufen, vor allem auch wenn man die Ausdehnung des beprobten Gebietes und damit die Vielfalt der Standortsverhältnisse berücksichtigt. Ein eindeutiger regionaler Trend ist nicht gegeben, einige Tendenzen sind aber erkennbar. So sind beide Bestände aus Rheinland-Pfalz am stärksten differenziert und damit für den gesamten Genpool „Grau-Erle in Deutschland“ am wenigsten repräsentativ. Im Gegensatz dazu sind die drei Bestände aus Mecklenburg-Vorpommern am wenigsten differenziert. In den anderen Bundesländern bzw. Regionen ist der Trend uneinheitlich.

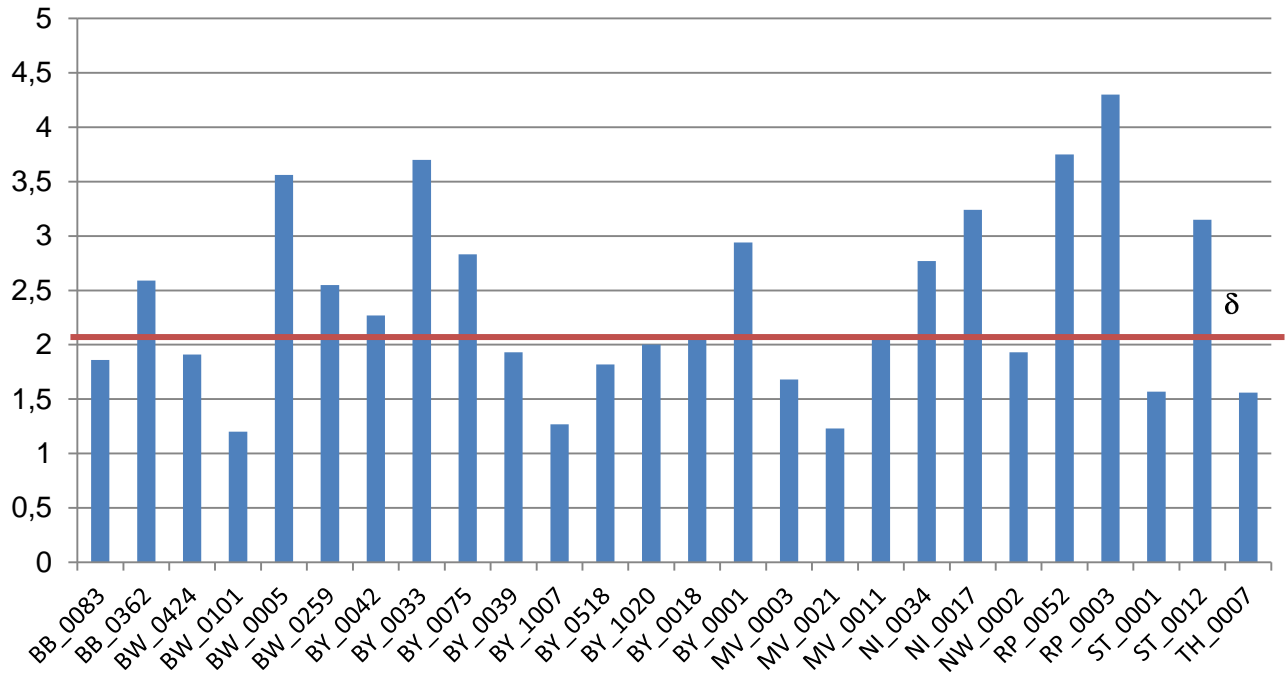


Abbildung 50: Differenzierungswerte (D_j) der untersuchten Grau-Erlen-Populationen. Die rote Linie zeigt die mittlere Differenzierung aller Populationen mit $\delta = 4,9\%$ an

Auch die Ergebnisse mit dem Programm STRUCTURE ließen keinen Trend zur Gruppierung der Bestände erkennen. Der überwiegende Teil der Bestände ist in einer Gruppe geclustert, d.h. sie zeigen wenig genetische Unterschiede. Nur die beiden Bestände aus Rheinland-Pfalz gehören einer zweiten Gruppe an.

4.12.4 Schlussfolgerungen für Erhaltungsstrategien bei der Grau-Erle aus genetischer Sicht

Die genetische Variation innerhalb der Vorkommen ist bei der Grau-Erle sehr gering, die Klonstrukturen innerhalb der Vorkommen stark ausgeprägt. Zudem gibt es wenig Unterschiede zwischen den Vorkommen bezüglich der Diversität, die sehr stark von den häufigen Allelen bestimmt wird. Allerdings treten in vielen Vorkommen unterschiedliche seltene Allele auf. Um diese seltenen Allele zu bewahren sollten möglichst große, stammzahlreiche Vorkommen in unterschiedlichen Regionen ausgesucht werden. Der Schwerpunkt sollte auf Vorkommen liegen, die vergleichsweise sowohl eine hohe Vielfalt (Anzahl Allele) als auch eine hohe Diversität aufweisen. Als Beispiel können hier die Vorkommen RP_Johanniskreuz_0003 und NI_Brietlingen_0034 erwähnt werden.

Aufgrund der äußerst geringen Diversität erscheint eine gezielte *ex-situ* Erhaltung in Samenplantagen als ein möglicher Weg, Populationen mit höherer Vielfalt und Diversität zu schaffen. Die Auswahl der Plantagenmitglieder sollte dabei nicht primär auf phänotypischen sondern auf genetischen Kriterien beruhen.

5 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Die bundesweite Erfassung der Grau-Erle nach einheitlichen Kriterien ermöglicht einen Gesamtüberblick über das Vorkommen und die genetischen Ressourcen der Baumart in der Bundesrepublik Deutschland. Neben der zahlen- und flächenmäßigen Erfassung der Vorkommen stand vor allem die Beurteilung von Vitalität, Altersstruktur und Verjüngungspotential im Vordergrund. Die Erfassung von Eigentumsverhältnissen und Schutzstatus gibt Hinweise zur Durchführbarkeit weiterer Schutzmaßnahmen. Die Erfassung in einer Datenbank mit GIS-Anbindung stellt die Ergebnisse übersichtlich zur Verfügung. Bislang waren die Datenformate in den Ländern sehr unterschiedlich. Die durchgeführten Isoenzymanalysen an ausgewählten Beständen geben Hinweise zur genetischen Variation der Grau-Erle in Deutschland.

Die Ergebnisse bilden die Grundlage für weitere Bearbeitungen:

1. Gefährdungsabschätzung der Vorkommen und Bestimmung der Erhaltungsdringlichkeit
2. Planung von sinnvollen und erfolgsorientierten *In-situ*- und *Ex-situ*-Maßnahmen zur Erhaltung und Mehrung der Baumart
3. Planung eines repräsentativen, bundesweiten genetischen Monitorings für wenige Populationen
4. Ableitung des Forschungsbedarfs für die Erhaltung der Baumart

Im Zuge der Kartierung wurden die bereits bekannten, bedeutenden Vorkommen aufgenommen. Daneben wurden zahlreiche weitere Vorkommen nach eigenen Recherchen erfasst. Einen Anspruch auf eine vollständige Erfassung aller Grau-Erlenvorkommen erhebt die vorliegende Kartierung allerdings nicht. Dies wäre nur mit unverhältnismäßig hohem Aufwand möglich gewesen.

5.1 Bewertung nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit

Ziel der Kartierung zur Generhaltung war nicht die reine Erfassung aller Vorkommen. Zudem erfüllt nicht jedes Vorkommen die Anforderungen an eine genetische Ressource. Im Übereinkommen über die biologische Vielfalt (Convention on Biological Diversity, CBD) von 1993 werden "genetische Ressourcen" als "genetisches Material von tatsächlichem oder potenziellem Wert" definiert. Es muss folglich ein "Wert" quantifizierbar sein, für den es wert ist (mehr oder weniger kostenintensive) Erhaltungsmaßnahmen durchzuführen (vgl. hierzu GREGORIUS & DEGEN 2007). Eine genetische Ressource muss folglich „genetisch“ fortbestehen können, d. h. sie ist konsequenterweise an (natürlich oder künstlich) vermehrungsfähige Populationen gebunden. Die aktuelle oder künftige Reproduktionsgemeinschaft ist demzufolge der eigentliche Erhaltungsgegenstand.

Soll eine bestimmte genetische Ressource erhalten werden (Zustimmung des Waldeigentümers vorausgesetzt), wird sie zum Generhaltungsobjekt. In einigen Bundesländern werden derartige Generhaltungsobjekte in den Forsteinrichtungswerken mit entsprechenden Waldfunktionen versehen und sind z. B. Teil der Zertifizierungskriterien für eine nachhaltige Waldbewirtschaftung. Dabei ist es zunächst unerheblich, ob derartige Generhaltungsobjek-

te nur in Datenbanken erfasst, beobachtet, aktiv bewirtschaftet, genetisch untersucht, insitu verjüngt oder durch aufwendige *Ex-situ* Maßnahmen erhalten werden. Ein ausgewiesenes Generhaltungsobjekt ist damit per se erhaltungswürdig, d. h. langfristig muss die Überlebensfähigkeit gesichert sein. Für denjenigen, der mit den Aufgaben der Erhaltung genetischer Ressourcen beauftragt ist, wird sich immer die Frage stellen, ob bzw. mit welchem Aufwand eine Population auch erhaltungsfähig ist.

Die Überlebensfähigkeit ist abhängig von der Größe, Abundanz, Altersstruktur, Vitalität, Reproduktion und genetischen Variabilität der Population. Für die Ausweisung von Generhaltungswäldern sind die Bundesländer bzw. die von ihnen beauftragten forstlichen Institutionen zuständig. Es war daher nicht Ziel des Projektes, Generhaltungsobjekte vorzuschlagen – dennoch können aus Bundessicht geeignete Vorkommen oder sogar Regionen für die Erhaltung empfohlen werden.

Zur Bewertung der Erhaltungsfähigkeit von Vorkommen wurden daher die drei Parameter Abundanz, durchschnittliche Vitalität und die Altersstrukturqualität ausgewertet (vgl. Abb. 50).

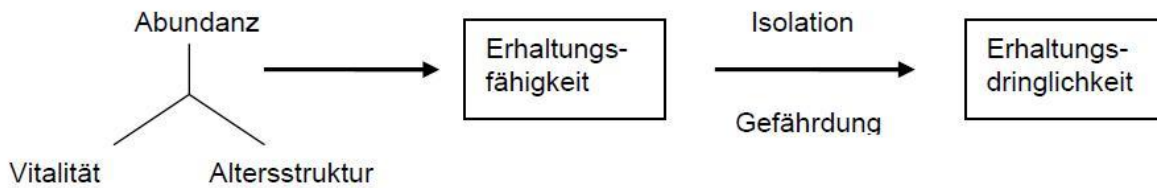


Abbildung 51: Bewertungsparameter zur Bestimmung des Grades der Erhaltungsfähigkeit und der Erhaltungsdringlichkeit (Quelle: LFE).

Die beschriebenen Kriterien sind nach den allgemeinen Merkmalen der Schwarz-Pappel-Vorkommen definiert worden. Der Grad der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit kann zunächst abstrakt aus der Datenanalyse erfolgen, wie sie bereits im Kapitel 3.6.6 erläutert wurde. Wenn einer der drei Parameter die gesetzten Anforderungen (Grenzwerte) nicht erfüllt, wurden die Vorkommen nicht als erhaltungsfähig eingestuft, da die Erhaltung dieser Ressourcen nicht oder nur mit hohem Aufwand gewährleistet werden kann. Aus Sicht der Bundesländer können die Anforderungen geändert und andere Prioritäten gesetzt werden, z. B. die aufwendige Erhaltung eines einmaligen, aber wenig vitalen und individuenarmen Vorkommens. Die Erhaltung genetischer Ressourcen sollte jedoch auch an der Effizienz sowie dem Erhaltungsaufwand und Nutzen gemessen werden. Diese Entscheidungen müssen aufgrund der regionalen Bedingungen durch die vor Ort zuständigen Institutionen erfolgen.

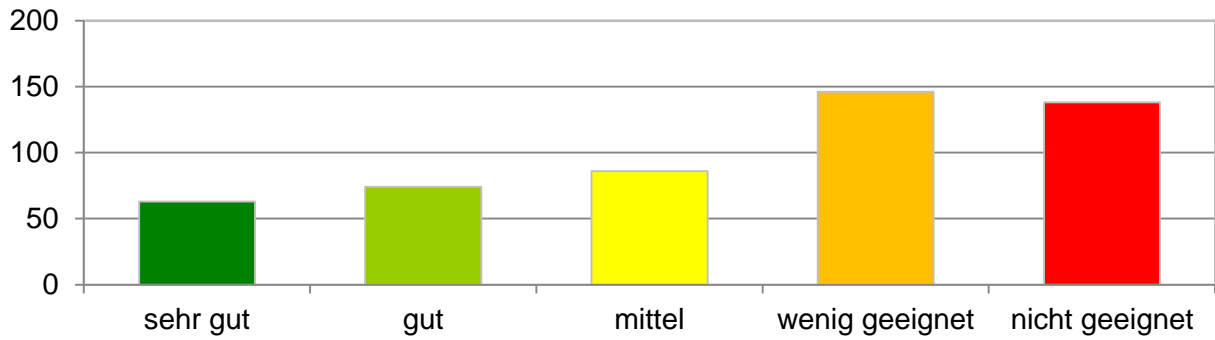


Abbildung 52: Stufen der Erhaltungsfähigkeit mit den Anteilen der Grau-Erlen-Vorkommen im Bundesgebiet

Abbildung 52 zeigt die Anzahl der Vorkommen und deren Erhaltungsfähigkeit. In den Abbildungen 53 und 54 sind die Erhaltungsfähigkeiten der Genobjekte der einzelnen Bundesländer dargestellt.

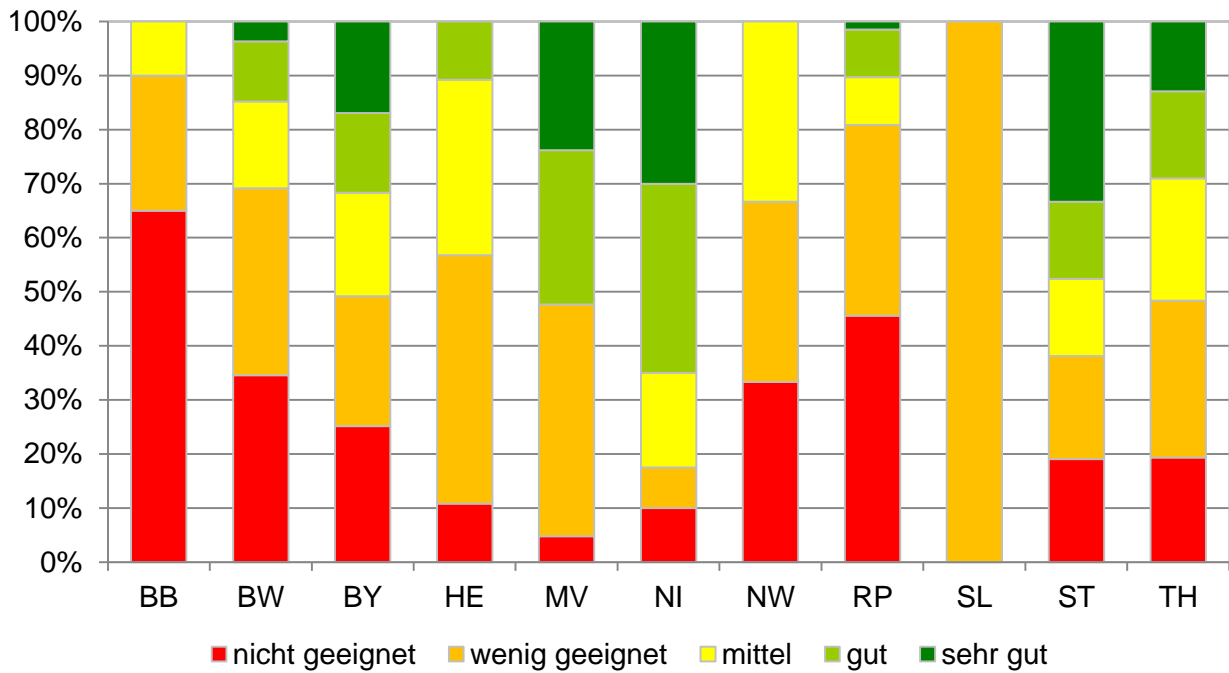


Abbildung 53: *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit der Grau-Erlen-Vorkommen in den Bundesländern (in Prozent)

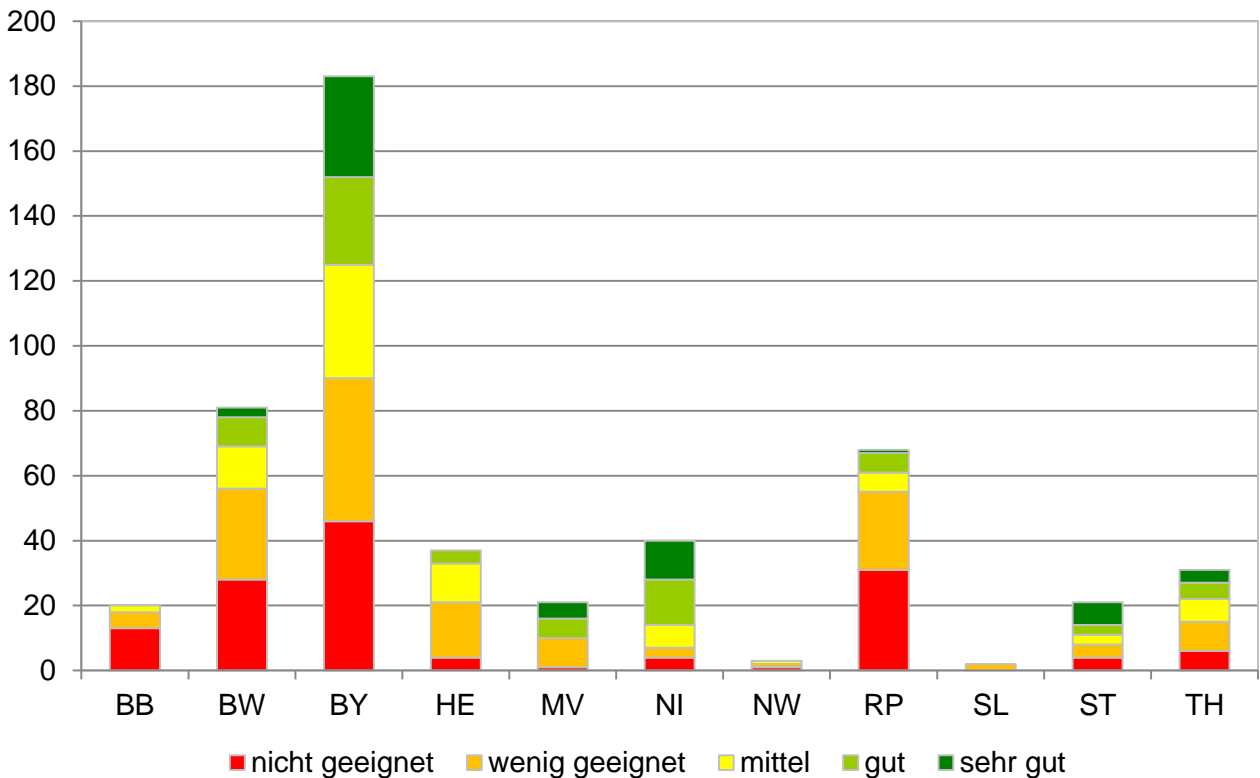


Abbildung 54: *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit der Grau-Erlen-Vorkommen der Bundesländer (Anzahl)

Erhaltungsdringliche Generhaltungsobjekte sind definiert als Genobjekte mit einem besonders hohen Gefährdungsgrad bzw. Genobjekte, deren Verlust zur genetischen Isolation anderer Generhaltungsobjekte der gleichen Population führt. Ob biologisch erhaltungsdringliche Populationen tatsächlich auch administrativ erhaltungsdringlich klassifiziert werden, hängt von einer Vielzahl von Faktoren ab, die an dieser Stelle nicht behandelt werden können.

Abbildung 55 gibt einen Überblick über die exakte Lage der Genobjekte unter Berücksichtigung ihrer Erhaltungsfähigkeit. Ziel von Generhaltungsmaßnahmen ist es, große, reproduktive Populationen zu erhalten oder zu schaffen. Die genetische Isolation vitaler Vorkommen sollte vermieden werden.

Für die Planung von aufwendigen, aktiven – häufig *Ex-situ* – Maßnahmen sollte daher der Grad der Isolation einer Population bestimmt werden. In Betracht kommen vor allem zwei Handlungsalternativen:

1. Erhöhung der Individuenzahl innerhalb von bereits existenten überalterten Populationen mit fehlender Naturverjüngung, so dass eigenständige große Populationen mit mehreren Baumgenerationen entstehen.
2. Anlage von *Ex-situ*-Populationen zwischen vorhandenen kleineren Vorkommen um langfristig einen Genaustausch über Biotopverbünde zu größeren Metapopulationen zu ermöglichen.

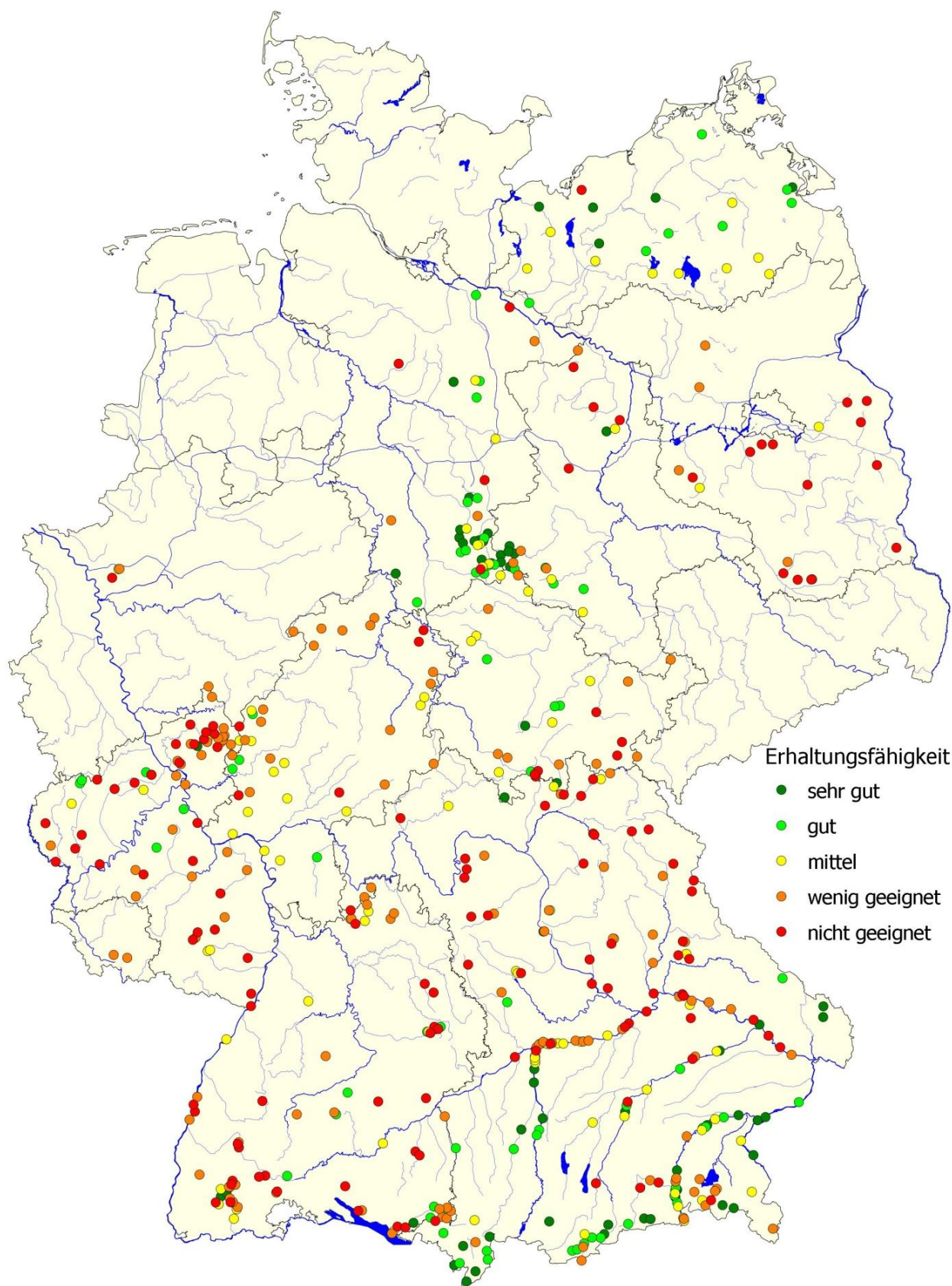


Abbildung 55: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Grau-Erlen-Vorkommen im Bundesgebiet

Beide Handlungsalternativen bedürfen der Kenntnis, wo es Genzentren von *Alnus incana* gibt. Die Kerneldichte der Populationen kann mit (Abb. 56) und ohne Berücksichtigung von Individuenzahl bzw. Dichte (Abb. 57) dargestellt werden. Beide Darstellungsformen sind für die Analyse der Erhaltungsdringlichkeit und die Planung künftiger Generhaltungsflächen sinnvoll. Bei der Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl bzw. Dichte werden Populationen mit hoher Baumzahl bzw. Dichte (Individuenzahl/ Flächeneinheit) mit diesen Werten gewichtet. Stammzahlreiche Populationen in enger Nachbarschaft zu weiteren Vorkommen werden deshalb dadurch hervorgehoben (Abb. 55). Die Darstellung der Kerneldichte ohne die Berücksichtigung der Baumzahl bzw. Dichte geht dagegen von einer gleichwertigen Gewichtung aller Vorkommen aus (Abb. 56), die den räumlichen Zusammenhang der Vorkommen besonders betont. Viele Vorkommen in enger Nachbarschaft erscheinen daher dichter bzw. in der Darstellung dunkler. Bei der Analyse der beiden Darstellungen ergaben sich mehrere Verbreitungsschwerpunkte der Grau-Erle.

Abbildung 55 und Abbildung 56 zeigen die Verbreitungsschwerpunkte der Grau-Erle in Deutschland, basierend auf der räumlichen Dichte und Verteilung der Vorkommen. Es wurden fünf klar erkennbare Genzentren in drei Regionen ausgeschieden (Abb. 58):

1. der gesamte südbayerische Voralpenbereich entlang der großen Flüsse bis zur Donau, die bayerischen Nordalpen und das Allgäu,
2. die Region um den Harz und
3. die Seenplatte in Mecklenburg-Vorpommern.

Tabelle 10: Genzentren und Teilbereiche der Grau-Erle

Genzentrum	Bezeichnung	Teilbereich	Bezeichnung
1	Südbayern	1a	Nördliche Kalkalpen
		1b	Inn-Salzach-Gebiet
		1c	Lech- und Illermündung
		1d	Allgäu und angrenzende Gebiete
2	Harz	2	Harz und Harzumland
3	Mecklenburg-Vorpommern	3	Mecklenburgische Seenplatte
4	Rheinland-Pfalz	4	Nördliches Rheinland-Pfalz, Westhessen
5	Baden-Württemberg	5	Südliches Baden-Württemberg

Das südbayerische Genzentrum enthält zudem die stammzahlreichsten Vorkommen. Ohne Berücksichtigung der Baumzahl können weitere wichtige Vorkommensbereiche erkannt werden (Abb. 57). Diese als Unterzentren bezeichneten Bereiche sind im Norden von Rheinland-Pfalz im Übergang nach Hessen und nördlich des Schwarzwaldes zu finden.

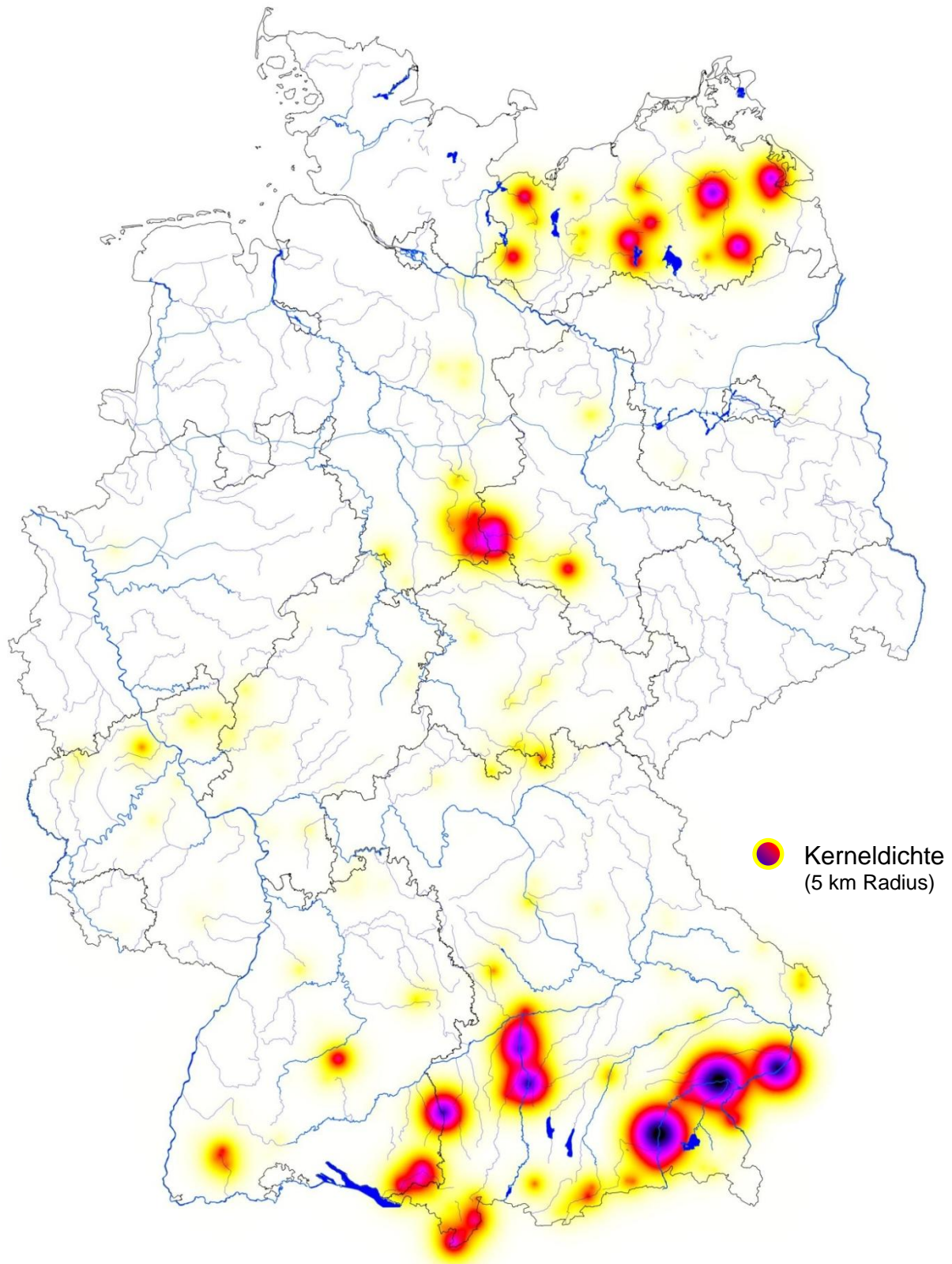


Abbildung 56: Kerneldichtendarstellung der Grau-Erlen-Vorkommen mit einem Radius von 5 km

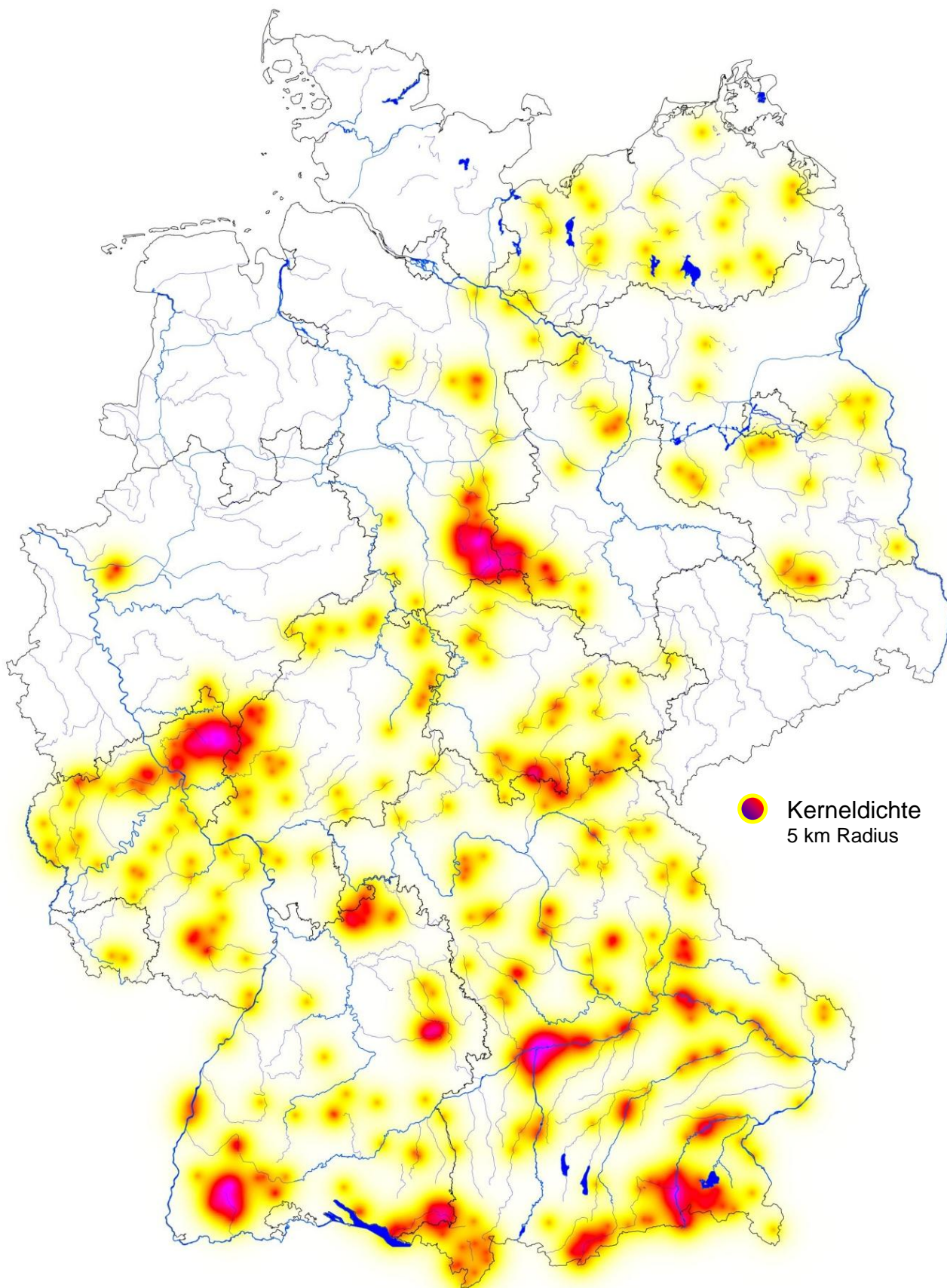


Abbildung 57: Darstellung der Kerneldichte ohne Berücksichtigung der Baumzahl.(5 km Radius)

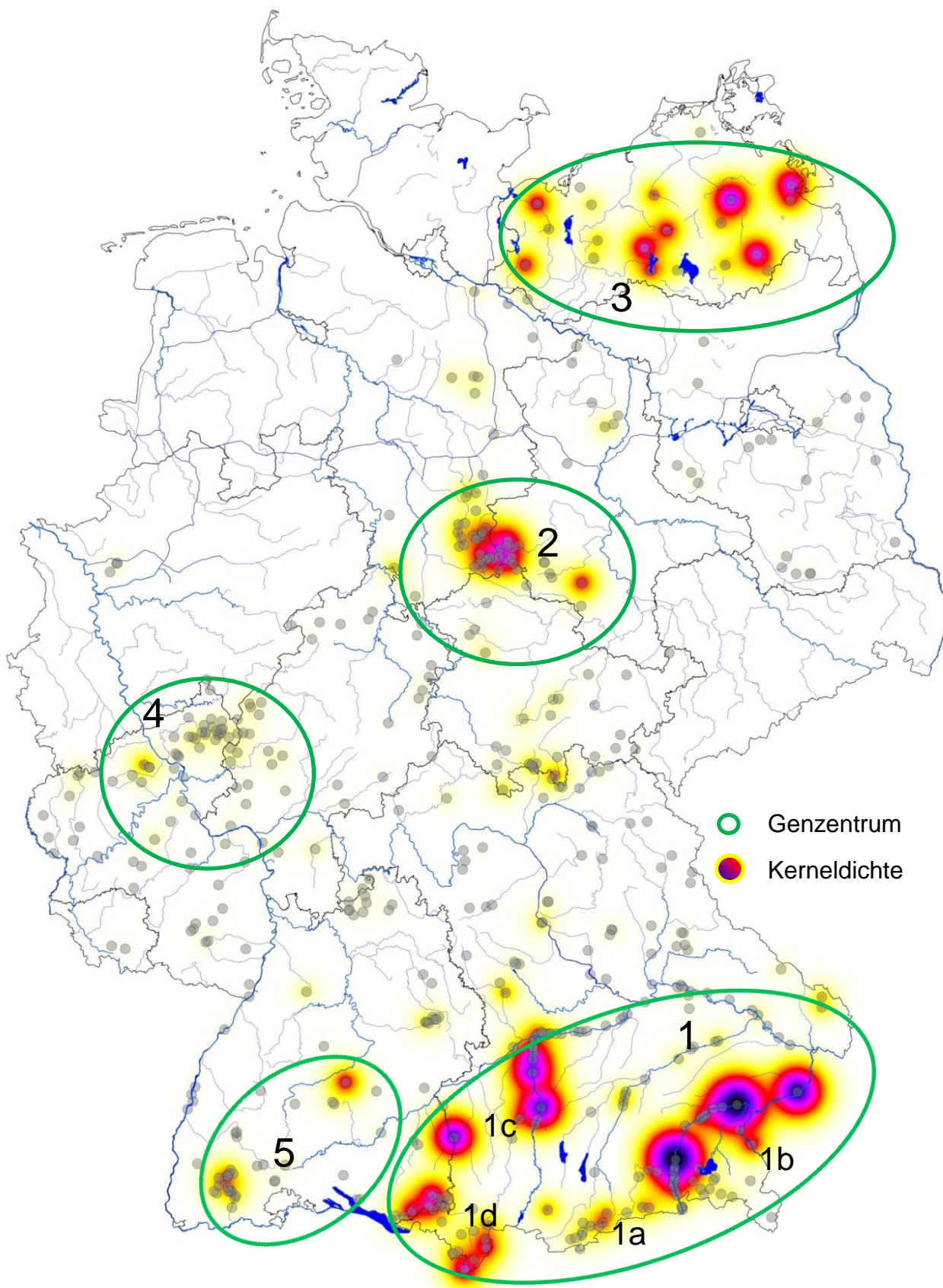


Abbildung 58 Genzentren der Grau-Erle in der Bundesrepublik Deutschland auf Grundlage von Kerneldichten

5.2 Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen

Die Grau-Erle gehört zwar laut Definition zu den seltenen Baumarten. Sie ist aber in ihrem Bestand in Deutschland als nicht gefährdet einzustufen. Dennoch gibt es Regionen oder Landesteile, in denen die Baumart sehr selten oder gar nicht vorkommt. Letztere liegen meistens außerhalb ihres Verbreitungsgebietes. Aufgrund künstlicher Einbringung hat sie sich in manchen Regionen auch ausbreiten können. Genaue Kenntnisse hierzu können aus den vorliegenden Ergebnissen jedoch nicht abgeleitet werden.

Da die genetische Vielfalt und Diversität der Grau-Erle sehr gering ist, sollte überlegt werden, ob durch eine gezielte *Ex-situ*-Erhaltung in Samenplantagen Populationen mit höherer Vielfalt und Diversität geschaffen werden können. Dabei sollte die Auswahl der Plantagenmitglieder nach genetischen Kriterien erfolgen und nicht nach phänotypischen, wie bisher üblich.

In einigen der untersuchten Vorkommen wurden auch seltene Allele gefunden. Bestände, die solche Allele enthalten, sollten aus genetischer Sicht erhalten werden.

Aufgrund der geringen genetischen Vielfalt wäre es sinnvoll weitere Bestände genetisch zu analysieren. Weitere Studien, die auch Vorkommen aus dem gesamten europäischen Verbreitungsgebiet enthalten, könnten zudem klären, ob die geringe genetische Variation in Deutschland für die Baumart typisch ist.

In den dargestellten Genzentren sollte die Baumart erhalten werden und am natürlichen Aufbau der Auwälder auf ihr zusagenden Standorten beteiligt werden. Traditionelle Niederwaldbewirtschaftungsformen sollten unbedingt beibehalten und gefördert werden.

5.3 Schlussfolgerung mit dem Ziel der Politikberatung

Die Erfassung der Grau-Erle im Rahmen des Projektes ermöglicht erstmals einen Gesamtüberblick über die genetischen Ressourcen der Baumart in Deutschland (s.o.). Erfassungsprojekte, die mit einheitlichen Methoden und nach abgestimmten Kriterien durchgeführt werden, erlauben eine weitaus sicherere Bewertung des Gefährdungspotenzials als Erfassungsprojekte auf regionaler oder Gebietsebene (z. B. Bundesländer, Schutzgebiete). Handlungsempfehlungen für effiziente Erhaltungsarbeiten erreichen somit eine höhere Qualität, die auch für europaweite Erhaltungsstrategien dringend erforderlich ist und für diese genutzt werden können.

Andere Erhebungen, wie z. B. die Biotopkartierung oder die Bundeswaldinventur erwiesen sich für Fragen der Generhaltung als weniger geeignet, wenn damit die Erhaltungsfähigkeit und die Erhaltungsdringlichkeit von Populationen seltener Arten abgeleitet oder bewertet werden sollen.

Für die Grau-Erle liegen nun erstmals konkrete Ergebnisse für die Beurteilung der Gefährdung und die Herleitung geeigneter Generhaltungsmaßnahmen vor. Damit können sowohl für das gesamte Verbreitungsgebiet in Deutschland wie auch für die Bundesländer Generhaltungsobjekte ausgewiesen werden.

Die Grau-Erle ist als Baumart zwar derzeit nicht gefährdet. Durch die fehlende Flusssdynamik in den Auwäldern verändern sich aber die bestehenden Wälder immer mehr und entwickeln sich zu Hartholzauen. Daher hat die Grau-Erle dort weniger Chancen sich natürlich zu erhalten. Mit einem langfristigen Rückgang der Vorkommen außerhalb der Alpen ist daher zu rechnen. Niederwaldbewirtschaftung oder ihre energetische Nutzung durch Schlagwirtschaft kommen ihr entgegen. Gezielte Fördermaßnahmen für die Niederwaldbewirtschaftung der Grau-Erle in Auwäldern wären daher anzustreben.

Da die Grau-Erle eine Baumart ist, die dem Forstvermehrungsgutrecht unterliegt, sollten weitere Bestände, die erhaltungswürdig sind, zugelassen werden. Für die Auswahl sollten die Ergebnisse der genetischen Analysen mit zugrunde gelegt werden. V. a. große und stammzahlreiche Vorkommen in den gefundenen Zentren eignen sich besonders für die Zulassung. Der Schwerpunkt bei der Auswahl sollte aber auf Vorkommen gelegt werden, die sowohl eine hohe Vielfalt (Anzahl Allele) als auch eine hohe Diversität aufweisen.

Aufgrund der äußerst geringen Diversität der Baumart erscheint eine gezielte *Ex-situ* Erhaltung in Samenplantagen als ein möglicher Weg, Populationen mit höherer Vielfalt und Diversität zu schaffen.

Aufgrund der nun vorliegenden genetischen Erkenntnisse und Schwerpunktverbreitung der Grau-Erle sollte zudem die bisherige Herkunftsgebietsgliederung überdacht werden. Zur Sicherung der gefundenen Genzentren könnte das bisherige Herkunftsgebiet 803 01 (Bundesgebiet nördlich der Donau) gemäß der vorliegenden Zentren und Unterzentren in zwei oder drei Gebiete untergliedert werden. Eine noch „feinere“ Aufgliederung scheint dagegen aufgrund den genetischen Befunde nicht sinnvoll.

6 Zusammenfassung

Ziel des Projektes war es, wertvolle Genobjekte der Grau-Erle nach einheitlichen Kriterien und Methoden bundesweit zu erfassen, zu charakterisieren und zu dokumentieren. Die erfassten Ressourcen sollten hinsichtlich ihrer Erhaltungsfähigkeit bewertet und kartografisch dargestellt werden.

Das Projekt wurde in mehrere Phasen gegliedert. Zunächst wurden bestehende Datenquellen nach möglichen Grau-Erlen Vorkommen recherchiert. Dem folgte eine bundesweite Vor-Ort-Erfassung nach einheitlichen phänotypischen Kriterien. Neben den räumlichen Lageparametern wurden u. a. die Anzahl der Bäume, die Durchmesserstruktur, die Begründungsart und die Vitalität erfasst und in eine Datenbank übertragen. Anschließend wurde eine umfangreiche Auswertung und Analyse der Daten sowie deren Darstellung mit Geoinformationssystemen durchgeführt.

Aus den vorliegenden Daten wurde die *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit der Grau-Erlen-Vorkommen abgeleitet und mit Hilfe einer Kernel-Dichteanalyse die Verbreitungsschwerpunkte (Genzentren) in Deutschland ermittelt. Isoenzymanalysen an 26 ausgewählten Populationen, verteilt auf ganz Deutschland, ermöglichten erstmals einen Überblick über die genetische Variabilität und Zusammensetzung der Vorkommen. Die genetische Variation innerhalb der Vorkommen ist bei der Grau-Erle sehr gering und die Klonstrukturen inner-

halb der Populationen stark ausgeprägt. Zudem wurden wenig Diversitätsunterschiede zwischen den Vorkommen gefunden.

Die Grau-Erle (*Alnus incana*) gilt in ihrem Bestand in Deutschland als nicht gefährdet. Die Baumart ist aufgrund ihres natürlichen Verbreitungsgebietes in manchen Teilen Deutschlands seltener als in anderen Teilen, auf ihre Gefährdung kann daraus aber nicht geschlossen werden. Insgesamt wurden im Rahmen des Projektes ca. 2,1 Millionen Bäume in 506 Vorkommen erfasst. Der Verbreitungsschwerpunkt der Grau-Erle liegt südlich der Donau. Insgesamt konnten fünf Genzentren in drei Regionen lokalisiert werden (Südbayern, Harz und Mecklenburg-Vorpommersche Seenplatte).

Wegen der äußerst geringen Diversität der Grau-Erle wird eine gezielte *Ex-situ* Erhaltung in Samenplantagen empfohlen, um Populationen mit höherer Vielfalt und Diversität zu schaffen. Die bisherige Herkunftsgebietsgliederung der Grau-Erle für Deutschland sollte überarbeitet und die Zulassung neuer Saatguterntebestände v. a. in den Genzentren angestrebt werden.

7 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen

Die ursprünglich geplanten Ziele wurden vollständig erreicht. Auf Basis der zu ihrer Erfüllung nötigen Anstrengungen und der dabei gemachten Erfahrungen sollen für potenzielle Folgeprojekte einige Schlussfolgerungen zum Projektmanagement zusammengeführt werden.

In der ersten Projektphase wurden die verfügbaren Datenbanken bei den zuständigen forstlichen Institutionen recherchiert. Die Bereitstellung der Daten bereitete keine Schwierigkeiten. Die Datenbanken der Biotopkartierungen, Betriebsinventuren, FFH-Gebiete, Großschutzgebiete, Naturwaldreservate und Bundeswaldinventuren lagen jedoch bei verschiedenen Landesbehörden, so dass die Daten nur mit sehr viel Aufwand besorgt werden konnten. Da die Daten kartografisch ausgewertet wurden, war die Angabe von Koordinaten bzw. die Übersendung von GIS-shapes notwendig. Die Projektbearbeitung erfolgte darüber hinaus z. T. in einer Phase der bundesweiten Umstrukturierung der Forstverwaltungen mit teilweise fehlenden Zuständigkeiten.

In der zweiten Projektphase erfolgte die bundesweite Kartierung der Vorkommen mit zuvor geschulten Kartierern der beteiligten forstlichen Institutionen und Landesversuchsanstalten sowie privaten Kartierbüros. Die in den Vorgängerprojekten zur Schwarz-Pappel und den Ulmen-Arten geforderte Ausdehnung der Kartierungen auf zwei Vegetationsperioden wurde umgesetzt. Sie erwies sich als sehr zweckdienlich. Nachmeldungen von Genobjekten und Fehler in der Datenbank verursachten nur kleine Verzögerungen.

Aufgrund der vielen und baumzahlreichen Vorkommen in Süddeutschland und in den Alpen, war eine vollständige Erfassung der Vorkommen nicht immer möglich. V.a. in den Alpen ist die Grau-Erle an fast jedem Fließgewässer zu finden. Gemäß dem Projektziel lag daher der Schwerpunkt der Kartierung bei den für die Generhaltung wertvollen Populationen und einer guten räumlichen Verteilung.

Um die Ergebnisse des Gesamtprojektes und auch der Vorgängerprojekte länderübergreifend weiter zu nutzen, wäre es sinnvoll, die gewonnenen Daten an zentraler Stelle zusammenzuführen und die Möglichkeit zu schaffen, diese zu aktualisieren und neue Datensätze hinzuzufügen. Wie von Brandenburg vorgeschlagen, wäre es empfehlenswert, die bestehende Access-Datenbank in eine webbasierte Anwendung zu überführen, um den Zugriff auf die Daten anderen Benutzern zu ermöglichen und die Aktualisierung der Daten effizienter zu organisieren. Diese könnte zukünftig auch für weitere Projekte genutzt werden.

8 Literatur

- DRAPAL, O. (1928) Die Bedeutung der Weißerle in den Auwäldern. Allg. Forstztg.
- DUMOLIN, S., DEMESURE, B., PETIT, R.J. (1995): Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculate oak investigated with an efficient PCR method. *Theor Appl Genet* 91:1253-1256
- EVANNO, G., REGNAUT, S., GOUDET, J. (2005): Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14, 2611–2620.
- GOETTLING, H. (1968) Die Waldbestockung der bayerischen Innauen. Forstwissenschaftliche Forschungen, Beihefte zum Forstwissenschaftlichen Centralblatt, 29, Verlag Paul Parey, Berlin und Hamburg.
- GRADMANN, R. (1932) Unsere Flußtäler im Urzustand. *Z. d. Ges. f. Erdkunde*.
- GREGORIUS, H.R. & DEGEN, B. (2007): Monitoring genetischer Ressourcen – Prinzipien und Methoden. In: Begemann F.; Schröden S; Wenkel K.-O., Weigel H.-J. (Hrsg.) (2007): Monitoring und Indikatoren der Agrobiodiversität. Tagungsband, Schriftenreihe des Informations- und Koordinationszentrums für Biologische Vielfalt, Bd. 27, Bonn, 39 – 65.
- GREGORIUS, H.-R. (1974) Genetischer Abstand zwischen Populationen. I. Zur Konzeption der genetischen Abstandsmessung. *Silvae Genetica*, 23, S. 22-27.
- GREGORIUS, H.-R. & ROBERDS, J.H. (1986) Measurement of genetical differentiation between among subpopulations. *Theoretical and Applied Genetics*, 71, S. 826-834.
- HAUF, E. (1952) Die Umgestaltung des Innstromgebietes durch den Menschen. München-Töging.
- HEGI, G. (1981) Illustrierte Flora von Mitteleuropa, Band 3, Teil 1, 3. Aufl. (Hsg. G. WAGENITZ). Verlag Paul Parey, Berlin und Hamburg.
- HEINDEL, K. (1936) Die Umgestaltung der Isar durch den Menschen. Diss. München.
- LOCKOW, K.-W., SCHRÖTTER, H. (2004) Weißerle *Alnus incana* [L.] Moench) im Norddeutschen Tiefland, Landesforstanstalt Eberswalde.
- MICHELER, A. (1965) Flußland der Salzach vor dem Umbruch. *Jahrb. D. Vereins z. Schutze d. Alpenpflanzen u. -tiere*.

- OBERDORFER, E. (1970) Pflanzensoziologische Exkursionsflora für Süddeutschland und die angrenzenden Gebiete, 3. Aufl., Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.
- OW, L. Frh. V. (1951) Die Weißerle in den Auwäldungen der von den Alpen zur Donau fließenden Flüsse. Allg. Forstz.
- PEAKALL, R.; SMOUSE, P.E. (2006) GenAlEx 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Mol Ecol Notes 6:288-295
- PRITCHARD, JK., STEPHENS, M., DONNELLY, P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics, 155, 945–959.
- RUBNER, H. (1956) Die Wälder der Inn-Salzach-Platte. Mitt. D. Geograph. Ges. in München.
- SCHMIDT, P.A. (1996) Zur Systematik und Variabilität der mitteleuropäischen Erlen (Gattung *Alnus* Mill.) Mitt. Dt. Dendrol. Ges. 82, 15-42.
- SCHRÖTTER, H. (1983) Waldbaulich-ertragskundliche Untersuchungen an Weißerle (*Alnus incana* (L.) Moench) im Jungpleistozän der DDR. Beiträge f. d. Forstwirtschaft 17, 2, 89-102.
- SCHÜTT, P., LANG, U. (1999) Laubbaumarten der temperierten Klimazonen – *Alnus incana*. In: Schütt, Weisgerber, Schuck, Lang, Roloff (Hsg.) Enzyklopädie der Holzgewächse, Ecomed Verlagsgesellschaft, Landsberg; 18. Ergänzungslieferung 12/99.
- SCHWABE, A. (1985) Monographie *Alnus incana*-reicher Waldgesellschaften in Europa. Variabilität und Ähnlichkeiten einer azonal verbreiteten Gesellschaftsgruppe. Phytocoenologia 13, 197-302.
- SILVERMAN, B. W. (1986). Density Estimation for Statistics and Data Analysis. London:Chapman and Hall.

9 Anhang Inhalt

Kartieranleitung mit Erfassungsbogen, Zählhilfe und Vitalitätsstufen

Anleitung zur Beprobung der Grau-Erle

BoxPlot-Grafiken (Anzahl Bäume, Flächengröße, Dichte und mittlere Vitalität)

Kartieranleitung

zur

Erfassung und Dokumentation von forstgenetischen Ressourcen

Stand: 11.02.2010

Herausgeber: Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde

Kartierung forstgenetischer Ressourcen

Ziel der Kartierung ist die Erfassung forstgenetischer Ressourcen in der Bundesrepublik Deutschland und die Evaluierung nach den Aspekten „Erhaltungswürdigkeit“, „Erhaltungsfähigkeit“ und „Erhaltungsdringlichkeit“. Die hier vorliegende Kartieranleitung bildet dafür die Grundlage.

- **Definition „Genobjekt“**

Zum Zwecke der Generhaltung werden die Vorkommen von gesuchten Gehölzarten nach den hier vorgegebenen Kriterien erfasst, bewertet und dokumentiert. Ein nach der Kartieranleitung aufgenommenes Vorkommen einer der betreffenden Gehölzarten wird nachfolgend als „Genobjekt“ bezeichnet.

- **Abgrenzung eines Genobjektes**

Im Rahmen dieser Kartierung soll das Hauptaugenmerk auf dem Vorkommen von Populationen liegen, Einzelbäume werden nicht erfasst. Die zahlenmäßige Untergrenze der zu erfassenden Trupps liegt bei 5 Individuen, wobei mehrere Stämme auf einer Wurzel als ein Individuum gelten. Vorkommen mit einer Baumzahl weniger als 5 Individuen werden mittels des Erfassungsbogens erfasst, separat als Papierform abgeheftet und dem Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde übermittelt. Jedoch wird diese Erfassung nicht in die Datenbank eingetragen.

Ein Genobjekt besteht aus einer der genannten Baumarten, kommen z.B. mehrere Gehölzarten im räumlichen Zusammenhang vor, wird jede Art als eigenständiges Genobjekt kartiert.

Ein Genobjekt grenzt sich vom nächsten Genobjekt der gleichen Art durch einen Mindestabstand der Individuen von mindestens 1000 m ab.

Wird ein Genobjekt durch die Grenze eines Bundeslandes geteilt, so werden zwei nach Bundesländern getrennte Genobjekte ausgeschieden und entsprechend kartiert. Weitere Grenzen wie z.B. Schutzgebiets- oder Gemeinde- bzw. Forstamtsgrenzen führen nicht zur weiteren Aufgliederung eines Genobjektes.

- **Erfassung der Parameter**

Die Angabe der einzelnen Parameter erfolgt auf dem Erfassungsbogen „Genetische Ressourcen“. Dieser ist Bestandteil der vorliegenden Kartieranleitung. Wenn nicht ausdrücklich angegeben, ist das Ausfüllen der Parameter auf dem Erfassungsbogen obligatorisch.

Für die spätere Bearbeitung der erfassten Daten werden diese in eine Datenbank eingegeben. Die Auslieferung der Datenbank an die Kartiertrupps erfolgt mit Übergabe der Kartierunterlagen. In der Datenbank finden sich für das jeweilige Bundesland spezifische Schlüssellisten, so z.B. für die Landkreise oder die Forstbehörden. Bei Bedarf können die Schlüssellisten über eine Bericht-Funktion ausgedruckt werden. Zu finden sind die Listen in der Datenbank im Menu „Dokumentation und Hinweise zur Dateneingabe“.

Die Listen sind nicht Bestandteil der Kartieranleitung. Bei der anschließenden Beschreibung der Parameter wird auf existierende Schlüssellisten hingewiesen.

- **Aufnahmetrupp**

Hier wird dokumentiert, welche beauftragten Personen die Kartierung durchgeführt haben. In der Datenbank erfolgt zusätzlich eine Verschlüsselung nach Bundesland und Aufnahmetrupp.

- **Datum**

Datum der Felddatenerhebung des Genobjektes durch den Aufnahmetrupp. Findet keine Erhebung der Daten vor Ort statt, ist das Datum aus den Alt-Unterlagen zu übernehmen.

- **Bundesland**

Im Feld „Bundesland“ erfolgt die Eintragung des entsprechenden Bundeslandes mit seiner zweistelligen Kennziffer. Die Kennziffer wird aus Tabelle 1 entnommen:

Tabelle 11: Kennziffern der Bundesländer

Bundesland	Kennziffer	Bundesland	Kennziffer
Baden-Württemberg	BW	Niedersachsen	NI
Bayern	BY	Nordrhein-Westfalen	NW
Berlin	BE	Rheinland-Pfalz	RP
Brandenburg	BB	Saarland	SL
Hansestadt Bremen	HB	Sachsen	SN
Hansestadt Hamburg	HH	Sachsen-Anhalt	ST
Hessen	HE	Schleswig-Holstein	SH
Mecklenburg-Vorpommern	MV	Thüringen	TH

- **Laufende Nummer des Genobjektes**

Die Genobjekte werden pro Bundesland und Gehölzart durchlaufend nummeriert. Auf dem Erfassungsbogen wird die laufende Nummer rechtsbündig eingetragen. Es sind maximal 9999 Genobjekte pro Bundesland einzutragen. Nehmen unterschiedliche Kartiertrupps in einem Bundesland dieselbe Gehölzart auf, wird durch die Datenbank ein Nummernrahmen vorgegeben.

- **Artbezeichnung/ Artdetermination**

Die kartierte Art ist auf dem Erfassungsbogen einzutragen (Kurzschlüssel). Zur Bestimmung der Arten ist einschlägige Literatur heranzuziehen, siehe dazu den Anhang. Weiterhin wird angekreuzt, ob die Artbestimmung vor Ort erfolgte. Wird hier „nein“ angekreuzt, so wurden bestehende Angaben übernommen.

- **Etabliertes Generhaltungsobjekt**

Im Rahmen der Kartierung soll dokumentiert werden, ob das entsprechende Vorkommen bereits aus einer Generhaltungsmaßnahme hervorgegangen ist. Damit ermöglicht die Kartierung gleichzeitig eine Kontrolle vorangegangener Maßnahmen. Zur Auswahl stehen die Optionen „in-situ“, „ex-situ“ oder kein altes Genobjekt („nein“).

- **Koordinaten**

Die Angabe der Koordinaten eines Genobjektes bezieht sich auf den Punkt mit der größten Individuendichte eines Vorkommens. Die Koordinaten dienen dem Wiederauffinden kartierter Genobjekte, ihrer kartenmäßigen Darstellung und dem Herleiten weiterer Parameter. Auf Ihre Erfassung ist daher besonderer Wert zu legen.

Die Angabe erfolgt grundsätzlich in der UTM- Abbildung mit Angabe der Zone, des Ost- und des Nordwertes. Als Kartenbezugssystem ist das Datum WGS84 (Referenzellipsoid GRS80) zu wählen. Werden die Koordinaten von älteren Kartenwerken abgegriffen, ist die Angabe in der Gauß-Krüger-Abbildung mit Angabe des Streifens, des Rechts- und des Hochwertes zulässig (Potsdam-Datum, Referenzellipsoid Bessel 1841).

Am GPS-Empfänger sind die entsprechenden Einstellungen vorzunehmen. In der Abbildung 1 sind diese beispielhaft dargestellt.

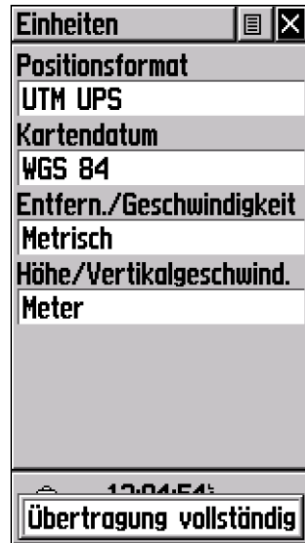


Abbildung 59: Einstellungen des GPS-Empfängers, hier Garmin eTrex-Reihe im UTM Format

Falls Koordinaten bereits in anderen Bezugssystemen vorliegen, sind diese umzurechnen. Weiterhin ist anzugeben, wie die Koordinaten ermittelt wurden. Zur Auswahl stehen die Optionen „GPS“, „aus Karte entnommen“ oder „aus Unterlagen übernommen“.

Zur Erläuterung der Erhebung der Koordinaten steht ein optionales Bemerkungsfeld zur Verfügung.

- **Forstbehörde**

Die Angabe der für das Genobjekt zuständigen Forstbehörde erfolgt mittels Auswahl aus der für das jeweilige Bundesland hinterlegten Liste in der Datenbank. Die Adressen der Forstbehörden sind in der Datenbank hinterlegt und brauchen nicht gesondert erfasst zu werden.

- **Reviername/ Reviernummer**

Die Angaben zu Reviername und Reviernummer sind obligatorisch. Sie sollen später dazu dienen, bei der zuständigen Forstbehörde schneller einen Ansprechpartner zu ermitteln. Bei mehreren betroffenen Revieren ist das Revier mit dem größten Flächenanteil am Genobjekt zu nennen. Sollte ein Revier in der aktuellen Datenbank nicht hinterlegt sein, steht ein freies Textfeld für den Reviernamen zur Verfügung.

- **Landkreis/ Gemeinde**

Falls bekannt, sollte hier eine entsprechende Eintragung erfolgen. Ansonsten werden die Eintragungen mittels Verschneidung der erhobenen Koordinaten des Genobjektes und der entsprechenden Geometrie des Parameters rechnerisch ermittelt. Bei Bedarf kann eine Schlüsseliste für das jeweilige Bundesland als Bericht ausgedruckt werden.

- **Bundeswuchsgebiet/ Bundeswuchsbezirk**

Die Angabe des Bundeswuchsgebietes erfolgt anhand der Karte und Tabelle im Anhang dieser Kartieranleitung, es genügt die Angabe der zweistelligen Schlüsselnummer. Der Bundeswuchsbezirk wird rechnerisch über die Koordinaten hergeleitet.

- **Eigentumsart**

Die Signierung der Eigentumsart erfolgt durch Ankreuzen. Bei mehreren Eigentumsarten ist die flächenmäßig überwiegende anzugeben.

- **Angaben zum Genobjekt**

- **Gesamtfläche**

In diesem Feld wird die absolute (nicht reduzierte) Fläche des Genobjektes mit einer Genauigkeit von 0,1 Hektar angegeben. Weiterhin muss die Art der Flächenermittlung durch Ankreuzen der entsprechenden Parameter dokumentiert werden.

- **Anzahl**

Hier wird die Gesamtanzahl der Individuen eingetragen, abgestorbene Bäume werden hierbei nicht berücksichtigt. Wie bei der Flächenangabe muss auch hier die Art der Ermittlung des Parameters angekreuzt werden.

- **Isoenzym-/ DNA-Untersuchungen**

Hier sollte angegeben werden, ob bereits früher Isoenzym- oder DNA- Untersuchungen durchgeführt wurden. Die untersuchende Stelle kann im Beschreibungsfeld weiter unten auf dem Erfassungsbogen genannt werden.

Der Kartierer kann ein genetisch noch nicht untersuchtes Genobjekt zur Untersuchung vorschlagen, indem er den Parameter „zur Untersuchung vorgeschlagen“ ankreuzt. Gründe hierfür können z.B. Zweifel hinsichtlich der Artreinheit sein.

- **Bestandesbeschreibung**

Die Bestandesbeschreibung dokumentiert die demografische Struktur des Vorkommens auf der Grundlage der Durchmesserstruktur (BHD). Dabei ist für jede der drei Durchmesserklassen zu unterscheiden, wie die Teilpopulation entstanden ist (Natur- oder Kunstverjüngung, unbekannt). Neben der Durchmesserstruktur (kleiner 7 cm) soll ebenfalls der flächige Anteil der Verjüngung an der Gesamtfläche geschätzt werden und die prozentualen Anteile für die Höhenstufen kleiner bzw. größer 1,5 m erfasst werden. Diese Differenzierung dient zur Bewertung der potenziellen Überlebensfähigkeit der Verjüngung.

- Durchmesserstruktur

Zur Beurteilung der Bestandesstruktur eines Genobjektes wird für drei Durchmesserstufen der prozentuale Anteil am gesamten Genobjekt angegeben. Zu beachten ist, dass die Eintragungen in der Spalte in der Summe 100 % ergeben müssen. Zur Ermittlung der Durchmesserstruktur kann die im Anhang befindliche Zählhilfe benutzt werden, siehe dazu auch den Parameter „Vitalität“.

- Begründungsart

Die Begründungsart ist ein Merkmal zur Bestimmung der historischen Begründungsform einer Durchmesserstufe eines Genobjektes. Die Signierung der überwiegenden Begründungsart ist für jede der drei Durchmesserstufen vorzunehmen. Die Begründungsart sollte möglichst aus Unterlagen abgeleitet werden. Fehlen Unterlagen und ist die Art der Begründung im Bestand nicht offensichtlich, wird in das betreffende Feld „3“ = „unbekannt“ eingetragen.

- Verjüngung

Hier wird dokumentiert, ob das Vorkommen eine Verjüngung der kartierten Zielbaumart aufweist. Dazu ist das Vorhandensein von Mutterbäumen zwingend erforderlich. Eine ex-situ Anpflanzung einer der Zielbaumarten zählt nicht zur Verjüngung im Sinne dieser Kartieranleitung. Die Oberhöhe der Verjüngung beträgt 3 Meter, höhere Individuen werden hier nicht als Verjüngung angesprochen, ihre Erfassung erfolgt über die Durchmesserstufen.

Zunächst wird der Anteil der Verjüngungsfläche an der Fläche des Genobjektes eingestuft. Zur Beurteilung der weiteren Entwicklung der Naturverjüngung müssen außerdem die Anteile der Höhenstufen unter 1,50 Meter an der Fläche der gesamten Verjüngung geschätzt werden.

- Altbäume

Das Vorkommen von vitalen Bäumen mit einem BHD über 50 cm wird durch das Ankreuzen dieses Feldes dokumentiert.

- Anteil der Zielbaumart

Das Datenfeld gibt Auskunft über den Anteil der kartierten Baumart (Zielbaumart) am gesamten Bestand. Die Eintragung erfolgt durch Ankreuzen einer der folgenden drei Anteilsgruppen:

- 80 – 100 %
- 30 – 79 %
- < 30 %

Die Art der Ermittlung des Parameters muss angekreuzt werden, zur Auswahl stehen die Attribute „aus Winkelzählprobe“ oder „geschätzt“. Im freien Textfeld sollen die maßgeblich am Bestandaufbau beteiligten Baumarten genannt werden.

- Mischbaumarten

Im Feld Mischbaumarten können die die Zielbaumart begleitenden Baumarten aufgeführt werden. Dazu müssen die Kürzel aus der beigefügten Baumartenliste verwendet werden um eine einheitliche Schreibweise zu gewährleisten. Die Baumartenliste ist auch in der Datenbank hinterlegt und kann unter Verwendung verschiedener Sortierkriterien ausgedruckt werden.

- **Vitalität**

Um Sommer- und Winterkartierungen zu ermöglichen, kann mit Hilfe der im Anhang dieser Kartieranleitung enthaltenen Tafel 1 die Vitalität eines Genobjektes angesprochen werden. In der Vegetationsperiode wird dazu der geschätzte Blattverlust herangezogen, im Winterhalbjahr erfolgt die Ansprache nach der Verzweigung bzw. dem Feinastanteil. Zu beachten ist, dass die Vitalitätsstufe 1 bei jungen, wüchsigen und gesunden Exemplaren keine Anwendung finden sollte. Durch das rasche Jugend-Wachstum können die für die Vitalitätsstufe 1 abgebildeten, länglichen Kronenstrukturen ebenfalls entstehen (ROLOFF 2001). Die Vitalitätsstufe 4 dokumentiert den Anteil abgestorbener Bäume.

Der prozentuale Anteil einer der fünf Vitalitäts-Stufen ist für jede der drei Durchmesserstufen gesondert einzuschätzen. Zu beachten ist dabei, dass für jede Zeile, für die bei dem Parameter „Durchmesserstruktur“ Angaben getätigt worden sind, auch Angaben bezüglich der Vitalität gemacht werden müssen. Weiterhin muss jede Zeile in der Summe 100 % ergeben.

In der Anlage findet sich eine Zählhilfe als Vordruck. Werden die ermittelten Werte in die der Zählhilfe zu Grunde liegenden EXCEL-Tabelle eingegeben, werden die entsprechenden Prozentwerte angezeigt und können in das Formular übernommen werden.

- **Anteil der kreuzbaren Arten**

Für die Feststellung der in-situ Erhaltungswürdigkeit eines Genobjektes wird das Vorkommen der kreuzbaren Arten erfasst.

Wird das Vorhandensein kreuzbarer Arten bejaht, muss zusätzlich die Entfernung zum nächsten bekannten Vorkommen einer mit der Zielbaumart kreuzbaren Art eingeschätzt werden (z.B. Siedlungsnähe, Obstplantagen oder Alleen bei Wildobst). Die Angabe erfolgt in Metern. Die Angabe einer Entfernung = 0 signalisiert, dass die kreuzbare Art im selben Bestand wie die Zielbaumart vorkommt.

- **Beschreibung**

An dieser Stelle erfolgt eine textliche Beschreibung des Genobjektes. Alle Angaben, die nicht verschlüsselt werden konnten, dem Kartierer aber wichtig erscheinen, können hier textlich erfasst wer-

den. Als Beispiel wäre der auffällige Befall durch Schaderreger, Gefährdung der Verjüngung durch Wild oder zu starker Übershirmung, Inanspruchnahme durch Bauvorhaben oder andere zu nennen. Weiterhin kann eine Maßnahmenempfehlung für die weitere Behandlung des Genobjektes gegeben werden.

- **Weitere Parameter**

- **Bearbeitungsstand**

Am Fuße des Erfassungsbogens ist der jeweilige Stand der Arbeiten durch Ankreuzen des entsprechenden Parameters zu dokumentieren. Folgende Attribute stehen zur Verfügung:

- Vorklärungsbearbeitung
- zur Feldaufnahme vorgesehen
- bei der Feldaufnahme
- Feldaufnahme abgeschlossen
- geprüftes Genobjekt
- geprüft kein Genobjekt

Da sich das Attribut im Laufe der Bearbeitung ändern kann, z.B. von „zur Feldaufnahme vorgesehen“ zu „Feldaufnahme abgeschlossen“, muss das veraltete Attribut gestrichen werden. Zu diesem Zwecke genügt es, auf dem Aufnahmebogen das betreffende Kästchen zu schwärzen und den aktuellen Bearbeitungsstand anzukreuzen.

- **EDV**

In diesem Feld wird durch Ankreuzen kenntlich gemacht, ob der aktuelle Erfassungsbogen in die Datenbank eingegeben worden ist.

Überprüfte Objekte, die nicht den Status eines Genobjektes im Sinne dieser Kartieranleitung darstellen, sind NICHT in die Datenbank einzugeben (siehe auch den Parameter „Bearbeitungsstand“).

- **Schutzstatus**

Der bundesweit gültige Schutzstatus (z.B. Naturschutzgebiet, Landschaftsschutzgebiet, FFH-Gebiet usw.) eines Genobjektes wird entsprechend der genannten Koordinaten im Nachgang der Kartierarbeiten rechnerisch ermittelt und ist nicht Bestandteil des Erfassungsbogens.

- **Kartenausschnitt**

Auf die Rückseite des Aufnahmebogens wird ein Ausschnitt einer Karte mit einer Kennzeichnung des Genobjektes kopiert. Vorzugsweise ist dabei eine Topographische Karte im Maßstab 1:10.000 zu verwenden, die Bezeichnung des Kartenblattes sollte aus der Kopie oder aus der Beschreibung des Genobjektes hervorgehen.

Kartierung genetischer Ressourcen in Deutschland Erfassungsbogen <small>Stand: 11. Februar 2010 Bearbeiter: F. Becker, LFE</small>		Aufnahmetrupp: _____ Datum: <table border="1" style="display: inline-table; width: 100px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table>								Bundesland <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td></tr> </table> Lfd. Nr. <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> <small>Bitte rechtsbündig eintragen</small>													
Gehölzart <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> <small>Entsprechend Schlüsseliste</small> Artbestimmung vor Ort? <input type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein					Etabliertes Generhaltungsobjekt? <input type="checkbox"/> <small>Schlüssel</small> 1 in-situ 2 ex-situ 3 nein																		
Koordinaten <table border="1" style="display: inline-table; width: 30px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td></tr> </table> Gitter (UTM) Streifen (Gauß/Krüger, nur bei Altdaten!)				Ost- (UTM) bzw. Rechtswert (GK) <table border="1" style="display: inline-table; width: 100px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> /								Nord- (UTM) bzw. Hochwert (GK) <table border="1" style="display: inline-table; width: 100px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table>											
Koordinatenherkunft <input type="checkbox"/> GPS <input type="checkbox"/> aus Karte entnommen <input type="checkbox"/> aus Unterlagen übernommen		Bemerkung _____																					
Lage Forstbehörde _____		Schlüssel-Nr. <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table>								Eigentumsart													
Reviernamen _____		Reviernummer <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table>								<input type="checkbox"/> Staat - Bund <input type="checkbox"/> Staat - Land <input type="checkbox"/> Körperschaften <input type="checkbox"/> Privat (>200 ha) <input type="checkbox"/> Privat (<=200 ha) <input type="checkbox"/> Treuhand													
Landkreis _____		Schlüssel-Nr. <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> <small>Ermittlung durch Koordinaten</small>																					
Gemeinde _____		Schlüssel-Nr. <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> <small>Ermittlung durch Koordinaten</small>																					
Bundeswuchsgebiet <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td></tr> </table>				Bundeswuchsbezirk <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> <small>Ermittlung durch Koordinaten</small>																			
Fläche <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> ha <input type="checkbox"/> gemessen <input type="checkbox"/> aus Karte entnommen <input type="checkbox"/> aus Unterlagen übernommen <input type="checkbox"/> geschätzt						Anzahl der Individuen <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> <input type="checkbox"/> gezählt <input type="checkbox"/> Winkelzählprobe <input type="checkbox"/> aus Unterlagen übernommen								Isoenzym-/ DNA-Untersuchungen vorhanden? <input type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein <input type="checkbox"/> unbekannt Zur Untersuchung vorgeschlagen? <input type="checkbox"/>									
Bestandesbeschreibung Durchmesserstruktur BHD < 7 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 30px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td></tr> </table> % 7 - 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 30px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td></tr> </table> % > 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 30px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td></tr> </table> % <small>Anteile in %</small>								Begründungsart Schlüssel 1 Naturverjüngung 2 Kunstverjüngung 3 unbekannt		Verjüngung Anteils% <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> davon < 1,5 m <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> Altbäume > 50 cm BHD? vorhanden: <input type="checkbox"/>													
Vitalität <small>Anteile der Vitalitätsstufen in % (nach Tafel 1)</small> BHD < 7 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> % 7 - 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> % > 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> % <small>Achtung: jede Zeile muss in der Summe 100 % ergeben!</small>														Anteil der Zielbaumart an vorhandenen Mischbaumarten (MBA) < 30 % <table border="1" style="display: inline-table; width: 30px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td></tr> </table> 30 - 79 % <table border="1" style="display: inline-table; width: 30px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td></tr> </table> 80 - 100 % <table border="1" style="display: inline-table; width: 30px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td></tr> </table> Winkelzählprobe geschätzt								MBA: _____ _____ _____	
Beschreibung des Genobjektes: (Besonderheiten, Schädursachen, Gefährdungen usw.) _____ _____ _____				Anteil kreuzbarer Arten <input type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein <input type="checkbox"/> nicht erkennbar falls ja: Entfernung (m) <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 20px; vertical-align: middle;"> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </table> <small>(0 = im selben Bestand)</small>																			
Bearbeitungsstand <input type="checkbox"/> Vorklärbearbeitung <input type="checkbox"/> bei der Feldaufnahme <input type="checkbox"/> zur Feldaufnahme vorgesehen <input type="checkbox"/> Feldaufnahme abgeschlossen		<input type="checkbox"/> geprüftes Genobjekt <input type="checkbox"/> geprüft, KEIN Genobjekt		EDV ? <input type="checkbox"/>																			

Anlage 2

Erfassung forstgenetischer Ressourcen

Bearbeiter: F. Becker, LFE

Winteransprache



Vitalitätstufen

Sommeransprache



0
vital

Netzartige,
gleichmäßige, dichte
Verzweigung.

gilt nicht für junge Exemplare!



1
geschwächt

Spieß- oder
flaschenbürstenartige
oder längliche
Kronenstrukturen

gilt nicht für junge Exemplare!



2
**merklich
geschädigt**

Pinselartige
Kronenstrukturen, in
der Regel
Kronenabwölbung



3
**stark geschädigt,
absterbend**

Absterben von
Hauptästen,
skelettartiger Habitus



4
abgestorben



entnommen aus: Roloff, A. 2001: Baumkronen.

Stand: 11.02.2010

Anlage3_ZaehhilfeVital_2010_02_11.xls

Bestandesnummer: _____

		Vitalitätsstufe					
		0	1	2	3	4	Summen:
BHD			sollte lt. Kartieranleitung keine Anwendung finden!				
	< 7 cm						
	7 - 20 cm						
	> 20 cm						
	Summen:						
							Gesamtanzahl: <input type="text"/>
							<i>(ohne abgestorbene)</i>

Genetische Untersuchungen an Grün-Erle, Grau-Erle und der Gewöhnlichen Traubenkirsche

Genmarker: Grün-Erle / Grau-Erle - Isoenzyme
Trauben-Kirsche - Mikrosatellitenmarker

Durchführende Institution: Grün-Erle / Grau-Erle - ASP Teisendorf
Trauben-Kirsche - Hoeltken (vTi Grosshansdorf)

Probenumfang: Grün-Erle / Grau-Erle 100 Individuen je Population bei großen Vorkommen
50 Individuen je Populationen mit 50 – 100 Individuen
Trauben-Kirsche 50 Individuen je Population

Probenmaterial: Grün-Erle / Grau-Erle – Knospen in Winterruhe
Trauben-Kirsche Knospen oder Blätter

Zeitpunkt der Probenahme: Grün-Erle / Grau-Erle – Februar 2011 - April 2011,
Oktober 2011 – April 2012.
Trauben-Kirsche Mai 2011 – Mai 2012.

Beprobungsmuster:

Grün-Erle/Grau-Erle:

- Entnahme von Zweigen mit Knospen in Winterruhe von 100 (50) Individuen je Vorkommen. Je Individuum sollen 5-10 Knospen zur Verfügung stehen. Es ist wünschenswert, dass sie an einem Zweig sind. Die Zweige können aus jedem Teil des Baumes stammen.

Bei kleineren Vorkommen der *Grün-Erle* geschieht die Beprobung rasterförmig über das gesamte Vorkommen. Bei großen Vorkommen werden in 2 – 3 Bereichen jeweils 30 bis 50 Proben von Individuen, die mindestens 4 - 5 Meter entfernt sind, entnommen (gesamte Probemenge je Vorkommen = 100 Individuen). Die beprobten Bereiche werden in der Karte vermerkt. Für jeden Bereich wird mindestens ein Koordinatenpunkt eingemessen. Es wird empfohlen während der Beprobung einen GPS-Track zu führen. So können auch Doppelbeprobungen vermieden werden.

Bei kleineren Vorkommen der *Grau-Erle* geschieht die Beprobung rasterförmig über das gesamte Vorkommen. Bei großen Vorkommen der *Grau-Erle* entlang von Flußläufen wird die Probenahme geteilt: 50 Proben werden nach einem zufälligen Raster (z.B. alle 4-5 Meter) in einem Bereich am Oberlauf des Flusses genommen, 50 Proben in gleicher Weise in einem Bereich am Unterlauf des Flusses. Bei sehr großen Vorkommen können auch drei Probebereiche mit jeweils ca. 33 Individuen ausgeschieden werden. Die beprobten Bereiche werden in der Karte vermerkt. Für jeden Bereich wird mindestens ein Koordinatenpunkt eingemessen. Es wird empfohlen während der Beprobung einen GPS-Track zu führen. So können auch Doppelbeprobungen vermieden werden.

Trauben-Kirsche:

Die Proben werden von 50 zufallsmäßig ausgesuchten Individuen entnommen. Die Entfernung zwischen den Individuen soll mindestens eine Baumlänge betragen (z.B. Schrittmaß 50 Meter). Ist die Entfernung deutlich größer, so soll der ungefähre Abstand angegeben werden. Es wird empfohlen während der Beprobung einen GPS-Track zu führen. So können auch Doppelbeprobungen vermieden werden.

Zur weiteren Vorgehensweise siehe die Anleitungen zur Probenahme der einzelnen Baumarten.

Verpackung der Proben:

Die Proben werden für jeden Baum getrennt in Briefumschläge und anschließend alle gemeinsam in einen Plastikbeutel gegeben. In Briefumschlägen können die Proben auch bis zu einer Woche im normalen Kühlschrank (Nicht einfrieren) aufbewahrt werden. Wenn es bei der Beprobung sehr nass ist, können auch kleine Plastiktütchen verwendet werden. Die Proben müssen dann innerhalb von 3-4 Tagen im Labor sein (Zwischenlagerung wie oben).

Es muss darauf geachtet werden, dass die Proben von unterschiedlichen Individuen getrennt gehalten werden.

Versand

Grün-Erle/Grau-Erle: Proben versenden an:

Bayerisches Amt für forstliche Saat und Pflanzenzucht
ASP-Labor
Forstamtsplatz 1
83317 Teisendorf

Traubenkirsche: Proben versenden an:

Dr. Aki Höltken
Sieker Landstraße 2
22927 Großhansdorf

Boxplotgrafiken:

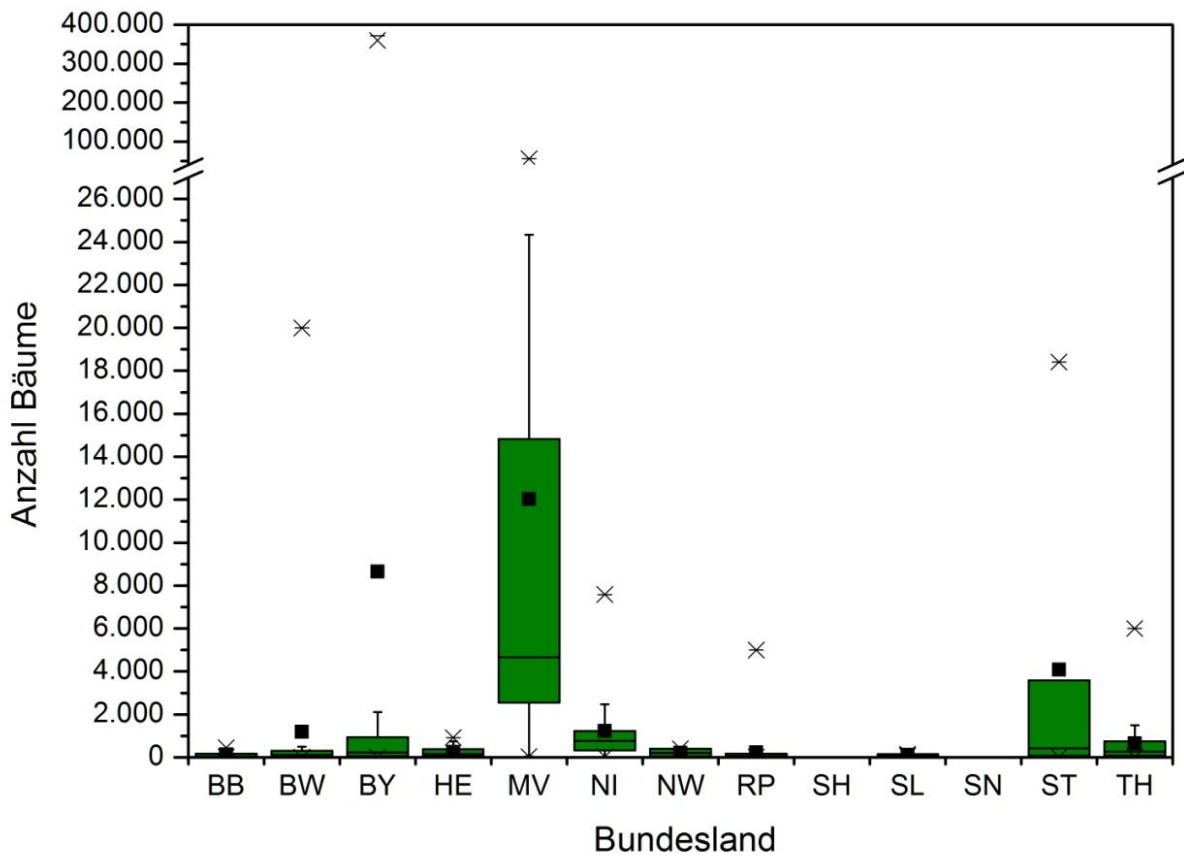


Abbildung 60: Anzahl der kartierten Grau-Erlen-Baumzahlen nach Bundesländern

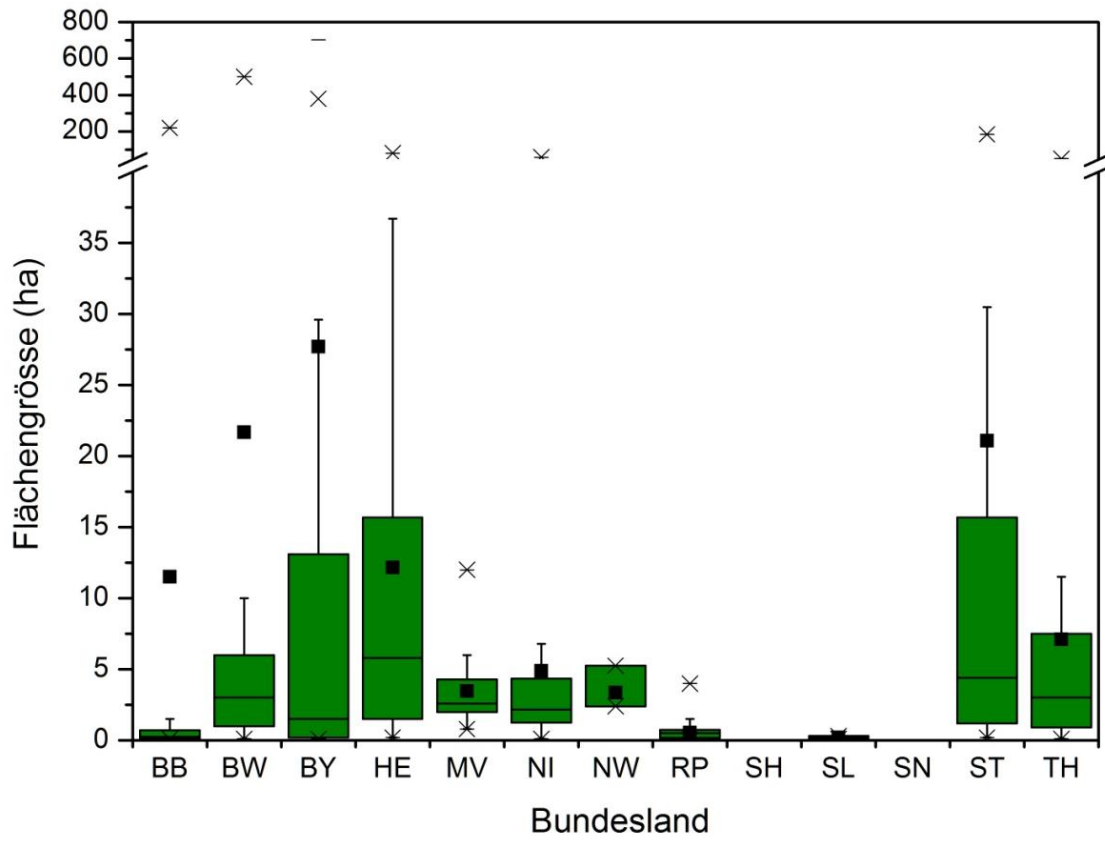


Abbildung 61: Flächengröße der kartierten Grau-Erlen-Vorkommen nach Bundesländern

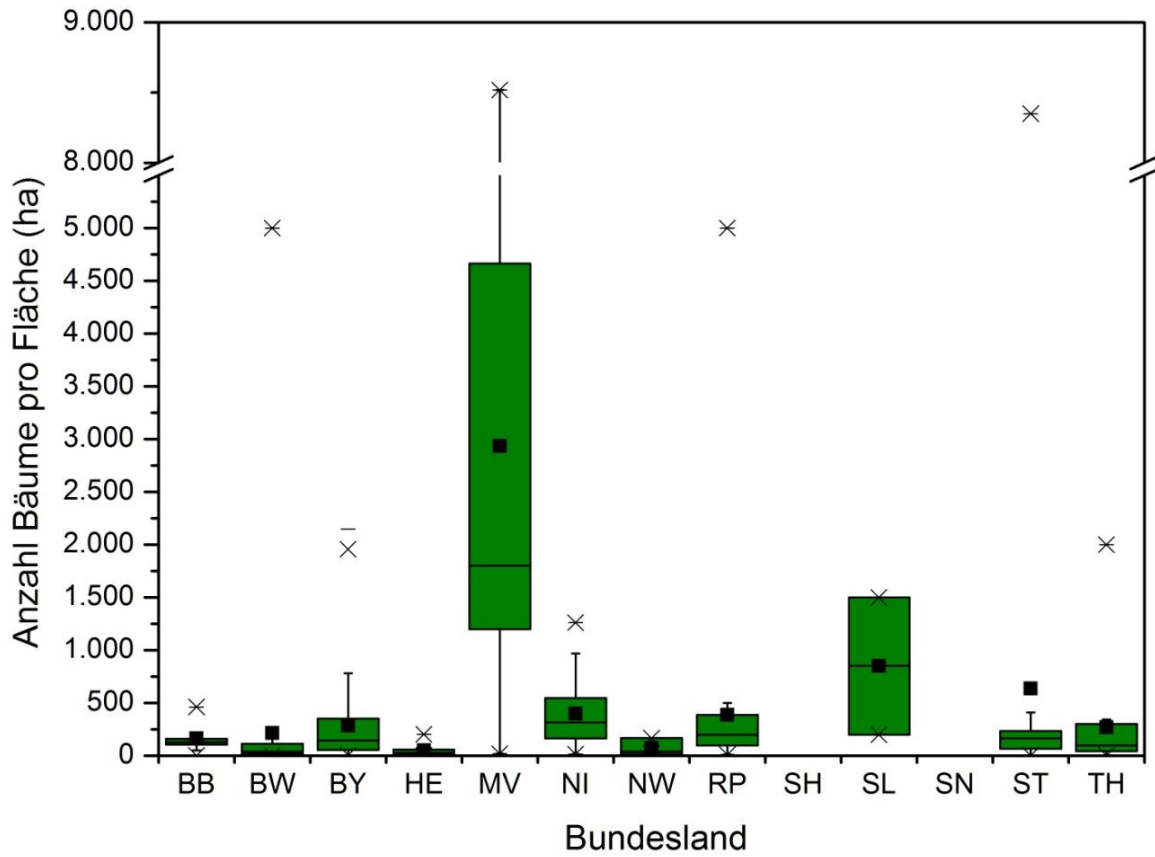


Abbildung 62: Grau-Erlen-Baumzahlen pro Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern

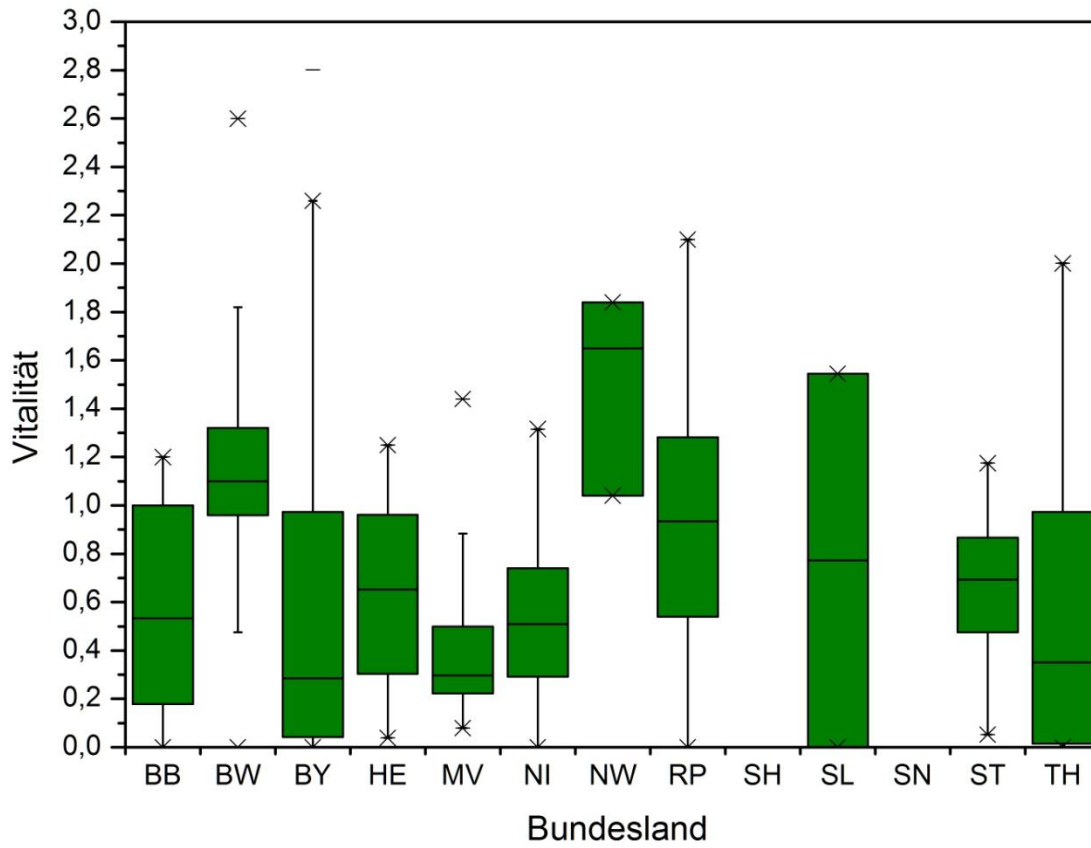


Abbildung 63: Verteilung der mittleren Vorkommensvitalität der Grau-Erlen-Vorkommen in den Bundesländern