

Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen des Feld-Ahorns (*Acer campestre*) und der Eibe (*Taxus baccata*) in Deutschland

AZ 114-02.05-20.0074/09-E - Los 3

Untersuchungen zur Eibe



Endbericht

08. März 2013

Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen des Feld-Ahorns (*Acer campestre*) und der Eibe (*Taxus baccata*) in Deutschland

AZ 114-02.05-20.0074/09-E - Los 3

Untersuchungen zur Eibe

Berichtszeitraum: November 2009 – Oktober 2012

Laufzeit: 13. Oktober 2009 – 13. Oktober 2012

Endbericht

Endversion, 08. März 2013

Auftraggeber:



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE)
Deichmanns Aue 29
93179 Bonn

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

Auftragnehmer:



FORSTBÜRO OSTBAYERN

Sachverständigenbüro für Wald- und Forstwirtschaft

Forstbüro Ostbayern
Deschermühlweg 19
93453 Neukirchen b. Hl. Blut

Tel.: 09947 1729

Fax: 09947 2550

Email: forstbuero-ostbayern@t-online.de

URL: <http://www.forstbuero-ostbayern.de>

Bearbeiter:

Projektkoordination Probennahme Auswertung	Forstbüro Ostbayern Dipl.-Forstwirt (Univ.) Helmut Josef Riederer Dipl.-Forstwirt (Univ.) Markus Fritsch Dr. Thomas Kamp
Kartierung Brandenburg	Forstbüro Lausitz Dipl.-Forstwirt (Univ.) Marius Schuster Dipl.-Forstwirt (Univ.) Göran Thieme
Kartierung Baden-Württemberg	Büro INA Südwest Dr. Wolfgang Herter Dipl.-Biologe Peter Banzhaf Dipl.-Biologe Gregor Müller
Kartierung Bayern	Forstbüro Ostbayern Dipl.-Forstwirt (Univ.) Helmut Josef Riederer Dipl.-Forstwirt (Univ.) Markus Fritsch Dipl.-Forstwirt (Univ.) Otfried Horn Dipl.-Ing. (FH) Simon Behmenburg M.Sc. forest. Sören Pilz
Kartierung Hessen	Forstconsult Rudolph & Tausch Dipl.-Forstwirt (Univ.) Stefan Küchler M.Sc. forest. Sören Pilz
Kartierung Mecklenburg-Vorpommern	Waldkonzepte PartG Dipl.-Forstwirt (Univ.) Kay Hagemann M.Sc. forest. Michael Pohlers
Kartierung Niedersachsen	Forstbüro Reuder Dipl.-Forstwirt (Univ.) Wilfried Reuder Dipl.-Ing. (Univ.) Alexandra Hörand
Kartierung Nordrhein-Westfalen	Forst-Planungsbüro Köln Dipl.-Forstwirt (Univ.) Michael Pelzer Dipl.-Forstwirt (Univ.) Norbert Glieden
Kartierung Rheinland-Pfalz	Forstconsult Rudolph & Tausch Dipl.-Forstwirt (Univ.) Hans-Dieter Rudolph Dipl.-Forstwirt (Univ.) Carsten Bender Dipl.-Forstwirt (Univ.) Klaus Remmy Dipl.-Forstwirt (Univ.) Gerhardt Hommes
Kartierung Schleswig-Holstein	Forstbüro Reuder Dipl.-Forstwirt (Univ.) Wilfried Reuder
Kartierung Saarland	Forstconsult Rudolph & Tausch Dipl.-Forstwirt (Univ.) Hans-Dieter Rudolph
Kartierung Sachsen	Staatsbetrieb Sachsenforst Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Pirna
Kartierung Sachsen-Anhalt	Forstbüro Schömig Dipl.-Forstwirt (Univ.) Markus Schömig Dr. Jürgen König
Kartierung Thüringen	Forstbüro Schömig Dipl.-Forstwirt (Univ.) Markus Schömig Dr. Jürgen König B.Sc. forest. Ulf Simeitis

Inhalt

1 Einleitung	1
1.1 Ökologie und Verbreitung	1
2 Ziele und Aufgabenstellung des Projektes	4
2.1 Ablauf und Planung des Projektes	4
2.1.1 Weiterentwicklung der Datenbank	6
2.1.2 Erfassung von Vorkommen	6
2.1.3 Schematische Übersicht des Projektverlaufes	6
2.2 Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde	8
3 Material und Methoden	9
3.1 Projektmanagement	9
3.2 Datenrecherche	11
3.3 Auswertung der Quellenabfrage	12
3.4 Kartierung	12
3.5 Datenbank und GIS-Anwendungen	14
3.6 Auswertung der Datenbank	16
3.6.1 Bundeswuchsgebiete	16
3.6.2 Potentielle natürliche Vegetation	16
3.6.3 Schutzstatus	16
3.6.4 Abundanz	17
3.6.5 Altersstruktur	17
3.6.6 Naturverjüngung	18
3.6.7 Vitalität	18
3.6.8 Demografische Strukturen	19
3.6.9 Ermittlung der Erhaltungsfähigkeit nach phänotypischen Kriterien	19
3.6.10 Dichteanalysen	20
3.7 Auswahl von Genobjekten für die genetischen Analysen	20
3.8 Beprobung ausgewählter Genobjekte	21
3.9 Genetische Untersuchungen	21
3.9.1 Probenmaterial	21
3.9.2 Methodische Details zur Isoenzymanalyse	21
3.9.3 Parameter zur Beschreibung der genetischen Variation	22
3.10 Statistische Auswertungen	22
4 Darstellung der wichtigsten Ergebnisse	24
4.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen	25
4.1.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in Deutschland und in den Bundesländern	25
4.1.2 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten	29
4.1.3 Potentielle natürliche Vegetation	32
4.2 Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl	33
4.2.1 Abundanz	36
4.3 Durchmesserstruktur und Altersstruktur	37
4.3.1 Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen	37
4.3.2 Altersstrukturqualitätsklassen	40
4.4 Vitalitätsstufen	43
4.5 Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen	46
4.6 Naturverjüngung	48
4.7 Eigentumsverhältnisse	49

4.8	Schutzstatus	51
4.9	Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen	54
4.9.1	Allelhäufigkeiten	55
4.9.2	Genetische Variation innerhalb der Eibenvorkommen	67
4.9.3	Genetische Abstände und Differenzierung zwischen den Eibenpopulationen	68
4.9.4	Schlußfolgerungen	70
5	Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse	71
5.1	Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltensdringlichkeit	71
5.2	Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen	79
5.3	Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung	80
6	Zusammenfassung	81
7	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den erreichten Zielen	83
8	Literatur	84
9	Anhang	

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1-1: Verbreitungskarte der Eibe (<i>Taxus baccata</i>) gezeichnet nach SCHÜTT et al. 1992.....	2
Abbildung 2-1: Geplanter Zeitplan der einzelnen Projektschritte.	7
Abbildung 3-1: Schematische Darstellung der Projektstruktur (Quelle: LFE).....	9
Abbildung 3-2: Kartierperiode mit Anzahl der untersuchten Vorkommen / Tag.	13
Abbildung 3-3: Eingabemaske zur Erfassung der erhobenen Daten (Erfassungsbogen).....	14
Abbildung 3-4: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Abundanzklassen in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".....	15
Abbildung 3-5: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Altersstrukturklassen in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".	15
Abbildung 3-6: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Erhaltungsfähigkeit in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".	15
Abbildung 3-7: Beispiele für drei Alterspyramiden.	19
Abbildung 3-8: Darstellung eines BoxPlot (auch Box-Whisker-Plot) mit Benennung der Kennwerte.	23
Abbildung 4-1: Anzahl der kartierten Bestände nach Bundesländern.	25
Abbildung 4-2: Lage der kartierten Bestände mit Größenklassen der kartierten Baumzahlen.	26
Abbildung 4-3: Anzahl der kartierten Bäume nach Bundesländern.	27
Abbildung 4-4: Anzahl der kartierten Bestände bezogen auf die Fläche (in 1.000 km ²) der Bundesländer.	28
Abbildung 4-5: Anzahl der kartierten Bäume bezogen auf die Fläche (in 1.000 km ²) der Bundesländer.	28
Abbildung 4-6: Anzahl kartierter Vorkommen und Baumzahlen bezogen auf die Landesfläche (in 1.000 km ²) der Bundesländer.	29
Abbildung 4-7: Anzahl der kartierten Bestände und Anzahl der kartierten Bäume nach Wuchsgebieten.	30
Abbildung 4-8: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen.	32
Abbildung 4-9: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen.	33
Abbildung 4-10: Anzahl der kartierten Baumzahlen je Vorkommen nach Bundesland.	34
Abbildung 4-11: Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern.	34
Abbildung 4-12: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen bezogen auf eine Fläche von 1 ha.	35
Abbildung 4-13: Baumzahlen pro Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern.	35
Abbildung 4-14: Lage und Größenklassen (Baumzahlen pro Hektar Bestandesfläche) der kartierten Vorkommen.	36
Abbildung 4-15: Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet.	37
Abbildung 4-16: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen in Deutschland.	38
Abbildung 4-17: Prozentuale Verteilung der drei Durchmesserstufen in den Bundesländern und in Deutschland.	38
Abbildung 4-18: Altersstrukturen der kartierten Vorkommen und ihre Anzahl in Deutschland.	39
Abbildung 4-19: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Qualitätsklassen der Altersstrukturen in Deutschland.	40

Abbildung 4-20: Prozentuale Verteilung der Altersstrukturklassen in den Bundesländern und in Deutschland.....	41
Abbildung 4-21: Anzahl der kartierten Bestände mit unterschiedlichen Qualitätsklassen der Altersstrukturen in den einzelnen Bundesländern.....	42
Abbildung 4-22: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Vitalitätsstufen in Deutschland.....	43
Abbildung 4-23: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen in den Bundesländern und in Deutschland.....	44
Abbildung 4-24: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen.....	45
Abbildung 4-25: Verteilung der mittleren Vorkommensvitalität in den Bundesländern.....	46
Abbildung 4-26: Vitalitätsanteile in den Durchmesserstufen.....	47
Abbildung 4-27: Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen.....	47
Abbildung 4-28: Übersicht der Vorkommen mit oder ohne Naturverjüngung.....	48
Abbildung 4-29: Anteile der Vorkommen mit Naturverjüngung.....	49
Abbildung 4-30: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen innerhalb Deutschlands.....	50
Abbildung 4-31: Prozentuale Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern und in Deutschland.....	50
Abbildung 4-32: Anzahl der kartierten Vorkommen in Deutschland mit Schutzstatus.....	52
Abbildung 4-33: Anzahl der kartierten Bestände mit verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern.....	52
Abbildung 4-34: Prozentuale Verteilung der verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern.....	53
Abbildung 4-35: Lage der ausgewählten und beprobten Bestände innerhalb Deutschland...	54
Abbildung 4-36: Allelhäufigkeiten am Genort 6-PGDH-A.....	56
Abbildung 4-37: Allelhäufigkeiten am Genort AAT-B.....	57
Abbildung 4-38: Allelhäufigkeiten am Genort ADH-A.....	58
Abbildung 4-39: Allelhäufigkeiten am Genort IDH-A.....	59
Abbildung 4-40: Allelhäufigkeiten am Genort IDH-B.....	60
Abbildung 4-41: Allelhäufigkeiten am Genort LAP-B.....	61
Abbildung 4-42: Allelhäufigkeiten am Genort MDH-C.....	62
Abbildung 4-43: Allelhäufigkeiten am Genort MNR-A.....	63
Abbildung 4-44: Allelhäufigkeiten am Genort PGI-B.....	64
Abbildung 4-45: Allelhäufigkeiten am Genort PGM-A.....	65
Abbildung 4-46: Allelhäufigkeiten am Genort SDH-B.....	66
Abbildung 4-47: Genetische Diversität in den untersuchten Eibenvorkommen.....	67
Abbildung 4-48: Differenzierungswerte (Dj) der vier untersuchten Populationen.....	68
Abbildung 4-49: Gruppierung der untersuchten Eibenvorkommen aufgrund des genetischen Abstandes.....	69
Abbildung 5-1: Bewertungsparameter zur Bestimmung des Grades der Erhaltungsfähigkeit und der Erhaltungsdringlichkeit (Quelle: LFE).....	72
Abbildung 5-2: Stufen der Erhaltungsfähigkeit mit den Anteilen der Vorkommen im Bundesgebiet.....	73
Abbildung 5-3: In-situ-Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen in den Bundesländern.....	74
Abbildung 5-4: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen im Bundesgebiet.....	75
Abbildung 5-5: Darstellung der Kerneldichte der Eibe mit Berücksichtigung der Baumzahl. .	76
Abbildung 5-6: Darstellung der Kerneldichte der Eibe ohne Berücksichtigung der Baumzahl.	77

Abbildung 5-7: Darstellung der Kernaldichte der Eibe bezogen auf die Baumzahlen pro Hektar Vorkommensfläche. 78

Tabellenverzeichnis

Tabelle 2-1: Übersicht der Arbeitsschritte im Projektverlauf.	7
Tabelle 3-1: Abstimmungsgespräche zur Sichtung vorhandener Daten der zu untersuchenden Baumarten in den Bundesländern.	10
Tabelle 3-2: Übersicht der verwendeten Abundanzklassen und zugeordneten Individuenzahlen.....	17
Tabelle 3-3: Einteilung und Bewertung der Qualitätsklassen der Altersstrukturen anhand der Durchmesserstufen.	18
Tabelle 3-4: Einteilung und Beschreibung der Vitalitätsstufen.	18
Tabelle 3-5: Gesamtbewertung der Vorkommen.	19
Tabelle 3-6: Darstellung zur Klassifizierung in Erhaltungsfähigkeit aus Abundanz, Altersstrukturqualitätsklasse (AQK) und durchschnittlicher Vitalität.	20
Tabelle 3-7: In Graphiken und Tabellen verwendete Kürzel für die Bundesländer (BL) und die Bundesrepublik Deutschland, sowie die für Berechnungen verwendeten Landesflächen.	23
Tabelle 4-1: Bedeutende Eiben-Vorkommen in Deutschland.	24
Tabelle 4-2: Anzahlen der kartierten Vorkommen, Baumzahlen in den kartierten Vorkommen und Flächengröße der kartierten Vorkommen, sowie abgeleitete Parameter (Anzahl Bäume / ha Fläche, Anzahl Vorkommen / 1.000 km ² Landesfläche, Baumzahlen / 1.000 km ² Landesfläche).	27
Tabelle 4-3: Anzahl der kartierten Bestände und Anzahl der kartierten Bäume in den Wuchsgebieten Deutschlands.	31
Tabelle 4-4: Verteilung der Vorkommen in den Abundanzklassen.	37
Tabelle 4-5: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen (<7 cm, 7-20 cm, >20 cm) in den kartierten Vorkommen.	40
Tabelle 4-6: Absolute und relative Angaben für die Qualitätsklassen der Altersstrukturen der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern und in Deutschland.	41
Tabelle 4-7: Vitalitätsstufen der kartierten Vorkommen.	44
Tabelle 4-8: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen.....	51
Tabelle 4-9: Populationsgenetische Parameter für die 14 Eibenvorkommen im Vergleich....	55
Tabelle 4-10: Genetischer Abstand zwischen den untersuchten Eibenvorkommen.	67
Tabelle 5-1: Absolute Zahlen der Stufen der Erhaltungsfähigkeit nach Ländern.	73
Tabelle 5-2: Anteile der Stufen der Erhaltungsfähigkeit nach Ländern.	73
Tabelle 5-3: Genzentren mit hoher Baumzahl und großflächigem Zusammenhang.	79

1 Einleitung

Das Jahr 2010 wurde von den Vereinten Nationen zum Internationalen Jahr der Biodiversität und das Jahr 2011 wurde 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 Kohlendioxid-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 ökologische Nischen. Auf diese Weise leisten sie ihren Beitrag zur Stabilität der Waldökosysteme. Andererseits sind häufig diese seltenen Baumarten gefährdet durch Bestockungswandel, Verlust von Lebensräumen oder Änderung der Bewirtschaftungsform. Das Wissen über diese Baumarten ist unvollständig. Vorliegende Arbeiten beschäftigen sich oft nur mit regionalen Vorkommen der Arten, eine bundesweite Erfassung nach einheitlichen Kriterien und die Zusammenstellung des Kenntnisstandes fehlen.

Aus diesem Grunde 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 finanziell gefördert. Dieses Projekt soll einen Beitrag leisten, genetische Ressourcen von Gehölzen zu erhalten und zu fördern.

In dem Verbundvorhaben unter Beteiligung mehrerer Fachinstitutionen in Deutschland war das Forstbüro Ostbayern u.a. für die Kartierung der Eibe (*Taxus baccata*) und des Feld-Ahorns (*Acer campestre*) zuständig. In dem Vorhaben war die genetische Analyse ausgewählter Vorkommen vorgesehen. Die genetischen Untersuchungen an Eibe wurden durch das Bayerische Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) in Teisendorf, die des Feld-Ahorns durch die Plant Genetic Diagnostics GmbH (PGD) in Großhansdorf ausgeführt.

Im vorliegenden Bericht sind die Untersuchungen zur *Eibe* dargestellt.

1.1 Ökologie und Verbreitung

In der großen Gruppe der Nadelbäume bilden die immergrünen Eiben eine eigene Pflanzengattung (*Taxus*) in der Familie der Eibengewächse (*Taxaceae*). In der nördlichen Erdhalbkugel kommen sieben verschiedene Eiben-Arten vor; die bekannteste ist die bei uns vorkommende Europäische Eibe (*Taxus baccata* L.) oder auch Gemeine Eibe genannt. Der wissenschaftliche Name leitet sich von dem griechischen Wort *toxon* für (Schiess-)Bogen ab und verweist auf die ursprüngliche Bedeutung des Holzes. *Baccata* heißt soviel wie beerentragend.

Ihr Hauptverbreitungsgebiet ist Nord- und Mitteleuropa, sie wächst aber auch im Mittelmeerraum, wie in Algerien, Kleinasien und im Kaukasus (Abbildung 1-1). Ihre nördliche Verbreitungsgrenze liegt in Südfinnland.

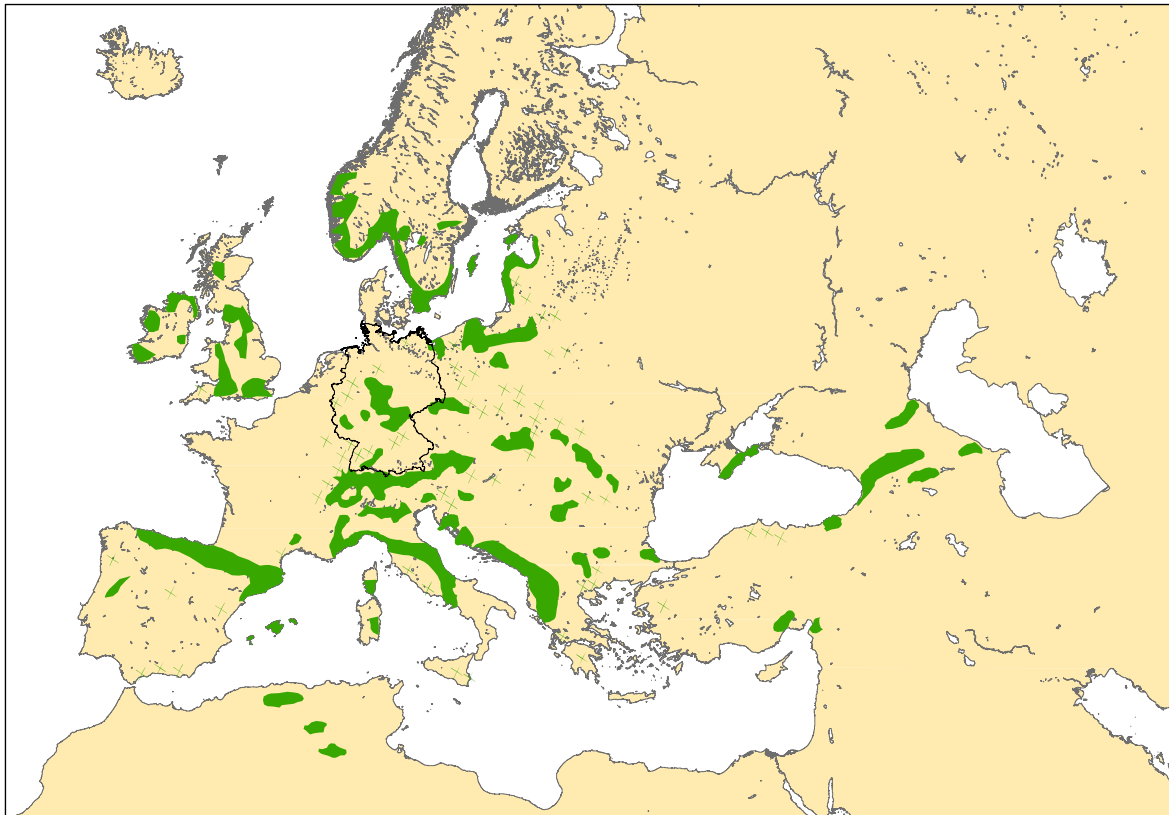


Abbildung 1-1: Verbreitungskarte der Eibe (*Taxus baccata*) gezeichnet nach SCHÜTT et al. 1992.

Nachweislich ist die heute lebende Gattung *Taxus* bereits im mittleren Jura vor ca. 150 Millionen Jahren vorgekommen. Die Eibe kann somit als die erdgeschichtlich älteste einheimische Baumart in Europa bezeichnet werden (SCHEEDER 1996). Zugleich ist sie die schatten-erträglichste Baumart Europas.

Pflanzensystematisch nimmt die Eibe eine Sonderstellung ein, weil sie nicht wie andere Nadelbaumarten Zapfen entwickelt, sondern eine einsamige, beerenartige Frucht mit scharlachrotem Fruchtfleisch (Arillus). Aufgrund dieser Besonderheit zählen die immergrünen Eiben botanisch nicht zu den Nadelbäumen und bilden innerhalb der nacktsamigen Pflanzen (Gymnospermae) neben den Ginkogewächsen und den Nadelbäumen eine eigene Klasse (Taxidae). In der heutigen Systematik werden die Taxidae jedoch zu der Klasse der Coniferales gezählt und gehören somit zu den Zapfentragenden, den Koniferen.

Die Eibe ist in ganz Europa selten, bedroht und, wie in Deutschland, meist geschützt. Sie steht auf der Roten Liste der gefährdeten Arten (Gefährdungsklasse 3: "gefährdet"). Der starke Rückgang und die Zersplitterung des Verbreitungsgebietes werden neben der Übernutzung durch den Menschen und durch Schalenwild vor allem auf die Unterlegenheit gegenüber der Konkurrenzkraft der Buche (*Fagus sylvatica* L.) zurückgeführt. Die besondere Langsamwüchsigkeit und die wirtschaftliche Bedeutungslosigkeit in der klassischen Forstwirtschaft sind auch mitverantwortlich für ihren Rückgang. Wenn in den inzwischen zahlreichen Veröffentlichungen zum Baumart Eibe ihre natürlichen Vorkommen nach der Anzahl

noch vorhandener Exemplare beschrieben werden, dann ist tatsächlich eine sehr bedrohliche Situation erreicht. Im Rahmen des nationalen Konzeptes zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen wird die Eibe bundesländerweise unterschiedlich gefördert.

Bestandsbildend kommt sie bei uns heute kaum noch vor. Als besonders schattenertragende Einzel Exemplare finden sich Eiben gelegentlich im Unter- und Zwischenstand in frischen, buchenreichen Wäldern. In Deutschland gibt es drei Verbreitungsschwerpunkte: Entlang der Ostseeküste, im westlichen Mitteldeutschland (Weser- und Leinebergland, Eichsfeld, Ringgau, Werragebiet, Hessen-Nassau, Thüringen) sowie in den süddeutschen Mittelgebirgen (Schwarzwald, Bodenseegebiet, Schwäbische Alb, Fränkischer Jura, Bayerischer Wald und Alpenvorland). Durch ihre Anpassungs-Strategie, selbst bei geringstem Strahlungsgenuss noch zu gedeihen, hat sie ihr Überleben bis heute gesichert.

Die Eibe bildet ein tief reichendes intensives Wurzelwerk aus und bevorzugt kalkhaltige, lockere, frische Böden. Sie ist verbreitet in der Ebene, in den Mittelgebirgen und in den Alpen kommt sie sogar bis 1500 m Höhe vor. Unter guten Standortsbedingungen erreicht die Eibe eine Höhe von 20 m, kann bis über 2000 Jahre alt werden und erreicht selten Brusthöhendurchmesser über 60 cm (BEYSE 2002). Diese hohen Altersangaben sind durch Jahresringzählungen nicht belegt. Die ältesten Eiben in Deutschland dürften zwischen 500 und 800 Jahre alt sein, ganz selten darüber (RÖßNER 2012). Im Donaudurchbruch bei Weltenburg an der Wipfelsfurt misst die höchste Eibe 23 m.

1994 hat die Schutzgemeinschaft Deutscher Wald die Eibe als den Baum des Jahres gewählt.

2 Ziele und Aufgabenstellung des Projektes

Das Ziel des Projekts war die bundesweite Erfassung der Vorkommen seltener Baumarten, die phänotypische Beschreibung und Bewertung der Populationen, die Erhebung von Daten zur genetischen Diversität innerhalb der jeweiligen Vorkommen und im Vergleich der Populationen untereinander.

Darauf aufbauend sollten Schwerpunkte der Vorkommen der Baumart identifiziert, der Gefährdungsgrad der Populationen bewertet und Hinweise zur Notwendigkeit von Erhaltungsmaßnahmen gegeben werden.

Bisher lagen Daten zu den Baumarten in den Bundesländern in nicht einheitlicher Form vor. Während zu einigen Baumarten zahlreiche Untersuchungen und Veröffentlichungen vorhanden waren, gab es zu anderen Baumarten kaum Unterlagen. Untersuchungen zur genetischen Vielfalt fehlten bei einigen Baumarten bisher völlig.

Die Grundlagenerhebungen sollen 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*" ist in vier Lose untergliedert, innerhalb derer die Baumarten Flaum-Eiche, Elsbeere, Speierling, Wild-Apfel, Wild-Birne, Feld-Ahorn, Eibe, Grün-Erle, Grau-Erle und Trauben-Kirsche untersucht wurden. Das Forstbüro Ostbayern, als Auftragnehmer der Lose 1 und 3, einerseits und das Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE) und das Bayerische Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht in Teisendorf (ASP), als Auftragnehmer der Lose 2 und 4, andererseits haben eine enge Kooperation bei der Bearbeitung der Aufgaben vereinbart. In der Praxis ergab sich auch eine Los-übergreifende Zusammenarbeit bei Kartierungen, Beprobungen, Auswertungen 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 pyraaster*) 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 Trauben-Kirsche (*Prunus padus*) in Deutschland. Bearbeitung: Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) Teisendorf

Bei der Bearbeitung des Vorhabens erfolgte eine enge Orientierung an den bereits abgeschlossenen Forschungsvorhaben von BMELV / BLE zu Schwarz-Pappel (*Populus nigra*)¹ und zu Ulmenarten (*Ulmus spec.*)². Berücksichtigungen fanden auch die Forschungsvorhaben zur Rotbuche (*Fagus sylvatica*)³ und zur Vogelkirsche (*Prunus avium*)⁴.

Hierdurch ist eine Vergleichbarkeit zwischen vorherigen und aktuellen Baum-Erhebungen gewährleistet.

Im Projektzeitraum vorgesehen war die Datenrecherche bekannter Vorkommen der Baumarten und deren Plausibilisierung, die Weiterentwicklung von aus den vorangegangenen Schwarzpappel- und Ulmen-Vorhaben vorhandenen Erfassungsbögen, die Abstimmung von Kartierpraktiken, die Kartierung ausgewählter Bestände, 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 Auswertungen und Visualisierungen der Ergebnisse.

Der tatsächliche Projektverlauf und die einzelnen Projektschritte ab dem 01.12.2009 wurden mit dem Auftraggeber und den Projektpartnern LFE und ASP entsprechend abgestimmt.

Das Vorhaben "*Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener Baumarten 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 -dringlichkeit
- Eingabe der Kartiererergebnisse in die Datenbank und Auswertung der Ergebnisse

¹ "Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Schwarz-Pappel und der Ulmenarten in Deutschland" - Teillos 1: "Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Schwarz-Pappel (*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 Schwarzpappel und der Ulmenarten in Deutschland" - Teillos 2: "Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Ulmenarten (*Ulmus spec.*) in der Bundesrepublik Deutschland". Landesforstanstalt Eberswalde, Thüringer Landesanstalt für Wald, Jagd und Fischerei, Landesamt für Forsten und Großschutzgebiete Mecklenburg-Vorpommern, Staatsbetrieb Sachsenforst. Laufzeit Juli 2005 – Juli 200. Aktenzeichen: 541-73.01/05BE001.

³ "Erfassung genetischer Strukturen wichtiger Waldbaumarten" - Teillos 1: "Erfassung der genetischen Struktur der Rotbuche (*Fagus sylvatica*) als Grundlage für ein genetisches Monitoring wichtiger Waldbaumarten in Deutschland". Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht Teisendorf, Staatsbetrieb Sachsenforst Pirna, Universität Hamburg - Zentrum Holzwirtschaft, Johann Heinrich von Thünen-Institut - Institut für Forstgenetik Großhansdorf. Laufzeit November 2005 – Mai 2008.

⁴ "Erfassung genetischer Strukturen wichtiger Waldbaumarten" - Teillos 2: "Erfassung der genetischen Struktur der Vogelkirsche (*Prunus avium*) als Grundlage für ein genetisches Monitoring wichtiger Waldbaumarten in Deutschland". Universität Hamburg - Zentrum Holzwirtschaft, Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Johann Heinrich von Thünen-Institut - Institut für Forstgenetik. Laufzeit November 2005 – Mai 2008.

- 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 Endberichtes
- Abstimmungen mit AG, Gesamtkoordination und Projektpartnern

2.1.1 Weiterentwicklung der Datenbank

Die in den Vorhaben "*Erfassung der genetischen Ressourcen der Schwarz-Pappel*" und "*Erfassung der genetischen Ressourcen der Ulmenarten*" erstellte Microsoft® Office Access Datenbank wurde von IDaMa GmbH / Jürgen Kayser weiterentwickelt und an aktuelle Vorgaben angepasst.

Für jedes Bundesland wurde eine spezielle Ausgabe der Datenbank (Auflistung Landkreise, Gemeinden, Forstreviere, etc) erstellt und den Kartierern zur Verfügung gestellt. Anfängliche Inkompatibilitäten bzgl. Betriebs-Systemen und Office-Anwendungen wurden behoben.

Alle Kartierer wurden in die Benutzung der Datenbank eingewiesen.

2.1.2 Erfassung von Vorkommen

Mit Beginn der Vegetationsperiode und Abschluss der Datenrecherchen wurden alle Bearbeiter in die Vorgehensweisen bei den Erhebungen im Gelände eingewiesen (Kartieranleitung, Erfassungsbögen, etc), sowie mit der Aufbereitung der erhobenen Daten zur Eingabe in Datenbank und GIS 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 Arbeiten zur phänotypischen Charakterisierung der Baumarten hatten zum Ziel, die Erhaltungswürdigkeit, die Erhaltungsdringlichkeit und die *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit zu identifizieren. Wenn nicht bereits durch die vorherige Datenrecherche bekannt, umfassten die zu erhebenden Angaben u.a.:

- Populationsgröße (Anzahl der Individuen, Fläche)
- Demografische Struktur der Population
- Bewertung der Verjüngung
- Vitalität
- Gefährdung und Gefährdungsursachen
- Hinweise zur Begründungsart
- Lage (Bundesland, Forstamt, Koordinaten)
- Schutzstatus
- Eigentumsart

2.1.3 Schematische Übersicht des Projektverlaufes

Der ursprüngliche zeitliche Ablauf der einzelnen Projektschritte ist schematisch in der nachfolgenden Abbildung (Abbildung 2-1) dargestellt. Der Ablauf wurde mit dem AG und der Ge-

samtkoordination laufend abgestimmt und an erforderliche Gegebenheiten angepasst. In der Übersicht Tabelle 2-1 sind die Arbeitsschritte im Projektverlauf dargestellt.

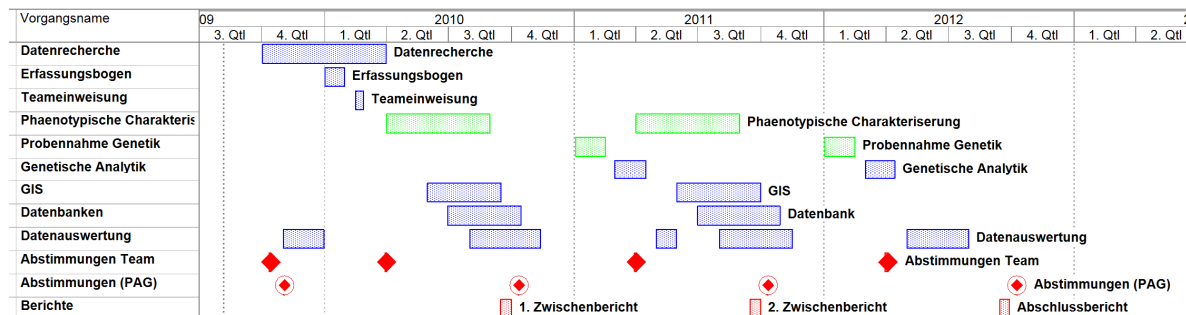


Abbildung 2-1: Geplanter Zeitplan der einzelnen Projektschritte.

Tabelle 2-1: Übersicht der Arbeitsschritte im Projektverlauf.

Jahr	2009	2010				2011				2012		
Quartal	IV	I	II	III	IV	I	II	III	IV	I	II	III
Arbeitsleistung												
Projektmanagement / Start												
Projektberatung												
Schulung der Kartierer												
Abfrage der Quellen												
Datenrecherche												
Auswertung der Quellenabfragen												
Vorort-Charakterisierung (Phänotyp)												
Laufende Eingabe in Datenbank												
Charakterisierung Genotypen												
Bewertung der Vorkommen												
Interne Abstimmungen												
Berichterstellung												

Folgende Büros wurden in das Projekt mit eingebunden:

- Büro INA Südwest, Baden-Württemberg
- Forstbüro Lausitz, Brandenburg
- Forstbüro Reuder, Niedersachsen/Schleswig-Holstein
- Forstbüro Schömig Thüringen/Sachsen-Anhalt
- Forst-Planungsbüro Köln, Nordrhein-Westfalen
- Forstconsult Rudolph & Tausch, Rheinland-Pfalz / Saarland / Hessen
- Partnergesellschaft Waldkonzepte, Mecklenburg-Vorpommern

In Sachsen wurden keine Kartierungen durchgeführt. Vorhandene Daten wurden vom Staatsbetrieb Sachsenforst - Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft in Pirna direkt in die Datenbank eingefügt und zu beprobende Vorkommen benannt.

2.2 Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

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

Zu Beginn des Projektes lagen bundesweit keine, nach einheitlichen Kriterien erhobenen, Daten zu Vorkommen der Eibe vor, die ohne vorherige Überprüfung hätten übernommen werden können.

Für die genetische Charakterisierung der Eibe mittels Isoenzymen bestehen am ASP Teisendorf langjährige Erfahrungen, die eine routinemäßige Analyse der Proben erlaubten.

Die Kartieranleitung und der Erfassungsbogen wurden bei den bereits abgeschlossenen Vorhaben zur Untersuchungen der Schwarz-Pappel und der Ulmenarten entwickelt und an neue Fragestellungen angepasst.

Die Struktur der verwendeten Datenbank⁵ wurde ebenfalls aus den beiden Vorgängerprojekten übernommen und vom AG zur Verfügung gestellt. Notwendige Anpassungen an neue Baumarten und geänderte Erfassungsbögen wurden zu Projektbeginn durch die IDaMa GmbH durchgeführt. Innerhalb des Projektverlaufes wurden mehrere Weiterentwicklungen vorgenommen.

⁵ Unter dem Begriff "Datenbank" werden im Vorhaben und in diesem Bericht gleichzeitig mehrere Datenbanken mit den Inhalten der Ergebnisse der Erhebungen und der Auswertungen sowie mehrere Microsoft® Office Access Anwendungen / Routinen mit Eingabemasken für die Bearbeitung der Daten verstanden.

3 Material und Methoden

3.1 Projektmanagement

Nach Auftragserteilung erfolgte das Kick-Off Meeting am 01.12.2009 in Bonn in den Räumlichkeiten der BLE im Vorfeld einer BLAG-Sitzung. Das Treffen hatte zum Ziel, die Projektteilnehmer gegenseitig vorzustellen und die Vorgehensweise nach einheitlichen Kriterien abzustimmen.

Zwischen dem Forstbüro Ostbayern und dem Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE), zusammen mit dem Bayerischen Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht in Teisendorf (ASP), wurde eine enge Kooperation vereinbart und die Humboldt-Universität zu Berlin mit der Gesamtkoordination aller vier Lose beauftragt (Abbildung 3-1).

Am 26.01.2010 fand im LKZ Forst Eberswalde (LFE) eine Besprechung zwischen Dr. Kätzel (Auftragnehmer Los 2 und Los 4) und dem Forstbüro Ostbayern (Riederer, Fritsch, Dr. Kamp) zur Abstimmung des gemeinsamen Vorgehens im Projekt statt. Die Kartierung in den einzelnen Bundesländern wurde abgestimmt um mögliche Synergieeffekte zu nutzen. Inhalt und Form der gemeinsamen Kartiererschulung wurden erörtert.

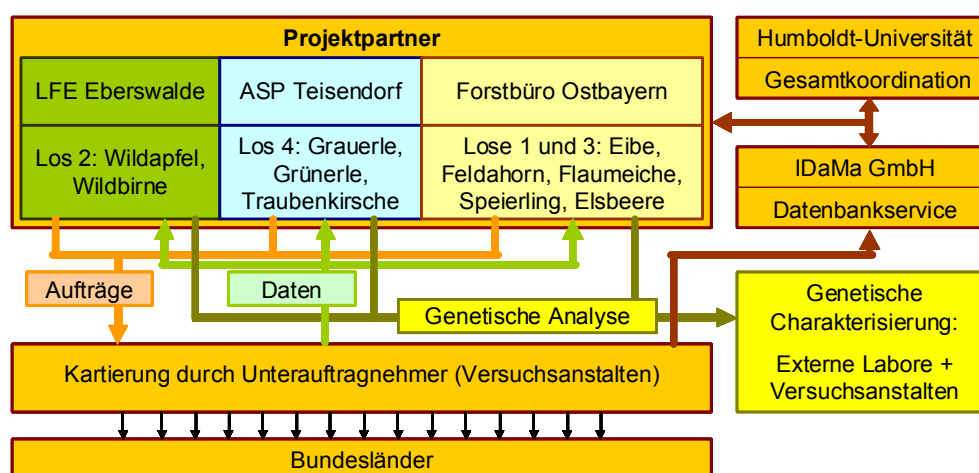


Abbildung 3-1: Schematische Darstellung der Projektstruktur (Quelle: LFE).

In der ersten Jahreshälfte 2010 fanden mehrere Abstimmungsgespräche bzgl. Art und Umfang der vorhandenen Daten in den einzelnen Bundesländern statt (Tabelle 3-1).

Konsens ausnahmslos aller Gespräche war eine Unterstützung des Vorhabens und Zusagen seitens der zuständigen Einrichtungen der Bundesländer bzgl. der Zurverfügungstellung von vorhandenen Daten. In nachfolgenden Verhandlungen wurden benötigte und vorhandene Daten abgestimmt und von den Landeseinrichtungen zusammengestellt und übergeben. Da in Bayern keine entsprechenden Daten vorlagen, erfolgte keine Übergabe. Vorhandene Datensätze aus Sachsen wurden direkt in die Datenbank eingegeben.

Die Kommunikation und Zusammenarbeit mit den Landeseinrichtungen hat sich in der Praxis als außerordentlich gut erwiesen. Sie haben im Rahmen ihrer Möglichkeiten zum erfolgreichen Verlauf und Abschluss des Vorhabens beigetragen.

Tabelle 3-1: Abstimmungsgespräche zur Sichtung vorhandener Daten der zu untersuchenden Baumarten in den Bundesländern.

Datum	Ort	Teilnehmer
26.01.2010	Landeskompetenzzentrum Forst Brandenburg, Eberswalde	Kätzel, Becker, Fritsch, Kamp, Riederer
28.01.2010	Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Hann. Münden	Janssen, Steiner, Kamp
01.02.2010	Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Trippstadt	Haase, Lemmen, Maurer, Kamp
08.02.2010	Forstlichen Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Freiburg	Aldinger, Karopka, Riederer
11.02.2010	Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, Freising	Schmidt, Fritsch, Riederer
11.02.2010	Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht, Teisendorf	Huber, Fritsch, Riederer
16.02.2010	Landesbetrieb Wald und Holz Nordrhein-Westfalen, Arnsberg	Rogge, Kamp, Schulze
19.02.2010	Thüringer Landesanstalt für Wald, Jagd und Fischerei, Gotha	Arenhövel, Benkenstein, Riederer, Fritsch, Kahlert
01.03.2010	Landesforst Mecklenburg-Vorpommern, Schwerin-Görries	Voth, Luboinsky, Kamp
04.03.2010	Landesverwaltungsamt Sachsen-Anhalt, Halle	Schuffenhauer, Buchholz, Herrmann, Kamp
10.03.2010	Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum für Wald und Forstwirtschaft, Pirna	Wolf, Kühling, Fritsch, Riederer
31.03.2010	Landesbetrieb Wald und Holz Nordrhein-Westfalen, Arnsberg	Rogge, Kamp, Schulze
18.05.2010	Bayerischen Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht, Teisendorf	Konnert, Riederer, Kamp
25.05.2010	Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Trippstadt	Haase, Lemmen, Rudolph, Kamp
12.07.2010	Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Trippstadt	Lemmen, Kamp

Die Projektpartner standen während der gesamten Projektlaufzeit in ständigem Kontakt. Somit waren zeitnahe Informationen aller Beteiligten und die Qualitätssicherung der Arbeiten sichergestellt.

Zur Gewährleistung einer bundesweit einheitlichen Aufnahme der zu erhebenden Daten wurde mit Projektbeginn eine Kartiererschulung durch die LFE durchgeführt. An der Kartiererschulung am 06/07.05.2010 im Landeskompetenzzentrum Forst in Eberswalde nahmen alle Kartierer sowie Sachbearbeiter aus den Bundesländern teil. Thema der Schulung war 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 Gen-Objekt der Gemeinen Traubenkirsche in der Nähe von Eberswalde.

Ein Beratungstermin zum Projekt fand am 11.11.2010 in den Räumlichkeiten des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz in Berlin für alle vier Lose statt. Gegenstand waren die Themen Stand und Probleme bei den Kartierungen, Weiterentwicklung der Datenbank, Genetische Beprobung und Analysen, Absprachen zu Zwischenberichten und Publikationen sowie Planung zukünftiger Arbeitsschritte.

Am 20.01.2011 fand in den Räumen der Thüringer Landesanstalt für Wald, Jagd und Fischerei in Gotha ein Treffen aller Kartierer statt. Anwesend waren die Bearbeiter der Lose 1 bis 4, Vertreter von LFE und ASP Teisendorf sowie Herr Kayser von der Firma IDaMa GmbH. Themen waren die einheitliche Ansprache und Erfassung der Genobjekte, Vorstellung des bishe-

rigen Bearbeitungsstandes, Austausch von Informationen über Genobjekte und die Diskussion von Problemen bei der Kartierung.

Am 04.02.2011 erfolgte im Forstbüro Ostbayern ein Treffen der eingesetzten Kartierer. Gegenstand war der Erfahrungsaustausch in Bezug auf Recherche und Kartierung im Jahr 2010 sowie der Umgang mit aufgetretenen Problemen. Besprochen wurde weiterhin die Verwendung von Quantum GIS sowie die Transformation unterschiedlicher Koordinatenbezugssysteme. Ziel war die Gewährleistung eines einheitlichen Standards bei der Erfassung der Koordinaten vor Ort und der kartenmäßigen Darstellung der Genobjekte.

Vom 06.-09.10.2011 fand in Eriskirch am Bodensee die 18. Internationale Eibentagung statt, an der Herr Riederer teilnahm. Dort wurden bedeutende Eibenvorkommen in Baden-Württemberg besichtigt und über die Erfahrungen aus 25 Jahren Eibenanbau in Baden-Württemberg berichtet.

In Berlin fand am 27.10.2011 in den Räumlichkeiten des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz eine Projektberatung der Lose 1, 2, 3 und 4 statt. Die bisher erzielten Ergebnisse wurden dargestellt und das weitere Vorgehen besprochen.

Am 29.11.2011 erfolgte im Rahmen einer BLAG-FGR Sitzung in der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft in Trippstadt eine Information zum Arbeitsstand aller vier Lose. Hintergrund des Vorhabens, Ziele, Ablaufplanung, Projektstruktur und Projektkoordination sowie aktuelle Ergebnisse wurden vorgestellt und diskutiert.

Eine Besprechung der Los-Bearbeiter fand am 07.02.2012 in der LFE in Eberswalde statt. Gegenstand des Treffens war die Diskussion erzielter Ergebnisse, Abstimmung des Arbeitsstandes und des gemeinsamen Auswertungskonzeptes.

3.2 Datenrecherche

Ein Großteil 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 zu den bei den forstlichen Landesanstalten vorhandenen Daten wurden weitere Quellen auf Hinweise von Baum-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, aber auch Botanische Vereine, wie CambiaRare e.V. für die Eibenfreunde e.V., die sehr umfangreiches Material zur Verfügung stellten.

Diplomarbeiten, Dissertationen, Buchveröffentlichungen und andere Literatur sowie Internetseiten stellten weitere Quellen dar. Die eingesetzten Kartierer und Planungsbüros steuerten auf Grund ihrer z.T. langjährigen Erfahrungen und Lokal-Kenntnissen über ihre regionalen Gebiete einen beachtlichen Teil an vor allem praktischen Informationen bei.

3.3 Auswertung der Quellenabfrage

Die ermittelten Daten wurden zentral gesammelt und die Eignung der potentiellen Vorkommen als Gen-Objekt wurde 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 von maximal 1.000 m der Individuen voneinander. Durch Bildung entsprechender *Buffer* 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.

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 Objekte, 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 einem Individuum.
- Mehrere, einzeln verteilte Individuen in einem größeren zusammenhängenden Waldkomplex wurden als ein Vorkommen kartiert.

3.4 Kartierung

Die Kartierungen der identifizierten Vorkommen wurden von Mitarbeitern des Forstbüro Ostbayern und beauftragten Forst- und Planungsbüros (Kapitel 2.1.3) in den einzelnen Bundesländern durchgeführt. Durch die Übernahme der Geländearbeiten durch regional ansässige Kartierer waren Ortskenntnisse und spezifische Erfahrungen der lokalen Flora gesichert.

Alle beteiligten Kartierer wurden vor Beginn der Erhebungen entsprechend geschult und nahmen während des Projektverlaufes an weiteren Besprechungen oder Treffen teil (vgl. Kapitel 3.1).

Die Vor-Ort-Erfassungen erfolgten von März 2010 bis Ende November 2011 (Abbildung 3-2). Die Ermittlung von Koordinaten im Gelände wurde mit mobilen GPS-Geräten durchgeführt. Alle kartierten Vorkommen wurden in Verbindung mit den angegebenen GPS-Koordinaten fotodokumentiert.

Für Naturschutzgebiete, Biosphärenreservate, Nationalparke oder andere Schutzgebiete sowie für Privatwald wurden, falls notwendig, die zuständigen Stellen informiert und in bestimmten Fällen mündlich oder schriftlich Betretungsrechte beantragt.

Bei der Kartierung wurden die Bäume phänotypisch charakterisiert, es erfolgten neben der morphologischen Artdetermination auch Vitalitäts- und Struktureinschätzungen sowie Angaben zur Naturverjüngung.

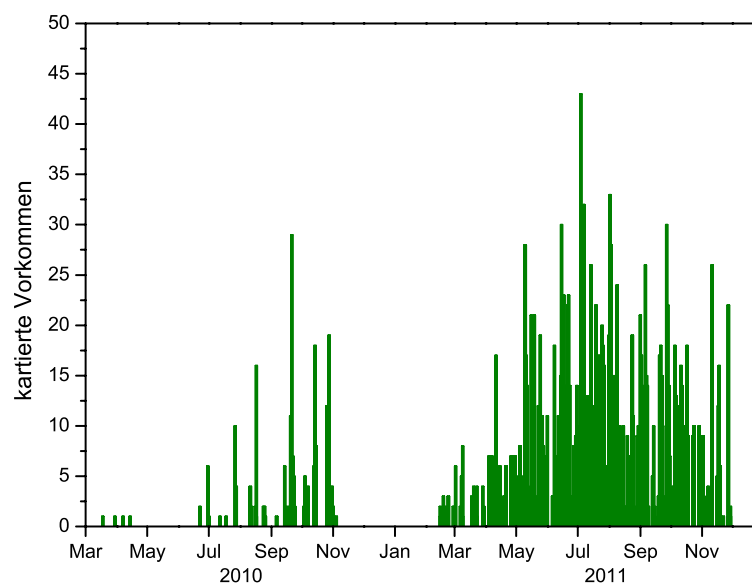


Abbildung 3-2: Kartierperiode mit Anzahl der untersuchten Vorkommen / Tag.
Die dargestellten Daten beziehen sich auf Kartierarbeiten des Forstbüros Ostbayern und aller beauftragten Kartierer zu allen Baumarten der Lose 1 und 3.

Im einzelnen wurden nachfolgende Daten laut Kartieranleitung, in der aktuellen Version vom 11.02.2010, 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 zu Weiterverarbeitung / Auswertung sind:

- Bearbeitungsstand
- EDV
- Schutzstatus
- Kartenausschnitt

Die erhobenen Daten wurden im Gelände vor Ort einerseits analog erfasst (papierne Erfassungsbögen) und zu einem späteren Zeitpunkt digitalisiert, teilweise auch direkt digital erfasst (Tablet-PC).

Zusätzlich zu den Ortsbeschreibungen und erfassten GPS-Koordinaten wurden die Abgrenzungen eines jeden Vorkommen auf einer Karte in geeignetem Maßstab, entweder analog oder digital, 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 3-1).

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

Alle Kartierer erhielten die Eingabemasken und die Datenbank und wurden in der Verwendung und Anwendung geschult. 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 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 Auswertung der Daten. Über Eingabemasken konnten Parameter für die Abundanzklassen (Abbildung 3-4), die Altersstrukturklassen (Abbildung 3-5) und die Erhaltungsfähigkeit (Abbildung 3-6) eingetragen und die Ergebnisse tabellarisch ausgegeben werden.

Die Firma IDaMa GmbH wurde beauftragt, die vorhandenen Anwendungen an neue Anforderungen anzupassen und weiter zu entwickeln sowie vorhandene Störungen 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.

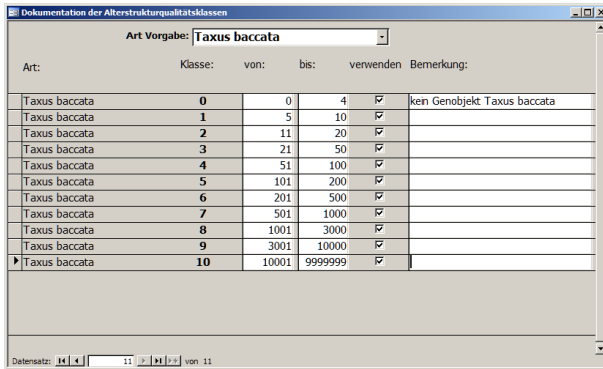


Abbildung 3-4: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Abundanzklassen in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".

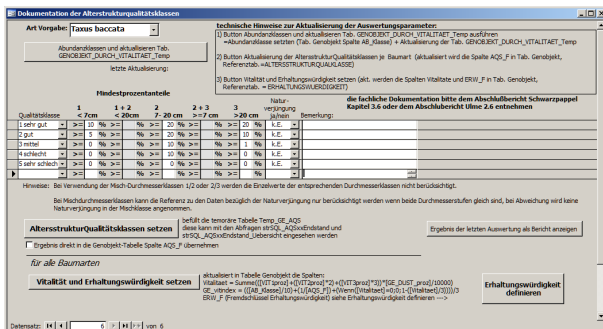


Abbildung 3-5: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Altersstrukturklassen in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".

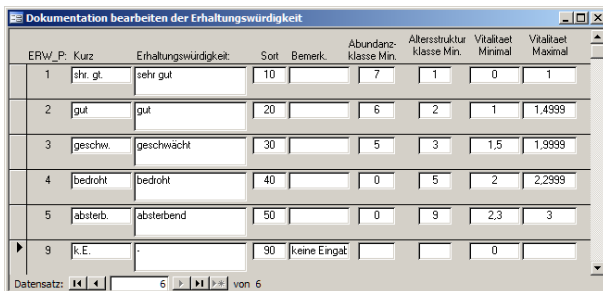


Abbildung 3-6: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Erhaltungsfähigkeit in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".

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.

3.6 Auswertung der Datenbank

Die Auswertung der Daten erfolgte parallel zu Eingaben in die Datenbank. Hierbei wurden sukzessive die einzelnen Teil-Datenbanken der jeweiligen Bearbeiter auf Plausibilität geprüft und zu einer Gesamtdatenbank zusammengefügt. Dadurch konnten systematische Fehler rechtzeitig erkannt und korrigiert werden.

Die erhobenen Daten wurden in beschreibender Form, sowie in Karten, Graphiken und Tabellen dargestellt.

3.6.1 Bundeswuchsgebiete

Das Johann Heinrich von Thünen-Institut (vti) stellte für die Ermittlung der Bundeswuchsgebiete aktuelle Geoinformationen als GIS shapes zur Verfügung:

- Wuchsgebiete 2011 (Version vom 20.03.2012)

Über eine lagebezogene Verschneidung im GIS wurden zu jedem Vorkommen die Angaben zum Bundeswuchsgebiet zugeordnet und in der Datenbank abgespeichert.

3.6.2 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 lagebezogene Verschneidung im GIS wurden zu jedem Vorkommen die Angaben zur Potentiellen natürlichen Vegetation zugeordnet und in der Datenbank abgespeichert.

3.6.3 Schutzstatus

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

- FFH Gebiete (Version vom 07.10.2011)
- Vogelschutzgebiete (Version vom 07.10.2011)
- Nationalparke (Version vom 29.09.2011)

⁶ <http://www.qgis.org> - zwischen Dezember 2009 und Oktober 2012 wurden nach den jeweiligen Veröffentlichungen die Versionen Quantum GIS 1.3.0 "Mimas", 1.4.0 "Enceladus", 1.5.0 "Tethys", 1.6.0 "Copiapó", 1.7.0, 1.7.1, 1.7.2, 1.7.3, 1.7.4 "Wrocław" und 1.8.0 "Lisboa" eingesetzt.

⁷ Bis Mitte 2010 wurde ESRI® ArcGIS Desktop 9.1 eingesetzt, danach ESRI® ArcGIS Desktop 10 SR3.

- 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 lagebezogene Verschneidung im GIS wurden zu jedem Vorkommen die Angaben zum Schutzstatus zugeordnet.

3.6.4 Abundanz

Die Abundanz ist ein Maß der Individuendichte der 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 3-4). Die einzelnen Vorkommen wurden nach ihrer Gesamtbaumzahl den in Tabelle 3-2 dargestellten zehn Abundanzklassen zugeordnet. Die berechneten Werte wurden direkt in die Spalte *Abundanz_Klasse* der Datenbank "fgr_stamm_d.mdb" eingetragen.

Tabelle 3-2: Übersicht der verwendeten Abundanzklassen und zugeordneten Individuenzahlen.

Klasse	Individuenzahl
0	0-4
1	5-10
2	11-20
3	21-50
4	51-100
5	101-200
6	201-500
7	501-1.000
8	1.001-3.000
9	3.001-10.000
10	>10.001

3.6.5 Altersstruktur

Da das Alter von Bäumen nicht ohne weiteres zu bestimmen ist, wurde stattdessen die Durchmesserstruktur ermittelt. Um die Struktur der Durchmesserverteilung in den drei verschiedenen Durchmesserstufen <7cm, 7-20 cm, >20 cm zu bewerten, wurde ein eigenes Bewertungsschema entwickelt. Als ideale Durchmesserstruktur wurde zunächst als Leitbild eine pyramidale Verteilung angenommen, je größer die Abweichung von dieser ist, desto ungünstiger wurde diese bewertet.

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 (Tabelle 3-3). Der für die Einstufung entscheidende Faktor ist der Anteil der Bäume > 20 cm BHD. Für eine Einstufung in die oberen drei Klassen ist ein Anteil von 20 %, 10 % bzw. 1 % in der BHD-Klasse > 20 cm festgelegt. Für die Einstufung in die verbleibenden beiden unteren Klassen sind bei den Baumarten dann die Anteile in den BHD-Stufen < 20 cm verantwortlich.

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 3-5). 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.

Tabelle 3-3: Einteilung und Bewertung der Qualitätsklassen der Altersstrukturen anhand der Durchmesserstufen.

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

3.6.6 Naturverjüngung

Gegenüber den Untersuchungen zu Schwarzpappel und Ulmenarten wurde die Naturverjüngung neu bei den Kartierungen aufgenommen.

Voraussetzung war, dass das Vorhandensein von Mutterbäumen zwingend erforderlich war. Eine *Ex-situ*-Anpflanzung wurde nicht als Verjüngung in diesem Sinne gewertet. Die Oberhöhe der Verjüngung wurde auf 3 Meter festgelegt, höhere Individuen wurden nicht als Verjüngung angesprochen, deren Erfassung erfolgte über die Durchmesserstufen. Der Anteil der Verjüngungsfläche an der Fläche des Genobjektes wurde eingestuft. Zur Beurteilung der weiteren Entwicklung der Naturverjüngung wurden die Anteile der Höhenstufen unter 1,50 Meter an der Fläche der gesamten Verjüngung geschätzt.

3.6.7 Vitalität

Die Vitalität ist der entscheidende Faktor zur Einschätzung des aktuellen Gesundheitszustandes der Vorkommen. Sie wurde für jede der drei Durchmesserstufen <7cm, 7-20 cm, >20 cm im Gelände getrennt erfasst (Klassen 0, 1, 2, 3, 4) (Tabelle 3-4), um den Zustand einer Population differenziert nach dem Alter der Bäume bewerten zu können.

Tabelle 3-4: Einteilung und Beschreibung der Vitalitätsstufen.

Vitalitätsstufen		Beschreibung	Nadel- oder Blattverlust
0	vital	Netzartige, gleichmäßige, dichte Verzweigung	0-10 %
1	geschwächt	Spieß- oder flaschenbürstenartige oder längliche Kronenstrukturen	11-25 %
2	merklich geschädigt	Pinselartige Kronenstrukturen, in der Regel Kronenabwölbung	26-60 %
3	stark geschädigt, absterbend	Absterben von Hauptästen, skelettartiger Habitus	61-99 %
4	abgestorben		100 %

Aus den Vitalitäten der einzelnen Durchmesserstufen und der prozentualen Häufigkeit der Durchmesserstufe innerhalb eines Vorkommens wurde die Gesamt-Vitalität des Vorkommens berechnet. Die berechneten Ergebnisse wurden direkt in die Spalten *GE_vitindex* und *Vitalitaet* der Datenbank "fgr_stamm_d.mdb" eingetragen.

3.6.8 Demografische Strukturen

Zur graphischen Veranschaulichung der demographischen Strukturen der Populationen der Baumarten wurden Durchmesserstrukturpyramiden erstellt (Abbildung 3-7). Dafür wurden verschiedene Typen gebildet, die durch repräsentative Demonstrationsgrafiken 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 3-7: Beispiele für drei Alterspyramiden.

Links - eine stabile Altersstruktur mit vielen Jungbäumen (< 7cm), einer größeren Anzahl mittelstarker Bäume (7-20 cm) und einer geringeren Anzahl von Altbäumen (> 20 cm). Mitte - eine stark überaltete Struktur mit fehlender, bzw. zu geringer Verjüngung. Rechts - eine Altersstruktur mit völligem Fehlen mittelstarker Bäume und vielen Jung- und Altbäumen.

3.6.9 Ermittlung der Erhaltungsfähigkeit nach phänotypischen Kriterien

Über die Erhaltungsfähigkeit entscheiden die Abundanz, die Altersstruktur und die Vitalität. Bei der Auswertung der Datenbank wurde jedes Vorkommen in eine Bewertung von sehr gut (1), gut (2), geschwächt (3), bedroht (4) bis absterbend (5) eingeteilt.

Die Festlegung der Kriterien zur Berechnung der Erhaltungsfähigkeit erfolgte über eine Eingabemaske der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb" (vgl. auch Abbildung 3-6). Die in Tabelle 3-5 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. Tabelle 3-6 zeigt in der Übersicht die Klassifizierung der Erhaltungsfähigkeit.

Tabelle 3-5: Gesamtbewertung der Vorkommen.

Gesamtbewertung	Abundanzklasse	Altersstrukturklasse	Durchschnittliche Vitalität
sehr gut (1)	≥ 7	≤ 1	< 1
gut (2)	≥ 6	≤ 2	1 – 1,49
geschwächt (3)	≥ 5	≤ 3	1,5 – 1,99
bedroht (4)	-	≤ 4	2 – 2,29
absterbend (5)	-	-	$\geq 2,3$

Tabelle 3-6: Darstellung zur Klassifizierung in Erhaltungsfähigkeit aus Abundanz, Altersstrukturqualitätsklasse (AQK) und durchschnittlicher Vitalität.

Kombination Abundanz / AQK		Durchschnittliche Vitalität			
		0	1	2	3
6	1-2				Erhaltungsfähigkeit "gut"
7	1-2				
8	1-2				
9	1-2				
10	1-2				
7	1				Erhaltungsfähigkeit "sehr gut"
8	1				
9	1				
10	1				

3.6.10 Dichteanalysen

Zur Visualisierung von Konzentrationen oder Isolationen von Vorkommen wurden Dichteanalysen⁸ durchgeführt und als Dichteoberflächen oder auch Kernel-Dichten (Kernel Density Maps) veranschaulicht. Als Radius wurde in allen Fällen 15 km eingestellt.

Ausgewertet und kartographisch dargestellt wurden (a) Anzahl der Vorkommen, (b) die Baumzahlen der einzelnen Vorkommen und (c) die Bestandesdichten (Baumzahlen pro Flächengröße) der Vorkommen.

3.7 Auswahl von Genobjekten für die genetischen Analysen

Da im Rahmen des Vorhabens nicht alle untersuchten Vorkommen genetisch analysiert werden konnten und viele Vorkommen für weitergehende Untersuchungen nicht geeignet waren, mussten Kriterien vereinbart werden, um für die Ziele des Vorhabens möglichst vielversprechende Genobjekte auszuwählen.

Als Kriterien für eine Vorauswahl wurden herangezogen: Baumzahlen, bzw. Bestandesdichten, Vitalität und Altersstrukturen. In einem zweiten Schritt wurden Möglichkeiten der Durchführung von Beprobungen geprüft, wie z.B. Zugänglichkeit oder Betretungsrechte. Schlussendlich wurde Wert darauf gelegt, eine geographisch möglichst weitgefächerte Verteilung der beprobten Vorkommen zu erreichen, um auch z.B. extreme oder isolierte Standorte bewerten zu können.

Auf Grundlage dieser Kriterien ist deutlich, dass nicht immer die größten und ältesten Bestände für eine Beprobung ausgewählt wurden, sondern durchaus auch kleinere Vorkommen.

⁸ ESRI® ArcGIS Desktop 10 SR3 mit Toolbox "Spatial Analyst"

3.8 Beprobung ausgewählter Genobjekte

Die Probennahme der ausgewählten Genobjekte wurde zentral von Mitarbeitern des Forstbüros Ostbayern in allen Bundesländern zwischen Ende März und April 2011 und zwischen Anfang November 2011 und Anfang März 2012 durchgeführt.

Die Beprobung wurde möglichst rasterförmig über das gesamte Vorkommen durchgeführt. Jeder einzelne beprobte Baum wurde per GPS eingemessen und durch digitale Photoaufnahmen dokumentiert. Entnommen wurden 3 bis 5 gesunde Zweige mit je 5-10 Vegetationsknospen in Winterruhe von, je nach Gegebenheiten und Möglichkeiten, 12 bis 55 Individuen je Vorkommen.

Entnommene Proben wurden für jeden Baum getrennt in Briefumschläge gegeben und beschriftet. Bei großer Nässe wurden die Proben noch im Gelände zwischen Zeitungspapier kurz getrocknet. Alle Proben eines Standortes wurden gemeinsam in einen Plastikbeutel gegeben und beschriftet. Bis zum Versand an das Labor wurden die Proben im Kühlschrank, im ungefrorenen Zustand, aufbewahrt.

Im Vorfeld der Beprobung wurde bei den zuständigen Behörden der Länder eine artenschutzrechtliche Ausnahmegehemigung nach § 45 Abs. 7 BNatSchG beantragt. Die Ausnahmegehemigung wurde für alle Beprobungsobjekte für eine bestimmte Zeit mit Auflagen erteilt und war bis auf das Land Brandenburg gebührenfrei.

3.9 Genetische Untersuchungen

3.9.1 Probenmaterial

Insgesamt wurden Zweige mit Knospen in Winterruhe von Einzelbäumen aus 14 Eibenvorkommen, verteilt über ganz Deutschland, während der Wintermonate 2011/2012 entnommen und an das ASP geschickt. Nach Eintreffen der Proben am ASP wurden diese bei -50°C bis zur Analyse zwischengelagert.

Alle Analysenergebnisse 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 Stärkegel-Elektrophorese durchgeführt. Als Untersuchungsmaterial diente Meristemgewebe aus vegetativen Knospen in Winterruhe.

Die Proben sind an 14 Isoenzym-Genorten untersucht worden. Die Extraktion und Anfärbung der Isoenzyme erfolgte nach KONNERT (1995). In die Analysen einbezogen wurden folgende Enzymsysteme bzw. kontrollierende Genorte:

- AAT-A, AAT-B (Enzymsystem: Aspartat-aminotransferase, E.C. 2.6.1.1)
- ADH-A (Enzymsystem: Alkoholdehydrogenase, E.C. 1.1.1.1)
- IDH-A, IDH-B (Enzymsystem: Isocitratdehydrogenase, E.C. 1.1.1.42)
- LAP-A, LAP-B (Enzymsystem: Leucinaminopeptidase, E.C. 3.4.11.1)
- MDH-C (Enzymsystem: Malatdehydrogenase, E.C. 1.1.1.37)

- MNR-A (Enzymsystem: Menadionreduktase, E.C. 1.6.99.2)
- PEPCA (Enzymsystem: Phosphoenolpyruvatdecarboxylase E.C. 4.1.1.31)
- 6-PGDH-A (Enzymsystem: 6-Phosphoglucohydrogenase, E.C. 1.1.1.44)
- PGI-B (Enzymsystem: Phosphoglucoisomerase, E.C. 5.3.1.9)
- PGM-A (Enzymsystem: Phosphoglucomutase, E.C. 2.7.5.1)
- SDH-B (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 (gemischterbiger) Individuen (H_b) und unter Hardy-Weinberg-Gleichgewicht erwarteter prozentualer Anteil heterozygoter (gemischterbiger) Individuen (H_e).
- Fixierungskoeffizient F als Verhältnis zwischen (H_b) und (H_e). Der F -Wert kann Hinweise auf Inzuchteffekte liefern.

Die genetischen Unterschiede zwischen den Flächen wurden durch den genetischen Abstand nach GREGORIUS (1974) quantifiziert. Weiterhin wurde die genetische Differenzierung zwischen den Beständen mittels des Differenzierungsmaßes D_j nach GREGORIUS & ROBERDS (1986) bestimmt. Auch diesen Berechnungen liegen die Verteilungen der Allele in den einzelnen Kollektiven als Allelhäufigkeiten zugrunde.

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. Eine Erklärung des Aufbaus mit Nennung der Kennwerte ist in Abbildung 3-8 gegeben.

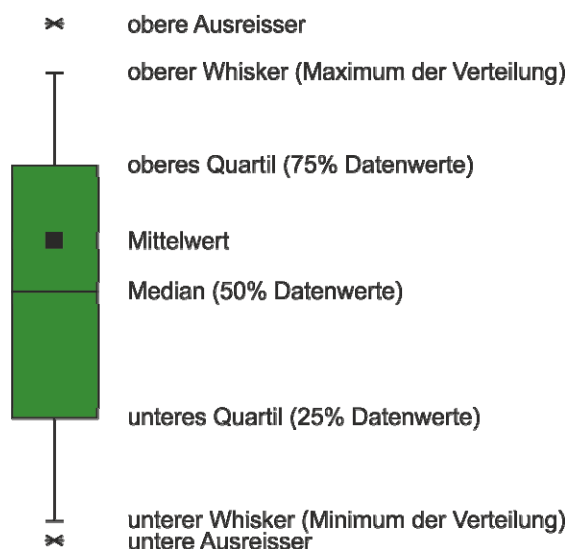


Abbildung 3-8: Darstellung eines BoxPlot (auch Box-Whisker-Plot) mit Benennung der Kennwerte. Zusätzlich ist der Mittelwert des Datensatzes angegeben.

Für die Vergleichbarkeit der Erhebungen zwischen den Bundesländern ist ein Bezug zur Landesfläche notwendig. In der Tabelle 3-7 sind die im Bericht verwendeten Abkürzungen für die Bundesländer und die für Berechnungen verwendeten Flächengrößen angegeben.

Tabelle 3-7: 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
BW	= Baden-Württemberg	35.752
BY	= Bayern	70.550
HE	= Hessen	21.115
MV	= Mecklenburg-Vorpommern	23.189
NI	= Niedersachsen	47.635
NW	= Nordrhein-Westfalen	34.088
RP	= Rheinland-Pfalz	19.854
SH	= Schleswig-Holstein	15.799
SL	= Saarland	2.569
SN	= Sachsen	18.420
ST	= Sachsen-Anhalt	20.449
TH	= Thüringen	16.172
DE	= Deutschland	355.073

Die Bundesländer Hamburg, Bremen und Berlin sind auf Grund ihres geringen Flächenanteils bei den Darstellungen über die Bundesländer nicht aufgeführt. In der Regel wurden in den Stadtgebieten keine natürlichen Vorkommen erfasst. Gegebenenfalls sind kleinere Vorkommen den Ländern Schleswig-Holstein, Niedersachsen oder Brandenburg zugeordnet.

4 Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

Kenntnisse über Eiben-Vorkommen in Deutschland lagen bisher nicht vollständig und zusammengefasst an zentraler Stelle vor und die Datenbanken der Landesanstalten waren nicht in allen Bundesländern lückenlos.

Nach Auswertung weiterer recherchierten Quellen (u.a. Eibenfreunde aus Neumarkt i.d. Oberpfalz) wurde eine Übersicht der bedeutenden Vorkommen erstellt (Tabelle 4-1), die eine Grundlage der Geländekartierungen war.

Tabelle 4-1: Bedeutende Eiben-Vorkommen in Deutschland.

Bundesland	Name des Vorkommens	Größe (ha)	Ca. Anzahl
BB	Eibenkamp bei Lukow/Lkrs Ükermünde		
BW	Am Brauenberg bei Wasseralfingen		50
	Albtrauf bei Geislingen		458
	Albtrauf bei Oberlenningen		478
	Schwäbische Alb bei Eßlingen		188
	Bodanrück am Bodensee		200-300
	Buchswald bei Grenzach-Wyhlen		33
	Im Höllental bei Falkensteig		159
	Im Zußdorfer-Wald bei Höchsten	200	806
	Südwestalb		2.100
	Eibenkopf und im Hüller bei Waldshut-Tiengen		1.000
BY	Alpenbereich / Paterzell	88	2.000
	Jura/ Westliche Naabtalhänge bei Pielenhofen		
	Jura/ Mitterrohrenstadt-Deinschwang		183
	Jura/ Neutal Weißes Laabertal		240
	Jura/ Donaudurchbruch bei Kelheim		
	Jura/ Wasserberg bei Gößweinstein	18	4.100
	Südlicher Bayerischer Wald		
Am Pfahl bei Viechtach/ Bayerischer Wald			
HE	Witzenhausen/Badenberg		
	Werratal		
	Graburg/Nordhessen		
MV	Prerow – wenige Eiben im Ort und dem angrenzenden Wald	1	100
	Jasmund/Rügen		
	Nationalpark Müritz		
NI	Pleißwald		
	Eibenwald/Bovenden-Eddinghausen		800
NW	Ziegenberg bei Höxter/Weserbergland		
RP	Brodensch	3	300
	Johanniskreuz		
	Amseldell b. Karlstalschlucht		
SN	Rotstein		75
	Schlottwitz		300
	Seidewitztal		180
	Tharandt		400
ST	Bodetal bei Thale		
TH	Eichsfeld (Lengenberg 23 ha / 4.000 Eiben, Gosse etc.) Nord-TH		14.- 20.000
	Aschenberg		600
	Ibengarten		400
	Steinberg-Dissau	128	6.500
	Spitzberg		400
	Veronikaberg	100	750
	Geisla		250
	Veilsdorf/Hildburghausen Süd-TH		2.400
	Schleiz		600

Die grundlegenden Ergebnisse der Kartierungen sind die Gesamtzahl der Vorkommen und Bäume, die Altersstruktur, die Vitalität und die Verjüngungsanteile, sowie die Eigentumsverhältnisse und die Schutzstatus. Zur Feststellung von Konzentrationen oder baumfreien Gebieten ist die räumliche Verteilung der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern und Wuchsgebieten dargestellt.

In der Gesamtbewertung ergibt sich aus den erhobenen Parametern die errechnete Erhaltungsfähigkeit eines Vorkommens.

Nach vorher definierten Kriterien erfolgte auf Grundlage der Auswertungen eine Auswahl von Vorkommen zur Beprobung und genetischen Analyse mittels Isoenzymen.

Ziel der Untersuchung war es, die genetische Variation der Eibe im Untersuchungsgebiet zu beschreiben und eventuelle regionale Unterschiede in den genetischen Strukturen zu erfassen.

4.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen

4.1.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in Deutschland und in den Bundesländern

Insgesamt wurden 342 Eibenvorkommen mit zusammen 60.045 Bäumen aufgenommen. Die Anzahl der Vorkommen in den Bundesländern ist sehr differenziert. In Bayern liegen mit 128 kartierten Vorkommen die meisten Bestände und etwa ein Viertel aller Bäume (14.761). In Schleswig-Holstein konnte kein einziges Eiben-Genobjekt gefunden werden, im Saarland nur eins. Thüringen ist mit rund 33.200 Eiben das eibenreichste Bundesland, gefolgt von Bayern mit rund 14.700 und Baden-Württemberg mit rund 2.500 (Abbildung 4-1 und Abbildung 4-3).

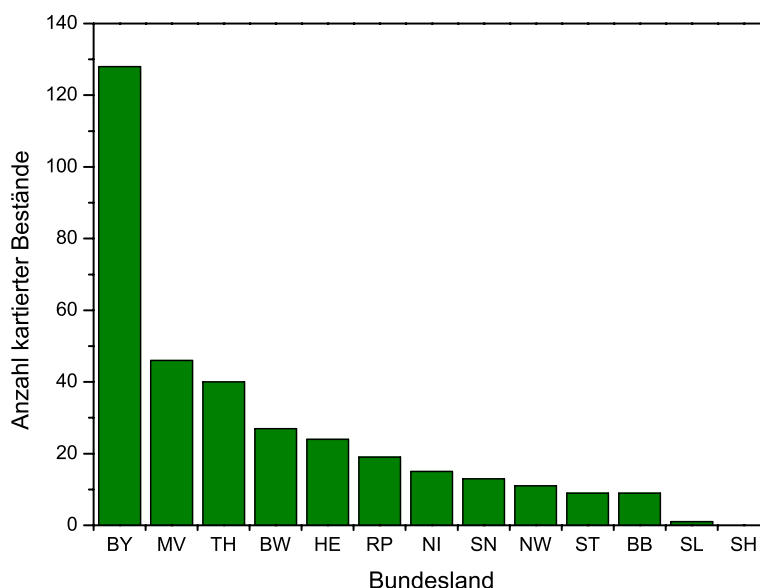


Abbildung 4-1: Anzahl der kartierten Bestände nach Bundesländern.

Die genaue Lage der Vorkommen ist in der Karte Abbildung 4-2 die Grundlage für die punktuelle Klassifizierung der Vorkommen. Deutlich wird, dass die stammzahlreichsten Vorkommen in den Bundesländern Thüringen, Bayern und Mecklenburg-Vorpommern liegen.

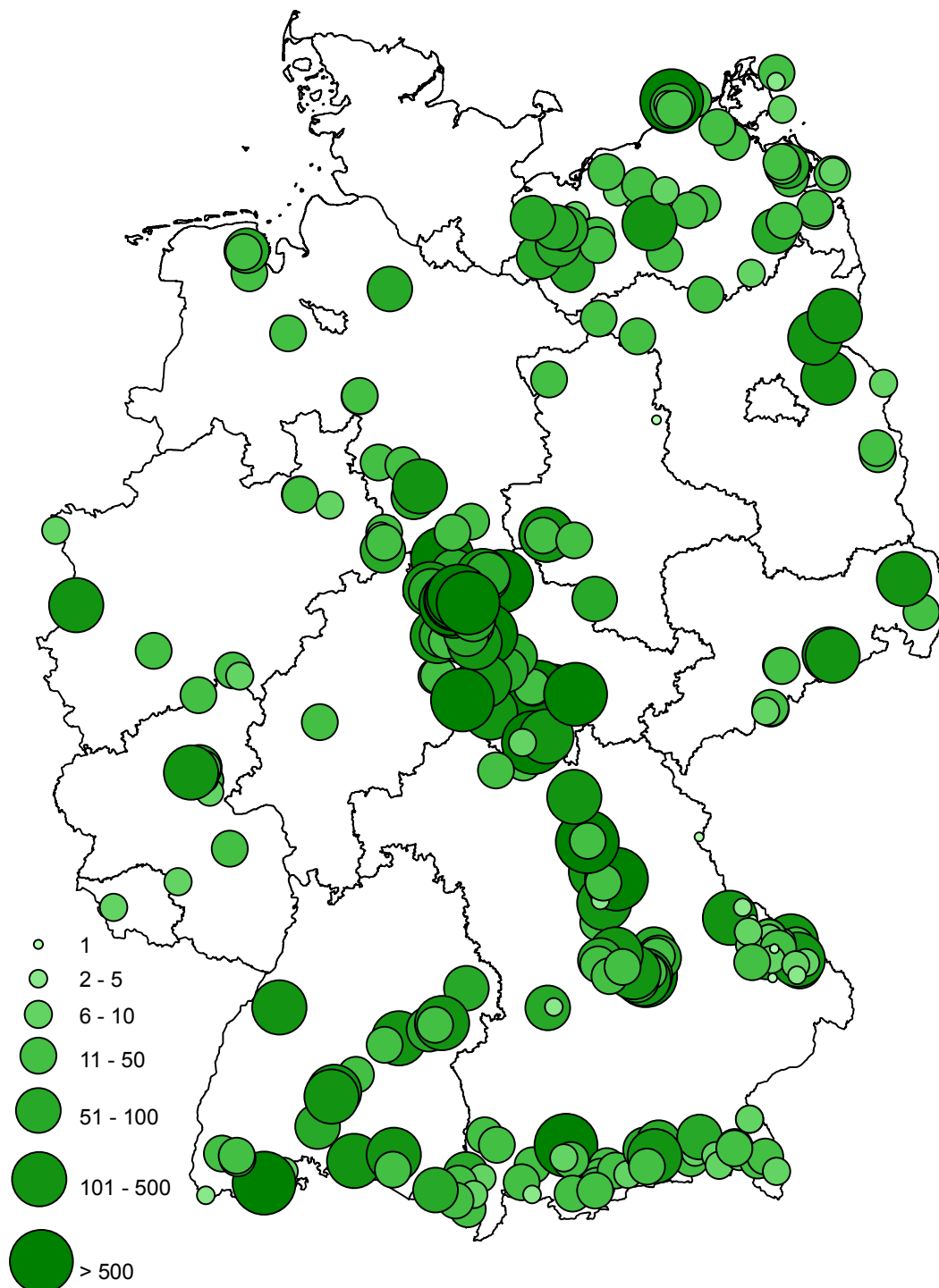


Abbildung 4-2: Lage der kartierten Bestände mit Größenklassen der kartierten Baumzahlen.

In einer naturräumlichen Gliederung der Eibenvorkommen in Baden-Württemberg (Stand Mai 2001) werden ca. 6.500 Individuen angegeben (Mittlere und Ostalb 1.300, Südwestalb 2.300,

Bodensee und Alpenvorland 1.000, Hochrhein 1.000, Südschwarzwald 300, vermutlich anthropogene Vorkommen 300) (STIFTUNG LANDESBANK BADEN-WÜRTTEMBERG 2006).

Die höchste Anzahl aufgenommener Vorkommen bezogen auf die Landesfläche liegt in Thüringen vor, gefolgt von Mecklenburg-Vorpommern, Bayern und Hessen. In Thüringen bestehen auch die höchsten Dichten an Eiben. Mit etwa 2.050 Bäumen pro 1.000 km² Landesfläche ist der Bestand in Thüringen so dicht wie in keinem anderen Bundesland (Abbildung 4-6).

Tabelle 4-2: Anzahlen der kartierten Vorkommen, Baumzahlen in den kartierten Vorkommen und Flächengröße der kartierten Vorkommen, sowie abgeleitete Parameter (Anzahl Bäume / ha Fläche, Anzahl Vorkommen / 1.000 km² Landesfläche, Baumzahlen / 1.000 km² Landesfläche).

BL	Anzahl Vorkommen	Anzahl Bäume	Gesamtfläche aller Vorkommen	Anzahl Bäume / ha Fläche	Anzahl Vorkommen / 1.000 km ² Landesfläche	Anzahl Bäume / 1.000 km ² Landesfläche
BB	9	1.181	56,8	20,8	0,3	40,1
BW	27	2.537	1.353,3	1,9	0,8	71,0
BY	128	14.761	2.149,1	6,9	1,8	209,2
HE	24	1.839	1.197,2	1,5	1,1	87,1
MV	46	2.925	162,5	18,0	2,0	126,1
NI	15	1.467	17,8	82,4	0,3	30,8
NW	11	365	50,5	7,2	0,3	10,7
RP	19	602	14,4	41,8	1,0	30,3
SH	0	0	0,0			
SL	1	10	12,7	0,8	0,4	3,9
SN	13	640	8,2	78,1	0,7	34,8
ST	9	442	119,7	3,7	0,4	21,6
TH	40	33.276	1.088,7	30,6	2,5	2.057,6
DE	342	60.045	6.230,9	9,6	1,0	169,1

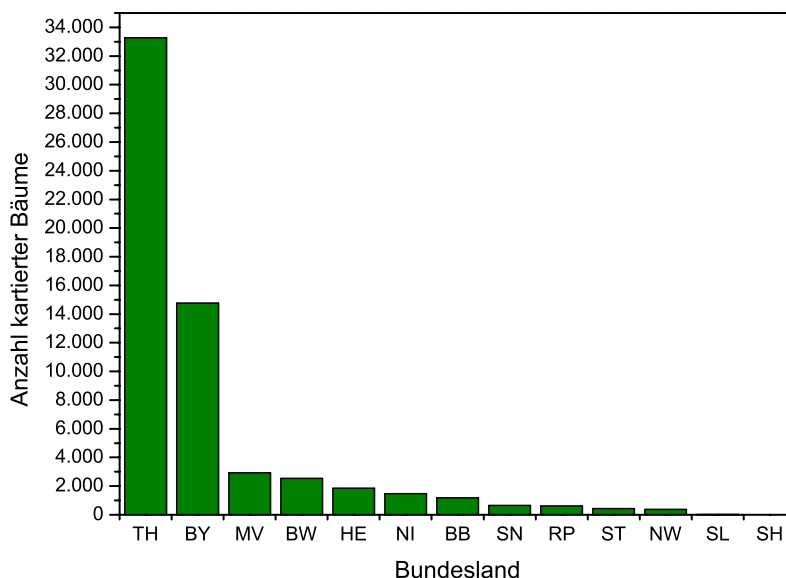


Abbildung 4-3: Anzahl der kartierten Bäume nach Bundesländern.

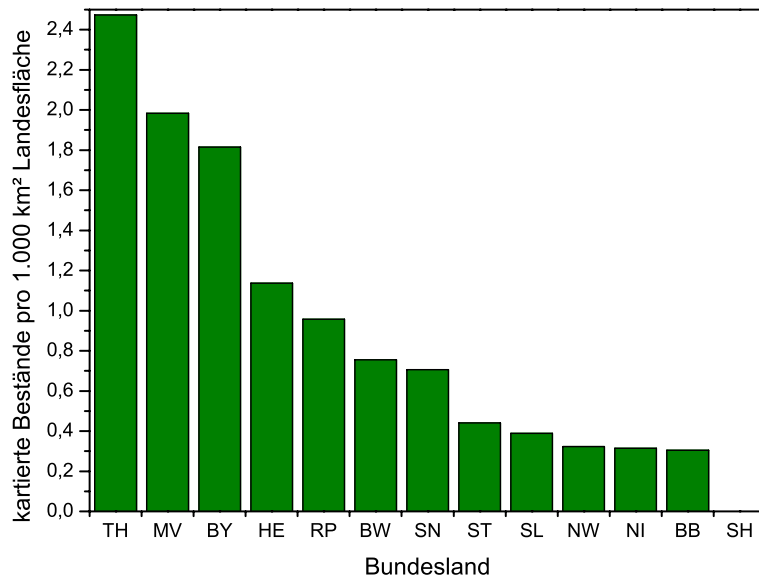


Abbildung 4-4: Anzahl der kartierten Bestände bezogen auf die Fläche (in 1.000 km²) der Bundesländer.

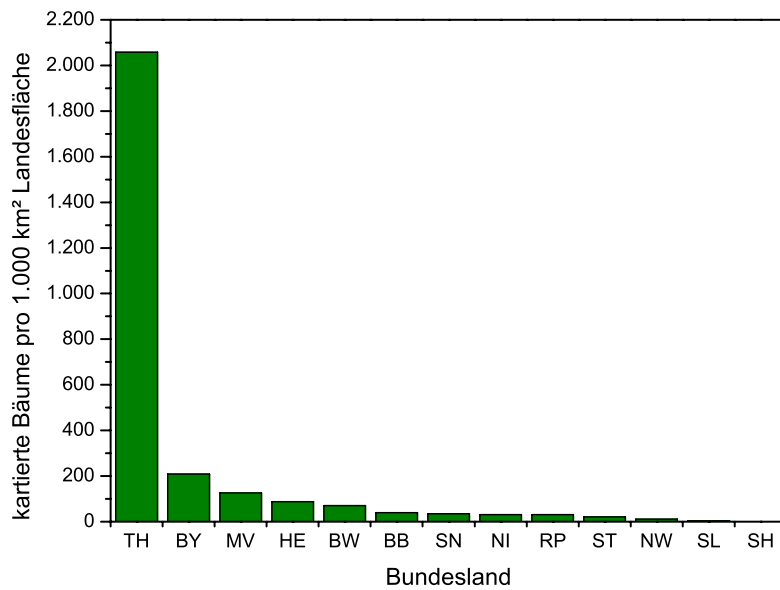


Abbildung 4-5: Anzahl der kartierten Bäume bezogen auf die Fläche (in 1.000 km²) der Bundesländer.

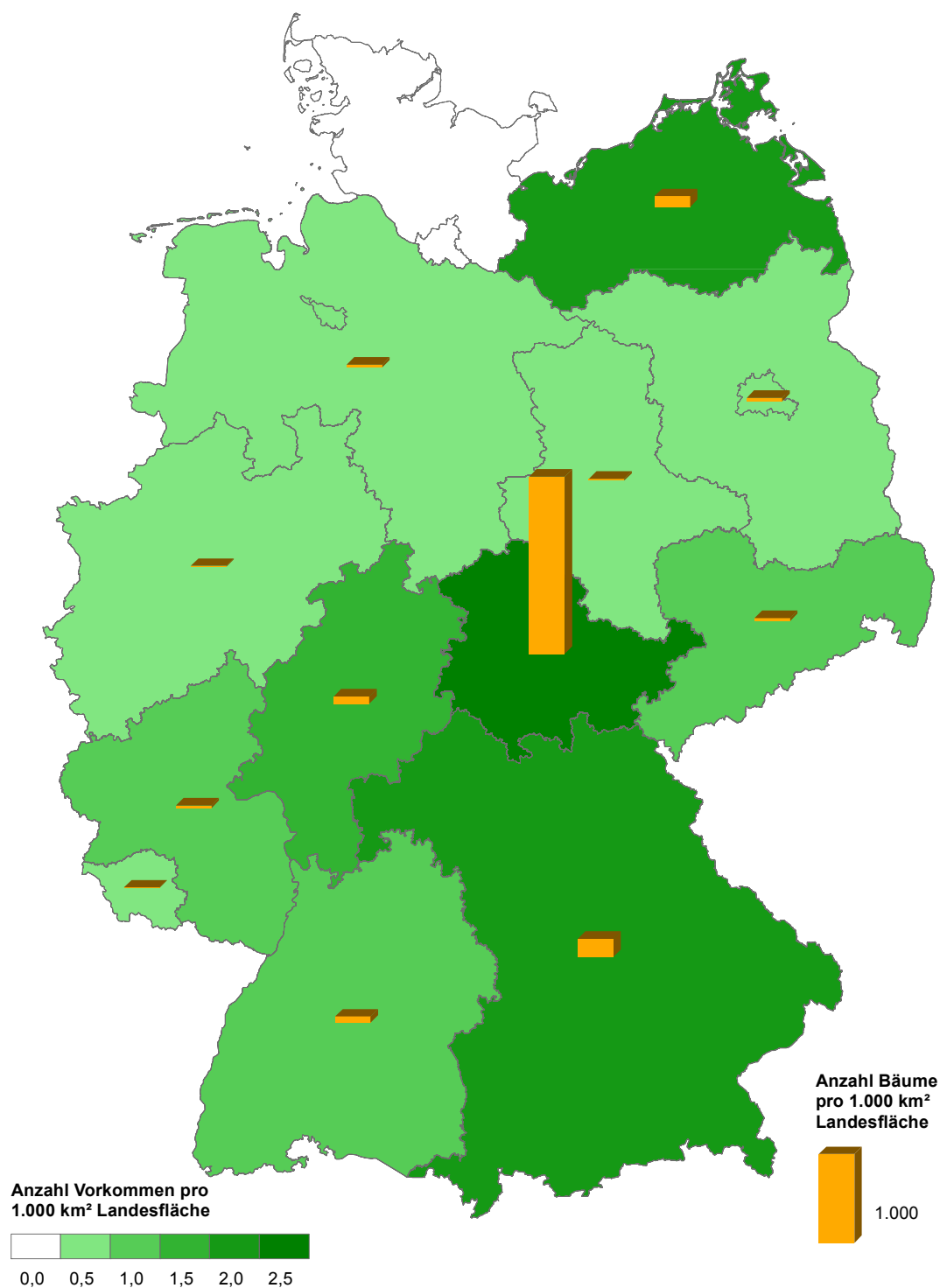


Abbildung 4-6: Anzahl kartierter Vorkommen und Baumzahlen bezogen auf die Landesfläche (in 1.000 km²) der Bundesländer.

4.1.2 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten

Untersucht wurde die Häufigkeit des Vorkommens in den einzelnen Wuchsgebieten Deutschlands. Sowohl die meisten Bestände (50) als auch die meisten Eiben (23.151) kommen im WG 37 Mitteldeutsches Trias Berg- und Hügelland, gefolgt vom WG 60 Frankenalb

und Oberpfälzer Jura mit 40 Beständen und 10.193 Eiben und im WG 81 Schwäbisch Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge mit 23 Beständen und 2.987 Eiben vor.

Im WG 79 Bayerischer Wald kommen zwar 34 Bestände, aber nur 953 Eiben vor. Der Grund liegt darin, dass es sich um sehr viele isolierte, kleinere Einzelvorkommen, meist Alteiben handelt.

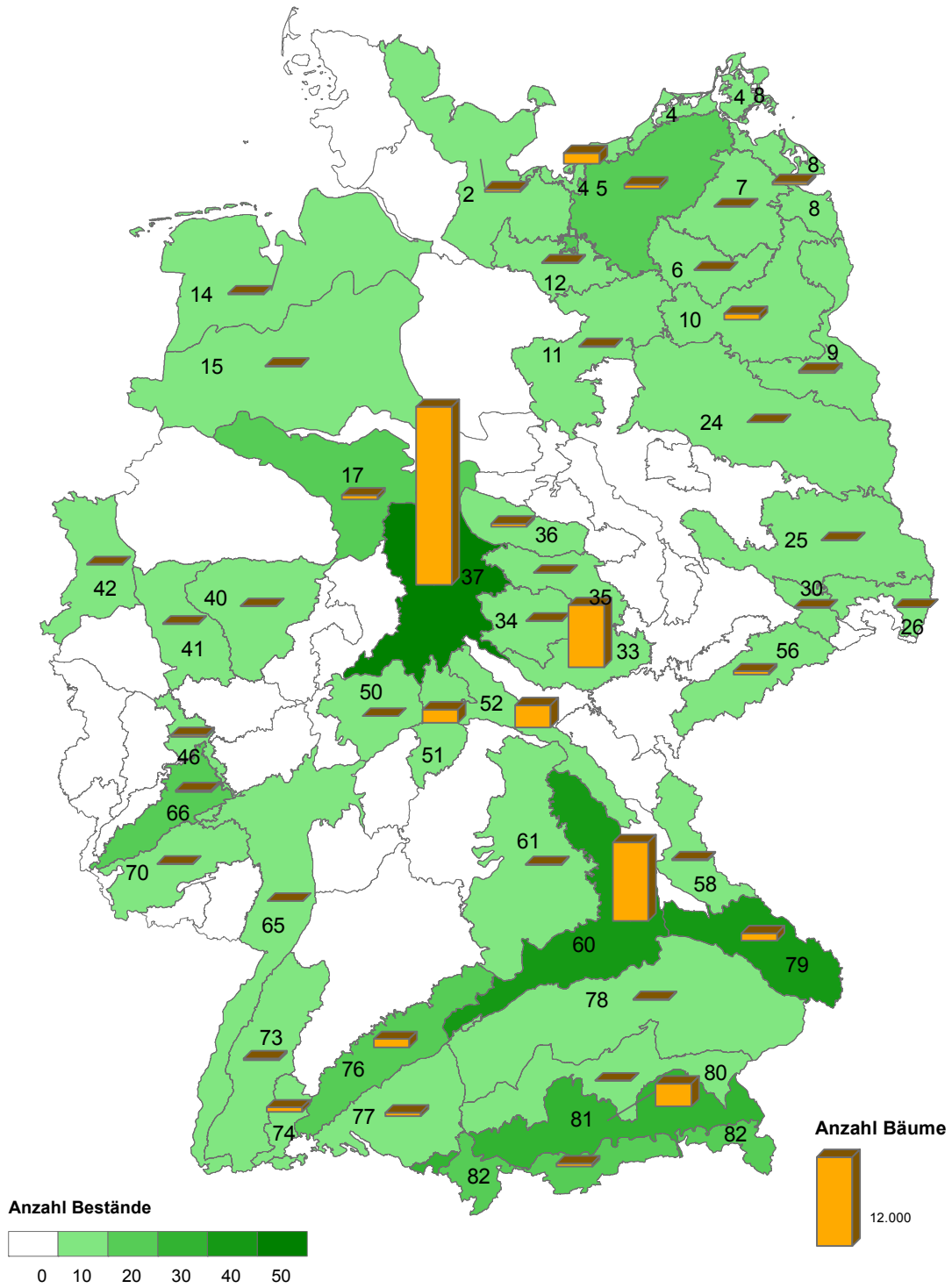


Abbildung 4-7: Anzahl der kartierten Bestände und Anzahl der kartierten Bäume nach Wuchsgebieten.

Das WG Ostthüringisches Trias-Hügelland weist nur 5 Bestände auf, die mit insgesamt 8.085 Eiben jedoch sehr stammzahlreich sind. Ähnlich verhält es sich im WG 52 Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland mit 4 Beständen und 1.745 Individuen und im WG 4 Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland mit 9 Beständen und 1.414 Individuen.

Tabelle 4-3: Anzahl der kartierten Bestände und Anzahl der kartierten Bäume in den Wuchsgebieten Deutschlands.

Nr	Wuchsgebiet	Bestände	Baumzahl
1	Schleswig-Holstein Nordwest	0	0
2	Jungmoränenlandschaft Schleswig-Holstein Ost / Nordwest-Mecklenburg	5	353
3	Schleswig-Holstein Südwest	0	0
4	Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland	9	1.414
5	Ostholsteinisch-Westmecklenburger Jungmoränenland	15	497
6	(Mittel-) Mecklenburger Jungmoränenland	3	66
7	Ostmecklenburg-Vorpommersches Jungmoränenland	2	105
8	Ostvorpommersches Küstenland	10	348
9	Nordostbrandenburger Jungmoränenland (Mittelbrandenburger Jungmoränenland)	2	310
10	Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nordbrandenburger Jungmoränenland)	3	761
11	Ostniedersächsisch-Altmarkisches Altmoränenland (Westprignitz-Altmarkisches Altmoränenland)	3	96
12	Südost-Holsteinisch-Südwestmecklenburger Altmoränenland	2	142
13	Ostniedersächsisches Tiefland	0	0
14	Niedersächsischer Küstenraum	3	160
15	Mittelwestniedersächsisches Tiefland	4	122
16	Westfälische Bucht	0	0
17	Weserbergland	12	542
18	Nordwestdeutsche Berglandschwelle	0	0
19	Nordwestliches Harzvorland	0	0
20	Nordöstliche Harzvorländer	0	0
21	Sachsen-Anhaltinische Löß-Ebene	0	0
22	Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland	0	0
23	Hoher Fläming	0	0
24	Mittelbrandenburger Talsand- und Moränenland	3	36
25	Düben-Niederlausitzer Altmoränenland	1	103
26	Lausitzer Löß-Hügelland	1	40
27	Zittauer Gebirge	0	0
28	Oberlausitzer Bergland	0	0
29	Elbsandsteingebirge	0	0
30	Westlausitzer Platte und Elbtalzone	3	79
31	Sächsisch-Thüringisches Löß-Hügelland	0	0
32	Leipziger Sandlöß-Ebene	0	0
33	Ostthüringisches Trias-Hügelland	5	8.085
34	Thüringer Becken	1	60
35	Nordthüringisches Trias-Hügelland	2	60
36	Harz	6	390
37	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	50	23.151
38	Nordwesthessisches Bergland	0	0
39	Nördliches hessisches Schiefergebirge	0	0
40	Sauerland	2	28
41	Bergisches Land	2	79
42	Niederrheinisches Tiefland	2	108
43	Niederrheinische Bucht	0	0
44	Nordwesteifel	0	0
45	Osteifel	0	0
46	Mittelrheintal	1	250
47	Westerwald	0	0
48	Taunus	0	0
49	Wetterau und Gießener Becken	0	0
50	Vogelsberg und östlich angrenzende Sandsteingebiete	1	15
51	Rhön	4	1.745

Nr	Wuchsgebiet	Bestände	Baumzahl
52	Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland	5	2.872
53	Thüringer Gebirge	0	0
54	Vogtland	0	0
55	Erzgebirgsvorland	0	0
56	Erzgebirge	8	418
57	Frankenwald, Fichtelgebirge und Steinwald	0	0
58	Oberpfälzer Wald	3	124
59	Oberpfälzer Becken- und Hügelland	0	0
60	Frankenalb und Oberpfälzer Jura	40	10.193
61	Fränkischer Keuper und Albvorland	6	75
62	Fränkische Platte	0	0
63	Spessart	0	0
64	Odenwald	0	0
65	Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene	1	2
66	Hunsrück	13	246
67	Moseltal	0	0
68	Gutland	0	0
69	Saarländisch-Pfälzisches Muschelkalkgebiet	0	0
70	Saar-Nahe Bergland	3	49
71	Westlicher Moorniederung	0	0
72	Pfälzerwald	0	0
73	Schwarzwald	4	265
74	Baar-Wutach	2	570
75	Neckarland	0	0
76	Schwäbische Alb	13	1.110
77	Südwestdeutsches Alpenvorland	6	490
78	Tertiäres Hügelland	2	103
79	Bayerischer Wald	34	953
80	Schwäbisch-Bayerische Schotterplatten- und Altmoränenlandschaft	3	32
81	Schwäbisch-Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge	23	2.987
82	Bayerische Alpen	19	411

4.1.3 Potentielle natürliche Vegetation

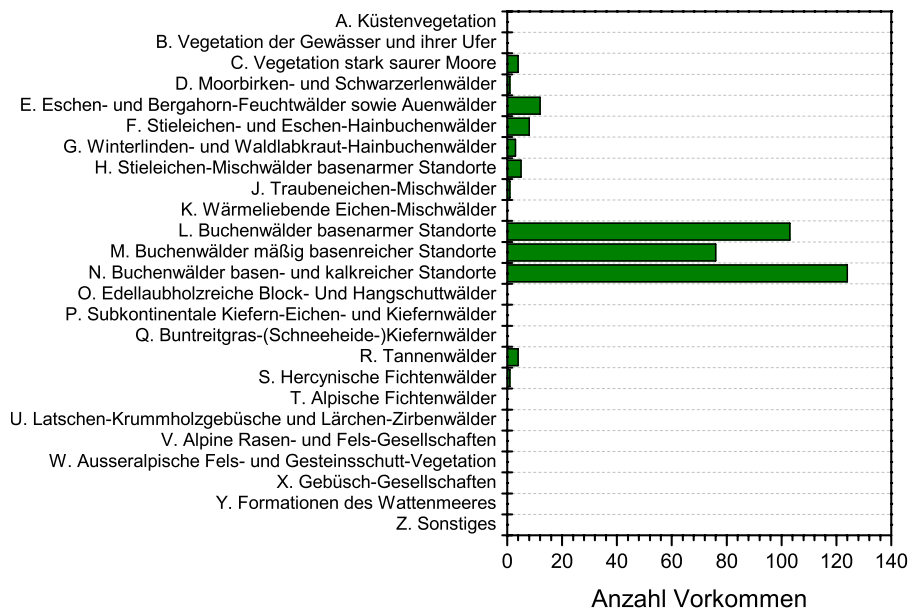


Abbildung 4-8: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen.

Die Eibenvorkommen liegen fast ausschließlich in Buchenwaldgesellschaften und innerhalb derer überwiegend auf basen- und kalkreichen Standorten. Selbst in den höheren Lagen der Mittelgebirge und der Alpen finden sich die Eiben meist in buchenreichen Beständen (Abbildung 4-8).

4.2 Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl

Gut 26 % der Bestände weisen weniger als 10 Individuen auf, 42 % 11 bis 50 Individuen und rund 13 % zwischen 51 und 100 Individuen. Bestände mit über 100 Individuen nehmen rund 20 % ein. Dort finden sich nur in insgesamt 13 Beständen mehr als 1.000 Eiben (Abbildung 4-9).

Eine ähnliche Verteilung ergibt sich bei der Betrachtung der kartierten Bäume bezogen auf 1 ha Bestandesfläche. Die Klasse 10 bis 50 Bäume ist jeweils am häufigsten vertreten (Abbildung 4-12).

Die Vorkommen der Eibe besitzen bundesweit eine Durchschnittsgröße von 18,2 ha sowie eine durchschnittliche Baumzahl von 175. Die flächenmäßig deutlich größten Vorkommen liegen in Baden-Württemberg bzw. in Hessen mit rund 50 ha und mit 94 bzw. 80 Bäumen je Vorkommen. Die meisten Eiben (rund 830 Individuen/Vorkommen) kommen in Thüringen vor mit einer durchschnittlichen Flächengröße von 27 ha, gefolgt von Brandenburg mit 131 Individuen auf durchschnittlich 6,3 ha (Abbildung 4-14).

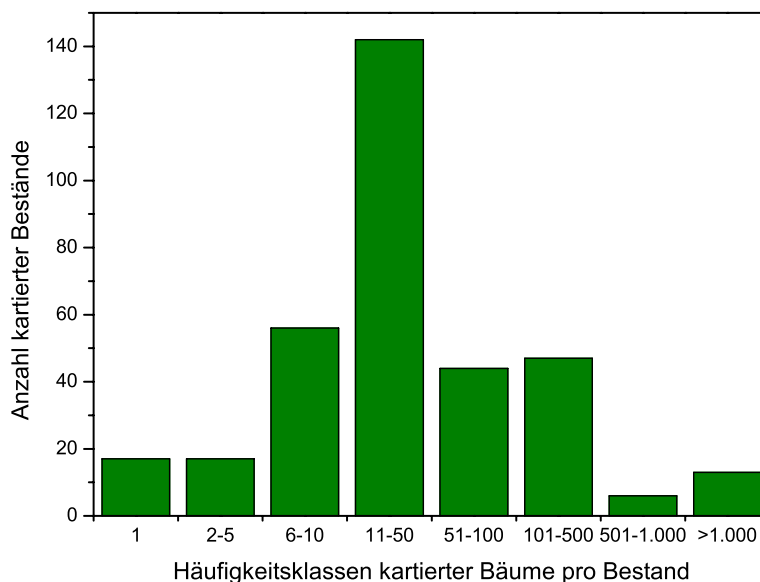


Abbildung 4-9: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen.

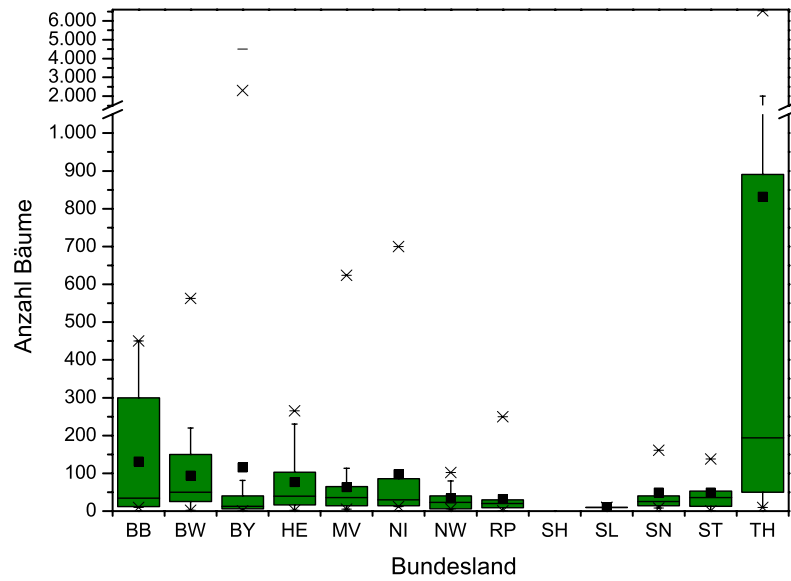


Abbildung 4-10: Anzahl der kartierten Baumzahlen je Vorkommen nach Bundesland. (BoxPlot mit Darstellung von Mittelwert (•), Median (—), Quartile (□), Whisker (┌) und Ausreißern (x)).

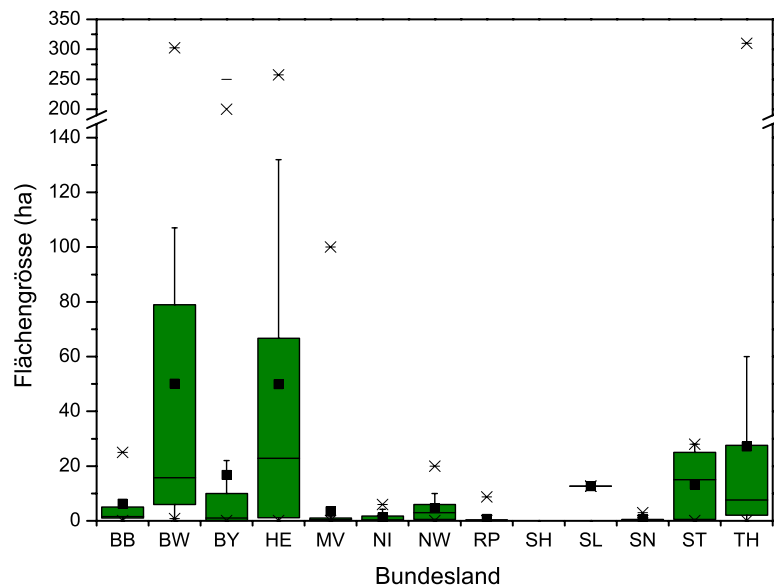


Abbildung 4-11: Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern. (BoxPlot mit Darstellung von Mittelwert (•), Median (—), Quartile (□), Whisker (┌) und Ausreißern (x)).

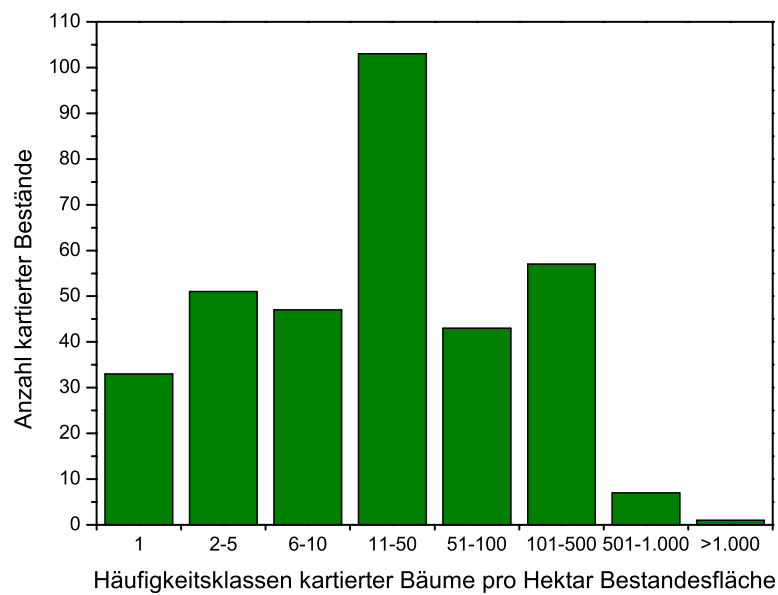


Abbildung 4-12: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen bezogen auf eine Fläche von 1 ha.

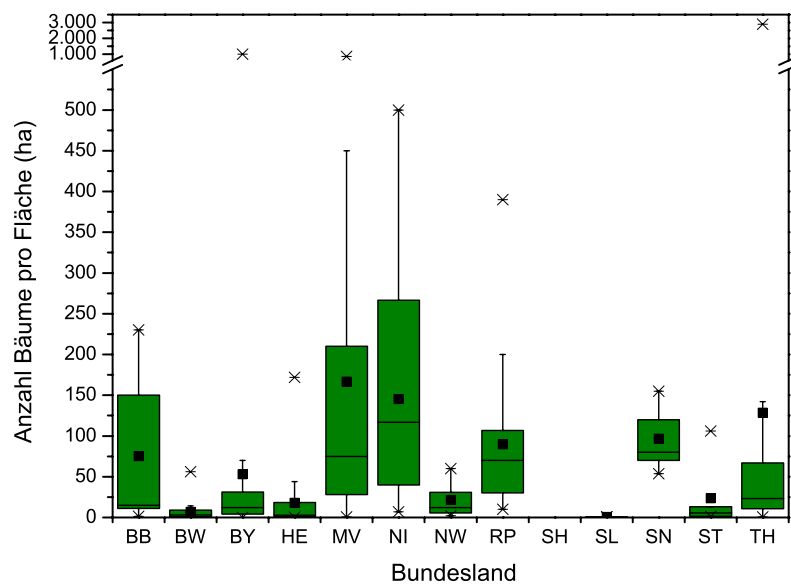


Abbildung 4-13: Baumzahlen pro Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern. (BoxPlot mit Darstellung von Mittelwert (*), Median (—), Quartile (□), Whisker (┌) und Ausreißern (x))

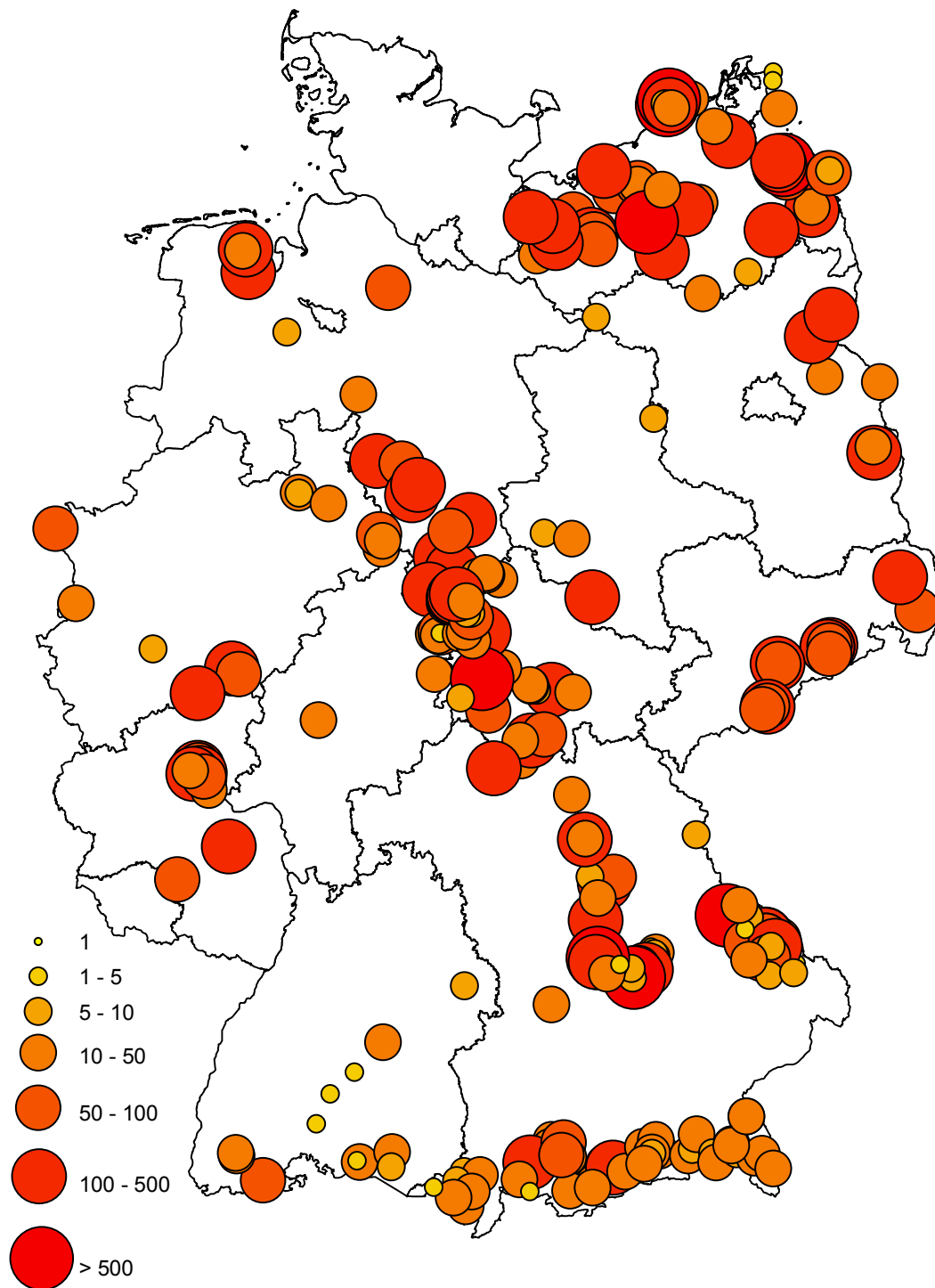


Abbildung 4-14: Lage und Größenklassen (Baumzahlen pro Hektar Bestandesfläche) der kartierten Vorkommen.

4.2.1 Abundanz

Zur Klassifizierung der Vorkommen hinsichtlich der Erhaltungswürdigkeit wurde die Datenbank nach Abundanzklassen ausgewertet. Wie aus Tabelle 4-4 ersichtlich ist, weisen nahezu 50 % der Vorkommen nur eine geringe Abundanz zwischen 0 und 20 Individuen (Klassen

0, 1 und 2) auf. Nur 19 Populationen weisen mehr als 500 Individuen (Klassen 7, 8, 9 und 10) auf.

Tabelle 4-4: Verteilung der Vorkommen in den Abundanzklassen.

Klasse	Individuenzahl	Anzahl	Anteil (%)
0	0-4	29	8,5
1	5-10	61	17,8
2	11-20	58	17,0
3	21-50	84	24,6
4	51-100	44	12,9
5	101-200	23	6,7
6	201-500	24	7,0
7	501-1.000	6	1,8
8	1.001-3.000	9	2,6
9	3.001-10.000	4	1,2
10	>10.001	0	0,0
	Gesamtzahl	342	

4.3 Durchmesserstruktur und Altersstruktur

Die Altersstruktur ist ein entscheidendes Kriterium, um die zukünftige *In-situ*-Überlebensfähigkeit eines Vorkommens einzuschätzen.

Da das genaue Alter der Eibenbestände nur mit sehr hohem Aufwand und mit Schädigung der Pflanzen ermittelt werden kann, soll die Altersstruktur durch drei Durchmesserstufen veranschaulicht werden. Über die Durchmesserstufen wird eine pyramidale Altersstrukturklasse abgeleitet. Dabei sind die Bäume der Stufe < 7 cm niedrigeren und die Bäume der Stufe > 20 cm höheren Alters. In der Abbildung 4-15 und der Abbildung 4-18 sind die Anteile der Durchmesserstufen als Altersstrukturpyramiden veranschaulicht. Der Darstellung liegt die bundesweite Baumzahl der einzelnen Durchmesserstufen zu Grunde. Je größer die Abweichung von einer idealen pyramidalen Verteilung ist, desto ungünstiger wurde diese bewertet.

4.3.1 Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen

Die meisten Eiben (48,6 %) in Deutschland sind zwischen 7 und 10 m hoch und liegen in der Durchmesserstufe 7 bis 20 cm bei einem durchschnittlichen Alter von etwa 100 Jahren. Rund 28 % der Eiben weisen einen Durchmesser über 20 cm auf und sind meist älter als 100 Jahre. Ein Großteil der Bestände ist überaltert und weist kaum Naturverjüngung auf. Andererseits gibt es Eiben-Bestände, die nicht stärker als 7 cm sind.



Abbildung 4-15: Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet.

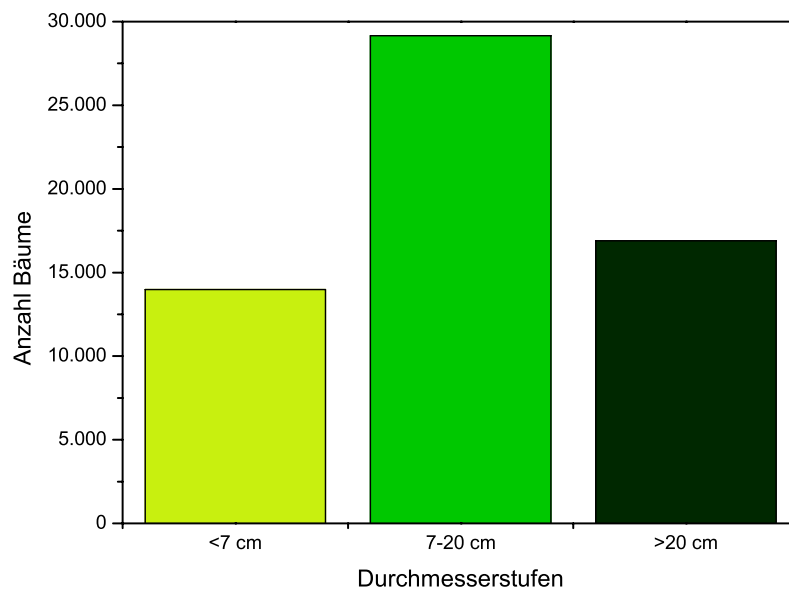


Abbildung 4-16: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen in Deutschland.

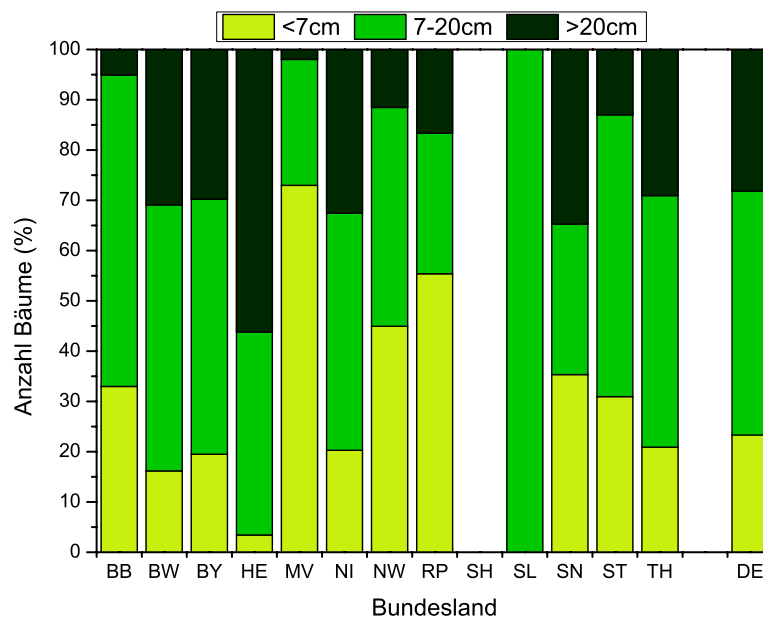


Abbildung 4-17: Prozentuale Verteilung der drei Durchmesserstufen in den Bundesländern und in Deutschland.

Die Verjüngungsfähigkeit der Eibe ist gering. Nur 23 % gehören der geringsten Durchmesserstufe < 7 cm an (Abbildung 4-15).

Für die Einschätzung der Notwendigkeit von Generhaltungsmaßnahmen ist die Beschreibung der demographischen Strukturen (Alterspyramiden) hilfreich. So würde beispielsweise eine Alterspyramide eines natürlich aufgewachsen Bestandes mit hohem Verjüngungsanteil und einem hinreichend großen Baumbestand mit vitalen, fruktifizierenden Bäumen ein gutes Gen-Erhaltungsobjekt darstellen.

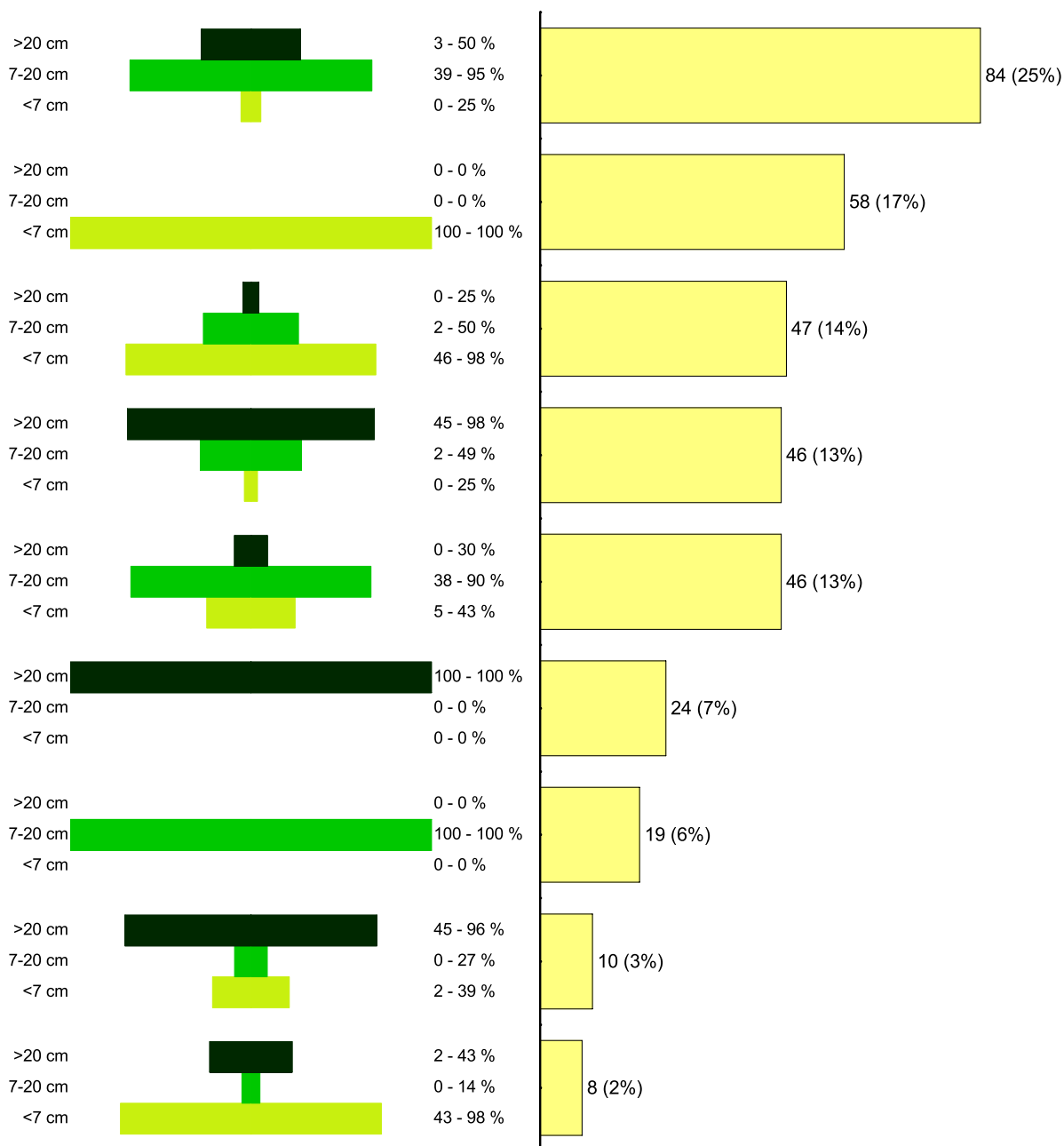


Abbildung 4-18: Altersstrukturen der kartierten Vorkommen und ihre Anzahl in Deutschland.

Abbildung 4-18 verdeutlicht graphisch neun verschiedene Populationsstrukturen. Die jeweiligen Prozentangaben beziehen sich auf die bundesweit vorhandenen Durchmesseranteile (Balkendiagramm links). Zu jeder demographischen Struktur ist die dazugehörige absolute und relative Vorkommenszahl angegeben. Die deutschlandweit unterschiedlichen Bestandesstrukturen sollen so veranschaulicht werden.

Ein Viertel der kartierten Eibenbestände liegen in der Durchmesserstufe 7 – 20 cm mit mehr oder weniger hohen Anteilen der Durchmesserstufe > 20 cm bzw. < 7 cm. Auffallend hoch ist der Anteil der Bestände in der jüngeren Durchmesserstufe < 7 cm mit insgesamt 58 Beständen bzw. 17 %.

47 bzw. 8 Bestände weisen eine gute Altersstruktur auf mit relativ wenig älteren und einem hohen Anteil jüngerer Eiben. 46, 24 und 19 Bestände weisen überwiegend ältere bzw. nur ältere oder mittelalte Strukturen auf mit ausbleibender Naturverjüngung.

Der Anteil der mittelalten und alten Eibenbestände liegt in nahezu allen Bundesländern sehr hoch. Lediglich in Mecklenburg-Vorpommern und Rheinland-Pfalz sind jüngere Bestände mit knapp 70 % bzw. 55 % vertreten. Im Saarland ist nur die Durchmesserstufe 7 – 20 cm vertreten bei insgesamt nur 10 Individuen (Abbildung 4-17). Insgesamt gesehen ist die Verjüngungsstruktur innerhalb Deutschlands unbefriedigend.

Tabelle 4-5: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen (<7 cm, 7-20 cm, >20 cm) in den kartierten Vorkommen.

BL	Durchmesserstufen (absolute Angaben)				Durchmesserstufen (relative Angaben in Prozent)		
	<7 cm	7-20 cm	>20 cm	Σ	<7 cm	7-20 cm	>20 cm
BB	390	732	60	1.181	33,0	61,9	5,1
BW	410	1.343	784	2.537	16,2	52,9	30,9
BY	2.876	7.492	4.393	14.761	19,5	50,8	29,8
HE	63	743	1.033	1.839	3,4	40,4	56,2
MV	2.134	733	58	2.925	73,0	25,1	2,0
NI	297	693	477	1.467	20,3	47,2	32,5
NW	164	159	42	365	45,0	43,5	11,5
RP	334	168	100	602	55,4	28,0	16,6
SH				0			
SL	0	10	0	10	0,0	100,0	0,0
SN	226	192	222	640	35,4	29,9	34,7
ST	137	248	57	442	31,0	56,1	13,0
TH	6.954	16.651	9.671	33.276	20,9	50,0	29,1
DE	13.985	29.163	16.896	60.045	23,3	48,6	28,1

4.3.2 Altersstrukturqualitätsklassen

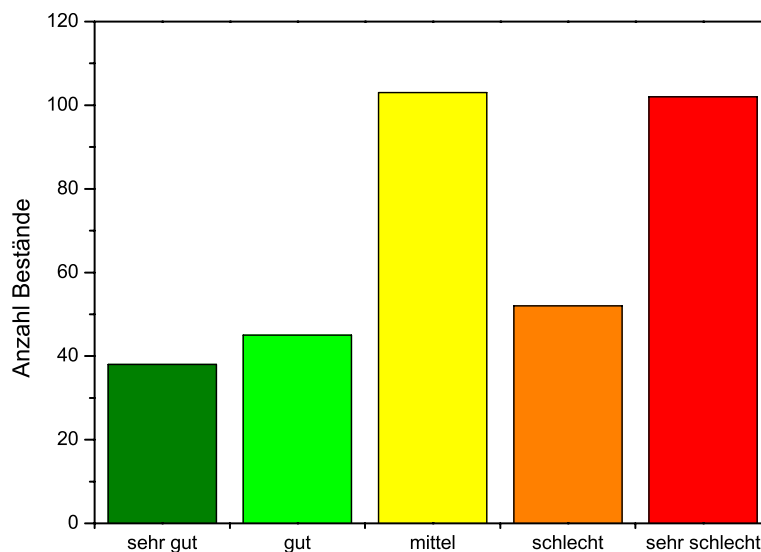


Abbildung 4-19: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Qualitätsklassen der Altersstrukturen in Deutschland.

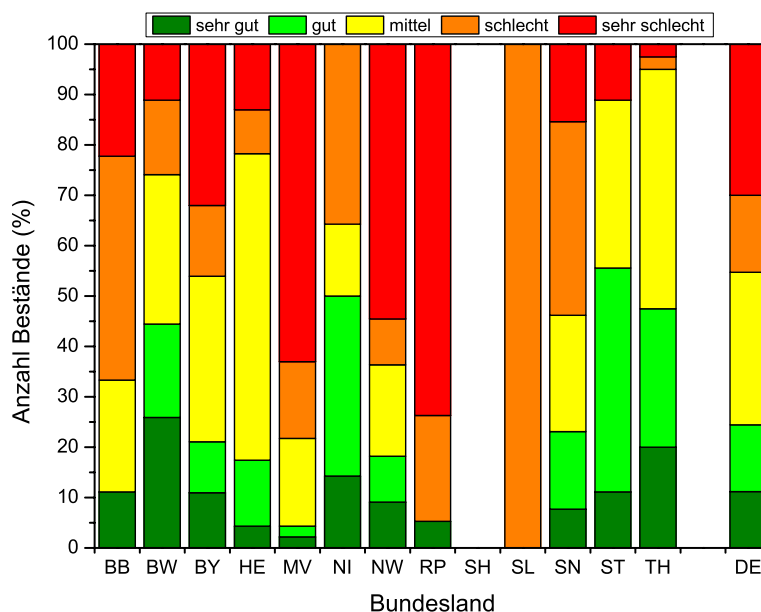


Abbildung 4-20: Prozentuale Verteilung der Altersstrukturklassen in den Bundesländern und in Deutschland.

Die Altersstrukturqualitätsklassen wurden bereits in Kapitel 3.7.3 erläutert. Sie stellen ein Bewertungsschema dar, mit dem die Abweichung von einer idealen Durchmesserverteilung beschrieben werden kann. Als gute Altersstrukturen werden pyramidale Strukturen mit einer starken Verjüngungsstufe angenommen. Gekippte oder deutlich einseitige Altersverteilungen weisen dagegen auf Vorkommen hin, die in ihrer dynamischen Selbsterhaltungsqualität stark eingeschränkt sind.

Tabelle 4-6: Absolute und relative Angaben für die Qualitätsklassen der Altersstrukturen der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern und in Deutschland.

BL	Qualitätsklassen (Absolute Angaben)						Qualitätsklassen (relative Angaben in Prozent)				
	1	2	3	4	5	Σ	1	2	3	4	5
BB	1		2	4	2	9	11,1	0,0	22,2	44,4	22,2
BW	7	5	8	4	3	27	25,9	18,5	29,6	14,8	11,1
BY	14	13	42	18	41	128	10,9	10,2	32,8	14,1	32,0
HE	1	3	14	2	3	23	4,3	13,0	60,9	8,7	13,0
MV	1	1	8	7	29	46	2,2	2,2	17,4	15,2	63,0
NI	2	5	2	5		14	14,3	35,7	14,3	35,7	0,0
NW	1	1	2	1	6	11	9,1	9,1	18,2	9,1	54,5
RP	1			4	14	19	5,3	0,0	0,0	21,1	73,7
SH						0					
SL				1		1	0,0	0,0	0,0	100,0	0,0
SN	1	2	3	5	2	13	7,7	15,4	23,1	38,5	15,4
ST	1	4	3		1	9	11,1	44,4	33,3	0,0	11,1
TH	8	11	19	1	1	40	20,0	27,5	47,5	2,5	2,5
DE	38	45	103	52	102	340	11,2	13,2	30,3	15,3	30,0

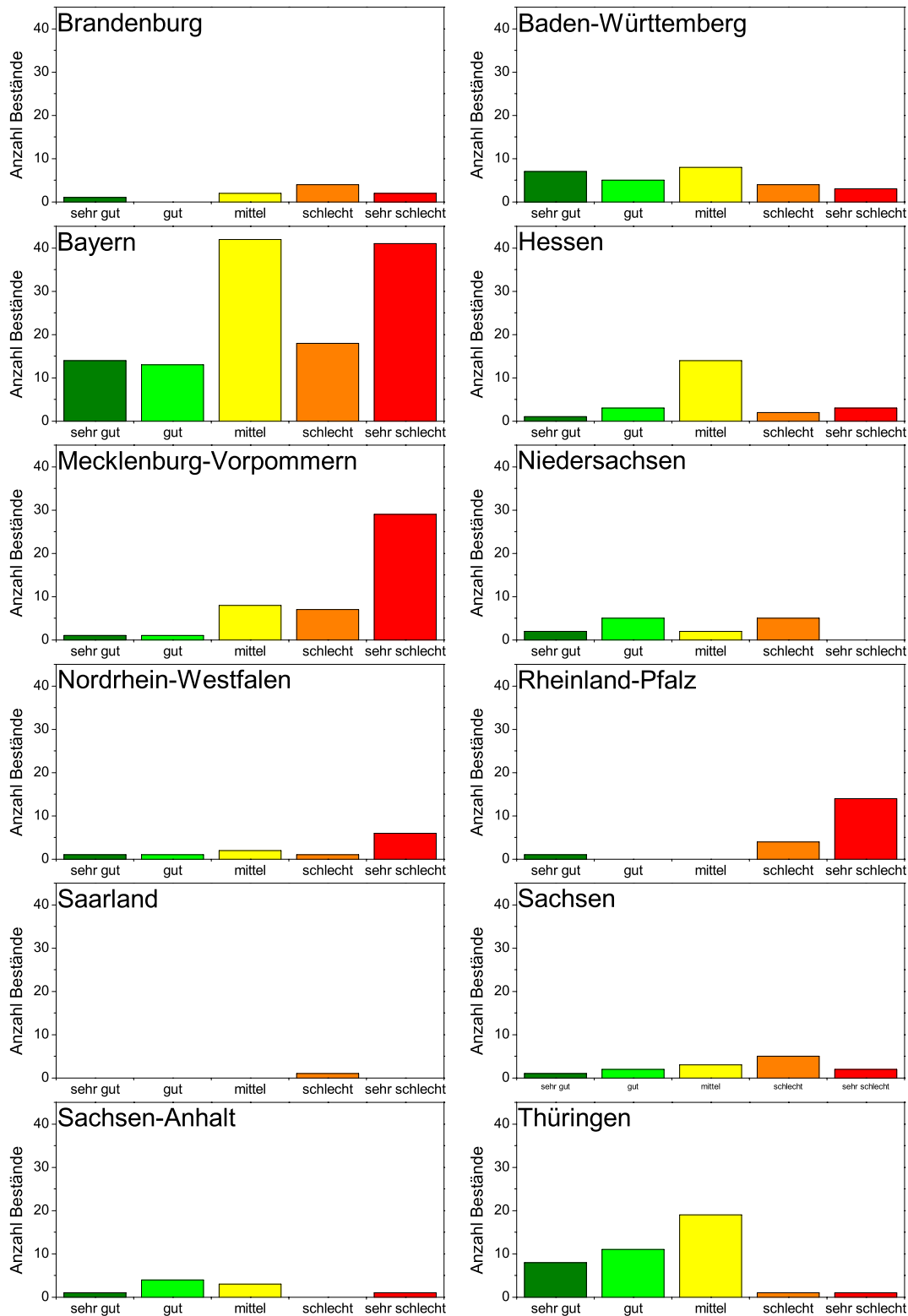


Abbildung 4-21: Anzahl der kartierten Bestände mit unterschiedlichen Qualitätsklassen der Altersstrukturen in den einzelnen Bundesländern.

Nahezu die Hälfte aller Eibenbestände weist eine stark einseitige, instabile Altersverteilung auf. Nach den definierten **Altersstrukturqualitätsklassen** werden 100 bzw. 50 Vorkommen

hinsichtlich ihrer natürlichen Verjüngung (**Überlebensfähigkeit der Population**) der **Altersstrukturqualitätsklasse** "sehr schlecht" bzw. "schlecht" zugeordnet. 100 Populationen bewegen sich im Mittelfeld und ca. 40 bzw. 45 Bestände werden als "sehr gut" bzw. "gut", also überlebensfähig, eingestuft.

Ungünstige Altersstrukturen der aufgenommenen Bestände liegen vor in den Bundesländern Rheinland-Pfalz, Saarland, Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg, während in Baden-Württemberg, Thüringen, Sachsen-Anhalt und Niedersachsen überwiegend überlebensfähige Altersstrukturen vorherrschen (Abbildung 4-21).

4.4 Vitalitätsstufen

Die Vitalität eines Vorkommens ist einer der entscheidenden Parameter, um die Anpassung eines Baumes an den Standort und die umgebende Umwelt zu beschreiben. Bei der Einschätzung der Erhaltungswürdigkeit ist die Vitalität daher von großer Bedeutung.

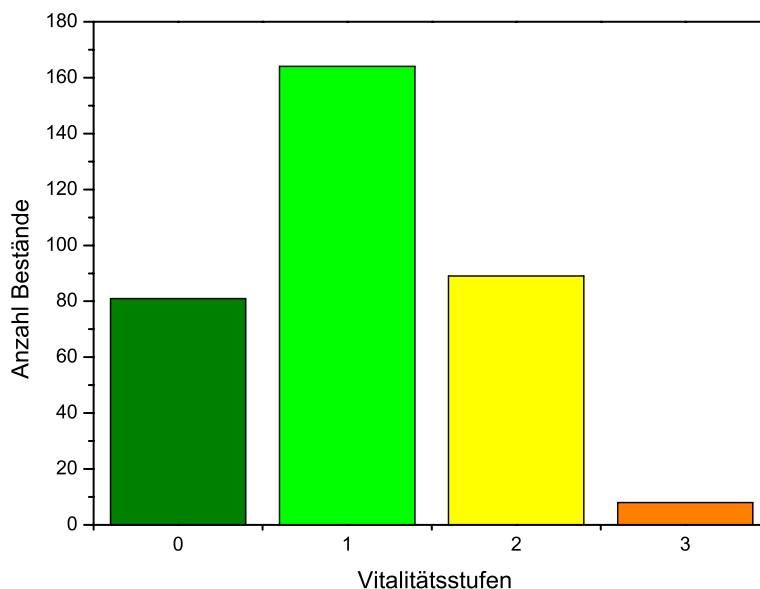


Abbildung 4-22: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Vitalitätsstufen in Deutschland.

Bis auf Sachsen-Anhalt, Sachsen und Rheinland-Pfalz weisen die Bestände in den Bundesländern überwiegend die Vitalitätsstufen 0 und 1 auf (Abbildung 4-24). 81 Vorkommen wurden als vital und 164 bereits als geschwächt eingestuft. Merklich geschädigt sind 89 Vorkommen und 8 der kartierten Vorkommen sind absterbend. Eine deutliche Konzentration von Vorkommen mit vitalen Bäumen ist auf der Kartenabbildung im Bayerischen Wald, auf der Fränkischen und Schwäbischen Alb, im Nordosten Thüringens und in Teilen Mecklenburg-Vorpommerns ersichtlich.

Die Verteilung der Vitalitätsstufen innerhalb der Bundesländer ist deutlich heterogen. Vergleicht man die Bundesländer mit den meisten Eibenvorkommen Thüringen, Bayern, Mecklenburg-Vorpommern, Baden-Württemberg und Hessen, so dominiert dort die Vitalitätsstufe 1. Die beste Vitalitätsstufe 0 ist in diesen Bundesländern in Bayern mit knapp 35 % am meisten, in Hessen mit gut 4 % am geringsten vertreten. Insgesamt sind die Populationen in diesen Ländern deutschlandweit gesehen am vitalsten.

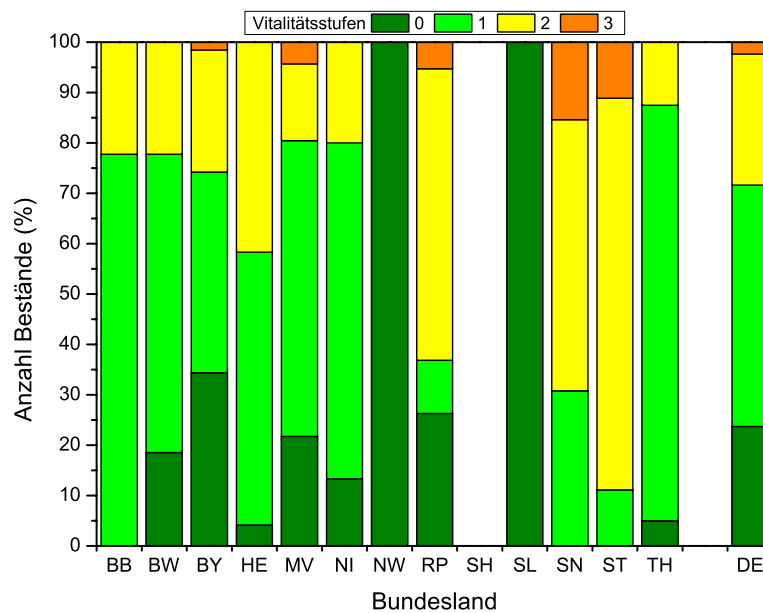


Abbildung 4-23: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen in den Bundesländern und in Deutschland.

Nordrhein-Westfalen und Saarland weisen bei nur 11 Beständen bzw. einem Bestand die Vitalitätsstufe 0 auf. In Rheinland-Pfalz, Sachsen und Sachsen-Anhalt überwiegt die Vitalitätsstufe 2 mit Werten zwischen rund 54 und 78 %. In Sachsen liegt die höchste Quote der absterbenden Vorkommen bei etwa 15 %.

Die durchschnittliche Vitalität der Vorkommen ist in Abbildung 4-25 für alle Bundesländer dargestellt.

Tabelle 4-7: Vitalitätsstufen der kartierten Vorkommen.

BL	Vitalitätsstufen (absolute Angaben)					Vitalitätsstufen (relative Angaben in Prozent)			
	0	1	2	3	∑	0	1	2	3
BB	0	7	2	0	9	0,0	77,8	22,2	0,0
BW	5	16	6	0	27	18,5	59,3	22,2	0,0
BY	44	51	31	2	128	34,4	39,8	24,2	1,6
HE	1	13	10	0	24	4,2	54,2	41,7	0,0
MV	10	27	7	2	46	21,7	58,7	15,2	4,3
NI	2	10	3	0	15	13,3	66,7	20,0	0,0
NW	11	0	0	0	11	100,0	0,0	0,0	0,0
RP	5	2	11	1	19	26,3	10,5	57,9	5,3
SH					0				
SL	1	0	0	0	1	100,0	0,0	0,0	0,0
SN	0	4	7	2	13	0,0	30,8	53,8	15,4
ST	0	1	7	1	9	0,0	11,1	77,8	11,1
TH	2	33	5	0	40	5,0	82,5	12,5	0,0
DE	81	164	89	8	342	23,7	48,0	26,0	2,3

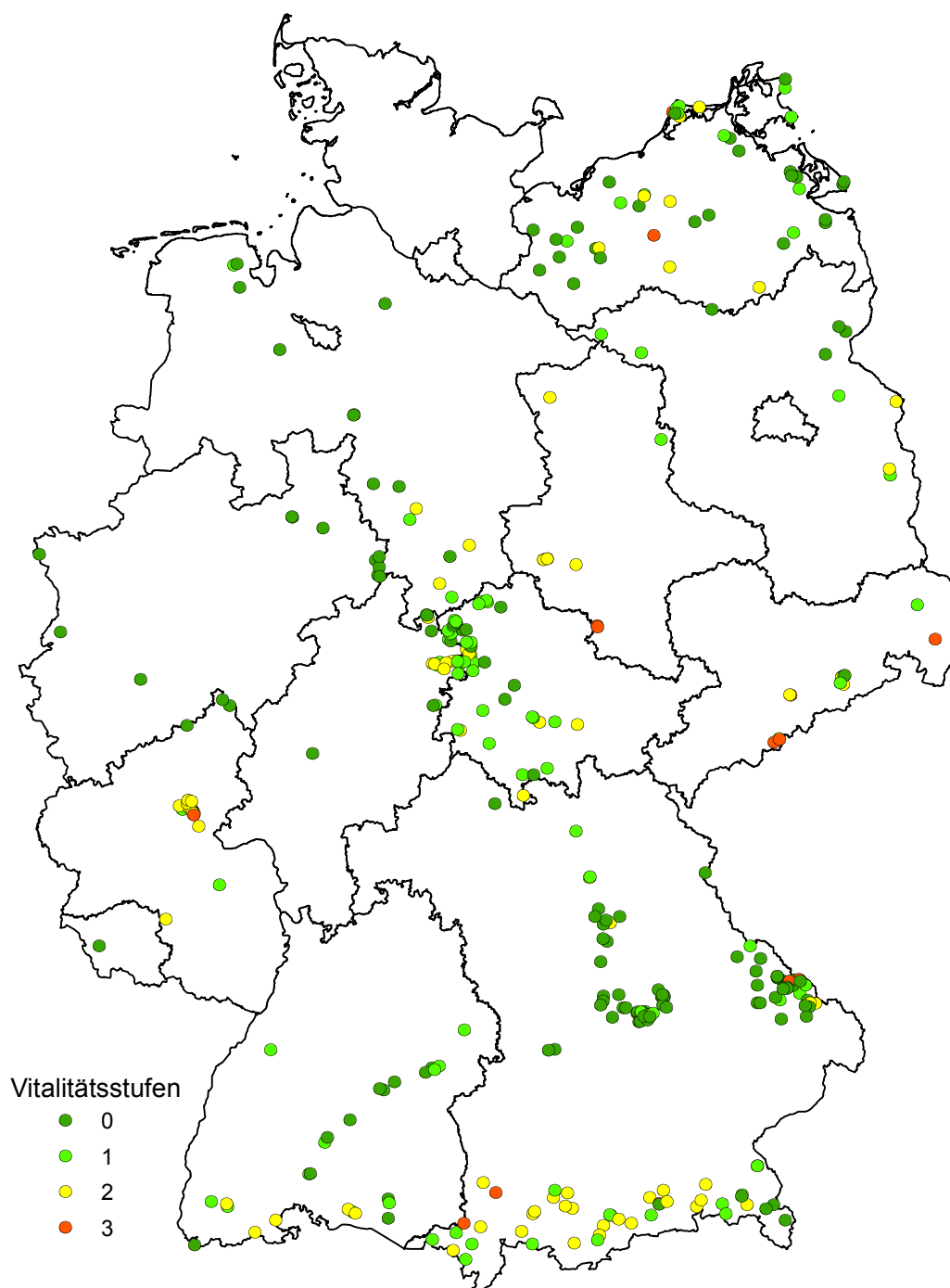


Abbildung 4-24: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen.

Eine sehr gute Durchschnittsvitalität besitzen die Vorkommen in Bayern, Mecklenburg-Vorpommern und Niedersachsen mit einem Median zwischen 0,3 und 0,4. Die Bundesländer Sachsen, Sachsen-Anhalt und Rheinland-Pfalz weisen eine mittlere Vorkommensvitalität bei einem Median zwischen 1,3 und 1,6 auf.

In Baden-Württemberg, Brandenburg und Thüringen liegt der Median bei 0,5 und 0,6, wobei die Streuung der Werte in Thüringen am geringsten ist. In Hessen liegt der Median der mittleren Vorkommensvitalität bei 1,0.

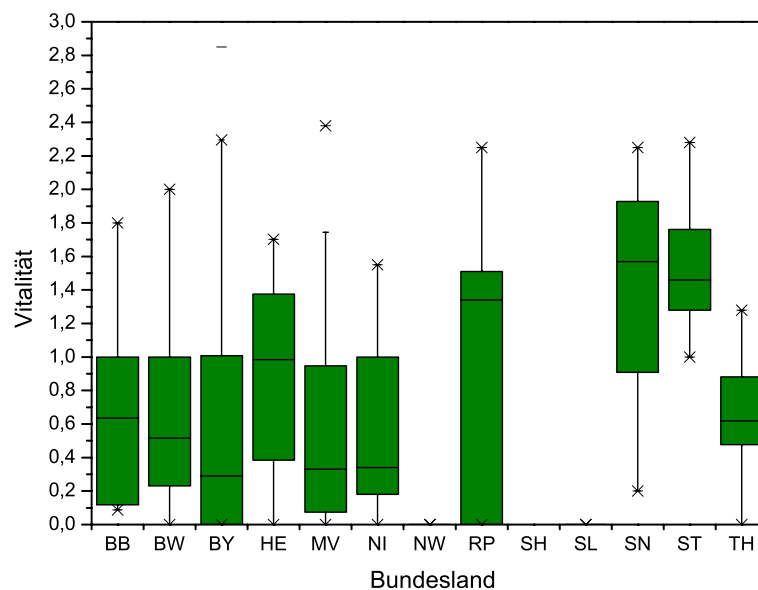


Abbildung 4-25: Verteilung der mittleren Vorkommensvitalität in den Bundesländern.
(BoxPlot mit Darstellung von Median (—), Quartile (□), Whisker (┌) und Ausreißern (x))

4.5 Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen

In den folgenden Diagrammen werden einerseits die Verteilung der Vitalitätsstufen in den drei Durchmesserstufen und andererseits die Anteile der Durchmesserstufen in den vier Vitalitätsstufen dargestellt. Auf der Grundlage der Einzelindividuen wurden die bundesweiten Anteile berechnet. Sie sind in folgender Abbildung 4-26 zusammengestellt.

75 % der Bäume in der Durchmesserstufe <7 cm in die Vitalitätsstufe 0 bzw. 1 also "sehr gut" bzw. "gut" eingestuft. In den Durchmesserstufen 7 bis 20 cm und > 20 cm ist die Vitalitätsstufe 0 "sehr gut" mit 40 bzw. 45 % deutlich geringer vertreten. Betrachtet man die beiden Vitalitätsstufen "sehr gut" und "gut" zusammen, dann nehmen sie immerhin einen Anteil von 75 bis 80 % ein.

Dies bedeutet, dass gerade die älteren Eibenbestände noch recht vital sind und sich gut den buchendominierten Waldtypen anpassen. Die Fähigkeit der Eibe, lange im Schatten anderer Bäume zu gedeihen, ist Teil ihrer Überlebensstrategie.

Bis auf Vitalitätsstufe 1 "gut" sind alle Durchmesserstufen in etwa gleichmäßig mit Unterschieden auf die jeweilige Vitalitätsstufe verteilt. Den besten Gesundheitszustand weisen die jüngeren Bäume in der Durchmesserstufe < 7 cm auf. Die Durchmesserstufen 7 – 20 cm und > 20 cm weisen dagegen einen deutlich schlechteren Gesundheitszustand auf, wobei die älteren Eiben mit der Durchmesserstufe > 20 cm geringfügig besser beurteilt werden.

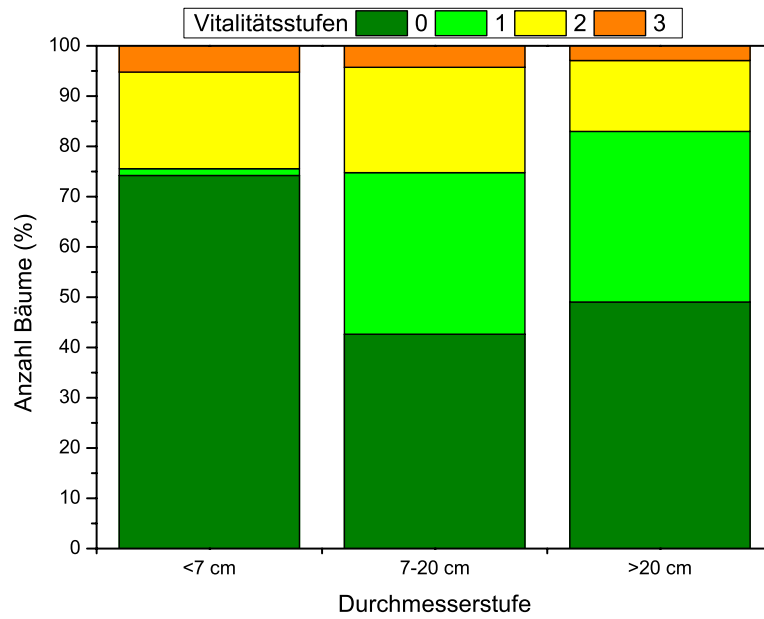


Abbildung 4-26: Vitalitätsanteile in den Durchmesserstufen.

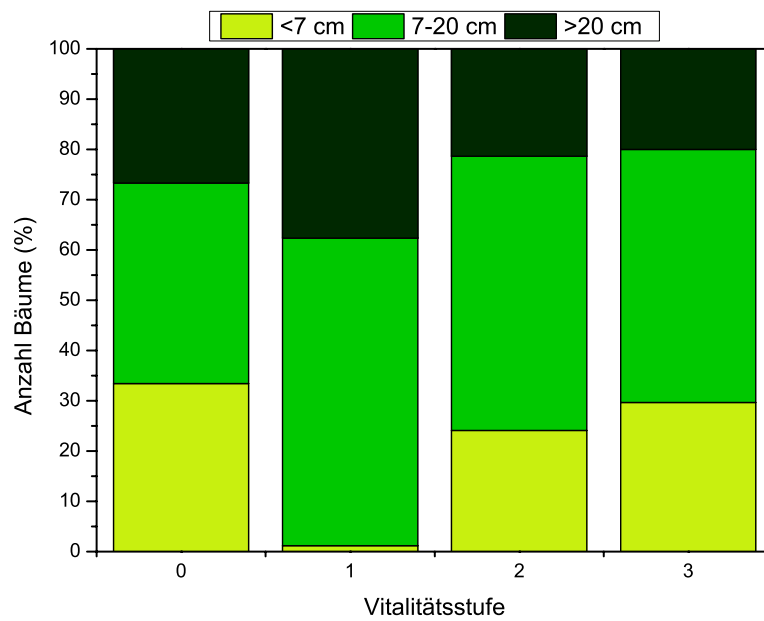


Abbildung 4-27: Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen.

4.6 Naturverjüngung

Bei der Kartierung wurde die aktuelle Naturverjüngung, soweit vorhanden, mit erfasst. Anpflanzungen gelten nicht als Naturverjüngung.

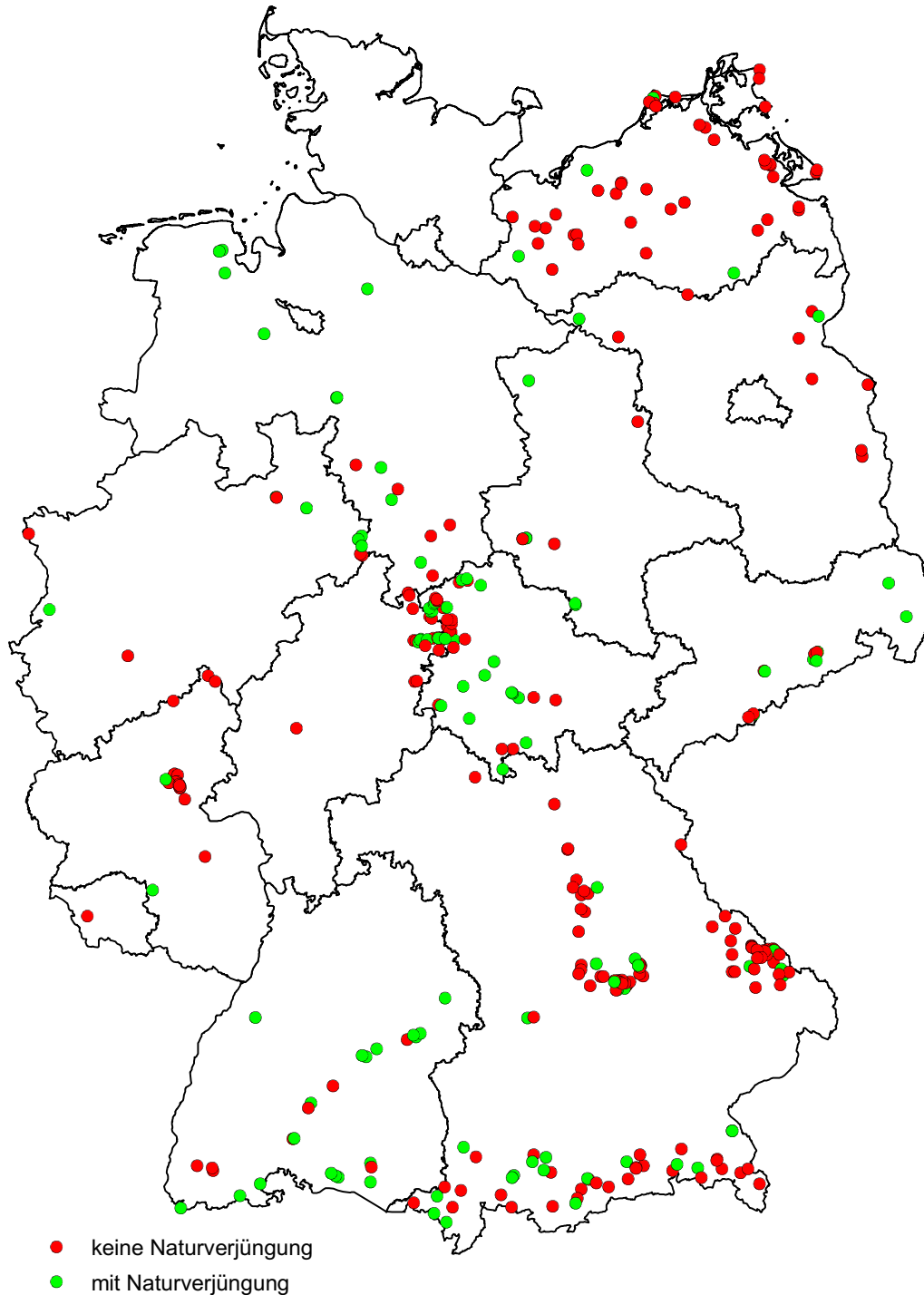


Abbildung 4-28: Übersicht der Vorkommen mit oder ohne Naturverjüngung.

65 % der Bestände in Baden-Württemberg, Niedersachsen und Sachsen-Anhalt weisen Naturverjüngung auf. In den anderen Bundesländern ist der Anteil deutlich geringer, insbeson-

dere in den Ländern Rheinland-Pfalz und Mecklenburg-Vorpommern. Keine Naturverjüngung findet sich im Vorkommen im Saarland (Abbildung 4-29). Die Schwerpunkte der Verjüngungsflächen liegen im Alpenraum, auf der Schwäbischen Alb und in Thüringen (Abbildung 4-29).

Die Werte verdeutlichen das geringe Verjüngungspotential der Eibe, welches durch verschiedene Faktoren ausgelöst wird. Den bedeutendsten Faktor stellt der Wildverbiss durch Reh- und Rotwild dar. In ortsnahen Beständen oder innerhalb von Umzäunungen verjüngt sich die Eibe mancherorts sehr freudig.

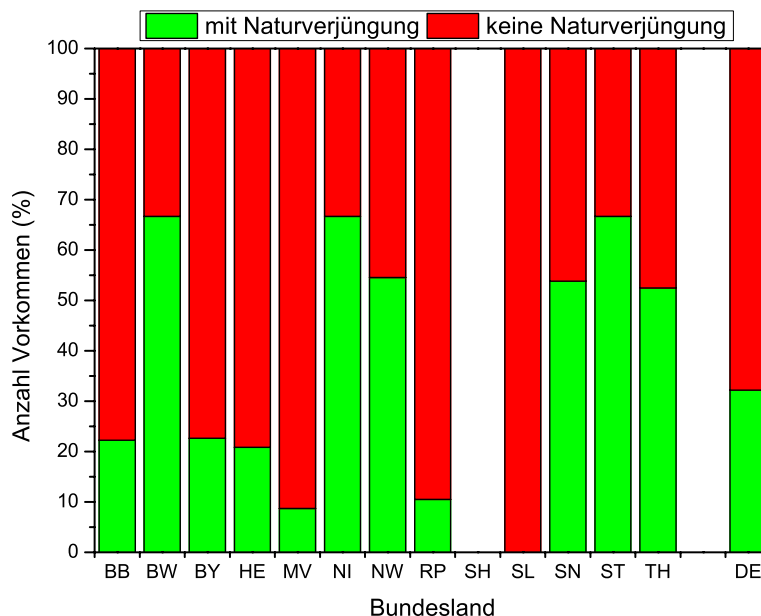


Abbildung 4-29: Anteile der Vorkommen mit Naturverjüngung.

4.7 Eigentumsverhältnisse

Da einige Vorkommen durch ihre Ausdehnung zu verschiedenen Eigentumsarten und Eigentümern gehören, bezieht sich die Angabe oft nicht auf die gesamte Fläche der jeweiligen Vorkommen. Dies trifft meist zu, wenn mehrere Gen-Objekte zu einem größeren Vorkommen zusammengefasst wurden. Angegeben wurde die Eigentumsart, in der der größte Teil des Vorkommens lag. Bei einem kleinen Teil der Vorkommen konnte die Eigentumsart nicht ermittelt werden.

Die meisten Vorkommen liegen in Staatswäldern, gefolgt von Großprivat- und Körperschaftswald. Wenige Flächen liegen im Bundeswald und im Kleinprivatwald (Abbildung 4-30).

Sehr differenzierter sieht die Verteilung der Eigentumsarten in den einzelnen Bundesländern aus. Während in Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen und Hessen die Vorkommen fast ausschließlich im öffentlichen Wald (Staats- und Körperschaftswald) liegen, verteilen sich die Vorkommen in den anderen Bundesländern nahezu auf alle Besitzarten in unterschiedlicher Größenordnung. Die meisten Vorkommen im Privatwald liegen in Sachsen (6 von 13), Bayern (45 von 128) und Thüringen (13 von 40). Der Bestand im Saarland mit nur 10 Bäumen liegt im Kleinprivatwald (Abbildung 4-31).

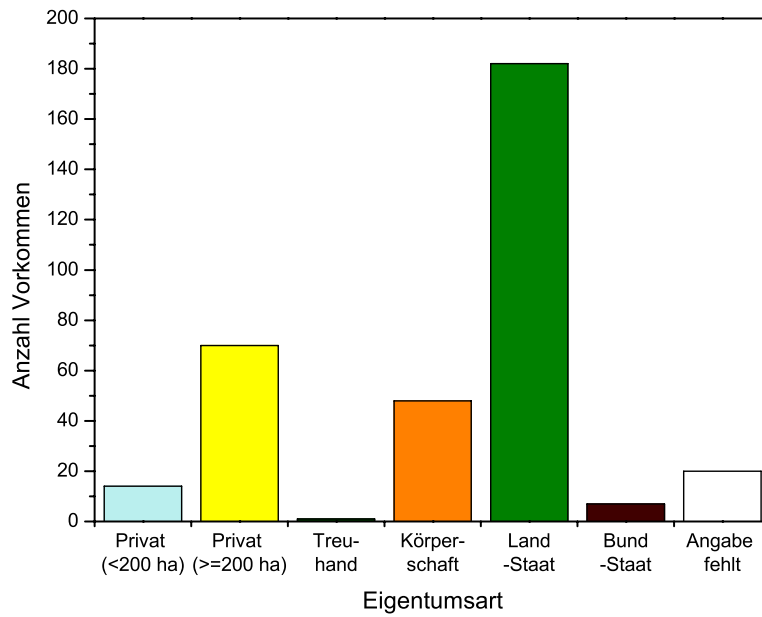


Abbildung 4-30: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen innerhalb Deutschlands.

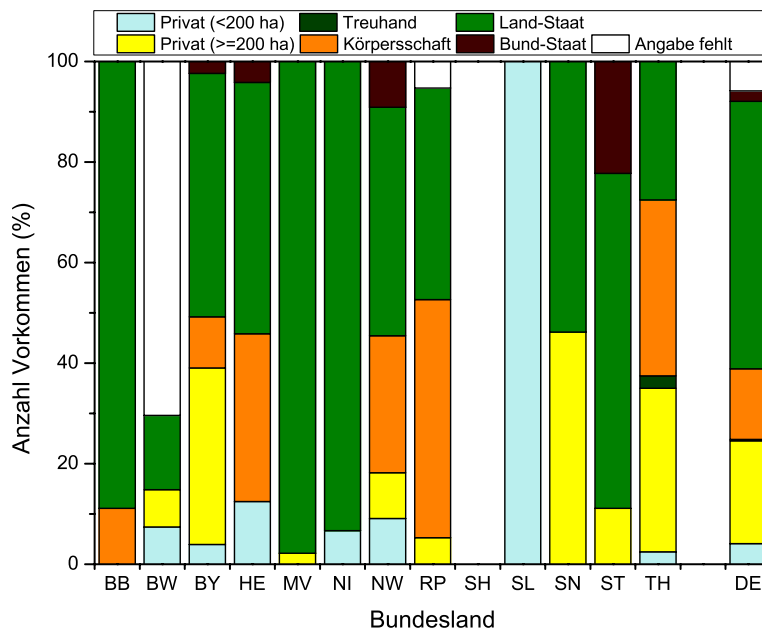


Abbildung 4-31: Prozentuale Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern und in Deutschland.

Tabelle 4-8: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen.

BL	Eigentumsart (absolute Angaben)							Eigentumsart (relative Angaben in Prozent)							
	Privat <200	Privat >=200	Treuhand	Körperschaft	Land-Staat	Bund-Staat	keine Angabe	Σ	Privat <200	Privat >=200	Treuhand	Körperschaft	Land-Staat	Bund-Staat	keine Angabe
BB	0	0	0	1	8	0	0	9	0,0	0,0	0,0	11,1	88,9	0,0	0,0
BW	2	2	0	0	4	0	19	27	7,4	7,4	0,0	0,0	14,8	0,0	70,4
BY	5	45	0	13	62	3	0	128	3,9	35,2	0,0	10,2	48,4	2,3	0,0
HE	3	0	0	8	12	1	0	24	12,5	0,0	0,0	33,3	50,0	4,2	0,0
MV	0	1	0	0	45	0	0	46	0,0	2,2	0,0	0,0	97,8	0,0	0,0
NI	1	0	0	0	14	0	0	15	6,7	0,0	0,0	0,0	93,3	0,0	0,0
NW	1	1	0	3	5	1	0	11	9,1	9,1	0,0	27,3	45,5	9,1	0,0
RP	0	1	0	9	8	0	1	19	0,0	5,3	0,0	47,4	42,1	0,0	5,3
SH	0	0	0	0	0	0	0	0							
SL	1	0	0	0	0	0	0	1	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
SN	0	6	0	0	7	0	0	13	0,0	46,2	0,0	0,0	53,8	0,0	0,0
ST	0	1	0	0	6	2	0	9	0,0	11,1	0,0	0,0	66,7	22,2	0,0
TH	1	13	1	14	11	0	0	40	2,5	32,5	2,5	35,0	27,5	0,0	0,0
DE	14	70	1	48	182	7	20	342	4,1	20,5	0,3	14,0	53,2	2,0	5,8

4.8 Schutzstatus

Von den untersuchten 342 Eiben-Vorkommen befinden sich 281 Bestände (82,2 %) in einem Schutzgebiet (Abbildung 4-32). Der Großteil (180 Bestände) ist durch den europäischen Natura 2000 Status (Flora-Fauna-Habitat und / oder Vogelschutzgebiet) geschützt. Dabei befinden sich 67 Bestände in FFH-Gebieten und 24 in SPA-Gebieten, bei 89 Beständen liegt sowohl ein FFH-, als auch SPA-Gebiet vor. Von den insgesamt 18 Beständen, die in Nationalparks liegen, hat nur ein einziger Bestand keinen Schutzstatus nach Natura 2000. In Biosphärenreservaten befinden sich 15 Bestände, 11 mit und 4 ohne Natura 2000 Schutzstatus. Innerhalb von Naturschutzgebieten liegen 57 Eiben-Vorkommen, von denen 54 gleichzeitig Natura 2000 Gebiet sind. In Landschaftsschutzgebieten und Naturparks befinden sich 172 und 127 Beständen - davon 79 und 14 außerhalb von Natura 2000 Gebieten. Für 61 Eiben-Vorkommen (17,8 %) besteht kein Schutzstatus.

Grundsätzlich befinden sich die untersuchten Eiben-Vorkommen in den einzelnen Bundesländern - im Vergleich zu anderen Baumarten - in einem guten Schutzstatus (Abbildung 4-33). In Bayern, mit insgesamt 128 Eiben-Vorkommen, unterliegen 82 % der Bestände (105) einem Schutzstatus (Abbildung 4-34). 51 Vorkommen sind durch Natura 2000 Status geschützt. In Rheinland-Pfalz, mit insgesamt 19 Beständen, sind nur 63 % (12) der Bestände geschützt. In Mecklenburg-Vorpommern sind es 70 % (32 von 46 Beständen). In allen anderen Bundesländern werden knapp 80 % (HE, ST), bis zu 90 % (SN, NI, BB) oder sogar über 90 % (TH, BW, NW) erreicht. Das einzige untersuchte Vorkommen im Saarland hat einen niedrigen Schutzstatus (Landschaftsschutzgebiet).

FFH- und SPA-Gebiete decken in allen Bundesländern zwischen 40 % (BY) und 85 % (SN) der Schutzstatus der Eiben ab (Abbildung 4-34).

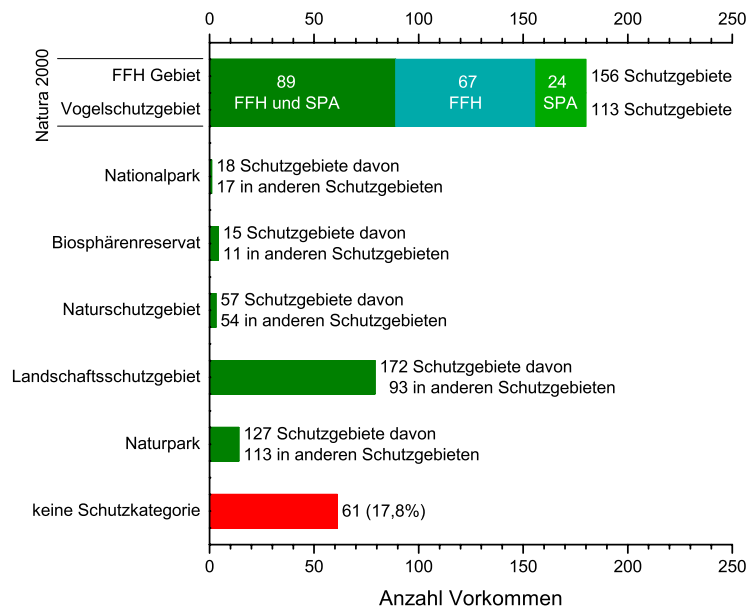


Abbildung 4-32: Anzahl der kartierten Vorkommen in Deutschland mit Schutzstatus.

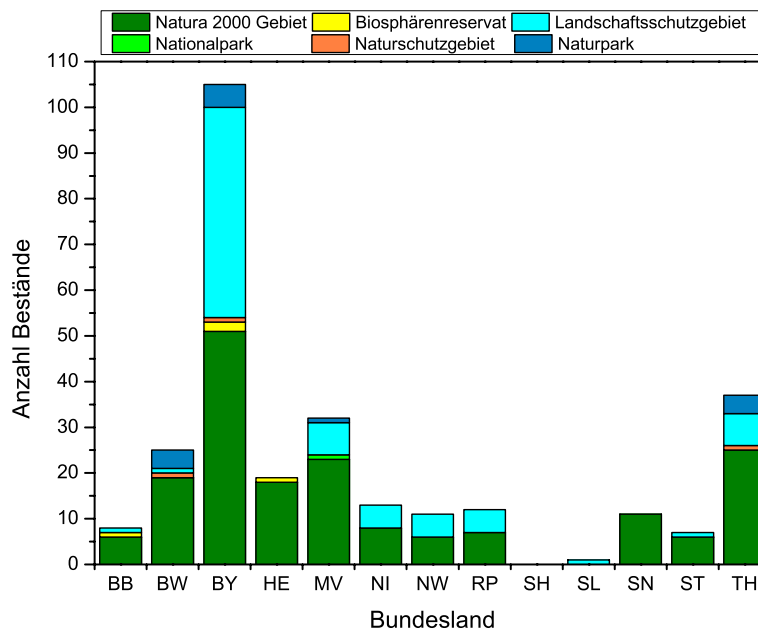


Abbildung 4-33: Anzahl der kartierten Bestände mit verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern. Dargestellt ist der höhere Schutzstatus in der Reihung: Natura 2000 Gebiet (FFH oder SPA) - Nationalpark - Biosphärenreservat - Naturschutzgebiet - Landschaftsschutzgebiet - Naturpark.

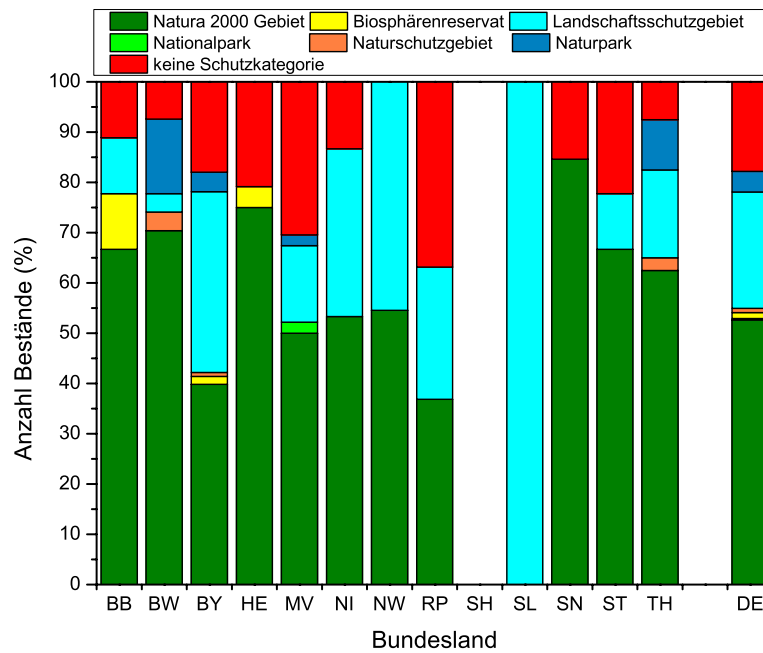


Abbildung 4-34: Prozentuale Verteilung der verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern. Dargestellt ist der höhere Schutzstatus in der Reihung: Natura 2000 Gebiet (FFH oder SPA) - Nationalpark - Biosphärenreservat - Naturschutzgebiet - Landschaftsschutzgebiet - Naturpark.

4.9 Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen

Untersucht wurden Stichproben aus 14 Vorkommen in 8 Bundesländern, die insgesamt 596 Individuen umfassten.

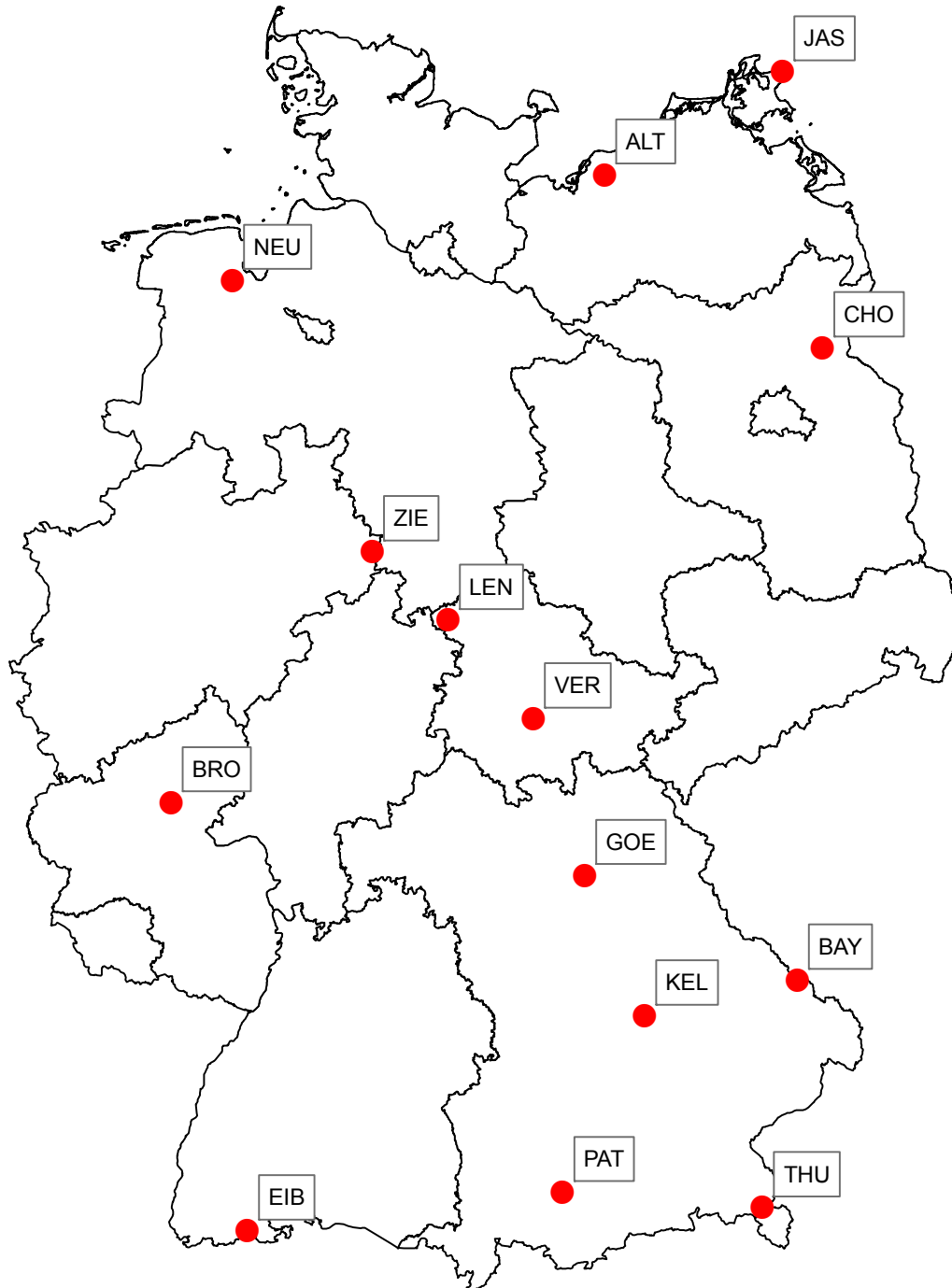


Abbildung 4-35: Lage der ausgewählten und beprobten Bestände innerhalb Deutschland.

4.9.1 Allelhäufigkeiten

In Tabelle 4-9 sind die Häufigkeiten der einzelnen Genvarianten in der Gesamtpopulation für die vierzehn Untersuchungsflächen aufgeführt.

Insgesamt wurden an den vierzehn untersuchten Genorten 40 Genvarianten (Allele) nachgewiesen. Drei der 14 untersuchten Genorte (AAT-A, LAP-A und PEP-CA) waren in allen Flächen monomorph. Der Genort MDH-C zeigte einen ausgeprägten Minorpolymorphismus in zwei Populationen (BW_Waldshut und RP_Brodenbachtal). Beide Populationen sind im Westen Deutschlands gelegen. In den anderen Populationen ist er monomorph.

Tabelle 4-9: Populationsgenetische Parameter für die 14 Eibenvorkommen im Vergleich.

Populationsbezeichnung	Anzahl untersuchter Proben	Vielfalt	Diversität		Heterozygotie		F-Wert
		Anzahl Allele	V_{gam}	N_e	H_b	H_e	
BB_Chorin	50	2,21	510,97	1,47	0,33	0,32	-0,04
BW_Waldshut	51	2,43	493,79	1,43	0,28	0,30	0,04
BY_BayerischerWald	50	2,14	290,30	1,42	0,28	0,29	0,09
BY_Gößweinstein	50	2,29	138,67	1,33	0,24	0,25	0,00
BY_Kelheim	30	2,07	110,08	1,34	0,23	0,25	0,09
BY_Paterzell	31	2,21	343,17	1,41	0,27	0,29	0,06
BY_Thumsee	49	2,14	348,60	1,42	0,27	0,29	0,07
MV_AltKarin	20	2,00	247,50	1,39	0,31	0,28	-0,11
MV_Jasmund	12	2,07	252,86	1,38	0,29	0,27	-0,07
NI_NeuenburgerUrwald	50	2,21	946,51	1,52	0,34	0,34	0,01
NW_Ziegenberg	50	2,36	438,27	1,45	0,30	0,31	0,03
RP_Brodenbachtal	53	2,29	40,84	1,27	0,23	0,21	-0,03
TH_Lengenberg	50	2,14	500,22	1,46	0,31	0,32	0,02
TH_Veronikaberg	50	2,50	321,24	1,41	0,28	0,29	0,09
Gesamt	596	2,22	355,93	1,41	0,28	0,29	0,02

Am Genort IDH-B ist eine Nord-Südtrennung in der genetischen Struktur zu beobachten. Während z.B. vier Populationen aus Bayern an diesem Genort fixiert sind auf das Allel IDH-B3, zeigen die Populationen aus Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg und Nordrhein-Westfalen einen Majorpolymorphismus mit den häufigen Varianten IDH-B2 und IDH-B3. Zu erwähnen ist auch die im Vergleich zu den anderen Populationen ausgewogene Allelverteilung an mehreren Genorten wie AAT-B, IDH-A, PGM-A in der Population NI_NeuenburgerUrwald. Am Genort PGM gibt es zwei Gruppen: in vier Vorkommen (BB_Chorin, MV_AltKarin, TH_Veronikaberg, NI_NeuenburgerUrwald) ist das Allel A4 am häufigsten, in den anderen 10 Populationen das Allel A2. Eine solche Umkehr in der Allelverteilung ist bei Waldbaumpopulationen bislang innerhalb Deutschlands noch nicht beobachtet worden.

Die Unterschiede in den Allelhäufigkeiten zwischen den untersuchten Populationen sind als sehr hoch einzuschätzen. Dies ist ein wichtiger Hinweis auf die große genetische Verschiedenheit der Eibe in Deutschland.

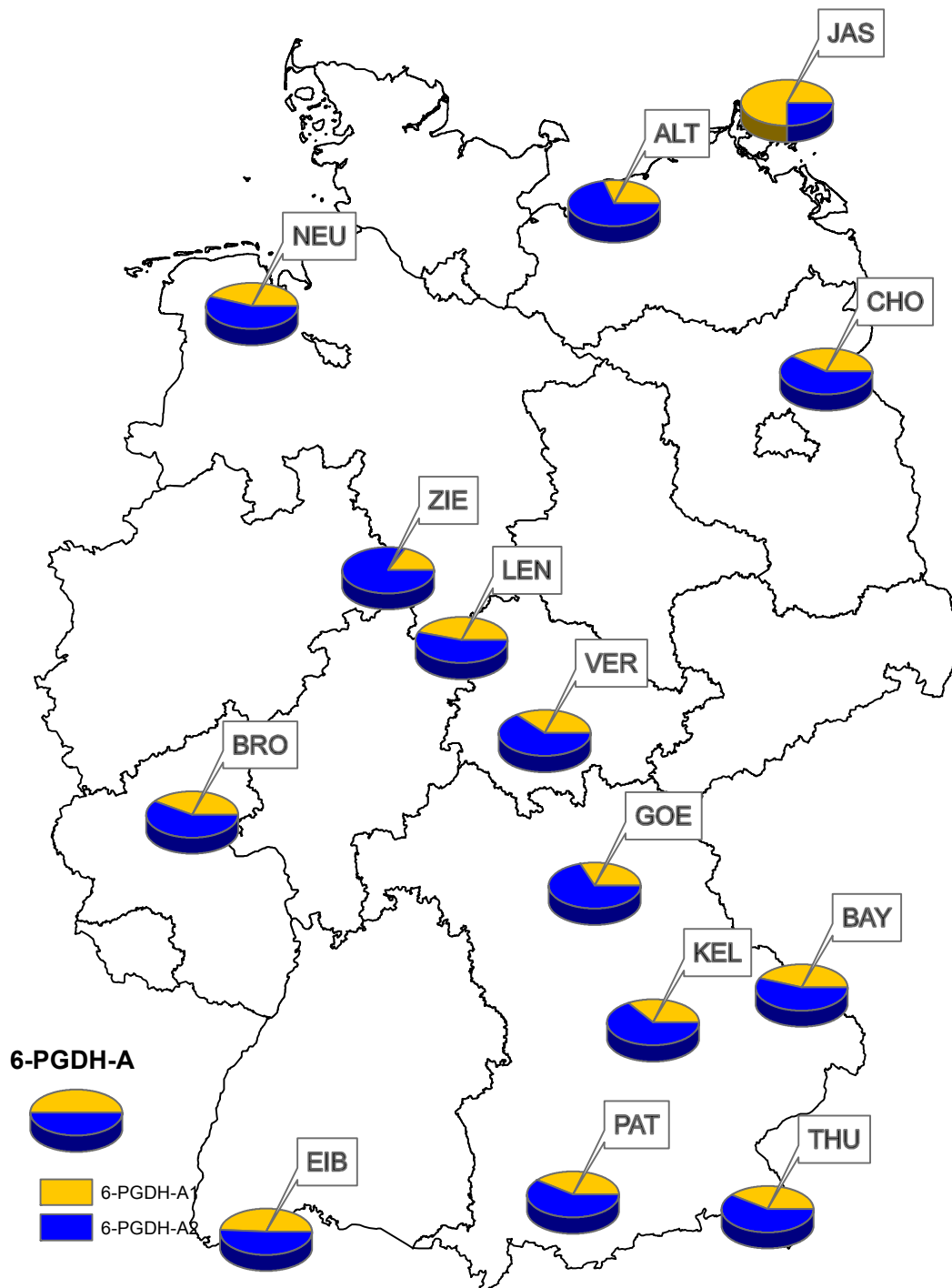


Abbildung 4-36: Allelhäufigkeiten am Genort 6-PGDH-A.

Die Vorkommen zeigen am Genort 6-PGDH-A (Abbildung 4-36) keine signifikanten Unterschiede in ihrer Allelhäufigkeit. Deutlich abgrenzen davon lässt sich das nordostdeutsche Vorkommen Jasmund mit dem höchsten Anteil des Allels A1 (75 %).

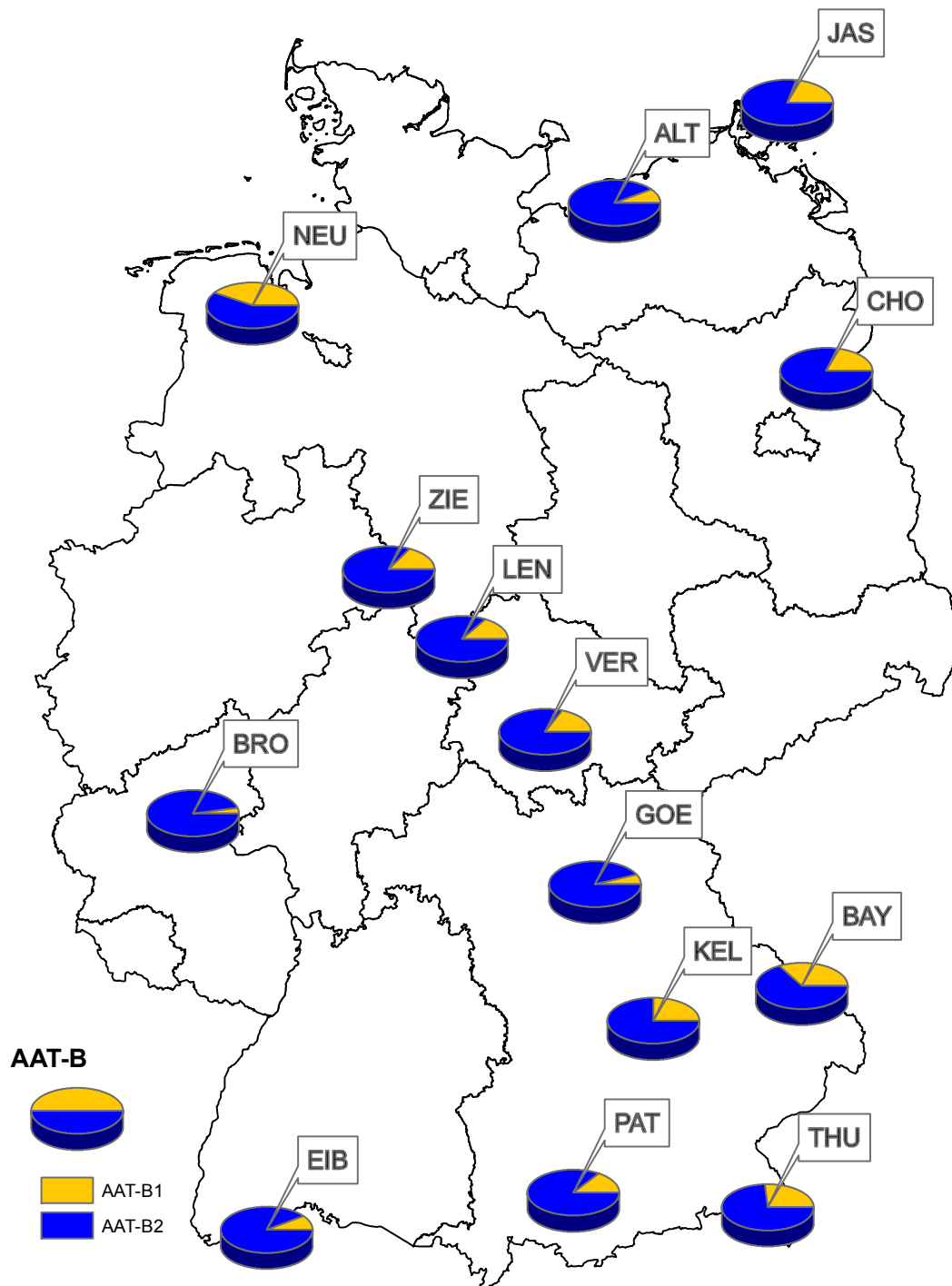


Abbildung 4-37: Allelhäufigkeiten am Genort AAT-B.

Ähnliche Strukturen des Genortes AAT-B1 und AAT-B2 (Abbildung 4-37) finden sich in den Vorkommen Lengenberg und Veronikaberg in Thüringen sowie Ziegenberg in Nordrhein-Westfalen und den südostbayerischen Vorkommen. Auffallend ist die geringe Allelhäufigkeit bei AAT-B1 bei dem Vorkommen Brodenbachtal in Rheinland-Pfalz und die hohe bei dem Vorkommen Neuenburger Urwald in Niedersachsen. Umgekehrt verhält es sich dort mit dem Genort AAT-B2.

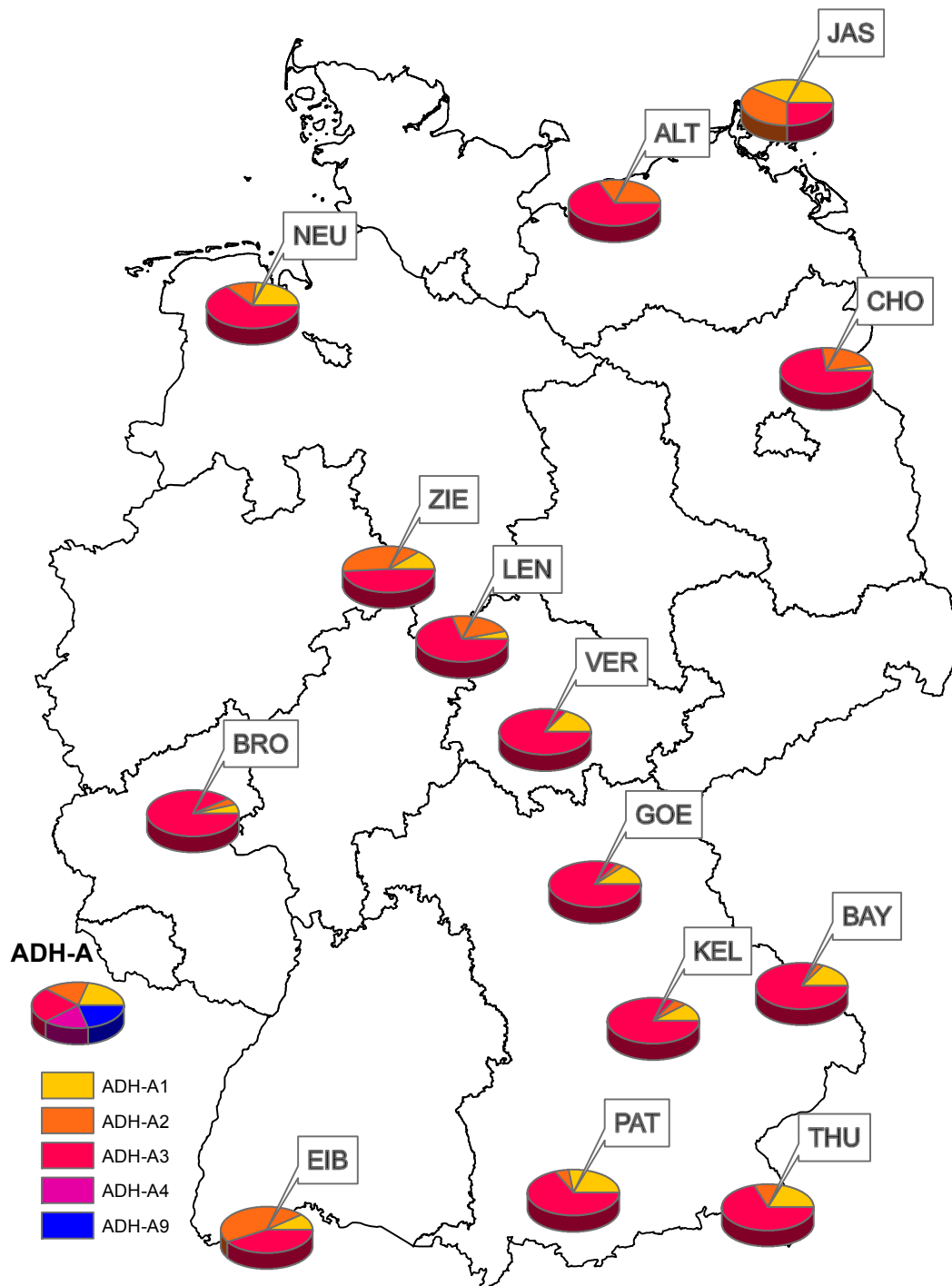


Abbildung 4-38: Allelhäufigkeiten am Genort ADH-A.

Ähnlich hohe Häufigkeitswerte am Genort ADH-A (Abbildung 4-38) weisen die bayerischen Vorkommen Gößweinstein, Kelheim und Bayerischer Wald auf, wobei das Vorkommen Gößweinstein am meisten streut. Die höchsten ADH-A1-Werte wurden im nordöstlichen Vorkommen Jasmund, die niedrigsten im südwestlichstn Vorkommen Waldshut gemessen.

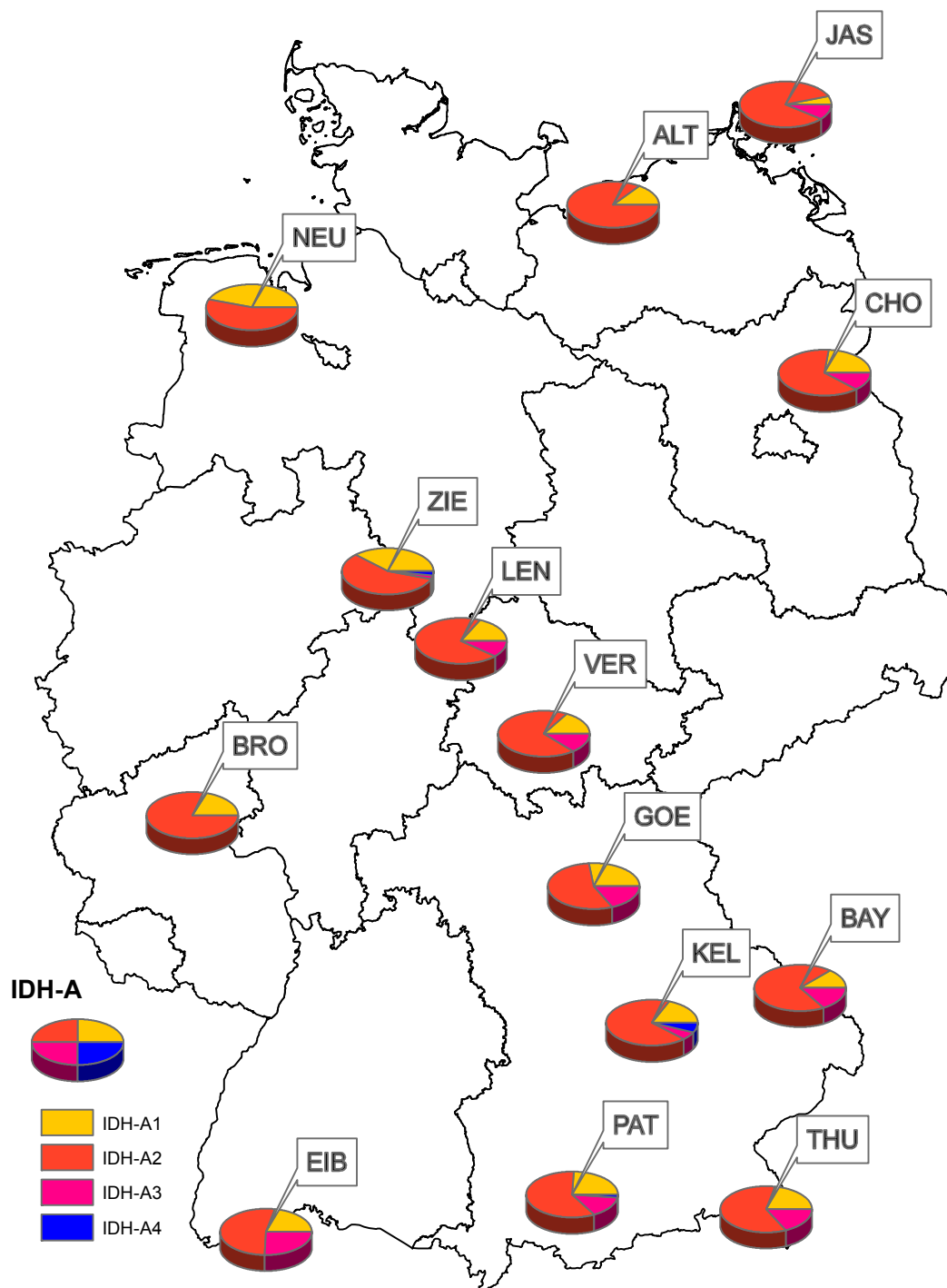


Abbildung 4-39: Allelhäufigkeiten am Genort IDH-A.

Innerhalb der 16 untersuchten Genorte streut der Genort IDH-A (Abbildung 4-39) am meisten. Die höchsten IDH-A2-Werte findet man in den nordostdeutschen Vorkommen Jasmund und AltKarin in Mecklenburg-Vorpommern. Mit geringen Anteilen ist der Genort IDH-A4 nur in den süd- und mitteldeutschen Vorkommen Gößweinstein, Kelheim, Paterzell, Waldshut, Ziegenberg und Veronikaberg vertreten, wobei die Häufigkeit mit 5 % in Kelheim am höchsten ist.

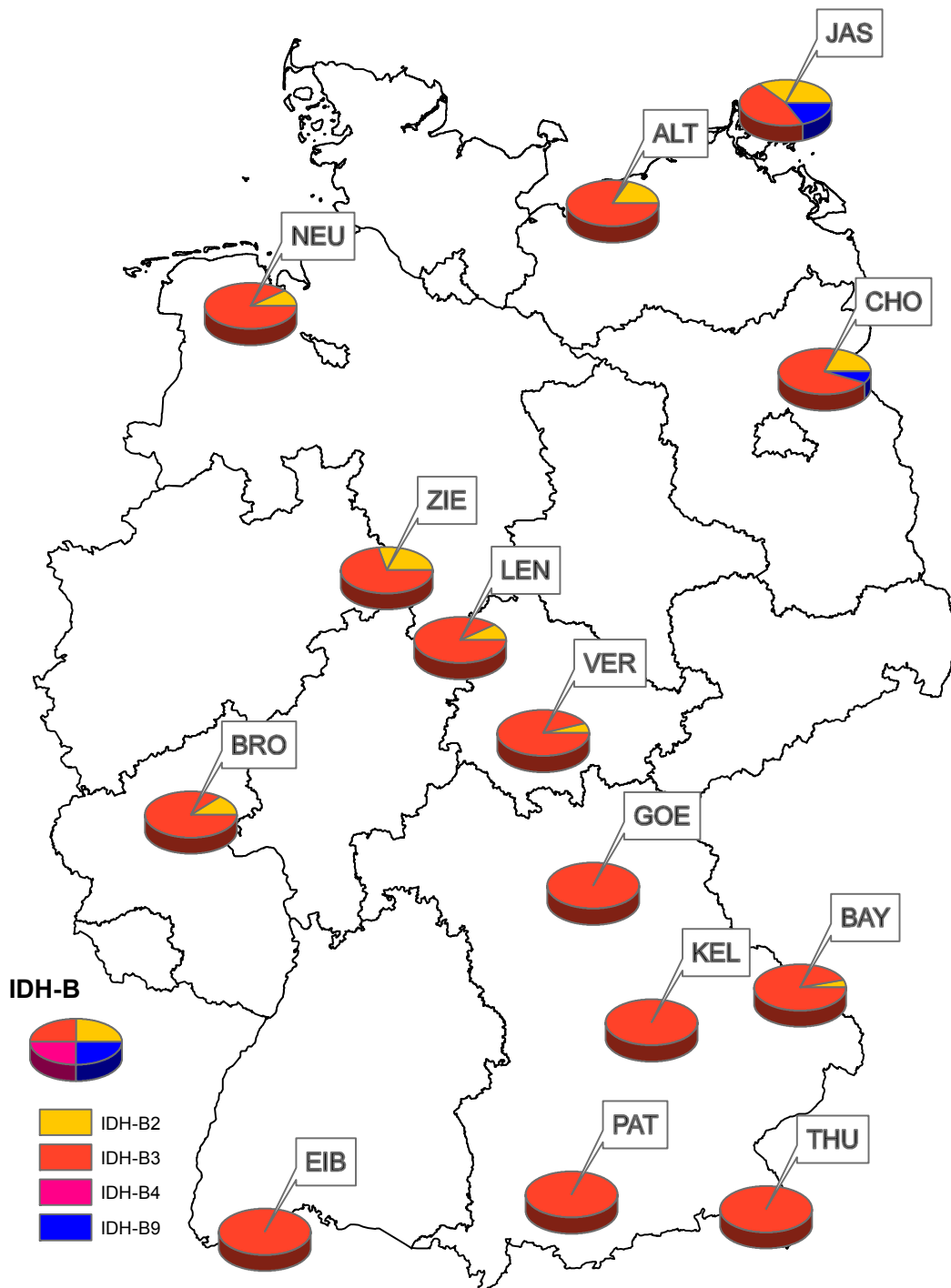


Abbildung 4-40: Allelhäufigkeiten am Genort IDH-B.

Als einzige Vorkommen weisen Chorin und Jasmund den Genort IHD-B9 (Abbildung 4-40) auf und grenzen sich deutlich von den mitteleuropäischen und süddeutschen Vorkommen ab. Im Gegensatz zu den mitteleuropäischen Vorkommen sind die süddeutschen nahezu identisch. Lediglich die Vorkommen Bayerischer Wald (4%) und Waldshut (1%) haben geringe Anteile des Genortes IHD-B2. Letzteres hat bei den mitteleuropäischen Vorkommen deutlich größere Anteile.

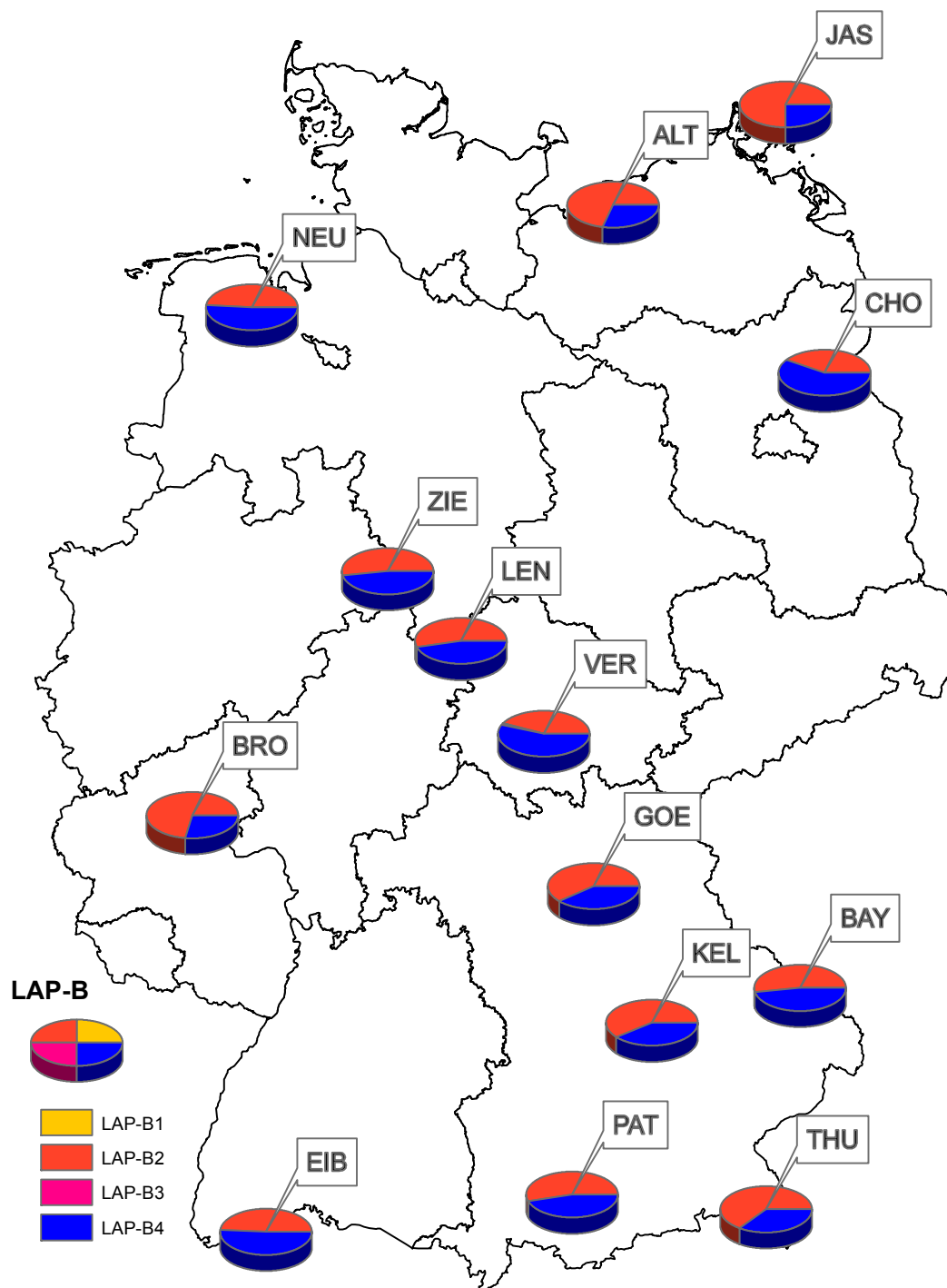


Abbildung 4-41: Allelhäufigkeiten am Genort LAP-B.

Als einziges Vorkommen weist Veronikaberg in Thüringen die Genorte LAP-B1 und LAP-B3 (Abbildung 4-41) auf. Im Vergleich zu den übrigen Vorkommen fallen die relativ hohen Werte von LAP-B2 der Vorkommen Brodenbach sowie der beiden nordostdeutschen Vorkommen Jasmund und AltKarin auf (72 bis 75 %).

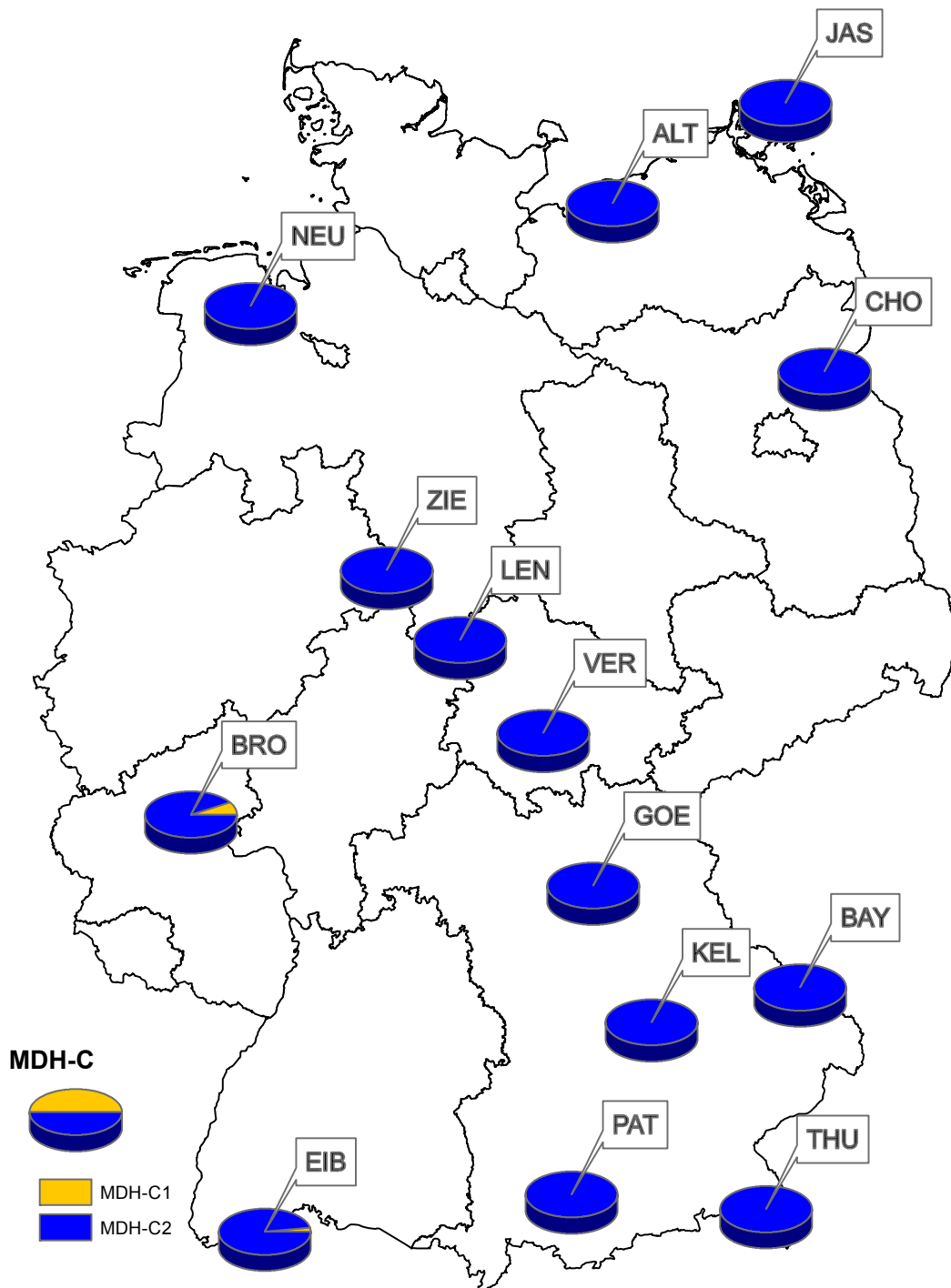


Abbildung 4-42: Allelhäufigkeiten am Genort MDH-C.

Beim Genort MDH-C (Abbildung 4-42) treten in nur zwei Vorkommen, Brodenbach und Waldshut, geringe Anteile des Genortes MDH-C1 auf (2 - 6,6 %). Ansonsten sind die Häufigkeiten bei allen Vorkommen gleich.

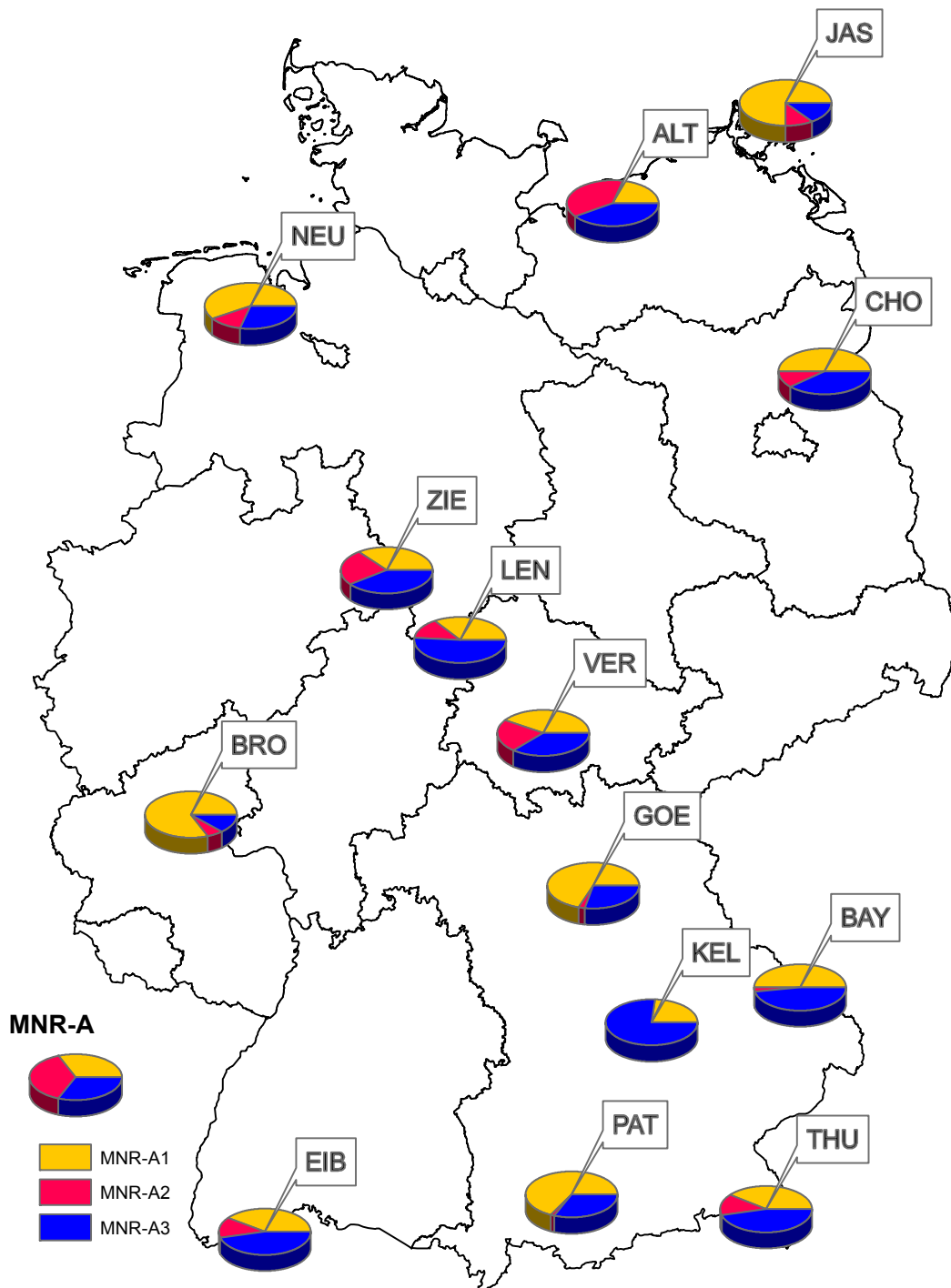


Abbildung 4-43: Allelhäufigkeiten am Genort MNR-A.

Die Streuung der Allele am Genort MNR-A (Abbildung 4-43) ergibt ein sehr uneinheitliches Bild. Deutlich erkennbar ist der relativ hohe Anteil an MNR-A2 in den nord- und mitteldeutschen Vorkommen. Lediglich die Vorkommen Thumsee und Waldshut in Süddeutschland haben annähernd hohe Anteile.

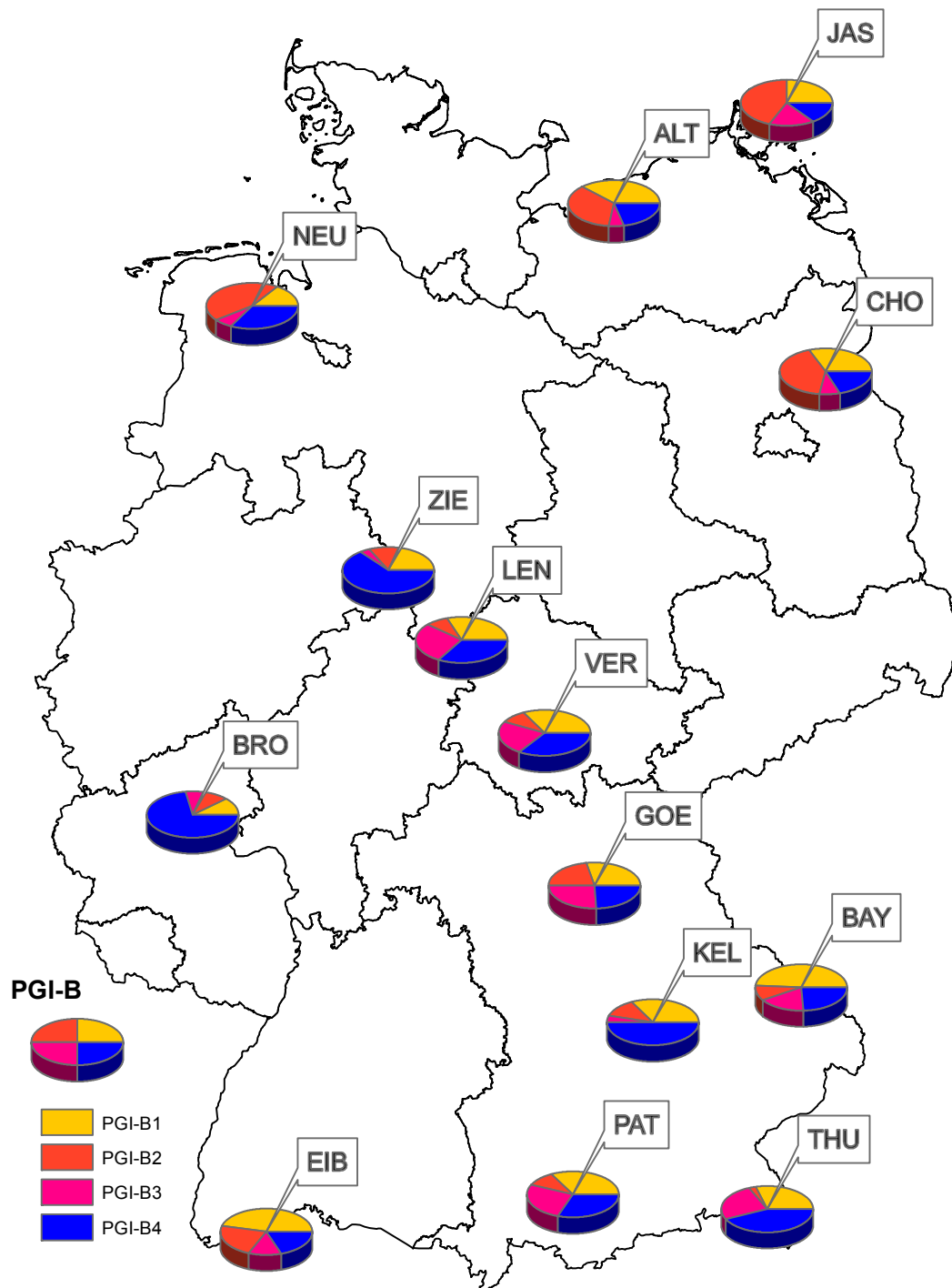


Abbildung 4-44: Allelhäufigkeiten am Genort PGI-B.

Der Vergleich der Allelhäufigkeiten aller Vorkommen am Genort PGI-B (Abbildung 4-44) zeigt ein sehr uneinheitliches Bild. Hohe Anteile von GPI-B1 wurden gemessen in den süddeutschen Vorkommen Bayerischer Wald (49 %) und Waldshut (47%), wobei das Vorkommen Thumsee die geringsten Anteile (31 %) aufweist. Deutlich davon unterscheiden sich die norddeutschen Vorkommen Jasmund, AltKarin, Chorin und Neuenburger Urwald mit relativ hohen Anteilen an PGI-B2 (32 -45 %).

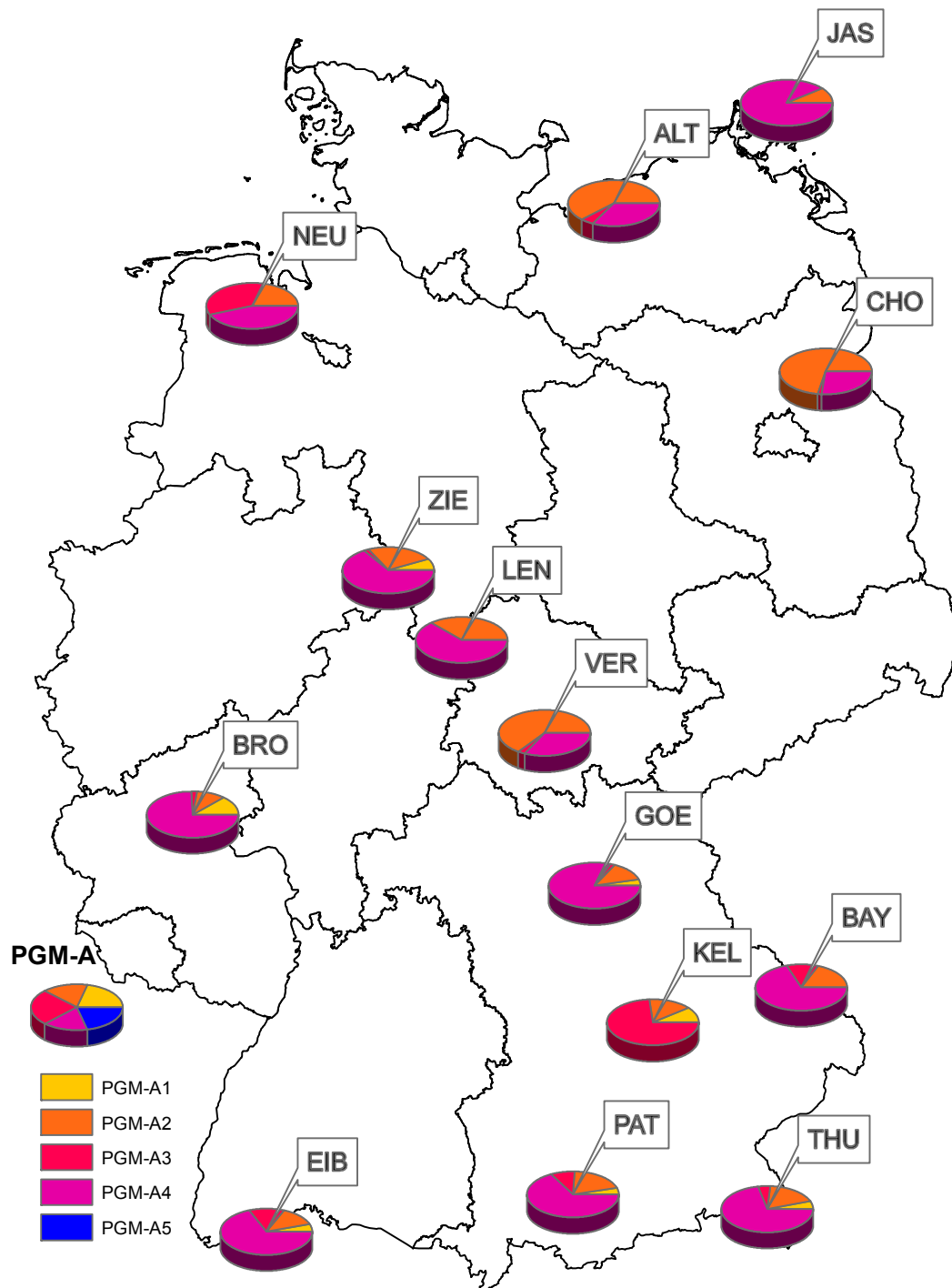


Abbildung 4-45: Allelhäufigkeiten am Genort PGM-A.

Mit 91,7 % bzw. 82,7 % wurden bei den Vorkommen Jasmund und Gößweinstein am Genort PGM-A (Abbildung 4-45) die höchsten Werte des Allels A4 gemessen. Mit 73,4 %-Anteil an dem Allel 3 unterscheidet sich das Vorkommen Kelheim deutlich von allen anderen.

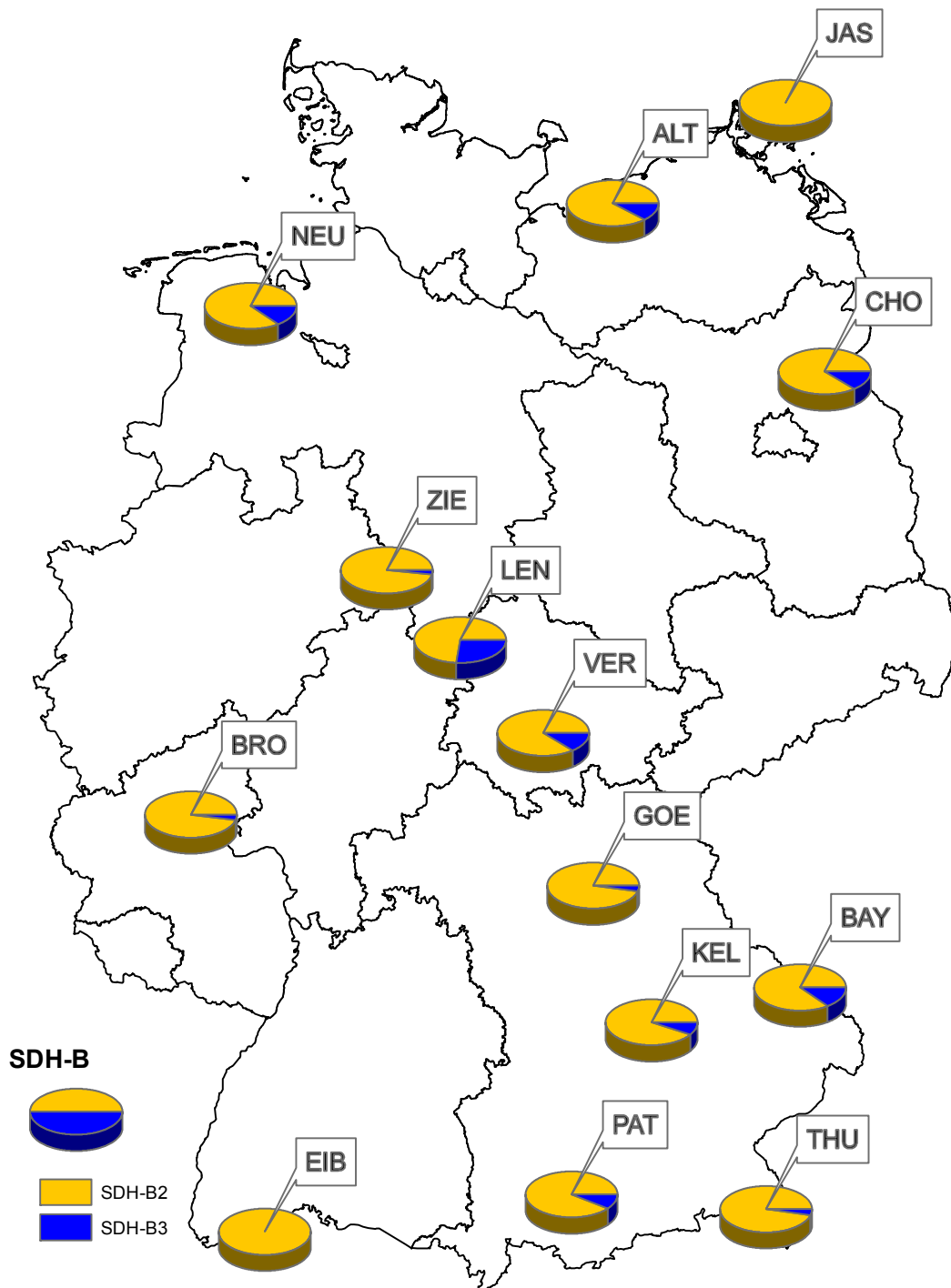


Abbildung 4-46: Allelhäufigkeiten am Genort SDH-B.

Nahezu völlig identisch am Genort SDH (Abbildung 4-46) sind die Vorkommen Jasmund (100 % SDH-B) und Waldshut (99 % SDH-B2, 1% SDH-B3). Bei den übrigen Vorkommen sind keine signifikanten Unterschiede zu erkennen, lediglich das Vorkommen Lengenber in Thüringen weist hohe SDH-B3 Werte auf (27 %).

4.9.2 Genetische Variation innerhalb der Eibenvorkommen

Die Werte der Parameter, die die genetische Variation innerhalb der Vorkommen beschreiben, sind in Tabelle 4-10 eingetragen.

Tabelle 4-10: Genetischer Abstand zwischen den untersuchten Eibenvorkommen.

	BB_Chorin	BW_Waldshut	BY_BayerischerWald	BY_Goessweinstein	BY_Kelheim	BY_Paterzell	BY_Thumsee	MV_AltKarin	MV_Jasmund	NI_NeuenburgerUrwald	NW_Ziegenberg	RP_Brodnbachtal	TH_Lengenberg	TH_Veronikaberg
BB_Chorin	0,00	0,14	0,13	0,15	0,16	0,12	0,13	0,10	0,20	0,13	0,14	0,18	0,10	0,08
BW_Waldshut		0,00	0,10	0,11	0,13	0,10	0,10	0,15	0,20	0,15	0,13	0,17	0,11	0,14
BY_BayerischerWald			0,00	0,10	0,08	0,07	0,07	0,16	0,21	0,11	0,17	0,15	0,09	0,08
BY_Gößweinstein				0,00	0,11	0,06	0,09	0,16	0,19	0,15	0,14	0,11	0,13	0,12
BY_Kelheim					0,00	0,10	0,08	0,16	0,23	0,15	0,15	0,13	0,11	0,11
BY_Paterzell						0,00	0,06	0,16	0,19	0,11	0,13	0,13	0,09	0,09
BY_Thumsee							0,00	0,15	0,19	0,12	0,12	0,13	0,08	0,10
MV_AltKarin								0,00	0,21	0,18	0,14	0,17	0,12	0,11
MV_Jasmund									0,00	0,22	0,21	0,14	0,21	0,23
NI_NeuenburgerUrwald										0,00	0,15	0,17	0,14	0,14
NW_Ziegenberg											0,00	0,16	0,12	0,14
RP_Brodnbachtal												0,00	0,15	0,15
TH_Lengenberg													0,00	0,08
TH_Veronikaberg														0,00

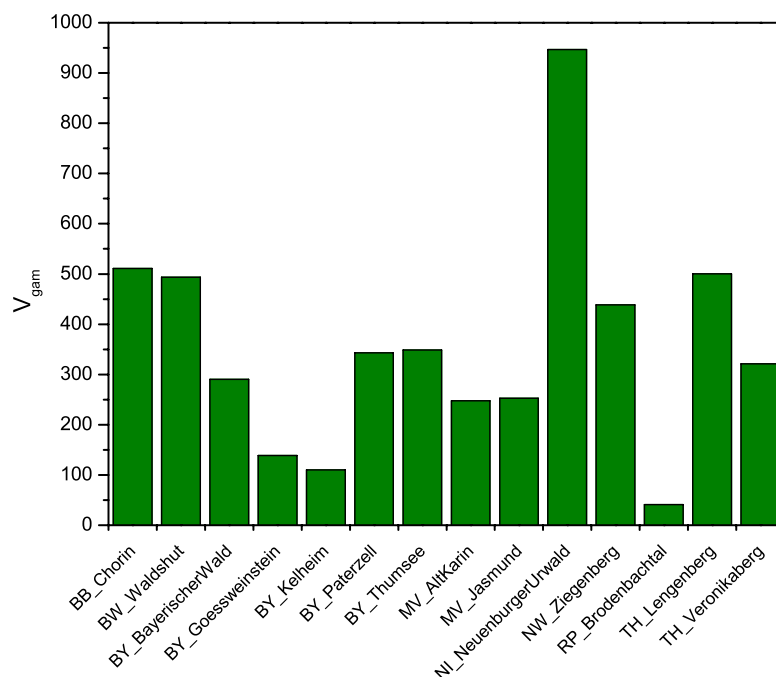


Abbildung 4-47: Genetische Diversität in den untersuchten Eibenvorkommen.

Die genetische Vielfalt, d.h. die mittlere Anzahl der Genvarianten je Genort, variiert in den Eibenvorkommen zwischen 2,00 (MV_AltKarin) und 2,50 (TH_Veronikaberg). Diese Unterschiede sind als nicht sehr hoch einzuschätzen. Demgegenüber ist die genetische Diversität mit einer Spreitung bei V_{gam} zwischen 40,00 (RP_Brodnbachtal) und 946,51 (NI_NeuenburgerUrwald), bzw. bei N_e zwischen 1,27 (RP_Brodnbachtal) und 1,52 (NI_NeuenburgerUrwald) stark unterschiedlich. Hervorzuheben ist auch die geringe Diversität in den beiden Vorkommen aus BY_Kelheim ($V_{gam} = 110,08$) und BY_Gößweinstein ($V_{gam} = 138,67$). Das Vorkommen NI_NeuenburgerUrwald fällt auch durch den höchsten Diversitätswert und einen geringen F-Wert positiv auf.

Die F-Werte sind bis auf wenige Ausnahme nahe Null, d.h. Inzuchteffekte können ausgeschlossen werden. Dies gilt auch für die drei Populationen mit etwas höheren positiven Werten ($F = 0,09$), wo die Einzellocus-Werte keine einheitliche Tendenz aufzeigen. Das Vorkommen MV_AltKarin zeigt mit 11 % ($F = -0,11$) die höchste Abweichung von der Gleichgewichtsverteilung (Hardy-Weinberg-Strukturen) auf, allerdings im negativen Sinn, d.h. es weist einen Heterozygotenüberschuss auf.

Die Unterschiede in der Diversität zwischen den Vorkommen sind in Abbildung 4-47 nochmal dargestellt. Daraus sind die Populationen mit Extremwerten besser ersichtlich.

4.9.3 Genetische Abstände und Differenzierung zwischen den Eibenpopulationen

Die Werte der genetischen Abstände (allelisch) sind im Anhang enthalten. Werte über 10 Prozent sind als vergleichsweise hoch einzuwerten und sind ein Indiz für hohe genetische Unterschiede zwischen den Populationen. Der höchste Abstand wurde mit 23 % zwischen den Vorkommen MV_Jasmund und BY_Kehlheim sowie MV_Jasmund und TH_Veronikaberg gefunden. Demgegenüber ist der Abstand zwischen den bayerischen Vorkommen BY_BayerischerWald und By_Paterzell bzw. BY_Thumsee mit nur 7 % deutlich geringer.

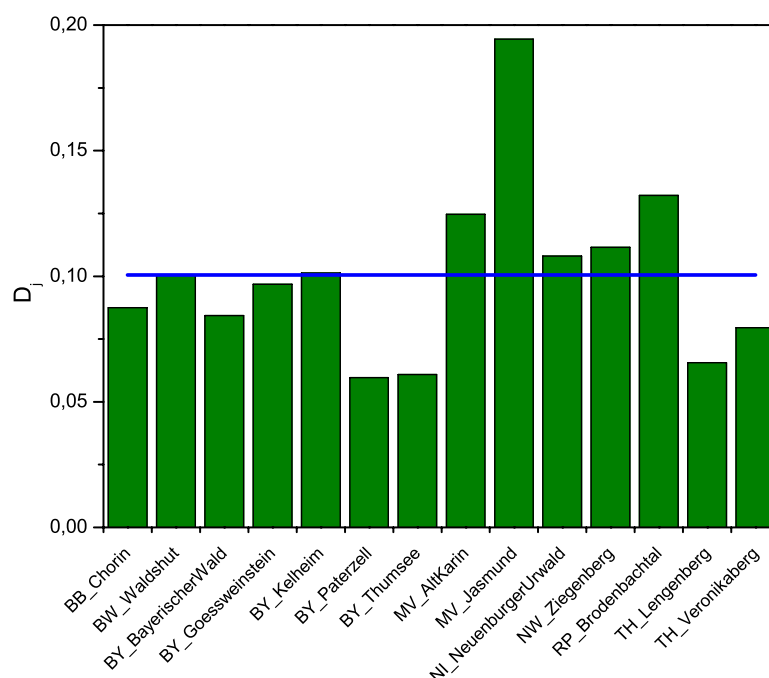


Abbildung 4-48: Differenzierungswerte (D_j) der vier untersuchten Populationen.

Die blaue Linie zeigt die mittlere Differenzierung aller Populationen mit $\delta = 8,3\%$ an.

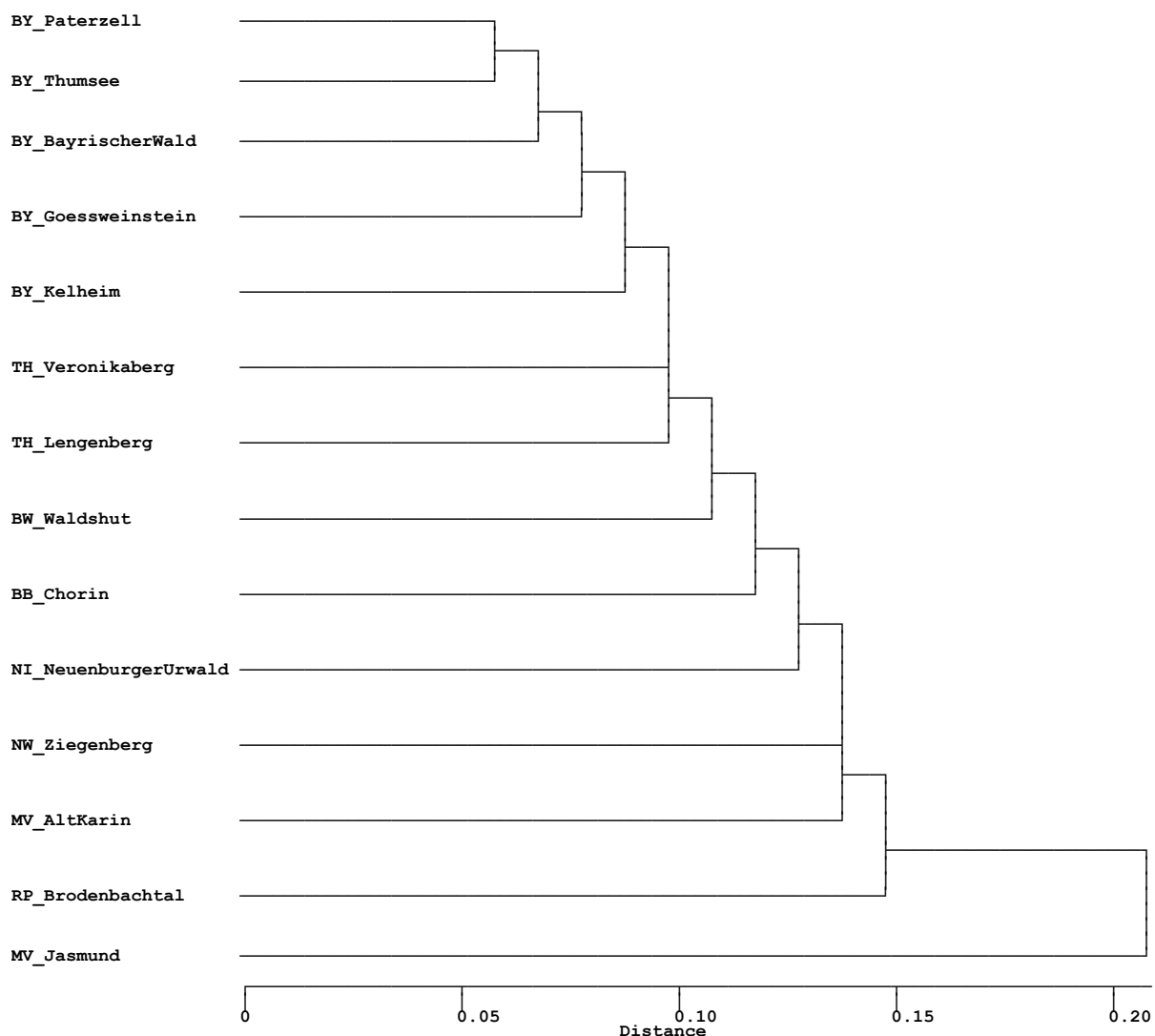


Abbildung 4-49: Gruppierung der untersuchten Eibenvorkommen aufgrund des genetischen Abstandes.

Diese klare geographische Strukturierung, die sich in den Werten des genetischen Abstandes bereits angedeutet hat, ist dem Dendrogramm (Abbildung 4-49) zu entnehmen. Die Vorkommen aus Bayern und dem angrenzenden Thüringen liegen nebeneinander. Am entgegengesetzten Ende des Dendrogramms sind die Vorkommen aus Mittel und Norddeutschland, allerdings mit größeren genetischen Unterschieden untereinander. Deutlich abgesetzt von allen anderen ist das Vorkommen MV_Jasmund. Allerdings muss man hier immer die doch äußerst geringe Probenzahl aus diesem Vorkommen berücksichtigen. Die Trennung in südliche und nördliche Eibenvorkommen erscheint gerechtfertigt.

Die in der Abbildung 4-48 dargestellten Differenzierungswerte 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 zusammengekommen. Der Mittelwert \bar{d} zeigt die mittlere Differenzierung aller vierzehn Bestände an. Er ist ein Indikator für die genetische Heterogenität der untersuchten Eibenbestände. Die mittlere Differenzierung \bar{d} ist mit 10 % als hoch einzuschätzen, wobei auch hier der Bestand MV_Jasmund durch den höchsten Differenzierungswert auffällt ($D_j = 19,4\%$).

Damit hat dieser Bestand die mit Abstand geringste Repräsentativität für das gesamte Untersuchungsmaterial. Dies gilt etwas eingeschränkt auch für die Vorkommen MV_AltKarin und RP_Brodenbachtal (übrigens das Vorkommen mit der geringsten Diversität).

Am wenigsten differenziert und damit am repräsentativsten für den Gesamtpool sind die Bestände BY_Paterzell und BY_Thumsee aus Bayern sowie TH_Lengenberg und TH_Veronikaberg aus Thüringen.

4.9.4 Schlußfolgerungen

In den 14 untersuchten Populationen konnten 40 Genvarianten festgestellt werden. Aufgrund der geringen F-Werte in fast allen Populationen können Inzuchteffekte ausgeschlossen werden.

Zwischen den Populationen sind die Unterschiede in den Allelhäufigkeiten als sehr hoch einzuschätzen. Dies ist ein wichtiger Hinweis auf die große genetische Verschiedenheit der Eibe in Deutschland. Die Eibenvorkommen in Deutschland können nach südlichen und nördlichen Beständen aufgeteilt werden.

Unter Berücksichtigung der hohen Diversitätswerte erscheinen die Vorkommen NI_NeuenburgerUrwald, BY_Paterzell und BY_Thumsee für die Generhaltung als sehr gut geeignet.

5 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Die bundesweite Erfassung der Eibe nach einheitlichen Kriterien ermöglicht einen Gesamtüberblick über das Vorkommen und die genetischen Ressourcen der Baumart in der Bundesrepublik. 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 Eibe in Deutschland.

Die Ergebnisse sind Grundlage für folgende Verwertungsaufgaben:

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 abschließende Erfassung aller Vorkommen erhebt die vorliegende Kartierung allerdings nicht. Dies wäre nur mit unverhältnismäßig hohem Aufwand möglich gewesen.

5.1 Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit

Ziel der Kartierung zur Generhaltung ist nicht die reine Erfassung aller Vorkommen. Nicht jedes Vorkommen erfüllt 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 überdauern 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 (die 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 Generhaltungsobjekte

nur in Datenbanken erfasst, beobachtet, aktiv bewirtschaftet, genetisch untersucht, *in situ* 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 Versuchsanstalten zuständig. Es war daher nicht Ziel des Projektes, Generhaltungsobjekte vorzuschlagen – dennoch können aus Bundesdssicht prädestinierte Regionen bzw. Vorkommen empfohlen werden. Zur Bewertung der Erhaltungsfähigkeit von Vorkommen wurden die drei Parameter Abundanz, durchschnittliche Vitalität und die Altersstrukturqualität in Zusammenhang gestellt (vgl. Abbildung 5-1).

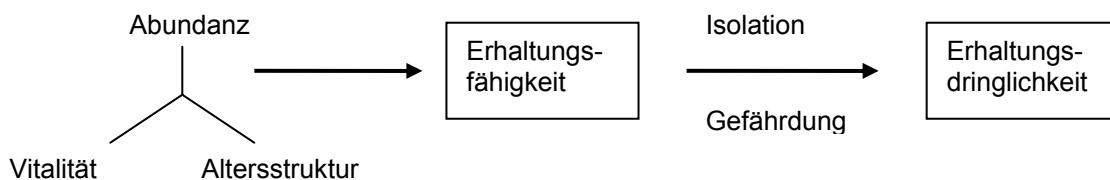


Abbildung 5-1: Bewertungsparameter zur Bestimmung des Grades der Erhaltungsfähigkeit und der Erhaltungsdringlichkeit (Quelle: LFE).

Die beschriebenen Kriterien sind nach den allgemeinen Merkmalen der kartierten Vorkommen definiert worden. Der Grad der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit kann zunächst abstrakt aus der Datenanalyse erfolgen, wie sie bereits im Kapitel 3.6.9 "Ermittlung der Erhaltungsfähigkeit nach phänotypischen Kriterien" erläutert wurde. Wenn einer der drei Parameter die gesetzten Anforderungen (Grenzwerte) nicht erfüllt, wurden die Erhaltungsfähigkeit nicht als sehr gut oder gut eingestuft, da die Erhaltung dieser Ressource nicht oder nur mit mehr oder weniger 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 dann aufgrund der regionalen Bedingungen durch die vor Ort zuständigen Versuchsanstalten erfolgen.

Das bundesweite Konzept zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen präferiert die Erhaltung *in situ*, d. h. demnach sind vorrangig vitale, individuenreiche und mit einem entsprechenden Verjüngungsmuster ausgestattete Populationen geeignet, die sich ohne größere (*Ex-situ*-) Aufwendungen langfristig erhalten werden. Vor diesem Hintergrund sind die Anteile erhaltungswürdiger Bestände in fünf Bewertungsstufen dargestellt (Tabelle 5-1 und Tabelle 5-2), die die "*In-situ*-Erhaltungsfähigkeit" dokumentiert. Die Abbildung 5-2 und die Abbildung 5-3 stellen die Zahlen anschaulich dar.

Der Anteil der mit sehr gut oder gut bewerteten Vorkommen ist dabei sehr gering, lediglich 4,1 % der erfassten Vorkommen fallen in diese beiden Kategorien. Als geschwächt wurden 11,5 % der Vorkommen bewertet. Die überwiegende Zahl der Vorkommen (83,8 %) wurde in die Stufe bedroht eingeordnet. 0,6 % der Vorkommen wurden als absterbend beurteilt. Diese

Zahlen belegen die Notwendigkeit von Maßnahmen zur Förderung der Eibe *in situ* bzw. der Etablierung von *Ex-situ*-Genobjekten.

Tabelle 5-1: Absolute Zahlen der Stufen der Erhaltungsfähigkeit nach Ländern.

Klasse	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SH	SL	SN	ST	TH	DE
sehr gut	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
gut	0	2	2	1	0	0	0	1	0	0	0	0	7	13
geschwächt	2	6	10	4	1	1	0	0	0	0	1	2	12	39
bedroht	7	19	115	18	44	13	11	18	0	1	12	7	20	285
absterbend	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Summe	9	27	128	23	46	14	11	19	0	1	13	9	40	340
nicht bewertbar	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2

Tabelle 5-2: Anteile der Stufen der Erhaltungsfähigkeit nach Ländern.

Klasse	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SH	SL	SN	ST	TH	DE
sehr gut	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,5	0,3
gut	0,0	7,4	1,6	4,3	0,0	0,0	0,0	5,3	0,0	0,0	0,0	0,0	17,5	3,8
geschwächt	22,2	22,2	7,8	17,4	2,2	7,1	0,0	0,0	0,0	0,0	7,7	22,2	30,0	11,5
bedroht	77,8	70,4	89,8	78,3	95,7	92,9	100,0	94,7	100,0	100,0	92,3	77,8	50,0	83,8
absterbend	0,0	0,0	0,8	0,0	2,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,6
Summe	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100

Relativ hohe Anteile von erhaltungsfähigen Vorkommen finden sich in Thüringen, Baden-Württemberg, und Hessen. Im Saarland und in Nordrhein-Westfalen werden alle aufgenommenen Eibenvorkommen als bedroht eingestuft. In allen anderen Bundesländern dominieren dagegen die bedrohten Vorkommen, lediglich in Thüringen sind die Vorkommen am günstigsten zu beurteilen.

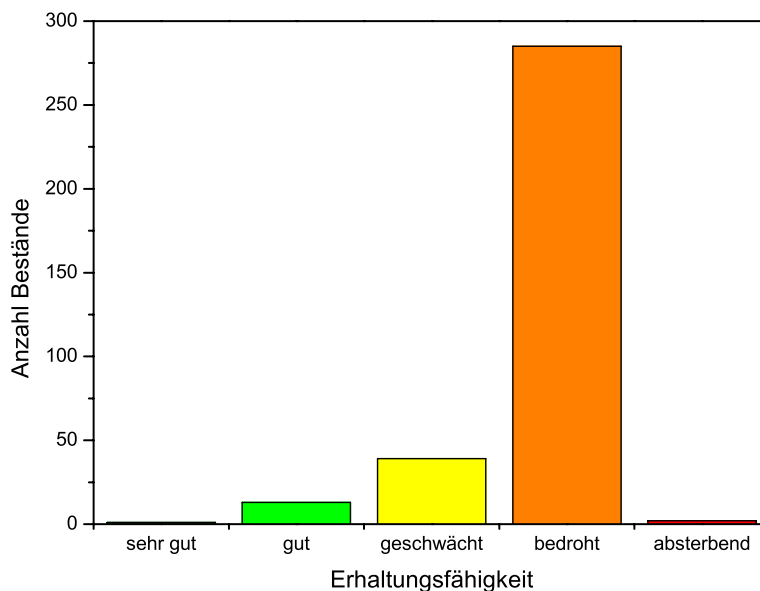


Abbildung 5-2: Stufen der Erhaltungsfähigkeit mit den Anteilen der Vorkommen im Bundesgebiet.

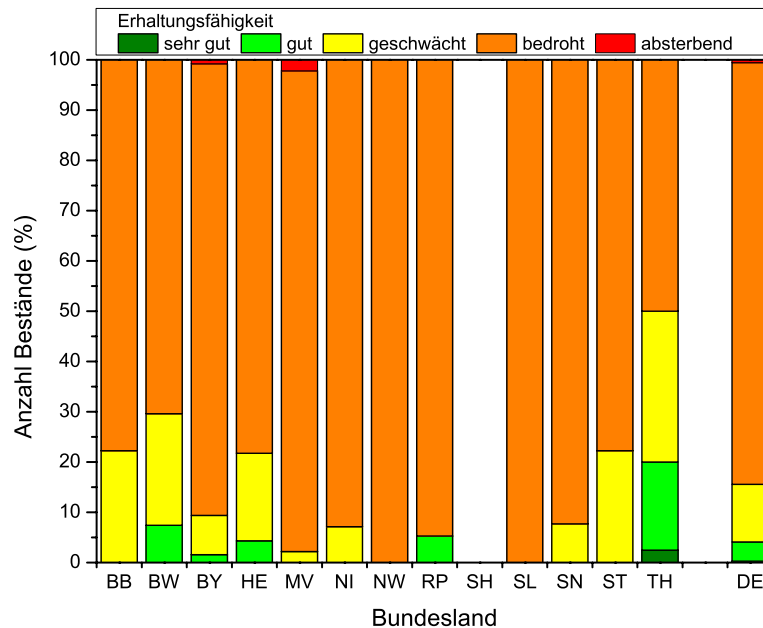


Abbildung 5-3: In-situ-Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen in den Bundesländern.

Die Karte in Abbildung 5-4 zeigt die Verteilung der Erhaltungswürdigkeit der erfassten Vorkommen. Die Vorkommen mit relativ hoher Erhaltungswürdigkeit konzentrieren sich vor allem auf die Wuchsgebiete 4 "Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland", 33 "Ostthüringisches Trias-Hügelland", 37 "Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland", 52 "Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland", 60 "Frankenalb und Oberpfälzer Jura", 76 "Schwäbische Alb" und 81 "Schwäbisch-Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge". Die Vorkommen in anderen Wuchsgebieten sind meist in den Kategorien "bedroht" oder "geschwächt" aufgenommen.

Erhaltungsdringliche Generhaltungsobjekte sind definiert als Genobjekte mit einem besonders hohen Gefährdungsgrad bzw. Genobjekte, deren Verlust zur genetischen Isolation anderer Generhaltungsobjekte der gleichen Population führt (fehlender "Trittstein"). Ob biologisch erhaltungsdringliche Populationen tatsächlich auch administrativ erhaltungsdringlich klassifiziert werden, hängt von einer Vielzahl von Faktoren ab (Prioritätensetzung zwischen naturschutzfachlichen und wirtschaftlichen Zielen, Ressourcen etc.), die an dieser Stelle nicht behandelt werden können.

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.

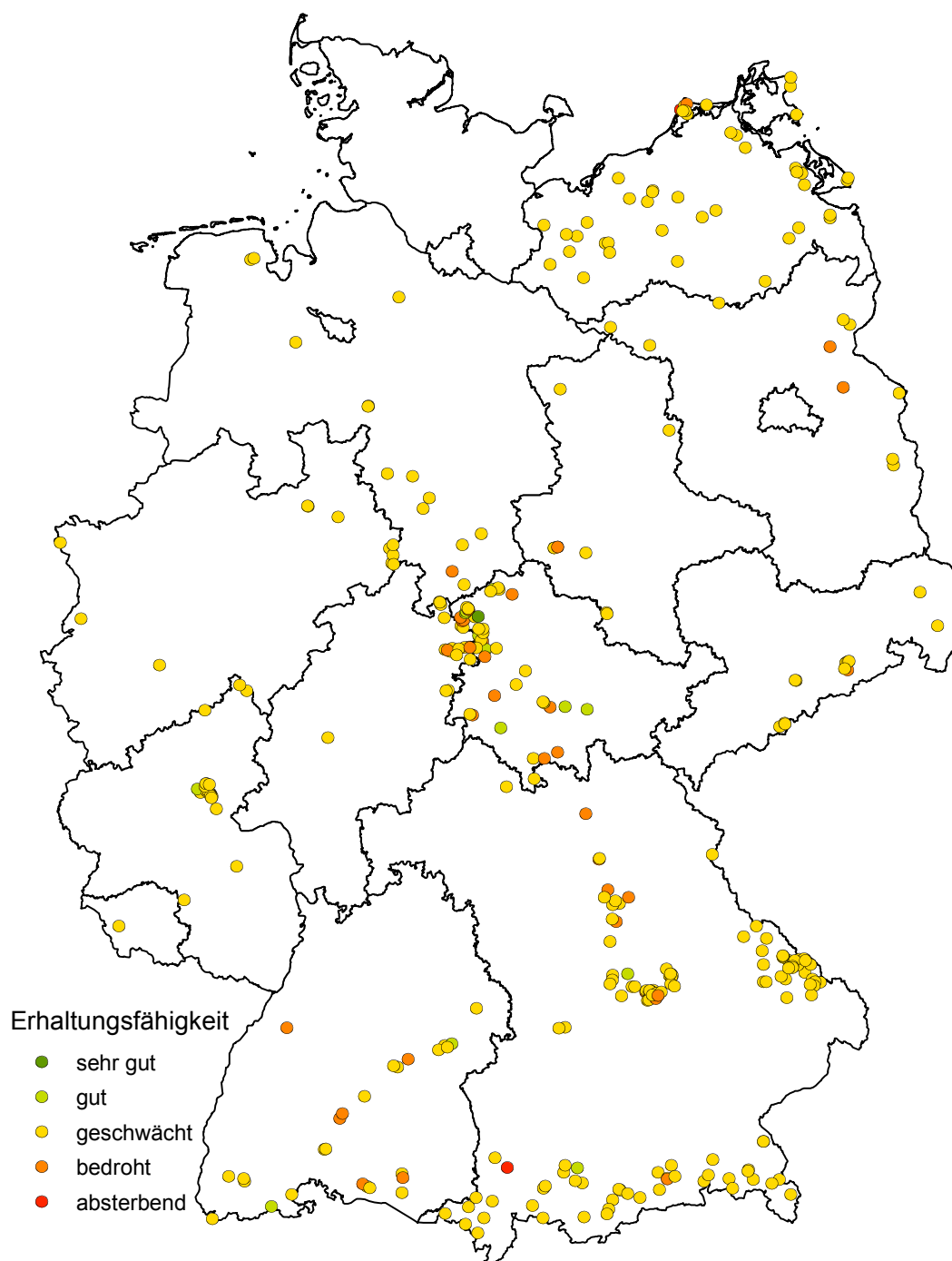


Abbildung 5-4: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen im Bundesgebiet.

Beide Handlungsalternativen bedürfen der Kenntnis der Genzentren der Eibe. Die Abbildung 5-5, Abbildung 5-6 und Abbildung 5-7 zeigen die Verbreitungsschwerpunkte der Eibe in Deutschland, basierend auf der räumlichen Dichte und Verteilung der Vorkommen. Die Darstellung der Kerneldichte der Populationen kann mit und ohne Berücksichtigung von Individuenzahl bzw. Dichte erfolgen. Gewichtete und ungewichtete Darstellung sind für die Analyse der Erhaltungsdringlichkeit und die Planung künftiger Generhaltungsflächen sinnvoll. Bei der Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl bzw. der Dichte werden Populationen, insbesondere mit hoher Baumzahl oder hoher Dichte (ausgedrückt als Individuenzahl), stärker gewichtet als Populationen mit geringer Baumzahl oder Dichte.

duenzahl je Flächeneinheit) bereits mit diesen Werten gewichtet. Stammzahlreiche Populationen in enger Nachbarschaft zu weiteren Vorkommen werden damit hervorgehoben. Die Darstellung der Kerneldichte ohne die Berücksichtigung der Baumzahl oder Dichte geht dagegen von einer gleichwertigen Gewichtung aller Vorkommen (unabhängig von Baumzahl oder Dichte) aus. Damit wird der räumliche Zusammenhang der Vorkommen betont, viele Vorkommen in enger Nachbarschaft erscheinen dunkler.

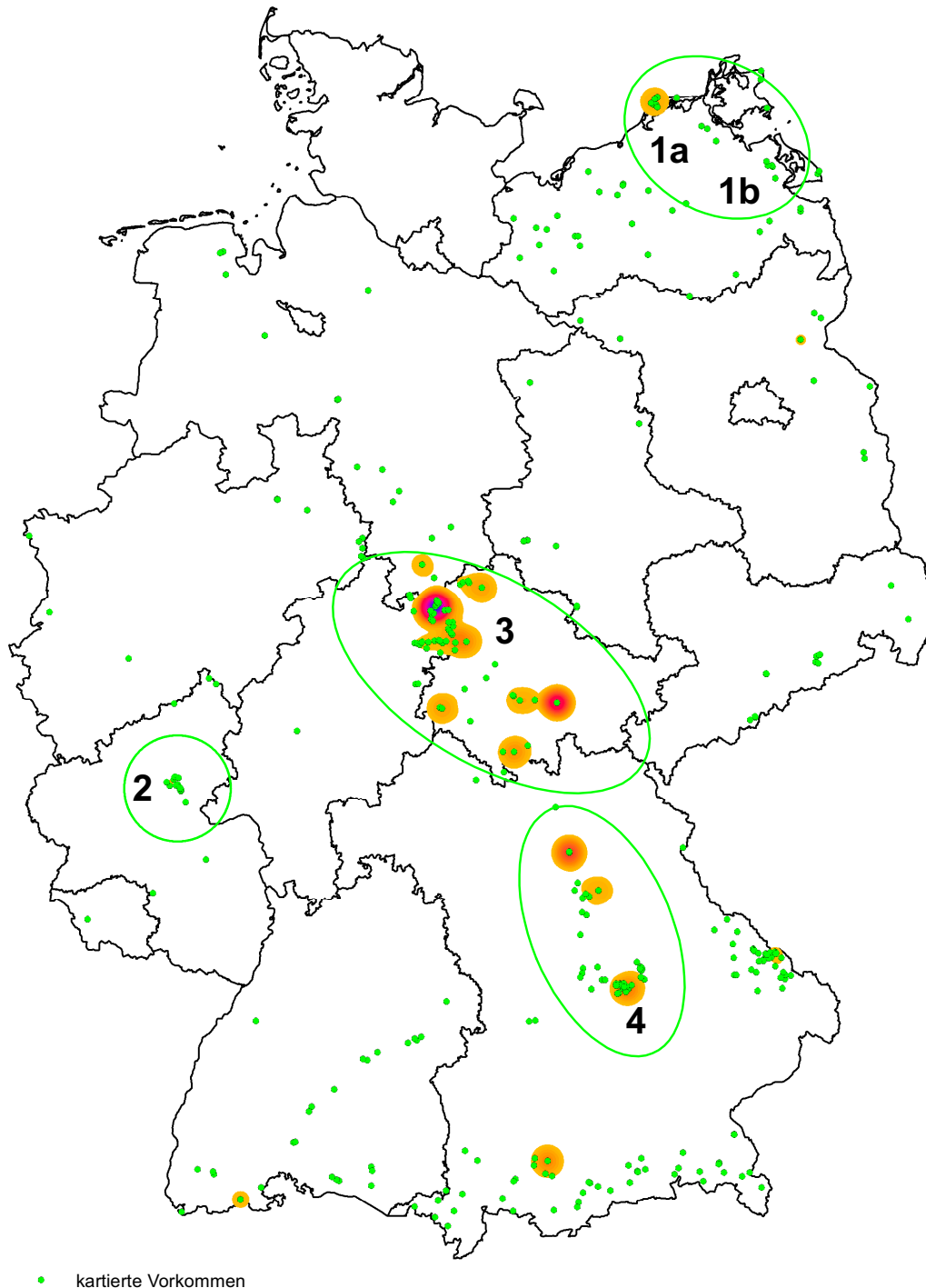


Abbildung 5-5: Darstellung der Kerneldichte der Eibe mit Berücksichtigung der Baumzahl.

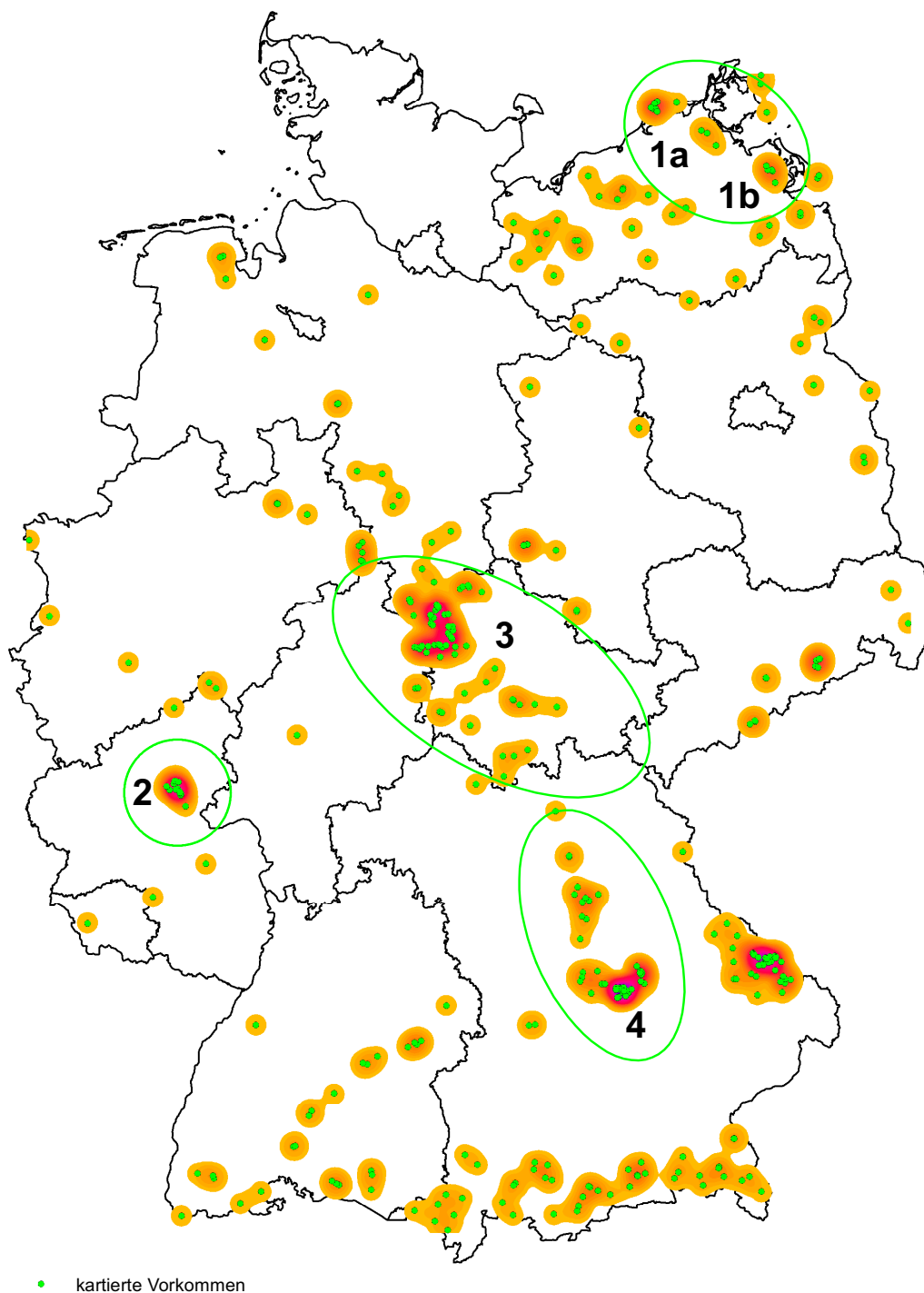


Abbildung 5-6: Darstellung der Kerneldichte der Eibe ohne Berücksichtigung der Baumzahl.

Die genannten Abbildungen stellen diese Kerneldichten der Eiben-Vorkommen dar. Bei der Analyse der Darstellungen zeigen sich mehrere Verbreitungsschwerpunkte der Eibe in der Bundesrepublik. In Tabelle 5-3 sind diese Genzentren der Eibe in der Bundesrepublik aufgeführt.

Zunächst fallen vier Genzentren in Nordostdeutschland, Westdeutschland, Mittelddeutschland und Süddeutschland auf. Diese Genzentren lassen sich dabei in mehrere Teilbereiche unterteilen.

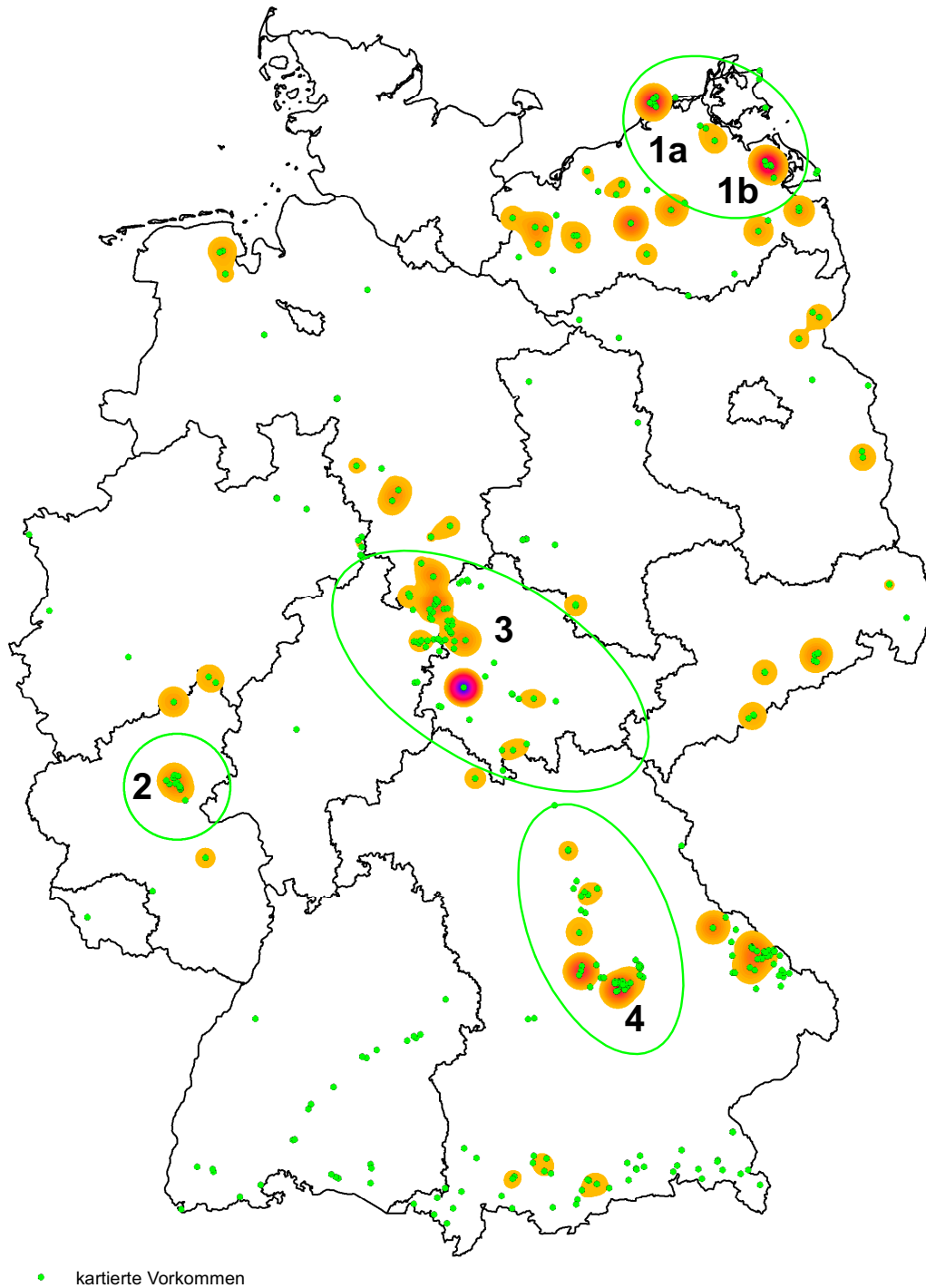


Abbildung 5-7: Darstellung der Kernaldichte der Eibe bezogen auf die Baumzahlen pro Hektar Vorkommensfläche.

In Nordostdeutschland existieren ein küstennahes Vorkommen und ein inländisches Vorkommen, das im Osten Mecklenburg-Vorpommerns liegt. Bedeutende Populationen in Westdeutschland sind vor allem das Vorkommen im Hunsrück. Die mitteldeutschen Genzentren liegen in Thüringen, vor allem in dem mitteldeutschen Trias-Hügelland. Die süddeutschen Vorkommen liegen in der Frankenalb und im Oberpfälzer Jura.

Tabelle 5-3: Genzentren mit hoher Baumzahl und großflächigem Zusammenhang.

Nummer	Bezeichnung des Genzentrums	Nummer	Teilbereich
1	Nordostdeutsches Genzentrum	1a 1b	Nordmecklenburg-Küstenland Ostmecklenburg-Jungmoräne
2	Westdeutsches Genzentrum	2	Hunsrück
3	Mitteldeutsches Genzentrum	3	mitteldeutsches Trias-Hügelland
4	Süddeutsches Genzentrum	4	Frankenalb und Oberpfälzer Jura

Besonders fällt an der Verteilung der Kerneldichten auf, dass relativ viele isolierte Populationen vorkommen. Gerade bei einer Baumart wie der Eibe, die durch Wind bestäubt wird ist eine Bestäubung weit entfernt vorkommender Bäume möglich. Die Verbreitung erfolgt allerdings meist durch Vögel in der näheren Umgebung. Die Vorkommen sind daher meist isoliert. Die vorgefundene hohe genetische Diversität der Vorkommen deutet diese Isolation bereits an.

Maßnahmen zur Sicherung und Förderung des Genaustausches zwischen den Populationen sind sinnvoll.

Bezogen auf die Bundesrepublik sollten

1. die Hauptvorkommen in den Genzentren langfristig gesichert werden,
2. mittelfristig die Möglichkeit des Genaustausches bislang isolierter Vorkommen durch die Schaffung von "Trittsteinen" zwischen den Vorkommen ermöglicht werden.

5.2 Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen

Wie in Kapitel 5.1 bereits als Ziel formuliert, sollten die Schwerpunkte von Generhaltungsmaßnahmen für die Eibe in der Sicherung der bestehenden Vorkommen und der Vernetzung der isolierten Populationen liegen.

Wie aus Abbildung 5-4 ersichtlich ist, liegen die erhaltungswürdigen Vorkommen überwiegend im Süd- und Mitteldeutschen Raum sowie in Westdeutschland. In den angeführten Genzentren sollte der Aufbau vitaler Bestände mit guter Altersverteilung (mehreren Baumgenerationen im selben Bestand) und reichlicher Naturverjüngung im Vordergrund stehen.

Der Genaustausch zwischen den isolierten Vorkommen der Eibe sollte durch die Anlage von Trittsteinen zwischen den Vorkommen ermöglicht und gefördert werden. Es bietet sich an, zur Anlage dieser Trittsteine genetisches Material der benachbarten Vorkommen zu verwenden. Die Umsetzung dieser Strategie fällt in die Kompetenz der Länder.

Isolierte Populationen, insbesondere am Rand des nat. Verbreitungsgebietes, sind als erhaltungsdringlich bei hoher Erhaltungswürdigkeit anzusehen bzw. die Erhaltungsfähigkeit sollte durch geeignete Maßnahmen (Förderung der Verjüngung, Begünstigung der Eibe durch Durchforstungseingriffe, Nutzungsverzicht u.a.m.) erhöht werden.

Als Folge der relativen Seltenheit der Eibe kommt sie im Rasternetz der Waldzustandserhebung (level 1) nur in geringen Anteilen vor. Deshalb sollten die Generhaltungsmaßnahmen

von einem Monitoring begleitet werden. Dieses Monitoring sollte insbesondere die Parameter Vitalität (Kronenverlichtung, Vergilbungen, Feinreisiganteil, biotische Schaderreger) und die Verjüngungsintensität (Fruktifikation, Aufkommen von Naturverjüngung, Schäden an der Verjüngung) umfassen. Die Monitoringflächen sollten in den Verbreitungsschwerpunkten / Genzentren der Eibe liegen.

5.3 Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung

Die Erfassung der Eibe im Rahmen des Projektes ermöglicht zum ersten Mal 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 Kartierarbeiten in kleineren Einheiten (z. B. Bundesländer, Schutzgebiete). Handlungsempfehlungen für effiziente Erhaltungsarbeiten erreichen somit eine neue Qualität, die auch für europaweite Erhaltungsstrategien dringend erforderlich sind.

Andere Erhebungen, wie z. B. die Biotopkartierung, die Bundeswaldinventur oder vegetationskundliche Erhebungen, erwiesen sich überwiegend als wenig brauchbar, wenn die Erhaltungsfähigkeit und die Erhaltungsdringlichkeit von Populationen seltener Arten bewertet werden soll. Angesichts des Aufwandes von Freilandkartierungen ist dies bedauerlich. Eine Berücksichtigung populationsbiologischer Parameter z. B. in der Biotopkartierung hätte die Recherche nach Verdachtsflächen wesentlich erleichtert. Gleichzeitig zeigte sich die Notwendigkeit, spezielle Kartierungen wie in diesem Projekt durchzuführen.

Die Eibe kommt vor allem in wärmebegünstigten Lagen mit besserer Nährstoffversorgung vor. Diese Standorte wären unter natürlichen Bedingungen vor allem mit Buche bestockt. Die Hauptbedrohung der Eibe stellt deshalb die Konkurrenz zur Schattbaumart Buche (bzw. der Anbau von Nadelbäumen) dar.

Die Maßnahmen zum Erhalt der Eibe sollten sich deshalb zum einen vor allem auf den Erhalt der Eibe in den bestehenden Vorkommen konzentrieren. Nur in rund 30 % der Vorkommen wurde Naturverjüngung erfasst. Durch Förderung der Eibe in Durchforstung und Pflege sollte die Naturverjüngung eingeleitet und gefördert werden. Die Anpassung der Wildbestände spielt dabei eine bedeutende Rolle.

Erfreulicherweise werden von einigen Waldbesitzern und der "Eibenfreunde" Eiben besonders gefördert. Auf diesen Flächen kann die Eibe gezielt gefördert werden. Ebenso bietet sich ein Erhalt der Eibe in ausgewiesenen Natura-2000-Gebieten innerhalb von Buchen-Lebensraumtypen an.

Künstlich eingebracht werden sollte die Eibe dagegen auf geeigneten Standorten zwischen den isolierten Vorkommen, um eine Vernetzung der bestehenden isolierten Vorkommen zu erreichen. Die Kunstverjüngung sollte mit regionalen Herkünften erfolgen.

Die Eibe unterliegt nicht dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) von 2002. Es sollten jedoch trotzdem in den ausgewiesenen Genzentren ausgewählte Bestände zur Gewinnung von Vermehrungsgut ausgewiesen werden, um die Bereitstellung von Vermehrungsgut im Bedarfsfall für *Ex-situ*- oder *In-situ*-Maßnahmen zu gewährleisten.

Begleitet werden sollten die Maßnahmen von weiteren genetischen Untersuchungen. Diese sollten vor allem die genetische Diversität der Populationen beobachten, um Anzeichen für eine genetische "Verinselung" der Bestände aufzuweisen.

6 Zusammenfassung

Die Eibe (*Taxus baccata* L.) gilt in ihrem Bestand bundesweit als gefährdet. Diese Einschätzung beruht vor allem auf der regional beschränkten Verbreitung der Eibe und ihrem Vorkommen in geringen bis mäßigen Anteilen in Buchenwaldgesellschaften. Es fehlten vor Beginn des von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung in Auftrag gegebenen Projektes bundesweit genaue Angaben zur Lage und Populationsgröße von Vorkommen sowie über deren Vitalitätszustand, Altersstruktur und genetischer Diversität.

Ziel des Projektes war es daher, die als genetische Ressourcen wertvollen Vorkommen der Eibe nach einheitlichen Kriterien und Methoden bundesweit zu erfassen, zu charakterisieren und zu dokumentieren. Die erfassten Ressourcen sollten hinsichtlich ihrer *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit bewertet und kartografisch dargestellt werden.

Zur Umsetzung dieser Zielstellung wurden mit leichten Anpassungen die Kartieranleitung, Datenbank und Auswerteroutinen verwendet, die bereits in vorangegangenen Projekten zur Erfassung von Schwarzpappel und Ulmenarten entwickelt worden waren.

Das Projekt wurde in drei Phasen bearbeitet. In der ersten Bearbeitungsphase wurde nach möglichen Eiben-Vorkommen in verschiedenen Quellen der forstlichen Versuchsanstalten, Forstbetriebe, Naturschutzbehörden, Botanischen Vereine, der Bundeswaldinventur, Betriebsinventuren, Biotopkartierungen, Bundesforsten, Forstsamtgutstellen sowie bei Privatwaldbesitzern recherchiert. Am ergiebigsten erwiesen sich die dabei die Rückmeldungen der Eibenfreunde, aus den Forstbetrieben und der Forstlichen Versuchsanstalten. Dem schloss sich in der zweiten Projektphase eine bundesweite Vor-Ort-Erfassung nach einheitlichen phänotypischen Kriterien an. Neben den räumlichen Lageparametern wurden u. a. die Anzahl der Bäume, die Durchmesserstruktur, die Begründungsart und die Vitalität erfasst und in eine Datenbank übertragen. Die dritte Phase war auf die Auswertung und Analyse der Daten sowie deren kartografische Darstellung ausgerichtet. Hierzu wurde durch Altersstrukturanalysen das Verjüngungspotenzial der Vorkommen ermittelt. Sich nicht natürlich verjüngende Populationen gelten grundsätzlich als gefährdet. Durch die Aggregation von Daten zur Populationsgröße, Vitalität und Altersstruktur wurde die *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit abgeleitet. Unter Nutzung von Kernel-Dichteanalysen konnten mit Hilfe von Geografischen Informationssystemen die Verbreitungsschwerpunkte (Genzentren) der Eibe in Deutschland sowie Regionen/Vorkommen mit dringendem Erhaltungsbedarf herausgearbeitet werden. Isoenzymanalysen an ausgewählten Populationen ermöglichten die erste Bewertung der genetischen Vielfalt der Populationen.

Insgesamt wurden im Rahmen des Projekts 60.045 Bäume in 342 Vorkommen erfasst. Mit rund 33.200 Eiben ist das Land Thüringen das eibenreichste Bundesland, gefolgt von Bayern mit rund 14.700 Eiben. Den Verbreitungsschwerpunkt bilden das Mitteldeutsche Trias-Berg- und Hügelland, Schwäbische Alb, Frankenalb und Oberpfälzer Jura und die Schwäbisch Bayerische Jungmoräne.

Im Bayerischen Wald kommen zwar 34 Bestände, aber nur rund 1.000 Eiben vor. Der Grund liegt darin, dass es sich um sehr viele isolierte, kleinere Einzelvorkommen, meist Alteiben handelt. Im Ostthüringischen Trias-Hügelland liegen nur 5 Bestände, die mit rund 8.000 Eiben jedoch sehr stammzahlreich sind. Ähnlich verhält es sich im Südthüringisch-Oberfränkischen Trias-Hügelland mit nur 4 Beständen und rund 1.700 Individuen sowie im Mecklenburg-Westvorpommerschen Küstenland mit 9 Beständen und rund 1.400 Individuen.

Deutschlandweit kommen die meisten Bestände (50) als auch die meisten Eiben (23.151) im WG 37 Mitteldeutsches Trias Berg- und Hügelland, gefolgt vom WG 60 Frankenalb und

Oberpfälzer Jura mit 40 Beständen und 10.193 Eiben und im WG 81 Schwäbisch Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge mit 23 Beständen und 2.987 Eiben vor.

Die durchschnittliche Flächengröße eines Vorkommens liegt bei rund 18,2 ha, die durchschnittliche Individuenzahl bei 175 Individuen je Vorkommen.

Insgesamt wurden an den vierzehn untersuchten Genorten 40 Genvarianten (Allele) nachgewiesen. Die Unterschiede in den Allelhäufigkeiten zwischen den untersuchten Populationen sind als sehr hoch einzuschätzen. Dies ist ein wichtiger Hinweis auf die große genetische Verschiedenheit der Eibe in Deutschland. Aufgrund der großen genetischen Unterschiede erscheint eine Trennung in südliche und nördliche Eibenvorkommen gerechtfertigt.

Die mit Hilfe geografischer Informationssysteme visualisierten Verbreitungsschwerpunkte mit hoher *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit (Verknüpfung von Populationsgröße, Altersstruktur und Vitalität) liegen in den o.g. Verbreitungsschwerpunkten.

Die Ergebnisse der Analysen zeigten eine hohe genetische Diversität der beprobten Vorkommen, ein Hinweis auf genetische Isolation der Vorkommen. Als Maßnahmen zum Schutz und zur Förderung der Eibe werden deshalb zum einen der Schutz und die Förderung der natürlichen Verjüngung der bestehenden wichtigen Vorkommen, zum anderen eine Vernetzung der isolierten Vorkommen zur Ermöglichung des Genaustausches zwischen den Populationen vorgeschlagen.

Darüber hinaus werden Empfehlungen zu weiteren Erhebungen, insbesondere einem Monitoring der wichtigen Vorkommen hinsichtlich Vitalität und Verjüngungspotenzial gegeben.

7 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den erreichten Zielen

Die ursprünglich geplanten Ziele wurden vollständig erreicht! Allerdings kam es zu einigen nicht vorhergesehenen Schwierigkeiten. Für potenzielle Folgeprojekte sollen daher einige Schlussfolgerungen zum Projektmanagement aufgeführt werden.

In der ersten Projektphase wurden die Generhaltungsdatenbanken bei den zuständigen forstlichen Versuchsanstalten recherchiert. Die Herausgabe der Daten bereitete teilweise erhebliche Schwierigkeiten. Die Daten lagen in heterogenen Strukturen und teilweise wurde deren Herausgabe erheblich verzögert bzw. verweigert.

Die Datenbanken der Biotopkartierungen, Betriebsinventuren, FFH-Gebiete, Großschutzgebiete, Naturwaldreservate und Bundeswaldinventuren lagen oft nicht in den Versuchsanstalten vor, so dass in weiteren Institutionen recherchiert werden musste. Es war ein ständiger Informationsaustausch mit anderen Personen notwendig. Da die Daten kartografisch ausgewertet wurden, um potenzielle Vorkommen aufzufinden, war die Angabe von Koordinaten bzw. die Übersendung von Shapes notwendig, was oft zu einer zusätzlichen Verzögerung auch bei der Transformation unterschiedlicher Koordinatenbezugssysteme führte.

In der Projektphase 2 erfolgte die Kartierung der Vorkommen bundesweit mit zahlreichen zuvor geschulten Kartierern auf Auftragsbasis über einen Zeitraum von rund 18 Monaten in zwei Vegetationsperioden. Bewährt hat sich dabei der Einsatz von erfahrenen Forstsachverständigen, die oftmals als Folge ihrer Tätigkeit über Kenntnisse von Vorkommen und gute Kontakten zu lokalen Forstbehörden verfügten. Ebenso erwies es sich als sinnvoll, nach der Auftaktschulung zu Projektbeginn ein weiteres Treffen der Kartierer nach Ablauf der ersten Vegetationsperiode und ersten Kartiererfahrungen anzusetzen, um aufgetretene Probleme zu besprechen und ein einheitliches Niveau der Kartierung zu gewährleisten.

8 Literatur

- BEYSE (2002): Die gemeine Eibe. Wald und Holz 11/02 S. 55ff.
- BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ (BfN) (2010-2012): Schutzgebiete Deutschlands. Geoinformationen FFH Gebiete (07.10.2011), Vogelschutzgebiete (07.10.2011), Nationalparke (29.09.2011), Biosphärenreservate (30.09.2011), Naturschutzgebiete (21.10.2011), Landschaftsschutzgebiete (26.01.2012), Naturparke (26.01.2012).
- BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ (BfN) (2011): Potentielle natürliche Vegetation Deutschlands. Geoinformationen PNV500 (23.03.2011).
- BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ (BfN) (2006): Floraweb. Datenbank Gefäßpflanzen (FlorKart). Datenstand 12/2006. <http://www.floraweb.de>.
- 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: 22-27.
- GREGORIUS H.R., ROBERDS J.H. (1986): Measurement of genetical differentiation between among subpopulations. *Theor Appl Genet* 71: 826-834.
- HERTEL H. & KOHLSTOCK N. (1996): Genetische Variation und geographische Struktur von Eibenvorkommen (*Taxus baccata* L.) in Mecklenburg-Vorpommern. *Silvae Genetica* 45 (5-6): 290 -294.
- HERTEL, H. (1996): Inheritance of isozyme markers in English yew (*Taxus baccata* L.), *Silvae Genetica* 45, S. 284-290.
- JOHANN HEINRICH VON THÜNEN-INSTITUT (vti) (2012): Bundeswuchsgebiete. Geoinformationen <https://gdi.vti.bund.de/geonetwork/srv/de> (10.05.2012).
- KLUMPP, R., DHAR, A. (2011): Genetic variation of *Taxus baccata* L. populations in the Eastern Alps and its implications for conservation management. *Scandinavian Journal of Forest Research*, First published on 31 March 2011 (iFirst).
- KONNERT, M. (1995): Isoenzymuntersuchungen bei Fichte (*Picea abies* (L.) Karst.) und Weißtanne (*Abies alba* Mill.). Anleitung zur Trennmethode und Auswertung der Zymogramme. Aus der Bund-Länder-Arbeitsgruppe "Erhaltung forstlicher Genressourcen". ISBN 3-00-000042-9.
- LEWANDOWSKI, A., BURCZYK, J. & MEJNARTOWICZ, L. (1992): Inheritance and linkage of some allozymes in *Taxus baccata* L.. *Silvae Genetica*, 41(6), S. 342-347.
- LEWANDOWSKI, A., BURCZYK, J. & MEJNARTOWICZ, L. (1995): Genetic structure of English yew (*Taxus baccata* L.) in the Wierzchlas Reserve: Implications for genetic conservation. *Forest Ecology and Management*, 73, S. 221-227.
- PAUL M. & TRÖBER U. (2006): Erhaltung und Charakterisierung genetischer Ressourcen der Eibe (*Taxus baccata* L.) in Sachsen als Teil eines Verbundprojektes. *Archiv f. Forstwesen und Landschaftsökologie* H 40/2006 S. 70 ff.
- RÖSSNER H. (2012): 4 Alte Eiben in Deutschland in *Der Eibenfreund* H18/2012 S. 122; Cambiarare e.V. Für die Eibenfreunde e.V.
- SCHEEDER T. (1994): Die Eibe (*Taxus baccata* L.) Hoffnung für ein fast verschwundenes Waldvolk, IHW-Verlag 85386 Eching.
- SCHÜTT, P., SCHUCK, H.J., STIMM, B. (1992) *Lexikon der Forstbotanik*. ecomed Verlagsgesellschaft, Landsberg/ Lech.
- STIFTUNG LANDESBANK BADEN-WÜRTTEMBERG (2006): Heft 23 Die Eibe. Ein fast vergessener Waldbaum in Baden-Württemberg.

- THOMA S. (1992): Genetische Variation an Enzymloci in Reliktbeständen der Eibe (*Taxus baccata* L.) Dipl. Arbeit Forstl. Fakultät Universität Göttingen.
- TRÖBER U. (2000): Genetische Charakterisierung der Eibenpopulation Keilhau – Erste Ergebnisse. In: Der Eibenfreund 6/2000. S. 78 – 84.
- TRÖBER, U., PAUL, M. & KAHLERT, K. (2004): Genetic characterization of English yew (*Taxus baccata* L.) in Thuringia and Saxony as basis for gene conservation, pp. 275_288, 11. Arbeitstagung von 20.-22. September 2004. Teisendorf: Tagungsband.
- UNITED NATIONS (1992): Convention on Biological Diversity. <http://www.cbd.int/doc/legal/cbd-en.pdf>. In Krafttretung 29. Dezember 1993.

9 Anhang Inhalt

Tabellenverzeichnis

Tabelle 9-1: Allelhäufigkeiten an 14 Genorten in den untersuchten 14 Eibenvorkommen.....	1
Tabelle 9-2: Anleitung zur Beprobung der Eibe.	2

Kartieranleitung mit Erfassungsbogen und Zählhilfe zur Vitalitätsbestimmung

Tabelle 9-1: Allelhäufigkeiten an 14 Genorten in den untersuchten 14 Eibenvorkommen.

Genort	Population													
	BB_Chorin	BW_Waldshut	BY_BayerischerWald	BY_Goessweinstein	BY_Kelheim	BY_Paterzell	BY_Thumsee	MV_AltKarin	MV_Jasmund	NI_NeuenburgerUrwald	NW_Ziegenberg	RP_Brodnbachtal	TH_Lengenberg	TH_Veronikaberg
AAT-A	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0
AAT-B1	19,0	7,8	35,7	5,0	25,0	12,9	26,5	7,5	20,8	43,0	15,0	2,8	14,0	17,0
AAT-B2	81,0	92,2	64,3	95,0	75,0	87,1	73,5	92,5	79,2	57,0	85,0	97,2	86,0	83,0
ADH-A1	3,0	8,8	15,0	11,5	10,0	27,4	18,4	0,0	41,7	23,0	11,0	4,7	4,0	15,0
ADH-A2	24,0	47,1	3,0	3,1	5,0	6,5	13,3	32,5	33,3	14,0	40,0	3,8	26,0	1,0
ADH-A3	73,0	43,1	82,0	84,4	85,0	66,1	68,3	67,5	25,0	62,0	49,0	91,5	70,0	84,0
ADH-A4	0,0	0,0	0,0	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ADH-A9	0,0	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0
IDH-A1	23,0	20,6	11,0	27,0	16,7	24,2	20,8	12,5	4,2	46,0	40,0	17,9	16,0	14,0
IDH-A2	67,0	52,9	75,0	56,0	73,3	61,3	63,6	87,5	87,5	54,0	56,0	81,1	75,0	74,0
IDH-A3	10,0	25,5	14,0	16,0	5,0	12,9	15,6	0,0	8,3	0,0	2,0	1,0	9,0	11,0
IDH-A4	0,0	1,0	0,0	1,0	5,0	1,6	0,0	0,0	0,0	0,0	2,0	0,0	0,0	1,0
IDH-B2	20,0	1,0	4,0	0,0	0,0	0,0	0,0	17,5	37,5	9,0	29,0	11,3	9,0	5,0
IDH-B3	74,0	99,0	96,0	100,0	100,0	100,0	100,0	82,5	45,8	91,0	71,0	88,7	91,0	94,0
IDH-B4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,0
IDH-B9	6,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	16,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
LAP-A2	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0
LAP-B1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,0
LAP-B2	43,0	49,0	52,0	58,9	58,3	53,5	62,5	70,0	75,0	49,0	52,1	71,7	53,0	44,0
LAP-B3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,0
LAP-B4	57,0	51,0	48,0	41,1	41,7	46,5	37,5	30,0	25,0	51,0	47,9	28,3	47,0	54,0
MDH-C1	0,0	2,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,6	0,0	0,0
MDH-C2	100,0	98,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	93,4	100,0	100,0
MNR-A1	50,0	42,2	50,0	68,0	23,3	65,0	41,7	20,0	75,0	57,0	38,0	83,0	37,0	43,0
MNR-A2	9,0	10,8	2,0	3,0	0,0	1,7	11,4	37,5	12,5	13,0	20,0	6,6	12,0	18,0
MNR-A3	41,0	47,0	48,0	29,0	76,7	33,3	46,9	42,5	12,5	30,0	42,0	10,4	51,0	39,0
PEPCA	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0
6-PGDH-A1	41,0	49,0	45,0	32,0	36,7	41,9	41,8	30,0	75,0	45,0	17,0	42,5	46,0	38,0
6-PGDH-A2	59,0	51,0	55,0	68,0	63,3	58,1	58,2	70,0	25,0	55,0	83,0	57,5	54,0	62,0
PGI-B1	33,0	47,0	49,0	29,0	35,0	35,4	30,6	40,0	25,0	13,0	20,0	9,4	32,0	35,0
PGI-B2	39,0	19,6	8,0	21,0	11,7	9,7	3,1	32,5	41,7	45,0	14,0	10,4	9,0	9,0
PGI-B3	10,0	15,7	19,0	26,0	3,3	22,6	21,4	7,5	20,8	7,0	4,0	8,5	23,0	19,0
PGI-B4	18,0	17,7	24,0	24,0	50,0	32,3	44,9	20,0	12,5	35,0	62,0	71,7	36,0	37,0
PGM-A1	0,0	3,9	0,0	3,1	8,3	3,2	4,1	0,0	0,0	1,0	6,0	10,4	0,0	1,0
PGM-A2	71,0	12,7	17,0	12,2	18,3	21,0	19,4	60,0	8,3	19,0	28,0	12,3	39,0	62,0
PGM-A3	2,0	16,7	15,0	2,0	73,4	11,3	6,1	5,0	0,0	35,0	2,0	2,8	1,0	3,0
PGM-A4	27,0	66,7	68,0	82,7	0,0	64,5	70,4	35,0	91,7	45,0	63,0	74,5	60,0	34,0
PGM-A5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,0	0,0	0,0	0,0
SDH-B2	89,0	99,0	87,8	97,0	93,3	91,9	96,9	90,0	100,0	88,0	98,0	97,2	73,0	89,0
SDH-B3	11,0	1,0	12,2	3,0	6,7	8,1	3,1	10,0	0,0	12,0	2,0	2,8	27,0	11,0

Tabelle 9-2: Anleitung zur Beprobung der Eibe.

Genmarker:	Isoenzyme
Durchführende Institution:	Bayerisches Amt für forstliche Saat und Pflanzenzucht ASP-Labor Forstamtsplatz 1 83317 Teisendorf
Probenumfang:	50 Individuen je Population
Probenmaterial:	Vegetations-Knospen in Winterruhe
Probenahmezeitpunkt:	Oktober / November - Anfang April (je nach Witterungsverhältnissen: Winterruhe !)
Beprobungsmuster:	<ul style="list-style-type: none"> • Entnahme von Zweigen mit Vegetations-Knospen in Winterruhe • je Individuum ein Zweig mit 5-10 Vegetations-Knospen • die Zweige können aus jedem Teil des Baumes stammen • die Beprobung erfolgt rasterförmig über das gesamte Vorkommen • jede Probenahme wird per GPS-Koordinaten vermerkt • jede Probenahme wird durch Digitalphotos dokumentiert
Verpackung der Proben:	<ul style="list-style-type: none"> • die Proben werden für jeden Baum getrennt in Briefumschläge gegeben und beschriftet • alle Proben eines Standortes werden gemeinsam in einen Plastikbeutel gegeben und beschriftet • Lagerung der Proben im Kühlschrank (nicht einfrieren) • bei grosser Nässe werden die Zweige vor der Verpackung im Gelände zwischen Zeitungspapier kurz getrocknet und möglichst schnell verschickt • der Versand erfolgt per Post an obige Adresse • ein Versand über das Wochenende oder Feiertage ist nicht zu empfehlen - hier ist es besser die Proben im Kühlschrank (nicht einfrieren) zu belassen und am nächsten Werktag zu versenden
Beschriftung:	<ul style="list-style-type: none"> • alle Proben werden nach einem einheitlichen Schlüssel beschriftet, der sich aus der Baumart, dem Beprobungsgebiet, dem Datum und einer fortlaufenden Nummer zusammensetzt. • das Kürzel (3-stellig) für die Baumart wird aus der Access-Datenbank übernommen. • das Kürzel für das Beprobungsgebiet (3-stellig) wird im Vorfeld zentral abgestimmt. • die Angabe des Datums erfolgt als JJMMTT. • die fortlaufende Nummerierung (3-stellig) erfolgt in Analogie zu den aufgenommenen GPS-Koordinaten. • Beispiel: EIB-Pat-110317-001 Baumart: Eibe Beprobungsgebiet: Paterzeller Eibenwald Beprobungstermin: 17. März 2011
Genehmigungen:	<ul style="list-style-type: none"> • die Eibe unterliegt dem BNatSchG, Rote-Liste-Status 3 - es dürfen keine ganzen Pflanzen, Teile oder Entwicklungsformen aus der Natur entnommen oder beschädigt werden oder Standorte beschädigt oder zerstört werden. • eine artenschutzrechtliche Ausnahmegenehmigung von § 44 Abs. 1 Nr. 4 und § 44 Abs. 2 Nr. 1 BNatSchG kann bei zuständigen Stellen u.U. beantragt werden. • Zugangsberechtigungen / Betretungsrechte, besonders bei Schutzgebieten, sind im Vorfeld einzuholen. • Grundsätzlich sind auch ausserhalb von Schutzgebieten zuständige Einrichtungen und / oder Forstämter zu informieren. • bei Kartierungen und Probenahmen ist grösstmögliche Rücksicht auf Belange Dritter und sonstige Belange des Natur- und Artenschutzes zu legen. Insbesondere dürfen keine Brutvögel gestört oder beeinträchtigt werden.

Kartieranleitung

zur

Erfassung und Dokumentation von forstgenetischen Ressourcen

Stand: 11.02.2010

Herausgeber: Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde

Inhaltsverzeichnis

Erfassung und Dokumentation von forstgenetischen Ressourcen	1
Kartierung forstgenetischer Ressourcen.....	3
Definition „Genobjekt“	3
Abgrenzung eines Genobjektes	3
Erfassung der Parameter.....	3
Aufnahmetrupp.....	3
Datum	4
Bundesland	4
Laufende Nummer des Genobjektes	4
Artbezeichnung/ Artdetermination.....	4
Etabliertes Generhaltungsobjekt	4
Koordinaten	4
Forstbehörde.....	5
Reviernamen/ Reviernummer.....	5
Landkreis/ Gemeinde	5
Bundeswuchsgebiet/ Bundeswuchsbezirk.....	5
Eigentumsart.....	6
Angaben zum Genobjekt.....	6
Gesamtfläche	6
Anzahl	6
Isoenzym-/ DNA-Untersuchungen.....	6
Bestandesbeschreibung	6
Durchmesserstruktur	6
Begründungsart	6
Verjüngung	6
Altbäume	7
Anteil der Zielbaumart	7
Mischbaumarten	7
Vitalität.....	7
Anteil der kreuzbaren Arten	7
Beschreibung.....	8
Weitere Parameter	8
Bearbeitungsstand	8
EDV	8
Schutzstatus	8
Kartenausschnitt	8

Anlagen

1. Erfassungsbogen als Kopiervorlage
2. Ansrachehilfe zur Vitalität
3. Kopiervorlage Zählhilfe
4. UTM-Zonen Übersicht Deutschland

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:

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

Tabelle 1: Kennziffern der Bundesländer

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.

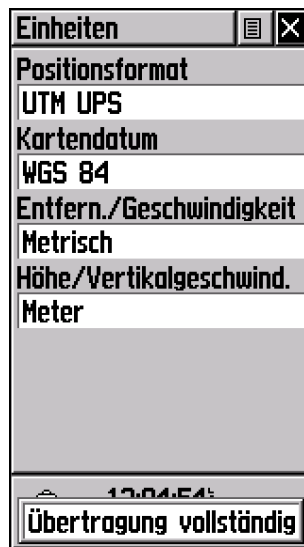


Abbildung 1.: Einstellungen des GPS-Empfängers, hier Garmin eTrex-Reihe im UTM Format

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 Schlüsselkarte 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 Feinstanteil. 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 werden. Als Beispiel wäre der auffällige Befall durch Schaderreger, Gefährdung der Verjüngung durch Wild oder zu starker Überschirmung, 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

Stand: 11. Februar 2010
 Bearbeiter: F. Becker, LFE

Erfassungsbogen

Aufnahmetrupp: _____

Bundesland

Datum:

Lfd. Nr.
 Bitte rechtsbündig eintragen

Gehölzart

Entsprechend Schlüsselnummer

Artbestimmung vor Ort? ja nein

Etabliertes Generhaltungsobjekt?

Schlüssel
 1 in-situ
 2 ex-situ
 3 nein

Koordinaten

3 Gitter (UTM)
 Streifen (Gauß/Krüger, nur bei Altdaten!)

Ost- (UTM) bzw. Rechtswert (GK)

Nord- (UTM) bzw. Hochwert (GK)

Koordinatenherkunft

GPS aus Karte entnommen aus Unterlagen übernommen

Bemerkung _____

Lage

Forstbehörde _____

Reviernamen _____

Landkreis _____

Gemeinde _____

Bundeswuchsgebiet _____

Schlüssel-Nr.

Reviernummer

Schlüssel-Nr.
 Ermittlung durch Koordinaten

Schlüssel-Nr.
 Ermittlung durch Koordinaten

Bundeswuchsbezirk
 Ermittlung durch Koordinaten

Eigentumsart

Staat - Bund
 Staat - Land
 Körperschaften
 Privat (>200 ha)
 Privat (<=200 ha)
 Treuhand

Fläche

ha

gemessen
 aus Karte entnommen
 aus Unterlagen übernommen
 geschätzt

Anzahl der Individuen

gezählt über Fläche hergeleitet
 Winkelzählprobe geschätzt
 aus Unterlagen übernommen

Isoenzym- / DNA-Untersuchungen vorhanden?

ja
 nein
 unbekannt

Zur Untersuchung vorgeschlagen?

Bestandesbeschreibung

Durchmesserstruktur

BHD
 < 7 cm %
 7 - 20 cm %
 > 20 cm %
 Anteile in %

Begründungsart

Schlüssel
 1 Naturverjüngung
 2 Kunstverjüngung
 3 unbekannt

Verjüngung

Anteils%
 davon < 1,5 m

Altbäume > 50 cm BHD?

vorhanden:

Anteil der Zielbaumart

an vorhandenen Mischbaumarten (MBA)

< 30 % Winkelzählprobe
 30 - 79 % geschätzt
 80 - 100 %

MBA:

Vitalität

Anteile der Vitalitätsstufen in % (nach Tafel 1)

BHD	0	1	2	3	4 (abgestorben)	%
< 7 cm	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	%
7 - 20 cm	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	%
> 20 cm	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	%

Achtung: jede Zeile muss in der Summe 100 % ergeben !

Beschreibung des Genobjektes:

(Besonderheiten, Schädursachen, Gefährdungen usw.)

Anteil kreuzbarer Arten

ja
 nein
 nicht erkennbar

falls ja:

Entfernung (m)
 (0 = im selben Bestand)

Bearbeitungsstand

Vorklärbearbeitung bei der Feldaufnahme
 zur Feldaufnahme vorgesehen Feldaufnahme abgeschlossen

geprüftes Genobjekt
 geprüft, **KEIN** Genobjekt

EDV ?

Winteransprache



Vitalitätstufen

0 vital

Netzartige,
gleichmäßige, dichte
Verzweigung.

Sommeransprache



gilt nicht für junge Exemplare!



1 geschwächt

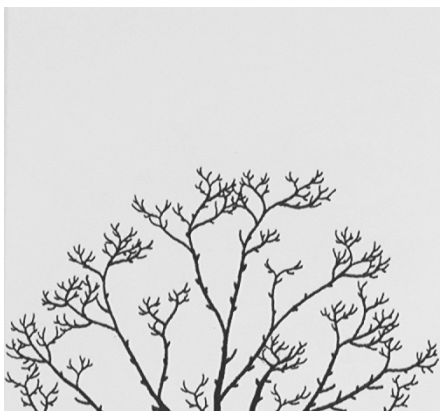
Spieß- oder
flaschenbürstenartige
oder längliche
Kronenstrukturen

gilt nicht für junge Exemplare!



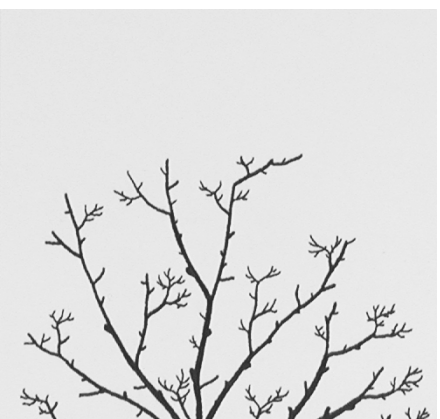
2 merklich geschädigt

Pinselartige
Kronenstrukturen, in
der Regel
Kronenabwölbung



3 stark geschädigt, absterbend

Absterben von
Hauptästen,
skelettartiger Habitus



4 abgestorben

Bestandesnummer: _____

	Vitalitätsstufe				
	0	1	2	3	4
BHD		sollte lt. Kartieranleitung keine Anwendung finden!			
< 7 cm					
7 - 20 cm					
> 20 cm					
Summen:					

Gesamtanzahl:

(ohne abgestorbene)