

**Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen
der Flaum-Eiche (*Quercus pubescens*),
der Elsbeere (*Sorbus torminalis*) und
des Speierlings (*Sorbus domestica*)
in Deutschland**

AZ 114-02.05-20.0074/09-E - Los 1

Untersuchungen zur Flaum-Eiche



Endbericht

08. März 2013

Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Flaum-Eiche (*Quercus pubescens*), der Elsbeere (*Sorbus torminalis*) und des Speierlings (*Sorbus domestica*) in Deutschland

AZ 114-02.05-20.0074/09-E - Los 1

Untersuchungen zur Flaum-Eiche

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	Problemstellung	1
1.2	Ökologie und Verbreitung	2
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	11
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	18
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	20
3.9	Genetische Untersuchungen	21
3.9.1	Referenzdaten	21
3.9.2	Laborarbeiten	21
3.9.3	Populationsgenetische Statistik	22
3.9.3.1	Genetische Variations- und Differenzierungsparameter	22
3.9.3.2	Einordnung der Individuen in reproduktive Gruppen	23
3.10	Statistische Auswertungen	23
4	Darstellung der wichtigsten Ergebnisse	25
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	30
4.1.3	Potentielle natürliche Vegetation	33
4.2	Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl	34
4.2.1	Abundanz	38
4.3	Durchmesserstruktur und Altersstruktur	38
4.3.1	Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen	38
4.3.2	Altersstrukturqualitätsklassen	41
4.4	Vitalitätsstufen	42

4.5	Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen _____	45
4.6	Naturverjüngung _____	47
4.7	Eigentumsverhältnisse _____	48
4.8	Schutzstatus _____	50
4.9	Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen _____	51
4.9.1	Genetische Variabilität _____	54
4.9.2	Differenzierung _____	62
4.9.3	Zuordnung von Beständen und Individuen in reproduktive Gruppen _____	63
4.9.4	Genetische Variabilität und Reproduktionszusammenhalt _____	65
4.9.5	Fazit _____	66
5	Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse _____	67
5.1	Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltensdringlichkeit _____	67
5.2	Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen _____	76
5.3	Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung _____	76
6	Zusammenfassung _____	78
7	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den erreichten Zielen _	80
8	Literatur _____	81
9	Anhang	

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1-1: Verbreitungskarte der Flaum-Eiche (<i>Quercus pubescens</i>) gezeichnet nach WALTER & STRAKA 1970.	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.	24
Abbildung 4-1: Lage der kartierten Bestände mit Größenklassen der kartierten Baumzahlen.	26
Abbildung 4-2: Anzahl der kartierten Bestände nach Bundesländern.	27
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.	31
Abbildung 4-8: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen.	34
Abbildung 4-9: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen.	34
Abbildung 4-10: Anzahl der kartierten Baumzahlen je Vorkommen nach Bundesland.	35
Abbildung 4-11: Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern.	35
Abbildung 4-12: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen bezogen auf eine Fläche von 1 ha.	36
Abbildung 4-13: Baumzahlen pro Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern.	36
Abbildung 4-14: Lage und Größenklassen (Baumzahlen pro Hektar Bestandesfläche) der kartierten Vorkommen.	37
Abbildung 4-15: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen in Deutschland.	39
Abbildung 4-16: Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet.	39
Abbildung 4-17: Altersstrukturen der kartierten Vorkommen und ihre Anzahl in Deutschland.	40
Abbildung 4-18: Prozentuale Verteilung der drei Durchmesserstufen in den Bundesländern und in Deutschland.	40
Abbildung 4-19: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Qualitätsklassen der Altersstrukturen in Deutschland.	41

Abbildung 4-20: Prozentuale Verteilung der Altersstrukturklassen in den Bundesländern und in Deutschland.....	42
Abbildung 4-21: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Vitalitätsstufen in Deutschland.....	43
Abbildung 4-22: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen in den Bundesländern und in Deutschland.....	43
Abbildung 4-23: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen.....	44
Abbildung 4-24: Verteilung der mittleren Vorkommensvitalität in den Bundesländern.....	45
Abbildung 4-25: Vitalitätsanteile in den Durchmesserstufen.....	46
Abbildung 4-26: Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen.....	46
Abbildung 4-27: Übersicht der Vorkommen mit oder ohne Naturverjüngung.....	47
Abbildung 4-28: Anteile der Vorkommen mit Naturverjüngung.....	48
Abbildung 4-29: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen innerhalb Deutschlands.....	48
Abbildung 4-30: Prozentuale Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern und in Deutschland.....	49
Abbildung 4-31: Anzahl der kartierten Vorkommen in Deutschland mit Schutzstatus.....	50
Abbildung 4-32: Anzahl der kartierten Bestände mit verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern.....	50
Abbildung 4-33: Prozentuale Verteilung der verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern.....	51
Abbildung 4-34: Lage der Flaum-Eichen Vorkommen für die genetischen Untersuchungen in der Übersicht.....	52
Abbildung 4-35: Lage der untersuchten und der beprobten Flaum-Eichen Vorkommen im südwestlichen Baden-Württemberg.....	53
Abbildung 4-36: Allelhäufigkeit am Genort ZAG5b.....	55
Abbildung 4-37: Allelhäufigkeit am Genort ZAG11.....	56
Abbildung 4-38: Allelhäufigkeit am Genort ZAG20.....	57
Abbildung 4-39: Allelhäufigkeit am Genort ZAG65.....	58
Abbildung 4-40: Allelhäufigkeit am Genort ZAG96.....	59
Abbildung 4-41: Allelhäufigkeit am Genort ZAG110.....	60
Abbildung 4-42: Allelhäufigkeit am Genort ZAG112.....	61
Abbildung 4-43: Grad der Differenzierung D_j jedes einzelnen Bestandes zum Komplement (= Gesamtheit aller anderen untersuchten Bestände).....	63
Abbildung 4-44: Zuordnung der Einzelindividuen zu Reproduktionseinheiten.....	64
Abbildung 4-45: Zusammenhang zwischen reproduktivem Artzusammenhalt (Artintegrität) und genetischer Diversität in den untersuchten Beständen (♦) und in den Referenzbeständen (●).....	66
Abbildung 5-1: Bewertungsparameter zur Bestimmung des Grades der Erhaltungsfähigkeit und der Erhaltungsdringlichkeit (Quelle: LFE).....	68
Abbildung 5-2: Stufen der Erhaltungsfähigkeit mit den Anteilen der Vorkommen im Bundesgebiet.....	69
Abbildung 5-3: In-situ-Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen in den Bundesländern.....	69
Abbildung 5-4: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen im Bundesgebiet.....	70
Abbildung 5-5: Darstellung der Kerneldichte der Flaum-Eiche mit Berücksichtigung der Baumzahl.....	72
Abbildung 5-6: Darstellung der Kerneldichte der Flaum-Eiche ohne Berücksichtigung der Baumzahl.....	73

Abbildung 5-7: Darstellung der Kernaldichte der Flaum-Eiche bezogen auf die Baumzahlen pro Hektar Vorkommensfläche.....	74
Abbildung 5-8: Kernel-Dichte Karte der untersuchten Flaum-Eichen Vorkommen im südwestlichen Baden-Württemberg.....	75

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.	17
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.	19
Tabelle 3-7: In Graphiken und Tabellen verwendete Kürzel für die Bundesländer (BL) und die Bundesrepublik Deutschland, sowie die für Berechnungen verwendeten Landesflächen.	24
Tabelle 4-1: 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).	30
Tabelle 4-2: Anzahl der kartierten Bestände und Anzahl der kartierten Bäume in den Wuchsgebieten Deutschlands.	32
Tabelle 4-3: Verteilung der Vorkommen in den Abundanzklassen.	38
Tabelle 4-4: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen (<7 cm, 7-20 cm, >20 cm) in den kartierten Vorkommen.	39
Tabelle 4-5: Absolute und relative Angaben für die Qualitätsklassen der Altersstrukturen der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern und in Deutschland.	42
Tabelle 4-6: Vitalitätsstufen der kartierten Vorkommen.	45
Tabelle 4-7: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen.	49
Tabelle 4-8: Übersicht der beprobten Genobjekte der Flaum-Eiche.	53
Tabelle 4-9: Bezeichnung der verwendeten Kern-Mikrosatelliten, die in dieser Studie gefundenen Fragmentlängen in Basenpaaren (bp) sowie die Anzahl der Allele pro SSR-Genort über alle Populationen (aktuelle Proben und Referenzproben).	54
Tabelle 4-10: Anzahl gefundener Allele an sieben SSR-(Mikrosatelliten-) Genorten sowie Gesamtanzahl an Allelen über alle Loci (Referenzpopulationen BIE, BOL und SIG in kursiver Schrift).	54
Tabelle 4-11: Genetische Diversität v_a an sieben SSR-(Mikrosatelliten-) Genorten sowie im Mittel über alle Loci (Referenzpopulationen BIE, BOL & SIG in kursiver Schrift).	54
Tabelle 4-12: Paarweise genetische Abstände (d_0 nach GREGORIUS 1974) zwischen den untersuchten Eichenbeständen (Referenzproben BIE, BOL, SIG in kursiver Schrift)	62
Tabelle 4-13: Durchschnittliche Gruppenzugehörigkeit der einzelnen Kollektive an den $K = 3, 4$ oder 5 Clustern.	65
Tabelle 5-1: Absolute Zahlen der Stufen der Erhaltungsfähigkeit nach Ländern.	68
Tabelle 5-2: Anteile der Stufen der Erhaltungsfähigkeit nach Ländern.	69
Tabelle 5-3: Genzentren mit hoher Baumzahl und großflächigem Zusammenhang.	73

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 Flaum-Eiche (*Quercus pubescens*), der Elsbeere (*Sorbus torminalis*) und des Speierlings (*Sorbus domestica*) zuständig. In dem Vorhaben war die genetische Analyse ausgewählter Vorkommen vorgesehen. Die genetischen Untersuchungen an Flaum-Eiche wurden durch die Plant Genetic Diagnostics GmbH (PGD) in Großhansdorf, die der Elsbeere durch das Bayerische Amt für forstliche Saat und Pflanzenzucht (ASP) in Teisendorf und die des Speierlings durch die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) in Hann. Münden ausgeführt.

Im vorliegenden Bericht sind die Untersuchungen zur *Flaum-Eiche* dargestellt.

1.1 Problemstellung

Das Fehlen strikter Reproduktionsbarrieren befähigt die heimischen Eichenarten *Quercus robur*, *Q. petraea* und *Q. pubescens* zur Hybridisierung und zur Ausbildung morphologisch intermediärer Typen (vgl. AAS 1991; AAS et al. 1997; STEINHOFF 1998; SAYER 2000). Die Möglichkeit der Zuordnung von Beständen oder sogar Einzelindividuen zu den jeweiligen Arten und die Schätzung des Hybridanteils (Artintegrität) sind insbesondere für die Ausweisung erhaltenswerter genetischer Ressourcen von grundlegender Bedeutung. Dies gilt insbesondere für verstreute Vorkommen der Flaum-Eiche (*Quercus pubescens* Willd.) am nördlichen Rand ihrer Verbreitung in Deutschland.

1.2 Ökologie und Verbreitung

Das zentrale Verbreitungsgebiet der Flaum-Eiche (*Quercus pubescens* Willd.) ist der nördliche Mittelmeerraum und reicht von Südeuropa über das südliche Mittel- und Westeuropa bis nach Kleinasien und dem Kaukasus (vgl. Abbildung 1-1). Auf der Iberischen Halbinsel kommt sie nur im nordöstlichen Bereich vor, sie bedeckt Süd- und Mittel-Frankreich, Italien, Griechenland, den Balkan, die Türkei mit Ausnahme von Teilen Zentralanatoliens, und die westliche Schwarzmeerregion. Im Mittelmeer ist sie u.a. auch auf Sardinien und Korsika zu finden. Sie ist ein typischer Bestandteil der Garigue und der Macchie (WALTER & STRAKA 1970; SCHÜTT et al. 1992).

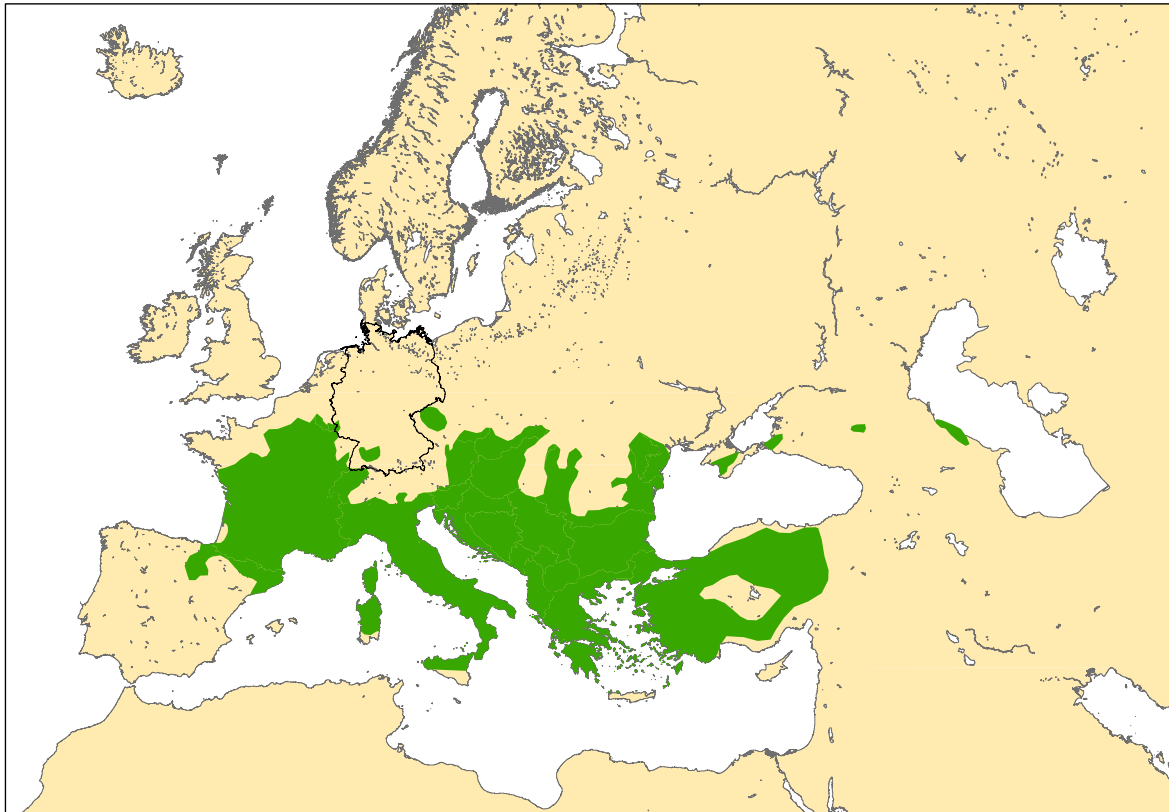


Abbildung 1-1: Verbreitungskarte der Flaum-Eiche (*Quercus pubescens*) gezeichnet nach WALTER & STRAKA 1970.

In Süd- und Südosteuropa ist die Flaum-Eiche ein wichtiger Waldbaum. In intakten Eichenwäldern kann sie stattliche Bäume mit BHD von 50 - 60 cm bilden und bis zu 500 Jahre alt werden. Da die Kronen nicht sehr dicht schließen, entwickelt sich eine artenreiche Kraut- und Strauchschicht (HECKER 2006). Flaum-Eichenwälder werden oft als Niederwald zur Brennholzgewinnung bewirtschaftet. Die Eicheln dienen als Schweinefutter. Ihr Holz ähnelt dem der Stiel-Eiche, ist aber schwerer, dauerhafter, hart und weniger elastisch. Es wird zum Möbelbau und als Bauholz verwendet und vor allem für die Erzeugung von Bahnschwellen genutzt (BANFI & CONSOLINO 1998).

Die Flaum-Eiche wächst bevorzugt auf sommerwarmen, nährstoffreichen Kalkböden, in Eichen-Buschwäldern und Mänteln der Trockenwälder sonniger Hänge. Seltener ist sie auf sauren Silikatgestein zu finden. Sie kommt auch mit flach bis mittelgründigen, trockenen

Lehm- und Steinböden zurecht und wächst deswegen auch im Karst (SEBALD et al. 1990; SCHÜTT et al. 1992). Sie ist Tiefwurzler und eine Lichtholzart.

Nördlich der Alpen liegen verstreute Vorkommen in Gebieten mit trocken-warmen, submediterranen Klima: im Schweizer Jura, im Oberelsaß, in der Rheinebene und am Mittelrhein, am Kaiserstuhl, in Gottmadingen auf dem Heilsberg, im Saaletal bei Jena und im Nationalpark Unteres Odertal bei Gartz (WALTER & STRAKA 1970; SCHÜTT et al. 1992). Das nord-östlichste, inselartige Vorkommen befindet sich im Bielinek Nature Reserve (Naturschutzgebiet Belinchen a. d. Oder) an der deutsch-polnischen Grenze ("Oderbruch"), mit über 200-jährigen Bäumen (CEDRO 2007).

In Deutschland ist die Flaum-Eiche nur im südlichen Oberrheingebiet und am Trauf der mittleren Alb etwas häufiger. Außerhalb des Kaiserstuhls umfassen die Bestände in der Regel nur eine kleine Zahl von Individuen (SEBALD et al. 1990).

Die Ansprache der Flaum-Eiche im Gelände ist schwierig, da sie in Mitteleuropa häufig mit der Trauben-Eiche vorkommt (SCHÜTT et al. 1992) und leicht mit ihr verwechselt werden kann. Die Blattgestalt beider Arten ist sehr ähnlich und die Trauben-Eiche kann u.U. eine bleibende Behaarung aufweisen (HECKER 2006). Beide Arten bastardisieren miteinander, was die Bestimmung noch erschwert (SCHÜTT et al. 1992; HECKER 2006). An Mittelrhein, Nahe- und Moseltal treten häufig Bastarde auf, ohne dass echte (heutige) Flaum-Eichen noch vorhanden sind.

In Baden-Württemberg steht die Flaum-Eiche auf der Roten Liste mit Gefährungsgrad 3, sie tritt nur in wenigen Landschaften auf und ist im Gebiet urwüchsig. Sie ist eine lokale Charakterart des Lithospermo-Quercetum und Buxo-Quercetum (*Quercion pubescenti-petraeae*) (SEBALD et al. 1990). An ihren Standorten ist sie gefährdet durch das Eindringen fremder, hochwachsender Holzarten und wird mit zunehmender Beschattung von Trauben-Eiche und Buche überwachsen. Freistellen und Fortführung einer Niederwaldwirtschaft kann stellenweise Bestände sichern.

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.

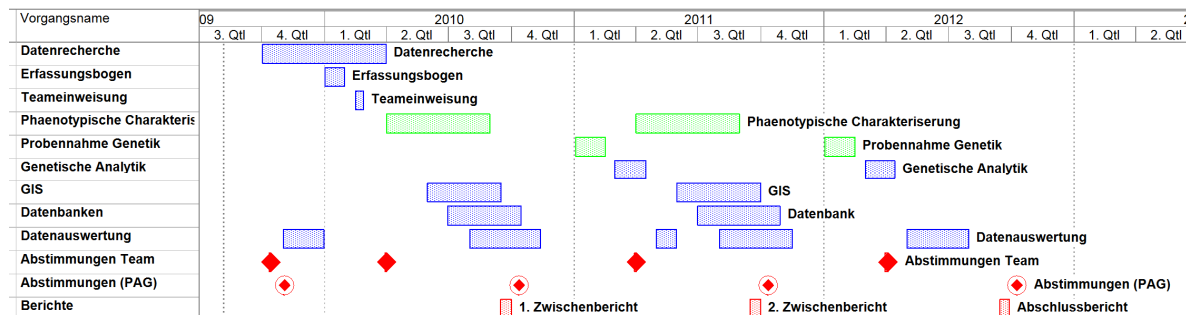


Abbildung 2-1: Geplanter Zeitplan der einzelnen Projektschritte.

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 Flaum-Eiche vor, die ohne vorherige Überprüfung hätten übernommen werden können.

Für die Flaum-Eiche bestehen bei der Firma Plant Genetic Diagnostics GmbH (PGD) ausgezeichnete Kompetenzen und Mittel zur genetischen Charakterisierung. PGD hat Erfahrung in der Analytik mehrerer Eichenarten und hat erst 2009 / 2010 einen großen genetischen Vergleich europäischer Flaum-Eichen-Bestände durchgeführt.

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 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.

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.

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 5 Individuen, wobei mehrere Stämme aus einer Wurzel als ein Individuum gelten.
- Einzelbäume wurden nur erfasst, wenn es sich um besonders starke und ältere Individuen handelte.

3.4 Kartierung

Die 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.

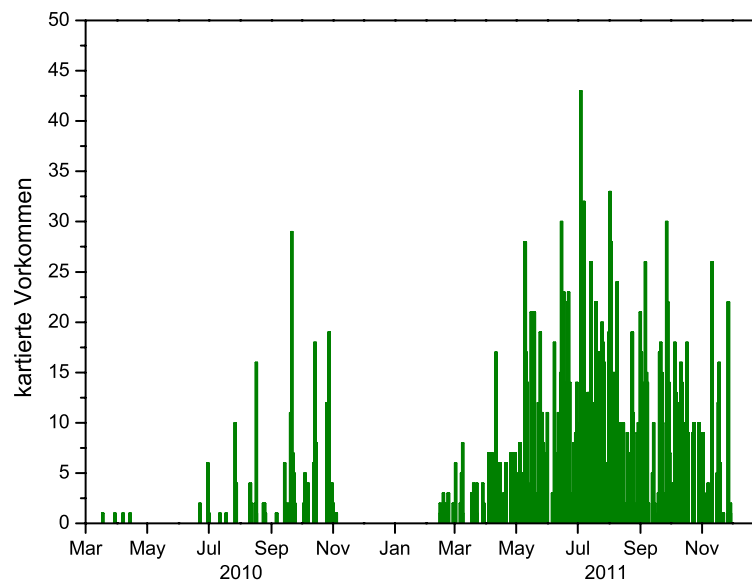


Abbildung 3-2: Kartierperiode mit Anzahl der untersuchten Vorkommen / Tag.
Die dargestellten Daten beziehen sich auf Kartierarbeiten des Forstbüro Ostbayern und aller beauftragten Kartierer zu allen Baumarten der Lose 1 und 3.

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 3-3).

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 Teildatenbanken (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 Alters-

strukturklassen (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.

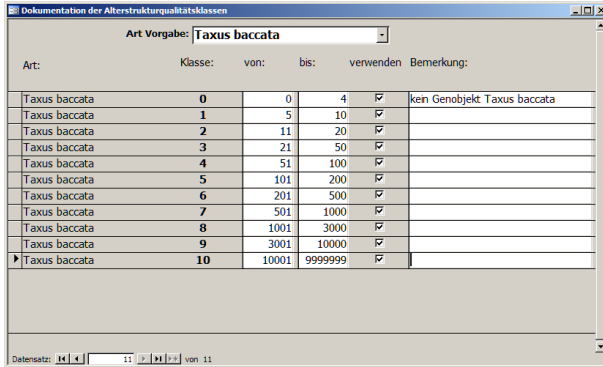


Abbildung 3-4: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Abundanzklassen in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".

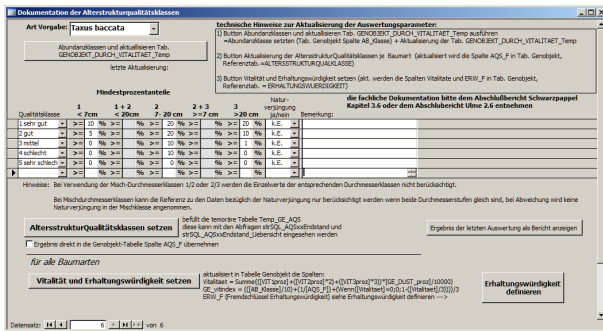


Abbildung 3-5: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Altersstrukturklassen in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".

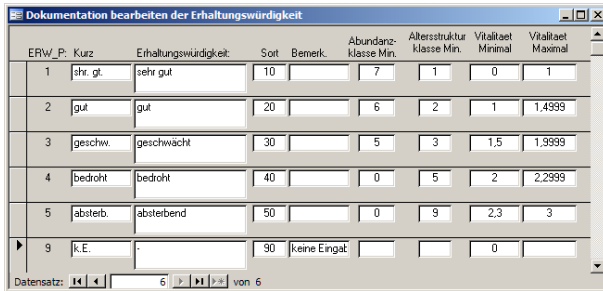


Abbildung 3-6: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Erhaltungsfähigkeit in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".

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.

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.

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)
- Biosphärenreservate (Version vom 30.09.2011)
- Naturschutzgebiete (Version vom 21.10.2011)
- Landschaftsschutzgebiete (Version vom 26.01.2012)
- Naturparke (Version vom 26.01.2012)

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

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	1-4
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.

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%

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.

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.

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.

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	Pinselfartige Kronenstrukturen, in der Regel Kronenabwölbung	26-60 %
3	stark geschädigt, absterbend	Absterben von Hauptästen, skelettartiger Habitus	61-99 %
4	abgestorben		100 %

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.

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				
7	1-2				
8	1-2				
9	1-2				
10	1-2				
7	1				
8	1				
9	1				
10	1				

Erhaltungsfähigkeit "gut"

Erhaltungsfähigkeit "sehr gut"

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.

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.

3.8 Beprobung ausgewählter Genobjekte

Die Probennahme der ausgewählten Genobjekte wurde zentral von Mitarbeitern des Forstbüros Ostbayern in allen Bundesländern zwischen Anfang August 2011 und Anfang Oktober 2011 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 grüne, ausgefärbte und gesunde Blätter von, je nach Gegebenheiten und Möglichkeiten, bis zu 30 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.

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

3.9 Genetische Untersuchungen

3.9.1 Referenzdaten

Um Hinweise darauf zu bekommen, inwiefern es sich bei den zu untersuchenden Bäumen um Flaum-, Trauben- oder Stiel-Eiche handelt, wurden bereits im Jahr 2009 insgesamt 105 Referenzproben der Flaum-Eiche genotypisiert. Beprobungen fanden in Kooperation mit dem LFE (Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Prof. Dr. Kätzel) in Süddeutschland (Limberg, Liliental), in Frankreich (Provence, Bollenberg BOL, Sigolsheim SIG, Elsaß), in der Schweiz (Bessenstein) als auch im nordwestlichen Polen (Biellinek BIE, nördliches Oderbruch) statt.

Desweiteren stellte die Firma 'PLANT GENETIC DIAGNOSTICS' für diese Untersuchung weitere genetische Daten der Trauben- und Stiel-Eiche zur Verfügung (insgesamt 469 Genotypen).

Als Referenzmaterial stehen somit Genotypen von insgesamt 574 Individuen zur Verfügung.

3.9.2 Laborarbeiten

DNA-Extraktion: Die DNA wurde ausschließlich nach dem Protokoll von DUMOLIN et al. (1995) extrahiert (Lysispuffer: ATMBAB (Alkyltrimethylammoniumbromid)-PVP; Dichlormethan zur Fällung von Verunreinigungen). Isolierte DNA wurde bis zur Analysedurchführung bei -20°C gelagert. Die Endkonzentration der DNA-Lösungen für die PCR-Analytik wurde auf 10 ng/ μl eingestellt.

DNA-Marker: Zur Genotypisierung der Bäume wurden sogenannte Mikrosatelliten (auch SSRs = simple sequence repeats genannt) verwendet. Mikrosatelliten sind kurze, nicht kodierende DNA-Abschnitte, die Sequenzwiederholungen von Di- (z.B. TA_n), Tri- (z.B. GAC_n) oder Tetranukleotiden (z.B. GACA_n) enthalten. Aufgrund der Variabilität in der Anzahl solcher Sequenzwiederholungen (Längenvariabilität) und wegen des kodominanten Vererbungsschemas dieses Markertyps, sind Mikrosatelliten ideal für populationsgenetische und -biologische Untersuchungen geeignet.

Die einzelnen Individuen wurden an insgesamt 8 Kern-Mikrosatelliten untersucht (Tabelle 4-9). Die Amplifikation der Mikrosatellitensequenzen mittels PCR-Reaktion erfolgte anhand eines standardisierten, einheitlichen Protokolls. Um optimale Ergebnisse zu erzielen, wurden die amplifizierten PCR-Produkte über eine weitere Aufreinigung, die sogenannte Lithiumchlorid-Fällung, für die Auftrennung vorbereitet. Die Auftrennung der Fragmente nach ihren Größen erfolgte über einen MegaBACE-Sequenzierautomaten (GE Healthcare, Freiburg). Die Fragmentlängen wurden unter Verwendung des Softwareprogrammes Fragment-Profiler (GE Healthcare, Freiburg) bestimmt.

3.9.3 Populationsgenetische Statistik

3.9.3.1 Genetische Variations- und Differenzierungsparameter

Genetische Vielfalt: Als Maß für die genetische Vielfalt innerhalb einer Population wurden in jeder Population für jeden der verwendeten Mikrosatelliten-Loci die Anzahl der beobachteten Allele $n_{(a)}$ und die effektive Anzahl der Allele $v_{(a)}$ [1] berechnet.

$$v_{(a)} = \frac{1}{\sum_i p_{i(a)}^2}, \text{ wobei } 1 \leq v_{(a)} \leq n_{(a)} \quad [1]$$

$p_{i(a)}$ = Häufigkeit von Allel i am Genort a

Ist $v_{(a)} = 1$ (Minimalwert), so ist die Population auf ein Allel fixiert und somit monomorph. $v_{(a)}$ nimmt seinen Maximalwert $n_{(a)}$ dann an, wenn die beobachteten Allele gleichhäufig verteilt sind (HATTEMER et al. 1993). $v_{(a)}$ wird durch unterschiedliche Stichprobengrößen weniger beeinflusst, da neben der absoluten Anzahl der Allele auch deren relative Häufigkeiten mit einbezogen werden.

Genetische Differenzierung: Als ein Maß der genetischen Differenzierung wurde zunächst der genetische Abstand d_0 bestimmt (GREGORIUS 1974). d_0 quantifiziert, wie stark sich die genetischen Strukturen zweier Populationen unterscheiden [2]. Dieses Maß misst sozusagen den relativen Anteil derjenigen Allele, die ausgetauscht werden müssen, um identische genetische Strukturen zwischen Populationen (= allelische Häufigkeiten) zu erhalten.

$$d_{0(a)}(j, k) = \frac{1}{2} \sum_i |p_{i(a)}(j) - p_{i(a)}(k)|, \text{ wobei } 0 \leq d_{0(a)} \leq 1 \quad [2]$$

$p_{i(a)}(j)$ = Häufigkeit von Allel i am Genort a in Population j

$p_{i(a)}(k)$ = Häufigkeit von Allel i am Genort a in Population k

Um den Grad der Differenzierung einer Population zu allen anderen zu bestimmen, wurde das genetische Differenzierungsmaß D_j [3] bestimmt. Dieses Maß vergleicht jedes einzelne Kollektiv von Individuen mit dem Komplement der restlichen Populationen (GREGORIUS 1987).

$$D_{j(a)} = \frac{1}{2} \sum_i |p_{i(a)}(j) - p_{i(a)}(\bar{j})|, \text{ wobei } 0 \leq D_{j(a)} \leq 1 \quad [3]$$

$p_{i(a)}(j)$ = Häufigkeit von Allel i am Genort a in Population j

$p_{i(a)}(\bar{j})$ = Häufigkeit von Allel i am Genort a im Komplement zu Population j

Ist $D_j = 0$, so repräsentiert die Population das gesamte Kollektiv in idealer Weise. Ist $D_j = 1$, so sind alle in der Population auftretenden Allele in keiner der anderen Populationen zu finden.

Gesamtdifferenzierung: Als Maß der absoluten Gesamtdifferenzierung δ wurde der gewichtete Mittelwert [4] aus den einzelnen D_j gebildet [4]. Dieses Maß ist grundsätzlich unabhängig von der Variation in den einzelnen Populationen.

$$\delta = \sum_j \frac{1}{N_p} D_j, \text{ wobei } 0 \leq \delta \leq 1 \quad [4]$$

N_p = Anzahl der untersuchten Populationen

3.9.3.2 Einordnung der Individuen in reproduktive Gruppen

Die statistische Verarbeitung der Multilocus-Genotypdaten erfolgte mit dem Programm STRUCTURE 2.3.2 (zu Software-Details siehe PRITCHARD et al. 2009). Diese Methode eignet sich nicht nur für die innerartliche Zuordnung von Individuen zu Populationen, sondern auch für die Gruppierung von Individuen in verschiedene taxonomische Einheiten (Arten bzw. Unterarten) mit mehr oder weniger starken Anteilen von Hybridisierung. Interessant ist in dieser Hinsicht eine aktuelle Publikation von LEPAIS et al. (2009), in der verschiedene Eichenarten (*Quercus petraea*, *Q. pubescens*, *Q. pyrenaica* und *Q. robur*) in Frankreich zunächst genetisch und anschließend taxonomisch untersucht worden sind.

Das Programm beinhaltet eine modellbasierte Clustermethode, die Rückschlüsse auf Populationsstrukturen und Reproduktionsverhältnisse ermöglicht. Dabei werden die einzelnen Individuen zu Populationen bzw. bestimmten Reproduktionseinheiten zugeordnet. Diese Methode wurde erstmals von FALUSH et al. (2003, 2007) veröffentlicht und von PRITCHARD et al. (2000) weiter ausgebaut. Zusammenfassend können folgende Arbeitsschritte beschrieben werden, die mit Hilfe dieses Programms durchgeführt werden:

- 1. Schritt: Spezifizierung der Anzahl an Clustern (K), die den erhobenen Genotypen zugrunde liegen soll (z.B. K = 2),
- 2. Schritt: Verteilung der Individuen auf die angenommenen Cluster in der Weise, dass innerhalb der Cluster Hardy-Weinberg-Gleichgewicht optimiert wird,
- 3. Schritt: Schätzung der Wahrscheinlichkeit [$Pr(D|K)$], mit der die empirisch erhobenen Multilocus-Genotypen (Individuen) in die angenommene Anzahl von K Clustern gruppiert werden,
- 4. Schritt: Erneuter Start bei Schritt 1 mit einer neuen Anzahl Cluster (z.B. K = 3, 4).

Die Schätzung der genetischen Mischungsanteile erfolgte in STRUCTURE unter Annahme von bestehendem genetischem Austausch ("admixture model") und korrelierenden Allelhäufigkeiten zwischen den Populationen ("correlated allele frequency model"). Je zehn Läufe wurden für Schätzungen der Mischungsanteile von je einem bis zu zehn Clustern durchgeführt. Jeder Lauf bestand aus Monte Carlo Markov Ketten mit 10.000 Generationen "burn-in" und 50.000 beprobten Generationen.

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.

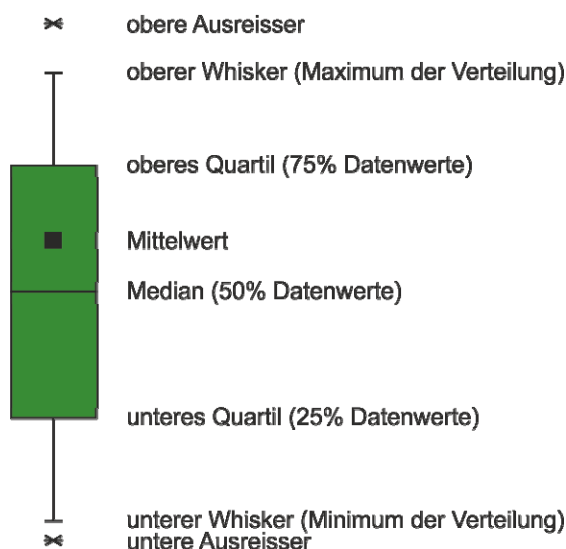


Abbildung 3-8: Darstellung eines BoxPlot (auch Box-Whisker-Plot) mit Benennung der Kennwerte. Zusätzlich ist der Mittelwert des Datensatzes angegeben.

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.

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.

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

4 Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

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 DNS-Markern.

Neben einer Inventur verschiedener genetischer Parameter (Diversität, Differenzierung etc.) werden auch Informationen zu den reproduktiven Verhältnissen (Hybridisierung mit anderen Eichenarten, Artreinheit) gewonnen, die zur Beurteilung der Dringlichkeit der Erhaltung von Flaum-Eichenvorkommen beitragen sollen.

4.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen

Im Zuge der Datenrecherche zur Verbreitung der Flaum-Eiche in Deutschland wurden mehrere Standorten im Südwesten von Baden-Württemberg, Vorkommen im nördlichen Brandenburg, im brandenburgischen Odertal und im Saaletal bei Jena genannt. Informationen über ein früheres Vorkommen im Saarland konnten nicht bestätigt werden. Bei neueren vergleichenden genetischen Untersuchungen (HÖLTKEN et al. 2011) wurden die Eichen in Brandenburg als Hybride (Trauben-Eiche, Zerr-Eiche) identifiziert und in vorliegendem Vorhaben nicht berücksichtigt.

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

Auf dem Gebiet der Bundesrepublik Deutschland wurden insgesamt 26 Vorkommen kartiert, mit einer geschätzten Gesamtzahl von 14.538 Individuen über alle Entwicklungsstufen. Bis auf ein Vorkommen im thüringischen Saaletal bei Jena, mit geschätzten 120 Bäumen, liegen alle identifizierten und kartierten Flaum-Eichen Bestände im Südwesten von Baden-Württemberg.

In Abbildung 4-1 ist die geographische Lage der kartierten Bestände innerhalb Deutschlands mit Angabe der Größenklassen der Baumzahlen dargestellt.

In (Tabelle 4-1) und den nachfolgenden Abbildungen ist die Anzahl der kartierten Bestände (Abbildung 4-2) und die Anzahl der kartierten Bäume (Abbildung 4-3) pro Bundesland dargestellt, sowie die relativen Bestandeszahlen (Abbildung 4-4) und Baumzahlen (Abbildung 4-5) bezogen auf die Größe der Landesfläche.

Da außerhalb von Baden-Württemberg nur ein einziges Vorkommen in Thüringen gefunden wurde, ist die bundeslandbezogene Betrachtungsweise nur insofern interessant, dass sie das relativ enge Verbreitungsgebiet innerhalb Deutschlands und die Seltenheit der Flaum-

Eiche in Deutschland unterstreicht. Sie wird lediglich zur Vergleichbarkeit mit Untersuchungen zu anderen Baumarten dargestellt.

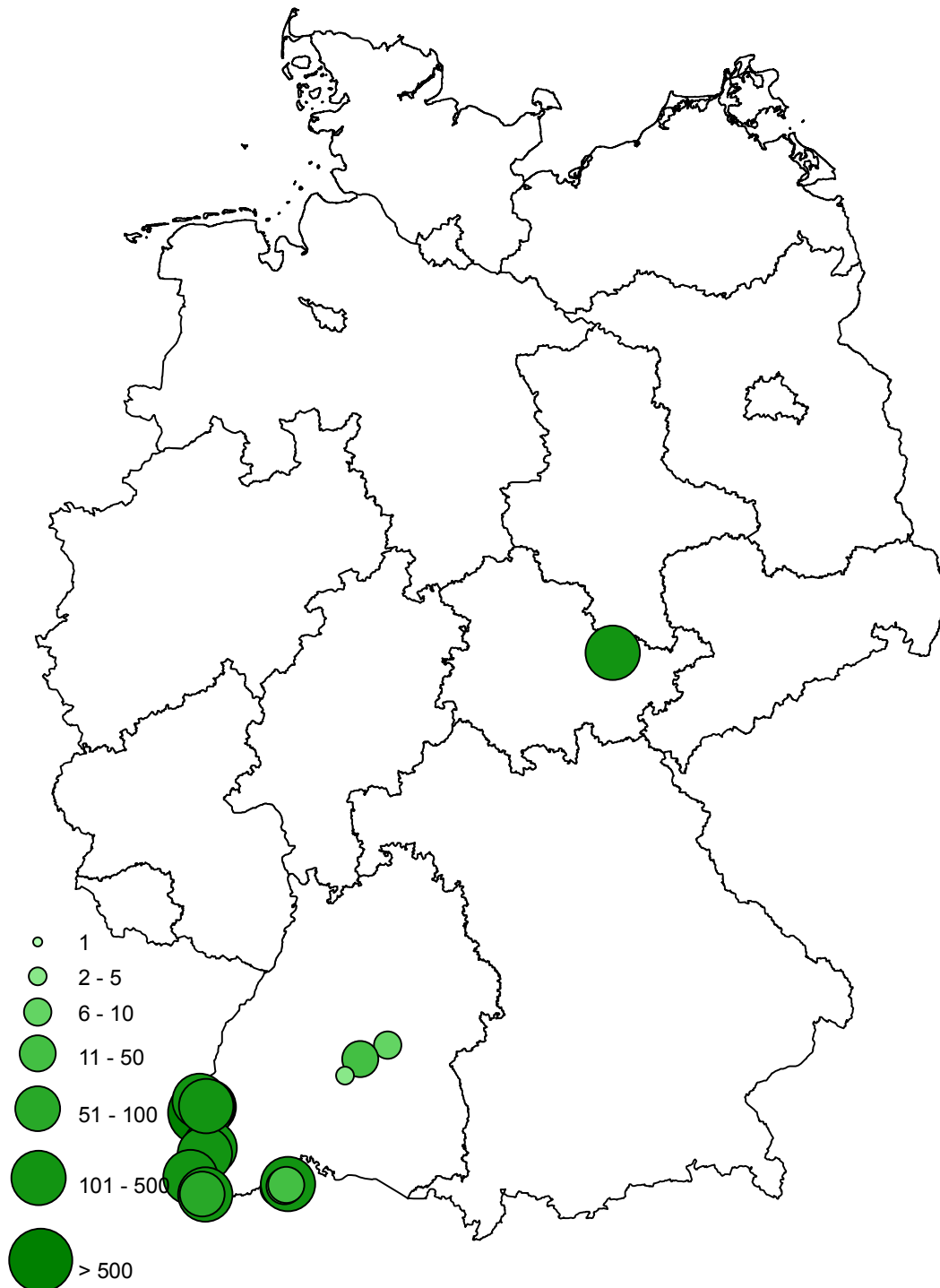


Abbildung 4-1: Lage der kartierten Bestände mit Größenklassen der kartierten Baumzahlen.

In den 25 untersuchten Vorkommen in Baden-Württemberg befinden sich geschätzte 14.400 Bäume auf insgesamt 182 ha. Auf die Landesfläche bezogen sind dies 0,7 Vorkommen und 403 Bäume pro 1.000 km². Die in Thüringen geschätzten 120 Bäume sind auf 2,4 ha verteilt.

Statistisch ergibt sich eine rechnerische Dichte von 0,06 Vorkommen und 7,4 Bäumen pro 1.000 km².

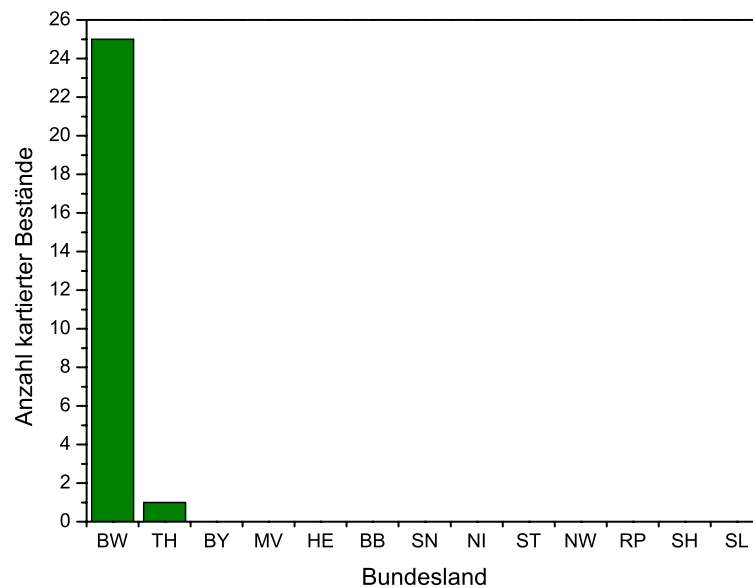


Abbildung 4-2: Anzahl der kartierten Bestände nach Bundesländern.

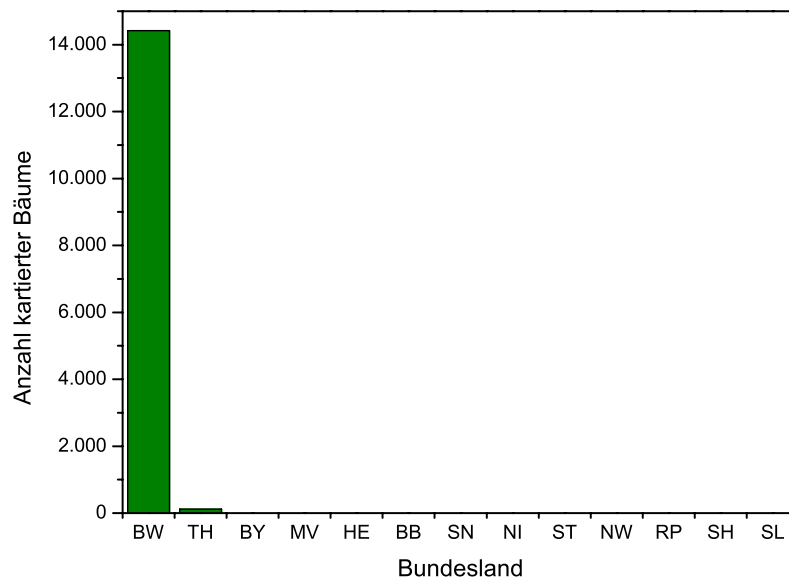


Abbildung 4-3: Anzahl der kartierten Bäume nach Bundesländern.

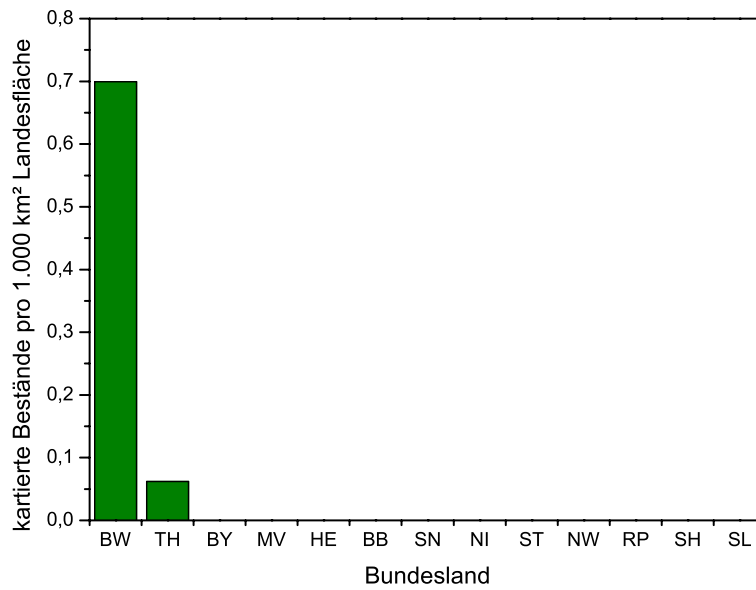


Abbildung 4-4: Anzahl der kartierten Bestände bezogen auf die Fläche (in 1.000 km²) der Bundesländer.

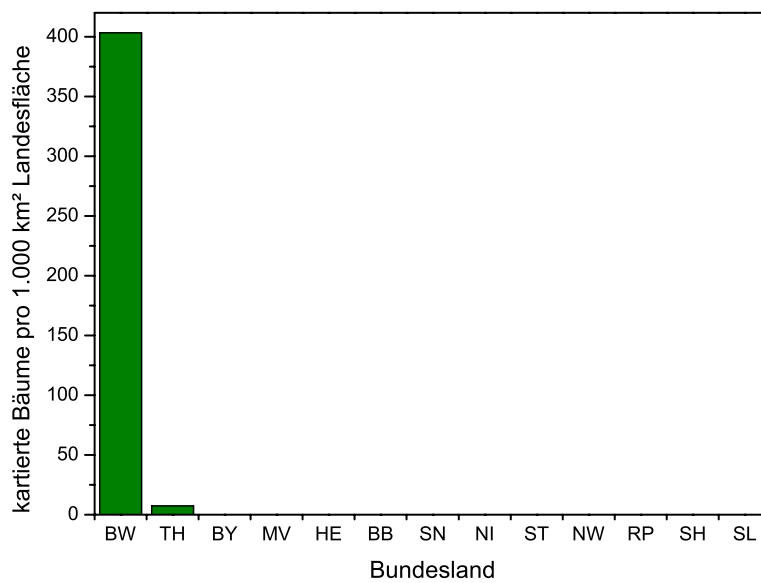


Abbildung 4-5: Anzahl der kartierten Bäume bezogen auf die Fläche (in 1.000 km²) der Bundesländer.

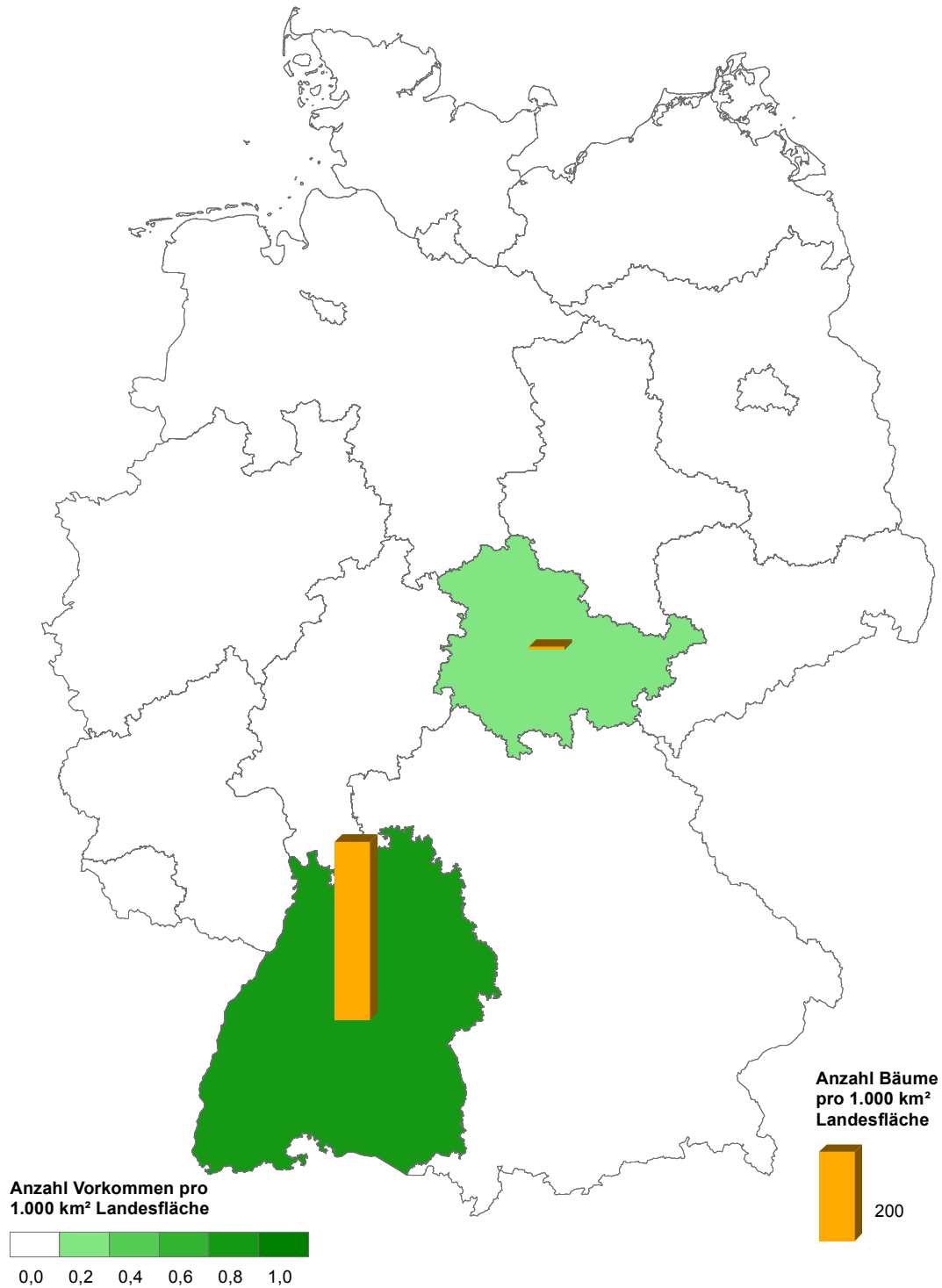


Abbildung 4-6: Anzahl kartierter Vorkommen und Baumzahlen bezogen auf die Landesfläche (in 1.000 km²) der Bundesländer.

Die Anzahlen der Vorkommen und die Baumzahlen in Bezug zur Landesfläche sind in Abbildung 4-6 verdeutlicht.

Tabelle 4-1: 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 [ha]	Anzahl Bäume / ha Fläche	Anzahl Vorkommen / 1.000 km ² Landesfläche	Anzahl Bäume / 1.000 km ² Landesfläche
BB	0	0	0,0			
BW	25	14.418	182,4	79,1	0,7	403,3
BY	0	0	0,0			
HE	0	0	0,0			
MV	0	0	0,0			
NI	0	0	0,0			
NW	0	0	0,0			
RP	0	0	0,0			
SH	0	0	0,0			
SL	0	0	0,0			
SN	0	0	0,0			
ST	0	0	0,0			
TH	1	120	2,4	50,0	0,1	7,4
DE	26	14.538	184,8	78,7	0,1	40,9

4.1.2 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten

Da nur sehr wenige Vorkommen der Flaum-Eiche in Deutschland existieren, ist auch die Zahl der besiedelten Wuchsgebiete gering und beschränkt sich auf das Oberrheinische Tiefland und die Rhein-Main-Ebene (18 Bestände mit 13.788 Bäumen), die Schwäbische Alb (3 Bestände mit 45 Bäumen), das Südwestdeutsche Alpenvorland (4 Bestände mit 585 Bäumen) und das Ostthüringische Trias-Hügelland (1 Bestand mit 120 Bäumen) (vgl. Tabelle 4-2 und Abbildung 4-7).

Der Großteil der untersuchten Flaum-Eichen Vorkommen (18 Bestände, 69 %) und auch die höchsten Baumzahlen befinden sich im Wuchsgebiet 65 "*Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene*" (Abbildung 4-7 und Tabelle 4-2), mit Schwerpunkt Oberrheingraben und Kaiserstuhl. Der Oberrheingraben und seine Randzonen haben die mildesten Winter und die wärmsten Sommer in Deutschland bei geringen bis mäßigen Niederschlägen, was den Standortansprüchen der Flaum-Eiche entgegen kommt. Linksrheinisch schließt sich im Südosten das französische "*Saône-Tiefland*" an, mit den Vogesen im Norden und dem Jura im Westen. Die Einwanderung der Flaum-Eiche aus Frankreich und dem Mittelmeerraum könnte durch klimatische Verhältnisse im Saônetal und dem sich südlich anschließenden Rhônetal begünstigt worden sein.

Vier Vorkommen mit insgesamt über 500 Bäumen befinden sich im "*Südwestdeutschen Alpenvorland*", genauer im südlichen Bereich des Wuchsgebietes 77 - an der Grenze zum schweizerischen "*Mittelland-Hochrhein*". Drei kleinere Vorkommen (insgesamt etwa 50 Bäume) existieren auf der "*Schwäbischen Alb*" (Wuchsgebiet 76) an Hängen mit süd-, südwestlicher Ausrichtung. Das nördlichste untersuchte Vorkommen (in Thüringen bei Jena) liegt im "*Ostthüringischen Trias-Hügelland*" (Wuchsgebiet 33).

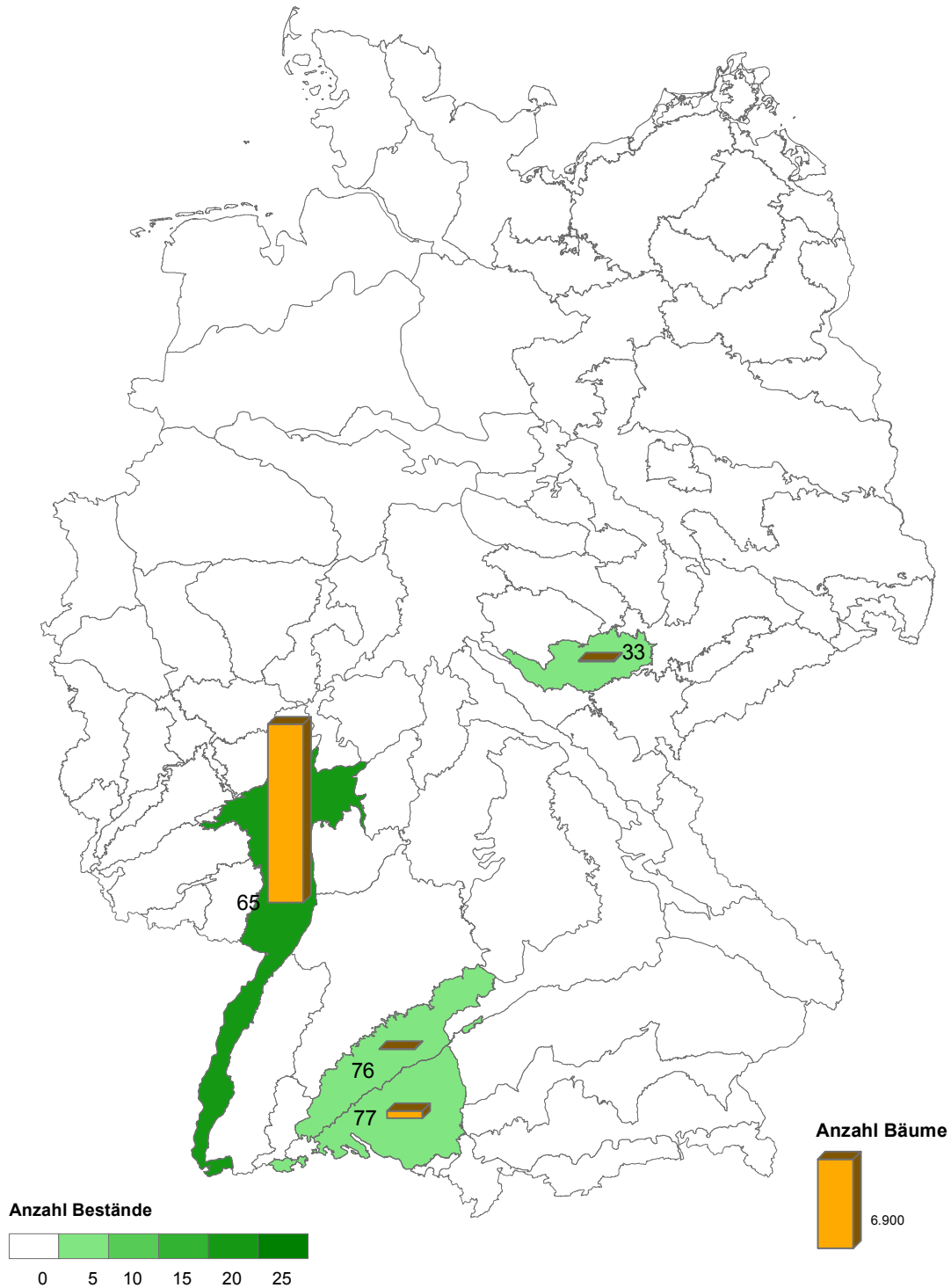


Abbildung 4-7: Anzahl der kartierten Bestände und Anzahl der kartierten Bäume nach Wuchsgebieten.

Tabelle 4-2: 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	0	0
3	Schleswig-Holstein Südwest	0	0
4	Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland	0	0
5	Ostholsteinisch-Westmecklenburger Jungmoränenland	0	0
6	(Mittel-) Mecklenburger Jungmoränenland	0	0
7	Ostmecklenburg-Vorpommersches Jungmoränenland	0	0
8	Ostvorpommersches Küstenland	0	0
9	Nordostbrandenburger Jungmoränenland (Mittelbrandenburger Jungmoränenland)	0	0
10	Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nordbrandenburger Jungmoränenland)	0	0
11	Ostniedersächsisch-Altmärkisches Altmoränenland (Westprignitz-Altmärkisches Altmoränenland)	0	0
12	Südost-Holsteinisch-Südwestmecklenburger Altmoränenland	0	0
13	Ostniedersächsisches Tiefland	0	0
14	Niedersächsischer Küstenraum	0	0
15	Mittelwestniedersächsisches Tiefland	0	0
16	Westfälische Bucht	0	0
17	Weserbergland	0	0
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	0	0
25	Düben-Niederlausitzer Altmoränenland	0	0
26	Lausitzer Löß-Hügelland	0	0
27	Zittauer Gebirge	0	0
28	Oberlausitzer Bergland	0	0
29	Elbsandsteingebirge	0	0
30	Westlausitzer Platte und Elbtalzone	0	0
31	Sächsisch-Thüringisches Löß-Hügelland	0	0
32	Leipziger Sandlöß-Ebene	0	0
33	Osthüringisches Trias-Hügelland	1	120
34	Thüringer Becken	0	0
35	Nordthüringisches Trias-Hügelland	0	0
36	Harz	0	0
37	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	0	0
38	Nordwesthessisches Bergland	0	0
39	Nördliches hessisches Schiefergebirge	0	0
40	Sauerland	0	0
41	Bergisches Land	0	0
42	Niederrheinisches Tiefland	0	0
43	Niederrheinische Bucht	0	0
44	Nordwesteifel	0	0
45	Osteifel	0	0
46	Mittelrheintal	0	0
47	Westerwald	0	0
48	Taunus	0	0
49	Wetterau und Gießener Becken	0	0
50	Vogelsberg und östlich angrenzende Sandsteingebiete	0	0
51	Rhön	0	0
52	Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland	0	0
53	Thüringer Gebirge	0	0
54	Vogtland	0	0
55	Erzgebirgsvorland	0	0
56	Erzgebirge	0	0
57	Frankenwald, Fichtelgebirge und Steinwald	0	0

Nr	Wuchsgebiet	Bestände	Baumzahl
58	Oberpfälzer Wald	0	0
59	Oberpfälzer Becken- und Hügelland	0	0
60	Frankenalb und Oberpfälzer Jura	0	0
61	Fränkischer Keuper und Albvorland	0	0
62	Fränkische Platte	0	0
63	Spessart	0	0
64	Odenwald	0	0
65	Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene	18	13.788
66	Hunsrück	0	0
67	Moseltal	0	0
68	Gutland	0	0
69	Saarländisch-Pfälzisches Muschelkalkgebiet	0	0
70	Saar-Nahe Bergland	0	0
71	Westricher Moorniederung	0	0
72	Pfälzerwald	0	0
73	Schwarzwald	0	0
74	Baar-Wutach	0	0
75	Neckarland	0	0
76	Schwäbische Alb	3	45
77	Südwestdeutsches Alpenvorland	4	585
78	Tertiäres Hügelland	0	0
79	Bayerischer Wald	0	0
80	Schwäbisch-Bayerische Schotterplatten- und Altmoränenlandschaft	0	0
81	Schwäbisch-Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge	0	0
82	Bayerische Alpen	0	0

4.1.3 Potentielle natürliche Vegetation

Eine Verschneidung mit Daten zur Potentiellen Vegetation (PNV) (BFN 2011) zeigte, dass der Großteil der untersuchten Vorkommen in Buchenwald-Standorten vorkommt (Abbildung 4-8). 15 Bestände (58 %) sind basen- und kalkreichen und 8 Bestände (31 %) sind mäßig basenreichen Buchen-Standorten zuzuordnen. Ein Bestand findet sich in einem basenarmen Buchenwald.

Laut Datenbank befindet sich ein Vorkommen in einem *"Winterlinden- und Waldlabkraut-Hainbuchenwald"* (IST) und ein Vorkommen in einem *"Stieleichen- und Eschen-Hainbuchenwald"* (SAS). Bei beiden Vorkommen stoßen allerdings mehrere Vegetationstypen zusammen. Werden bei beiden Vorkommen die einzelnen Individuen betrachtet, so liegen beim Vorkommen SAS ein Teil der Bäume im *"Waldziest- u. Bärlauch-Eschen-Buchenwald"* (N62) und ein Teil im *"Orchideen-Buchenwald im Komplex mit Waldgersten-Buchenwald"* (N24). Beim Vorkommen IST ist eher der *"Orchideen-Buchenwald im Komplex mit Waldgersten-Buchenwald"* (N22) statt der hangabwärts gelegene *"Weißseggen-Winterlindenwald"* (G71) mit Flaum-Eichen bewachsen. Somit ist davon auszugehen, dass insgesamt 17, statt 15, Vorkommen basen- und kalkreiche Buchenwälder besiedeln.

Diese Ergebnisse stimmen sehr gut mit den einleitend genannten Standortsansprüchen der Flaum-Eiche überein (vgl. Kapitel 1.2), wonach sie sommerwarme, nährstoffreiche Kalkböden bevorzugt.

Interessant ist, dass in den *"Wärmeliebenden Eichen-Mischwäldern"* (K), speziell in den *"Flaumeichen-Buschwäldern"* (K1b), wie sie laut PNV 2011 in Rheinland-Pfalz stellenweise am Mittelrhein, an Mosel und an Nahe vorhanden sind, keine Flaum-Eichen vorgefunden wurden.

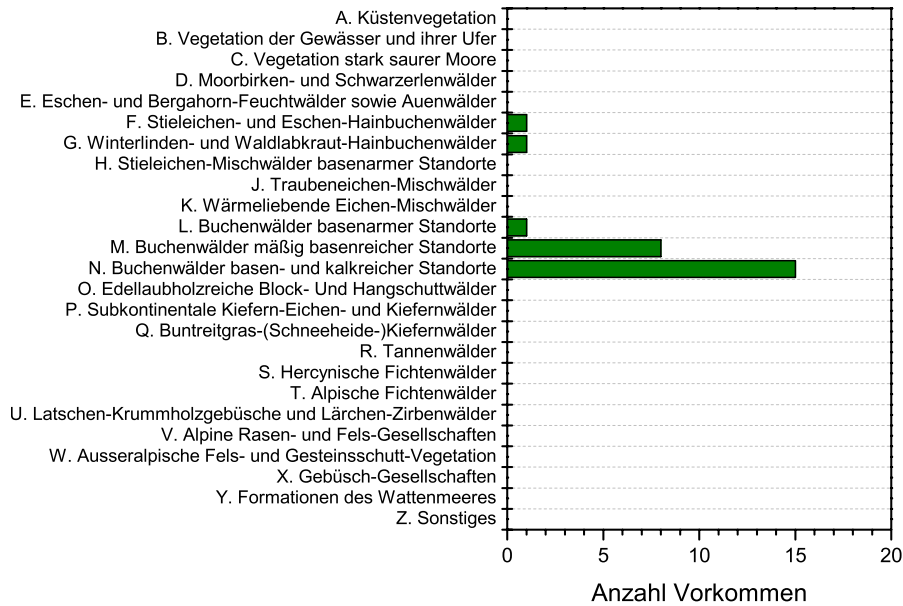


Abbildung 4-8: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen.

4.2 Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl

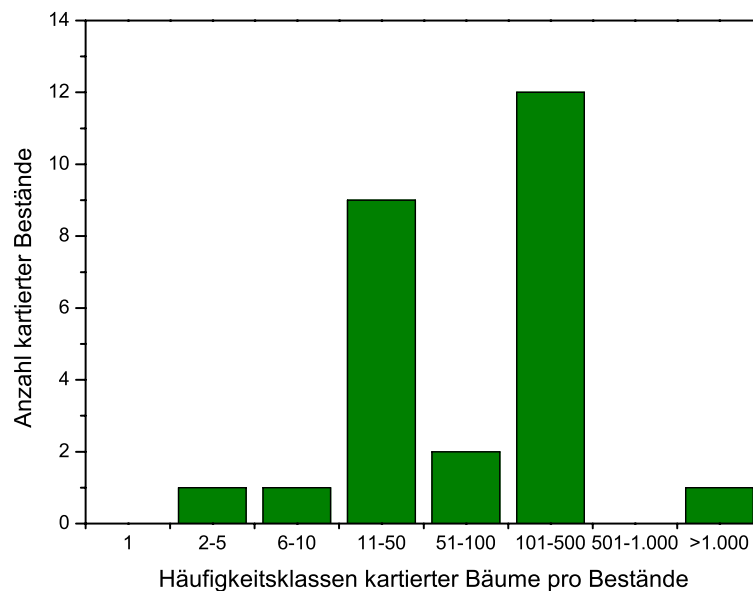


Abbildung 4-9: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen.

Fast alle Vorkommen weisen nur geringe (< 50) oder mittlere (< 500) Baumzahlen auf (Abbildung 4-9). Nur ein Vorkommen stellt mit geschätzten 11.000 Bäumen einen großen, fast reinen Flaum-Eichen Bestand dar (NSG Büchsenberg im Kaiserstuhl). In 9 der kartierten

Bestände liegen Baumzahlen zwischen 11 und 50 Individuen, in 12 Beständen liegen Baumzahlen zwischen 101 und 500 Individuen vor.

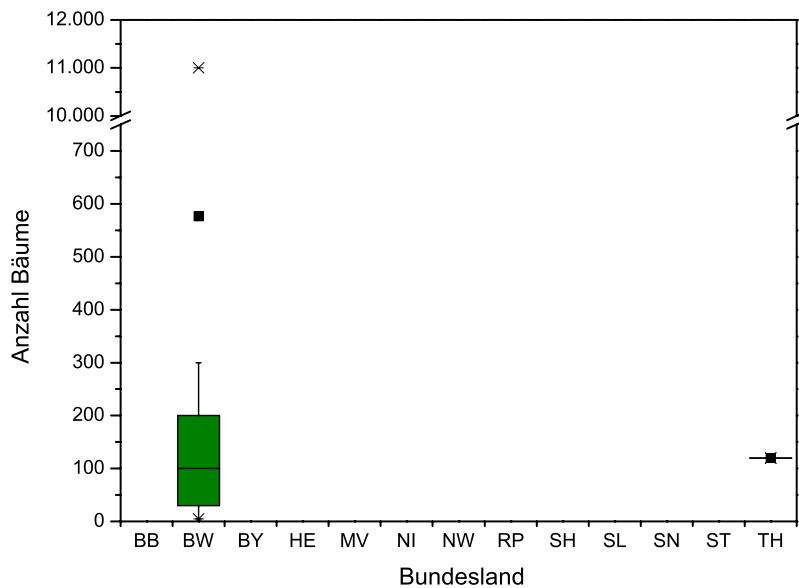


Abbildung 4-10: Anzahl der kartierten Baumzahlen je Vorkommen nach Bundesland. (BoxPlot mit Darstellung von Mittelwert (*), Median (—), Quartile (□), Whisker (┘) und Ausreißern (x)).

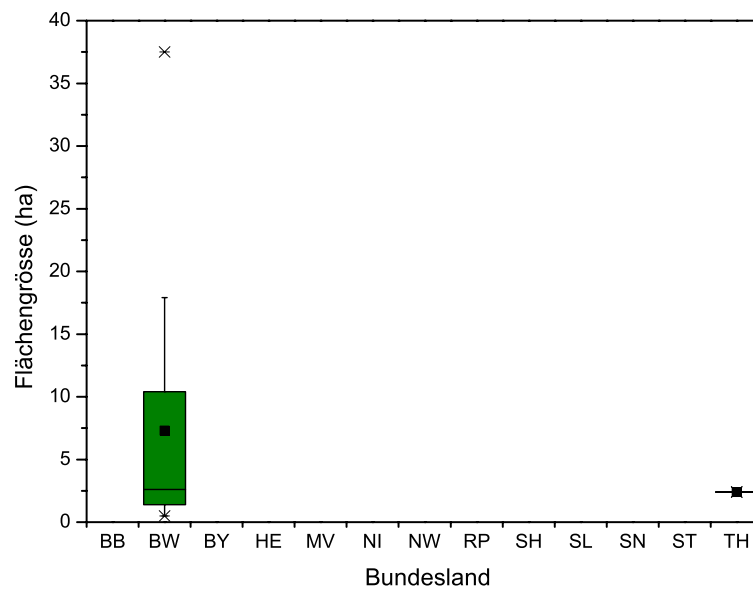


Abbildung 4-11: Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern. (BoxPlot mit Darstellung von Mittelwert (*), Median (—), Quartile (□), Whisker (┘) und Ausreißern (x)).

Die mittlere Baumzahl über alle Bestände reicht von 50 bis 200 Bäumen mit einem Median von etwa 100 Individuen (Abbildung 4-10). Der Bestand im NSG Büchsenberg mit geschätzten 11.000 Bäumen kann als einmalig eingestuft werden und stellt hier mathematisch gesehen einen Ausreißer dar.

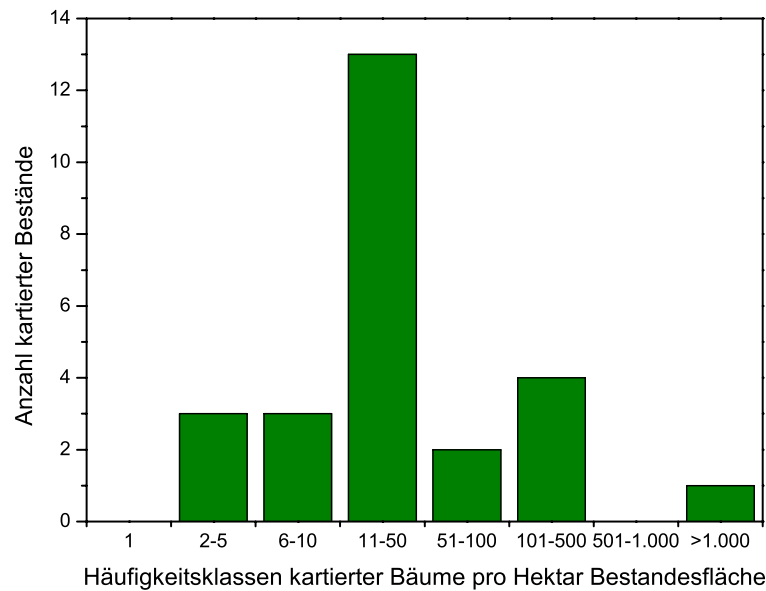


Abbildung 4-12: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen bezogen auf eine Fläche von 1 ha.

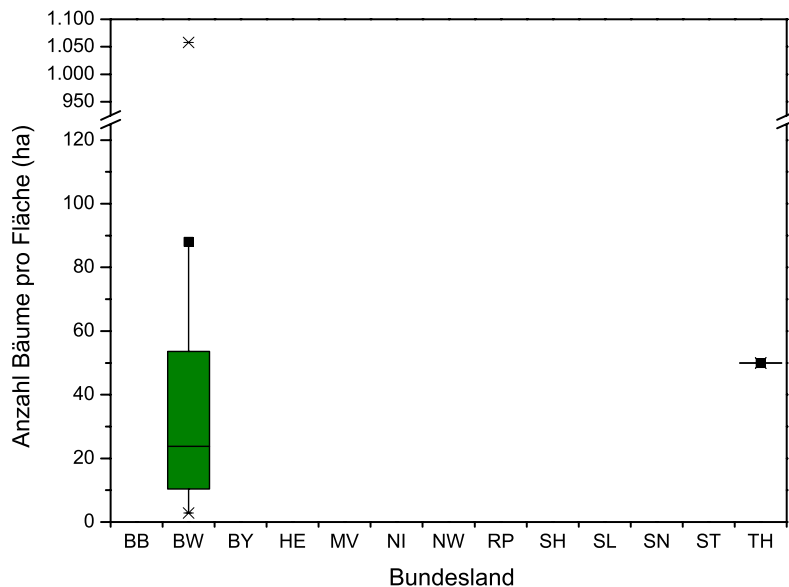


Abbildung 4-13: Baumzahlen pro Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern. (BoxPlot mit Darstellung von Mittelwert (*), Median (—), Quartile (□), Whisker (┌) und Ausreißern (x)).

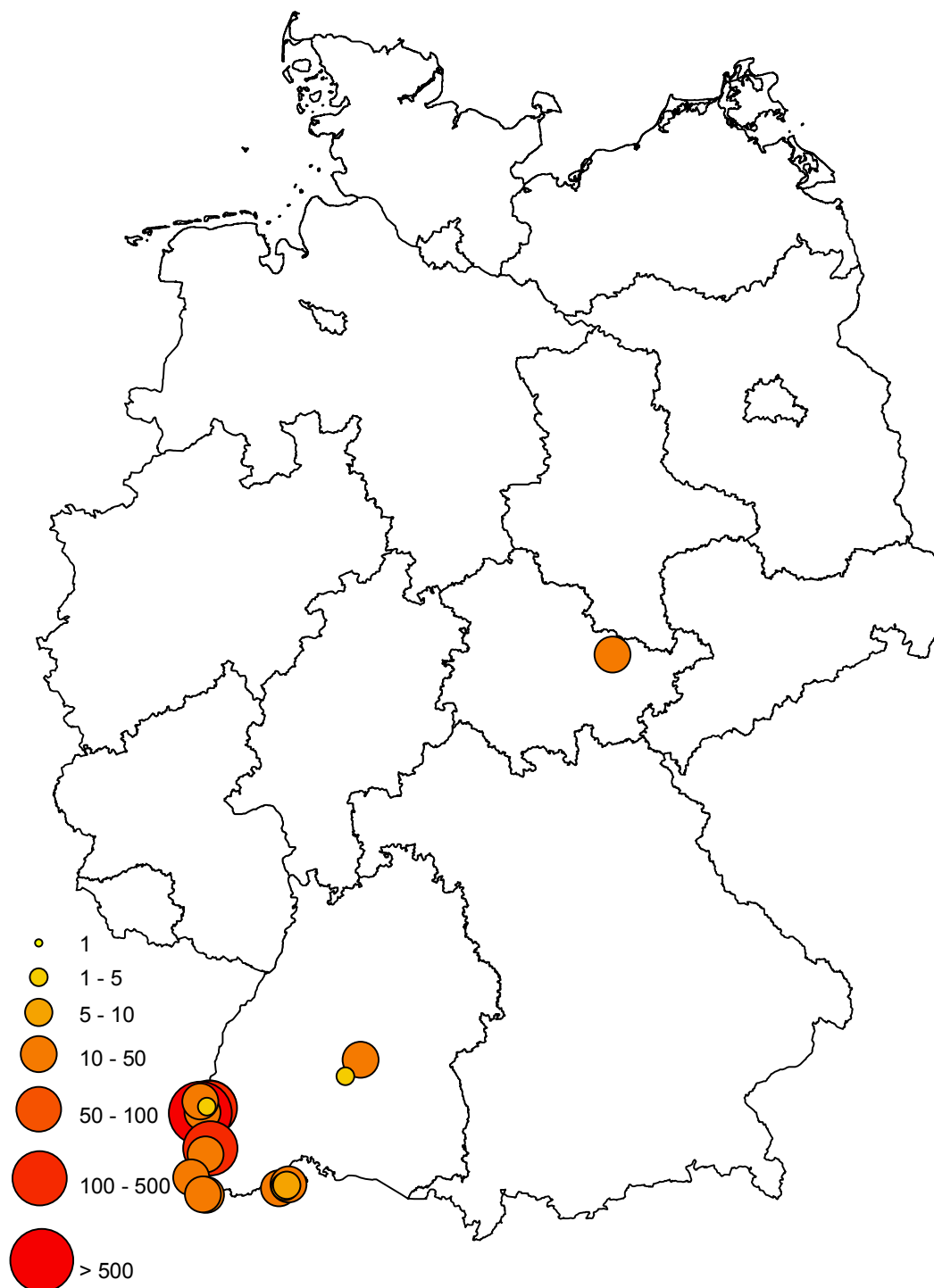


Abbildung 4-14: Lage und Größenklassen (Baumzahlen pro Hektar Bestandesfläche) der kartierten Vorkommen.

Die Flächengöße der untersuchten Vorkommen variiert im Durchschnitt zwischen 1 und 10 ha, Flächen bis zu 18 ha kommen bei drei Beständen vor (Abbildung 4-11). Der Median der untersuchten Flächen liegt bei 2,5 ha.

Werden die Baumzahlen der untersuchten Vorkommen auf einen Hektar Fläche bezogen, befinden sich die Hälfte der Bestände (13 Vorkommen) der Klasse zwischen 11 und 50

Bäumen (Abbildung 4-12). Kleinere Vorkommen (<10) und sehr kleine Vorkommen (<5 Individuen) kommen zu je knapp 12 % vor. Vorkommen mit 51 bis 100 Bäumen pro Hektar wurden 2 Bestände (7,7 %) und mit 101 bis 500 Bäumen wurden 4 Bestände (15,4 %) gefunden.

Im statistischen Mittel befinden sich auf jeder Vorkommensfläche 10 bis 53 Bäume pro Hektar, mit einem Median von 24 Bäumen (Abbildung 4-13).

Zur Übersicht sind die Lage und die Größenklassen (Baumzahlen pro Hektar Bestandesfläche) der untersuchten Vorkommen in Abbildung 4-14 dargestellt.

4.2.1 Abundanz

Für sich anschließende Auswertungen ist die Einteilung der Baumzahlen nach Abundanzklassen notwendig. Fast alle untersuchten Vorkommen (96 %) weisen weniger als 500 Bäume auf und sind in die Klassen 1 bis 6 eingestuft. Die Klassen 3 (21-50 Bäume) und 6 (101-200 Bäume) sind mit jeweils etwa ein Viertel (23 % und 27 %) der Vorkommen am größten.

Bei der Flaum-Eiche wurden Einzel Exemplare (Abundanzklasse 0) nicht erfasst. In der Klasse 10 (> 10.001 Bäume) befindet sich nur ein einziges Vorkommen (NSG Buechsenberg).

Tabelle 4-3: Verteilung der Vorkommen in den Abundanzklassen.

Klasse	Individuenzahl	Anzahl	Anzahl (%)
0	0-4	0	
1	5-10	2	7,7
2	11-20	3	11,5
3	21-50	6	23,1
4	51-100	2	7,7
5	101-200	7	26,9
6	201-500	5	19,2
7	501-1.000	0	
8	1.001-3.000	0	
9	3.001-10.000	0	
10	>10.001	1	3,8
Summe		26	

4.3 Durchmesserstruktur und Altersstruktur

4.3.1 Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen

Über 70 % (etwa 14.000 Individuen) der erfassten Flaum-Eichen liegen in der mittleren Durchmesserstufe von 7 bis 20 cm (Abbildung 4-15). Fast ein Drittel (27 %; etwa 4.000 Bäume) sind starke bzw. stärkere Bäume mit mehr als 20 cm Brusthöhendurchmesser (BHD). Junge Bäume mit weniger als 7 cm BHD sind nur sehr gering (216 Individuen, 1,5 %) vorhanden. Aufgrund des Fehlens von Jungbäumen ist eine gesunde Altersstruktur somit nicht gegeben (Abbildung 4-16).

Da durchaus mittelgroße Bestände von 100 bis 500 Individuen existieren, vor allem im NSG Büchsenberg ein fast geschlossener Bestand von über 10.000 Bäumen, ist davon auszuge-

hen, dass zumindest teilweise Jungaufwuchs in u.U. dichtem Unterholz nicht erkannt werden konnte. Auf der anderen Seite ist die Ansprache von Jungbäumen im Gelände schwierig, wenn die typischen Artmerkmale nicht eindeutig zuzuordnen sind.

Tabelle 4-4: 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							
BW	216	10.255	3.946	14.418	1,5	71,1	27,4
BY							
HE							
MV							
NI							
NW							
RP							
SH							
SL							
SN							
ST							
TH	16	38	66	120	13,0	32,0	55,0
DE	232	10.294	4.012	14.538	1,6	70,8	27,6

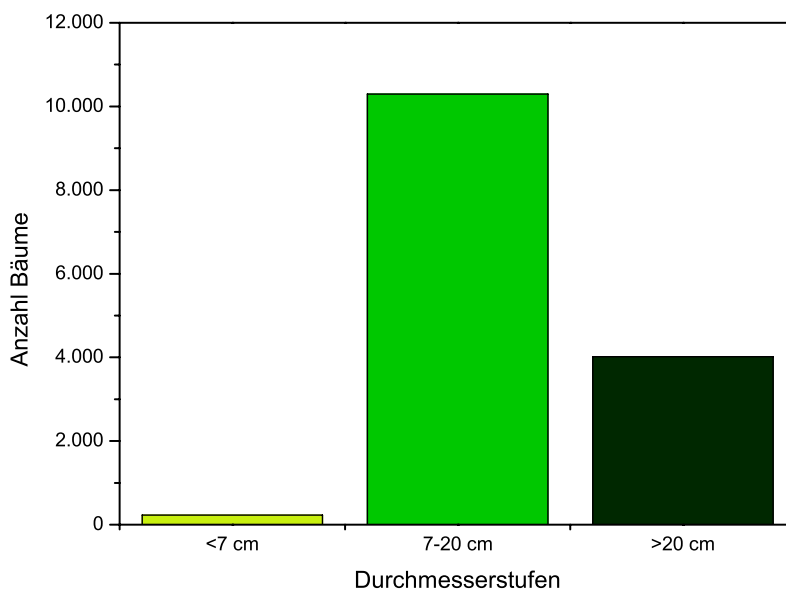


Abbildung 4-15: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen in Deutschland.



Abbildung 4-16: Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet.

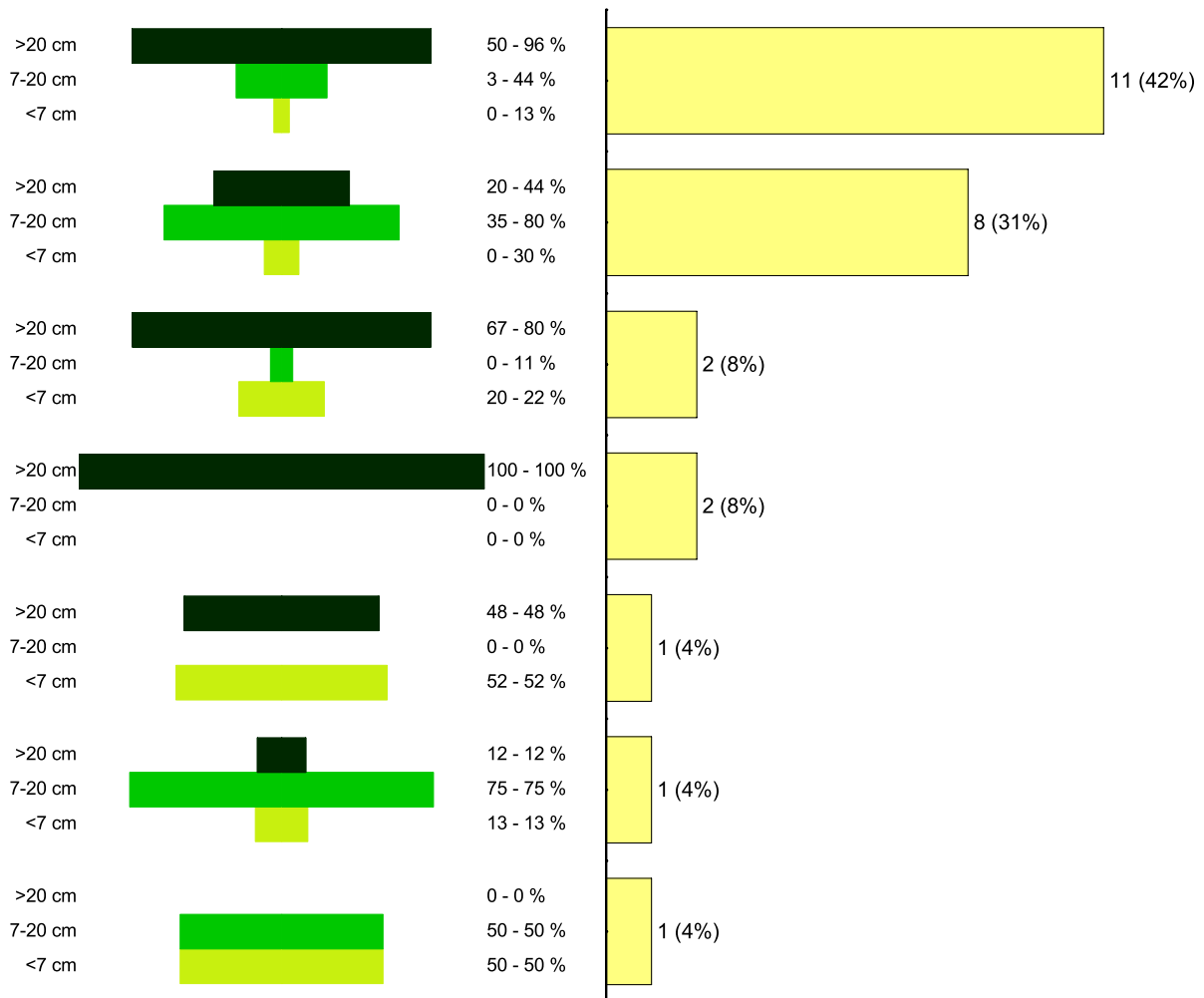


Abbildung 4-17: Altersstrukturen der kartierten Vorkommen und ihre Anzahl in Deutschland.

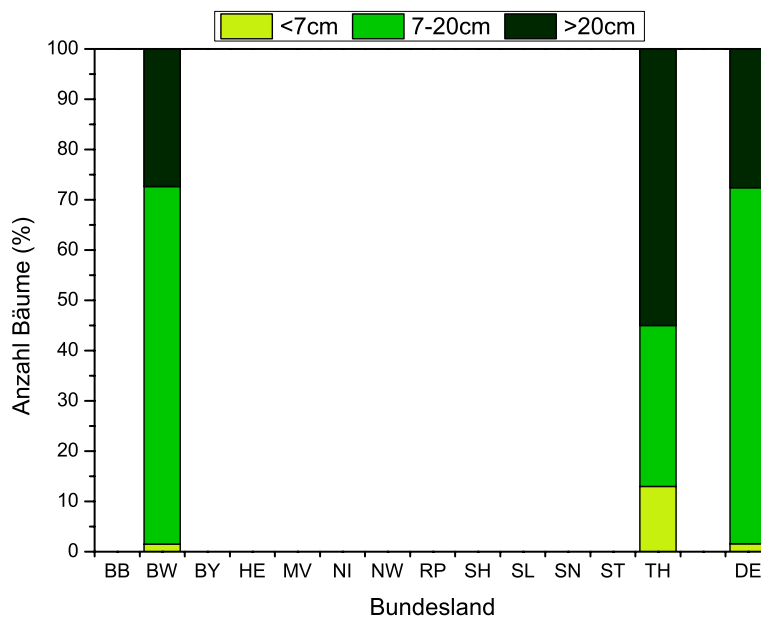


Abbildung 4-18: Prozentuale Verteilung der drei Durchmesserstufen in den Bundesländern und in Deutschland.

Aus den 26 untersuchten Vorkommen konnten sieben Typen von Altersstrukturpyramiden abgeleitet werden (Abbildung 4-17). Der häufigste Typus (42 %, 11 Bestände) zeigt hohe Anteile an Althölzern, geringe bis mittlere Anteile von Bäumen mit 7 - 20 cm BHD und geringe bis keine Anteile an Jungbäumen. Diese Bestände gelten somit als überaltert. Der zweithäufigste Typus (31 %, 8 Bestände) weist noch 35 - 80 % an mittelstarken Bäumen auf und 20 - 44 % an Altbäumen, allerdings ebenfalls geringe bis keine Anteile an Jungbäumen. Die restlichen fünf Typen sind mit jeweils zwei oder einem Vorkommen repräsentiert, zeigen aber auch hier keine zahlenmässig hohen Anteile an Bäumen mit weniger als 7 cm BHD.

In Abbildung 4-18 und in Tabelle 4-4 ist die prozentuale Verteilung der drei Altersklassen im Vergleich der 25 Vorkommen in Baden-Württemberg mit dem einen Vorkommen bei Jena in Thüringen aufgezeigt. In Baden-Württemberg kann der Jungaufwuchs mit 1,5 % der Bäume als fast nicht vorhanden angesehen werden. In Thüringen sind zwar 13 % Jungbäume zu finden, aber mit nur 32 % bei der mittleren Durchmesserstufe von 7 - 20 cm, ist hier eine umgekehrte Alterspyramide zu verzeichnen.

4.3.2 Altersstrukturqualitätsklassen

Die Qualität der Altersstrukturen der Flaum-Eichen Bestände in Deutschland ist eher uneinheitlich, ohne klaren Trend. Es liegen jeweils etwa ein Drittel gute bis sehr gute, mittlere und schlechte bis sehr schlechte Qualitäten vor (Abbildung 4-19 und Tabelle 4-5). Das einzelne Vorkommen in Thüringen ist hingegen als sehr gut einzustufen (Abbildung 4-20).

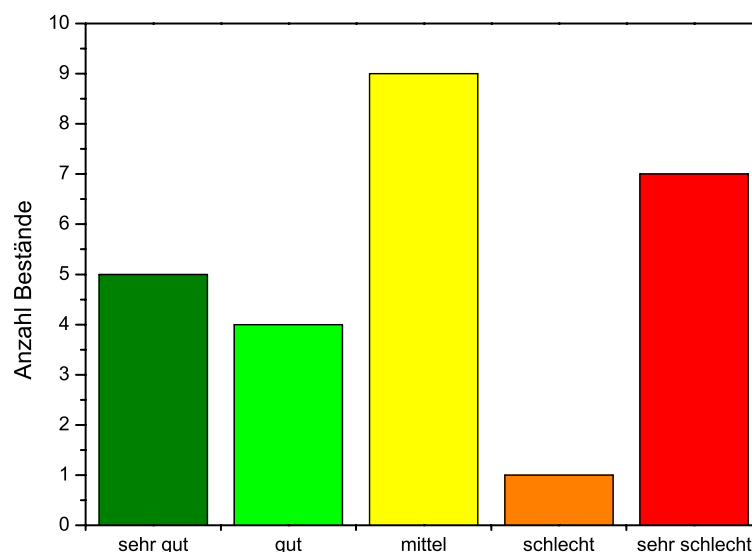


Abbildung 4-19: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Qualitätsklassen der Altersstrukturen in Deutschland.

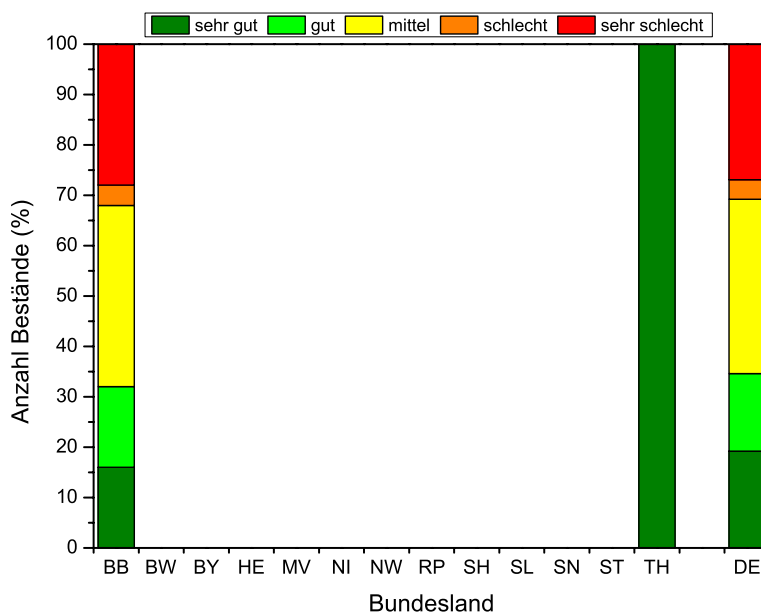


Abbildung 4-20: Prozentuale Verteilung der Altersstrukturklassen in den Bundesländern und in Deutschland.

Tabelle 4-5: 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						0					
BW	4	4	9	1	7	25	16,0	16,0	36,0	4,0	28,0
BY						0					
HE						0					
MV						0					
NI						0					
NW						0					
RP						0					
SH						0					
SL						0					
SN						0					
ST						0					
TH	1					1	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
DE	5	4	9	1	7	26	19,2	15,4	34,6	3,8	26,9

4.4 Vitalitätsstufen

Die Vitalität der in Deutschland untersuchten Flaum-Eichen Bestände ist zum Großteil (76 %) in die Klasse 2 einzustufen (Abbildung 4-21 und Tabelle 4-6). Nur 4 % und 12 % der Vorkommen wurden in die Vitalitätsstufen 0 und 1 eingestuft. Allerdings ist auch die Vitalitätsstufe 3 nur mit wenigen Beständen (8 %) belegt. Der Bestand bei Jena in Thüringen ist in die Vitalitätsstufe 2 eingruppiert worden (Abbildung 4-22).

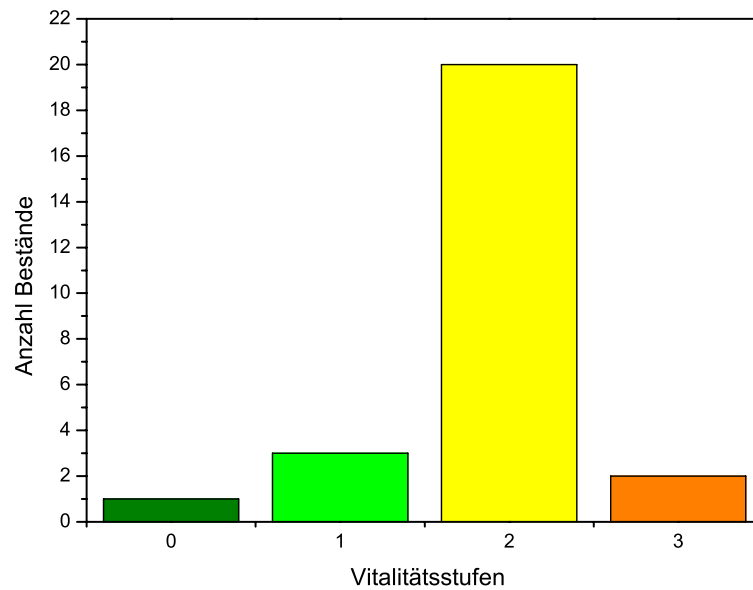


Abbildung 4-21: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Vitalitätsstufen in Deutschland.

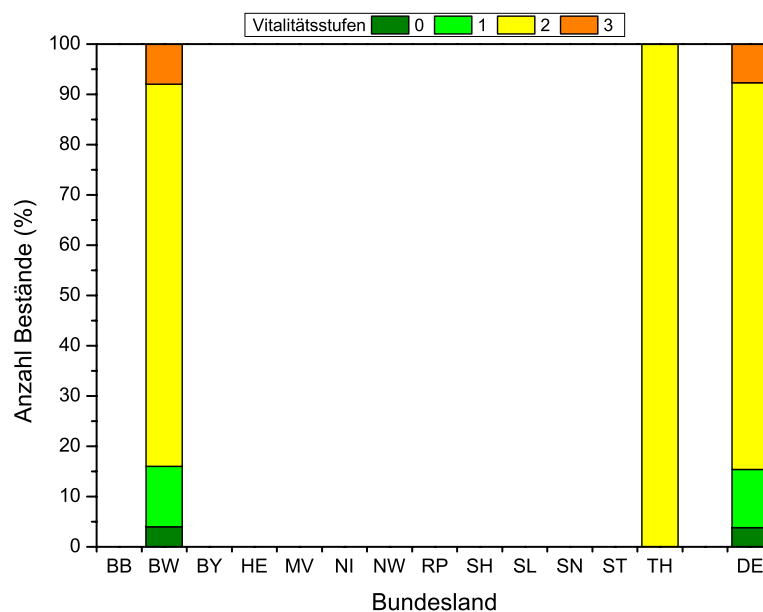


Abbildung 4-22: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen in den Bundesländern und in Deutschland.

Die Schwankungsbreite der Einstufung der Vitalitätsstufen ist sehr gering. Bei den 25 baden-württembergischen Vorkommen variiert sie um die rechnerischen Werte 1,2 und 1,6, mit nur einem Ausreißer (Abbildung 4-24). Der Ausreißer mit dem Vitalitätswert 2,4 betrifft einen Teilbestand des aus sechs einzelnen Waldstücken gebildeten Vorkommens Schelingen (SCH). In diesem Vorkommen ist die Schwankung der Vitalität stark ausgeprägt: es finden sich hier drei der fünf schlechtesten Vitalitätswerte als auch zwei der fünf besten Vitalitätswerte.

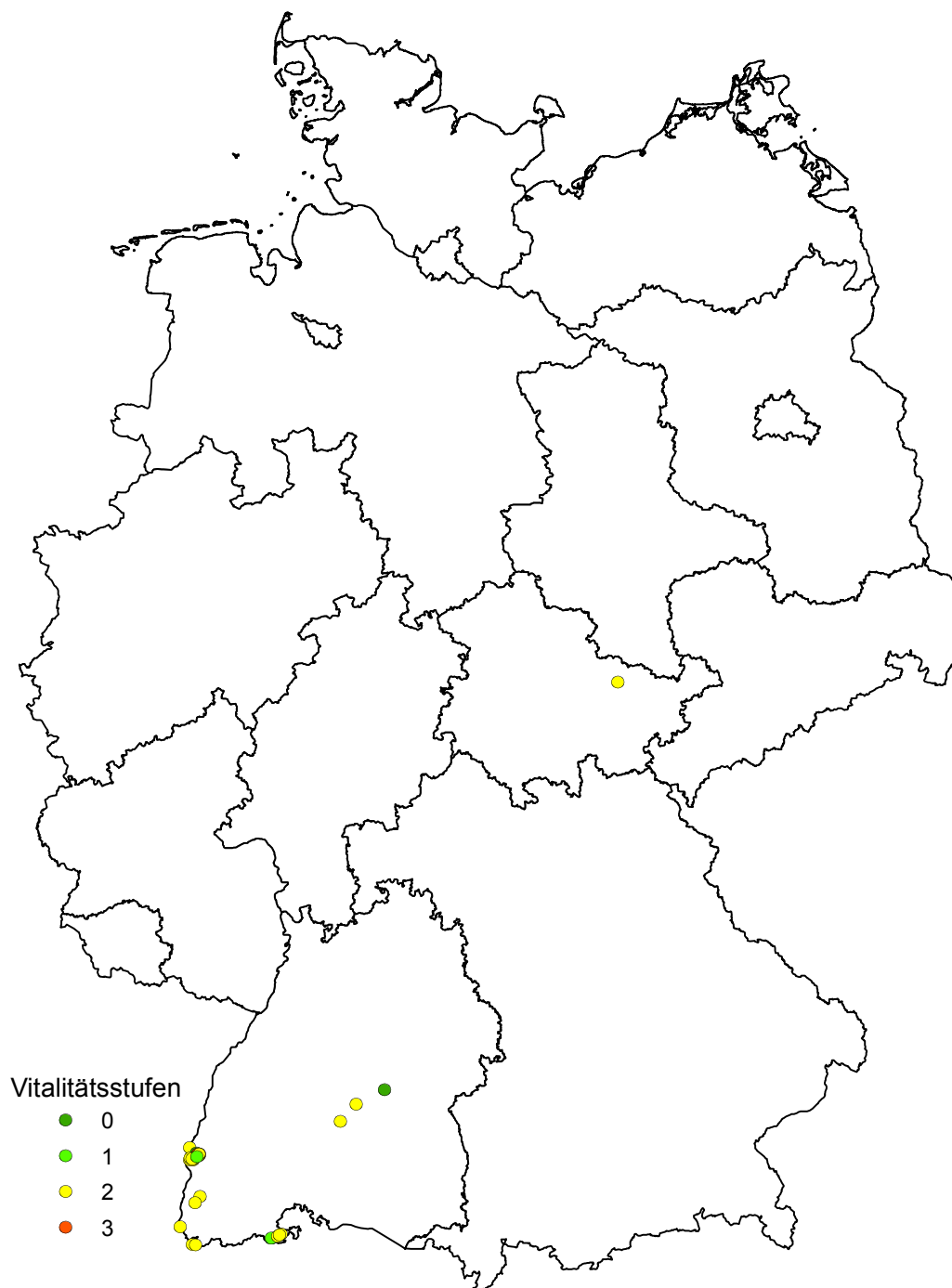


Abbildung 4-23: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen.

Die geographische Verteilung der Vitalitätsstufen ist in der Abbildung 4-23 dargestellt.

Tabelle 4-6: Vitalitätsstufen der kartierten Vorkommen.

BL	Vitalitätsstufen (absolute Angaben)					Vitalitätsstufen (relative Angaben in Prozent)			
	0	1	2	3	Σ	0	1	2	3
BB									
BW	1	3	19	2	25	4,0	12,0	76,0	8,0
BY									
HE									
MV									
NI									
NW									
RP									
SH									
SL									
SN									
ST									
TH	0	0	1	0	1	0,0	0,0	100,0	0,0
DE	1	3	20	2	26	3,8	11,5	76,9	7,7

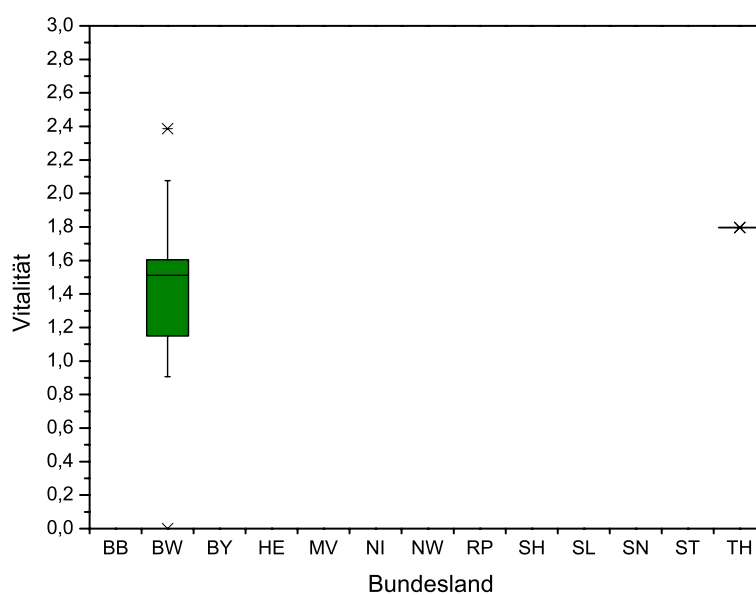


Abbildung 4-24: Verteilung der mittleren Vorkommensvitalität in den Bundesländern.
(BoxPlot mit Darstellung von Median (—), Quartile (□), Whisker (┌) und Ausreißern (x)).

4.5 Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen

Die Vitalitätsstufen verteilen sich unterschiedlich auf die Altersstrukturen, bzw. Durchmesserstufen der untersuchten Flaum-Eichen Vorkommen (Abbildung 4-25). Während die Althölzer (> 20 cm BHD) zu 78 % den Vitalitätsstufen 0 und 1 zugeordnet werden können, sind weniger als ein Drittel dieser Stufen bei den mittelstarken Bäumen (7 - 20 cm BHD) und bei den Jungbäumen (< 7 cm BHD) zu finden. Die Vitalitätsstufe 2 ist hier mit 60 % vertreten.

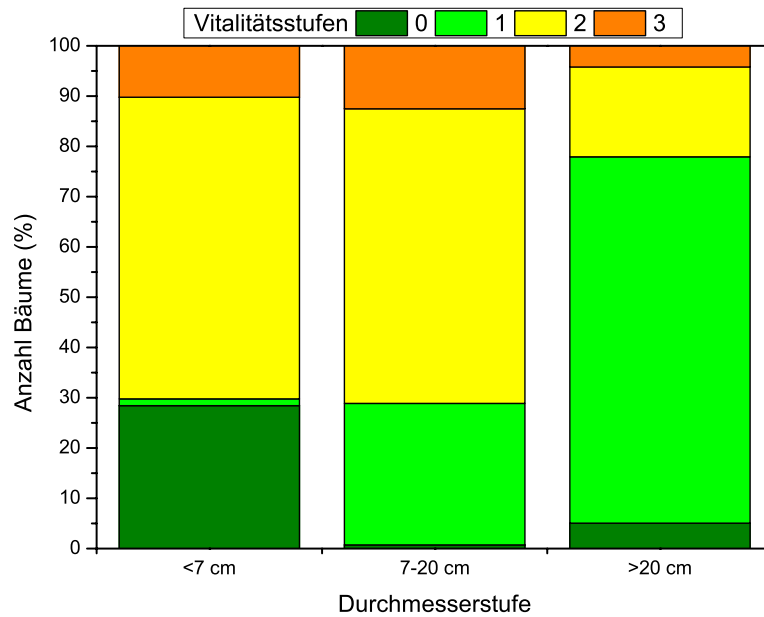


Abbildung 4-25: Vitalitätsanteile in den Durchmesserstufen.

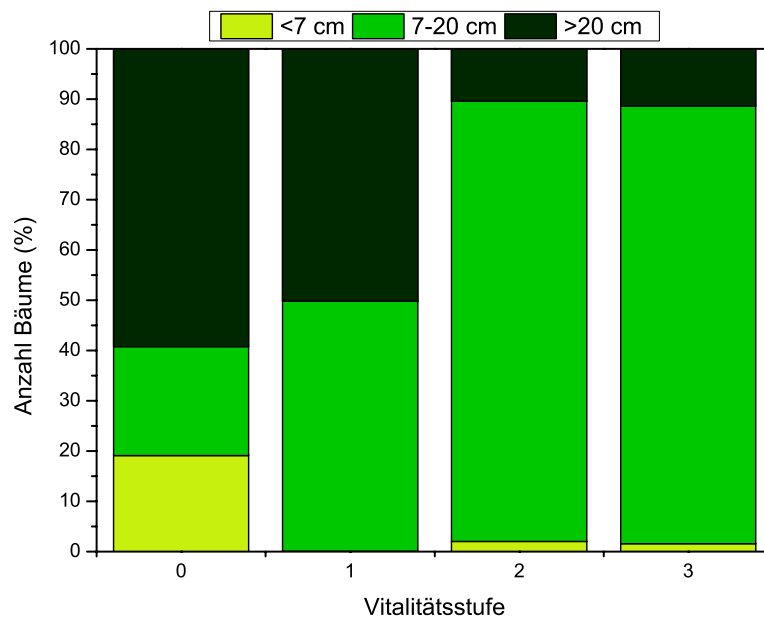


Abbildung 4-26: Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen.

In der reziproken Betrachtungsweise von Altersstrukturen und Vitalitätsstufen (Abbildung 4-26) finden sich in der Vitalitätsstufe 0 knapp 60 % der Altbäume (> 20 cm BHD) und jeweils etwa 20 % der mittelalten (7 - 20 cm BHD) und der jungen Bäume (< 7 cm BHD). In der Vitalitätsstufe 1 sind mittelalte und alte Bäume gleichstark vertreten, während die Vitalitätsstufen 2 und 3 von den mittelstarken Bäumen dominiert werden (88 % und 87 %). In den Vitalitätsstufen 1, 2 und 3 sind Jungbäume nicht oder nur mit 2 % vertreten.

4.6 Naturverjüngung

Naturverjüngung tritt in fast allen untersuchten deutschen Flaum-Eichen Vorkommen auf. In 89 % aller Bestände wurde Jungaufwuchs festgestellt (Abbildung 4-28). Nur bei zwei Vorkommen in Baden-Württemberg (ein Teilbestand mit nur insgesamt 13 Bäumen aus dem zusammgelegten Vorkommen Niederrotweil und dem Vorkommen Kaetzler) sowie bei dem Vorkommen bei Jena in Thüringen wurde keine Naturverjüngung aufgezeigt. Die geographische Verteilung der Naturverjüngung ist in Abbildung 4-27 dargestellt.

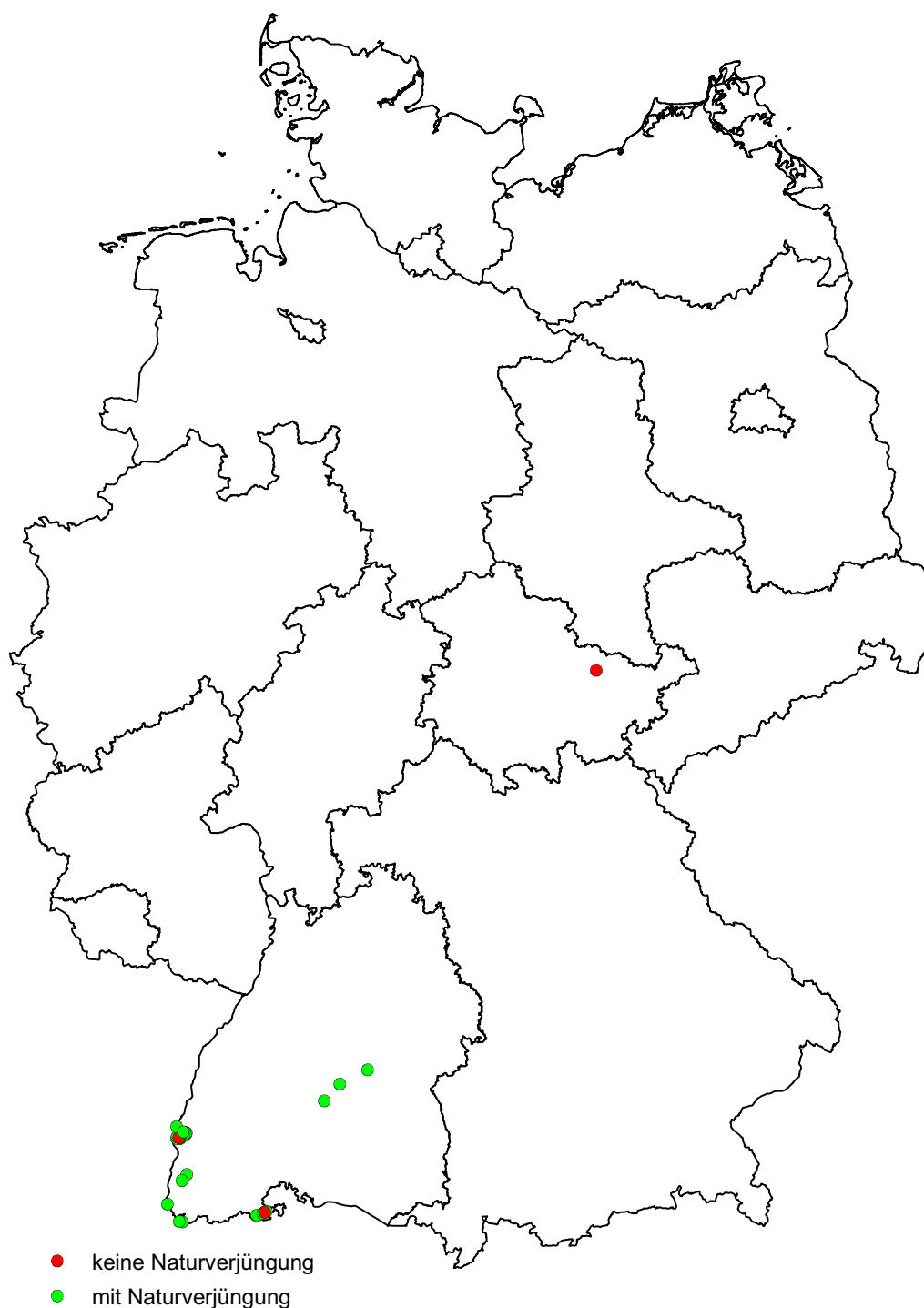


Abbildung 4-27: Übersicht der Vorkommen mit oder ohne Naturverjüngung.

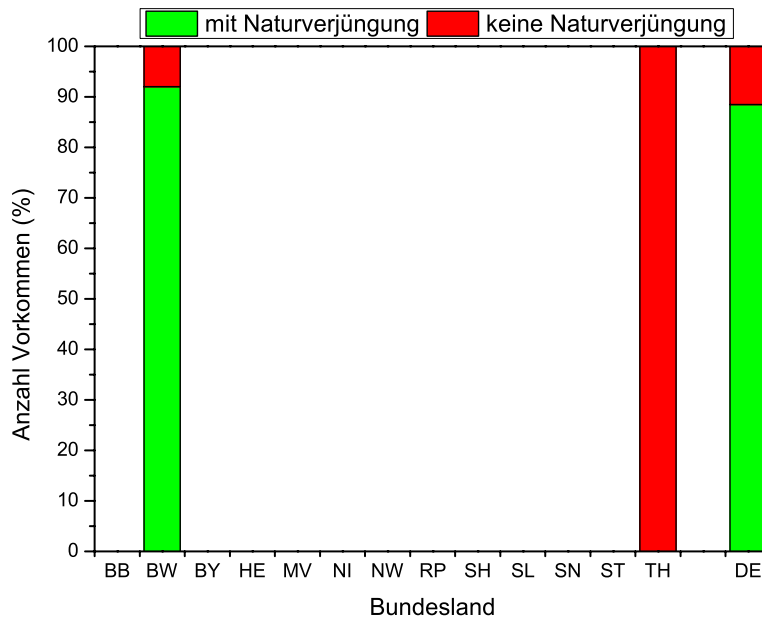


Abbildung 4-28: Anteile der Vorkommen mit Naturverjüngung.

4.7 Eigentumsverhältnisse

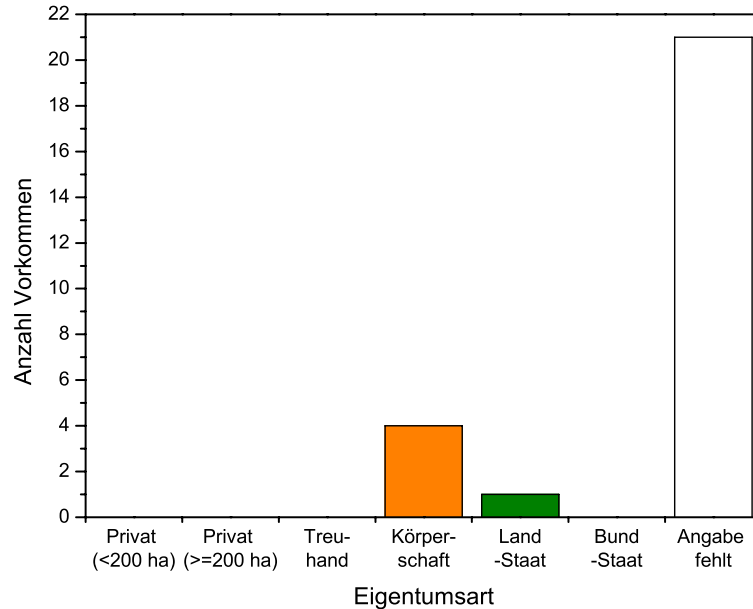


Abbildung 4-29: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen innerhalb Deutschlands.

In Baden-Württemberg liegen für vier Bestände Angaben zu den Eigentumsverhältnissen vor. Danach befinden sich diese Bestände im Besitz von Körperschaften (Abbildung 4-29 und Tabelle 4-7). Für 21 Flächen sind die Eigentumsverhältnisse unklar oder konnten nicht eindeutig ermittelt werden, bzw. sind aus Datenschutzgründen nicht zu veröffentlichen. Da

14 dieser Flächen in Naturschutzgebieten liegen, ist anzunehmen, dass diese Bestände sich in öffentlicher Hand befinden.

Das Vorkommen in Thüringen bei Jena befindet sich im Landesbesitz.

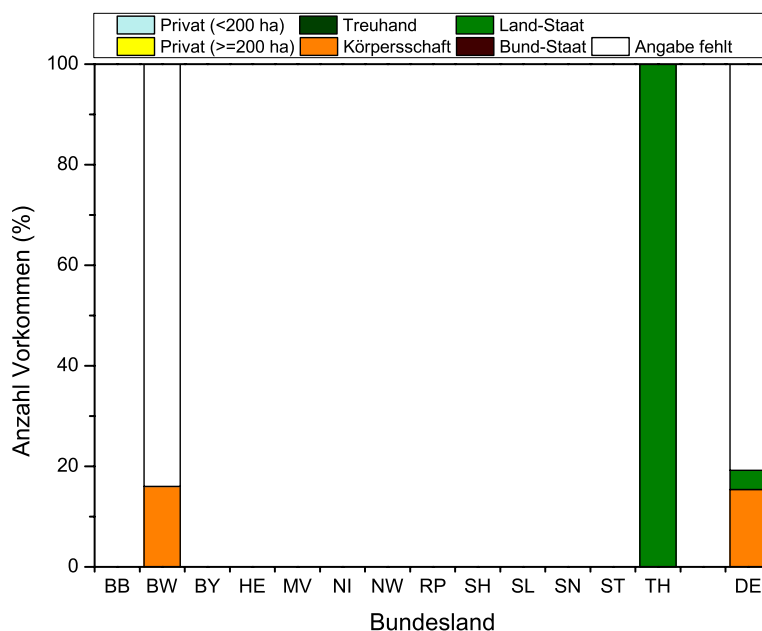


Abbildung 4-30: Prozentuale Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern und in Deutschland.

Tabelle 4-7: 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	M	Privat <200	Privat >=200	Treuhand	Körperschaft	Land-Staat	Bund-Staat	keinen Angabe
BB															
BW	0	0	0	4	0	0	21	25	0,0	0,0	0,0	16,0	0,0	0,0	84,0
BY															
HE															
MV															
NI															
NW															
RP															
SH															
SL															
SN															
ST															
TH	0	0	0	0	1	0	0	1	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0
DE	0	0	0	4	1	0	21	26	0,0	0,0	0,0	15,4	3,8	0,0	80,8

4.8 Schutzstatus

Alle 26 untersuchten Vorkommen liegen in Gebieten mit Schutzstatus. Einem Natura 2000 Schutzstatus unterliegen alle Vorkommen - 13 Bestandesflächen sind sowohl Fauna-Flora-Habitate (FFH) als auch Vogelschutzgebiete (SPA), 9 Flächen sind Fauna-Flora-Habitate und 4 Flächen sind Vogelschutzgebiete. Darüber hinaus sind 16 der Bestandesflächen zusätzlich als Naturschutzgebiete ausgewiesen (Abbildung 4-31, Abbildung 4-32 und Abbildung 4-33). Im Biosphärenreservat Schwäbische Alb liegen zwei Flaum-Eichen Vorkommen.

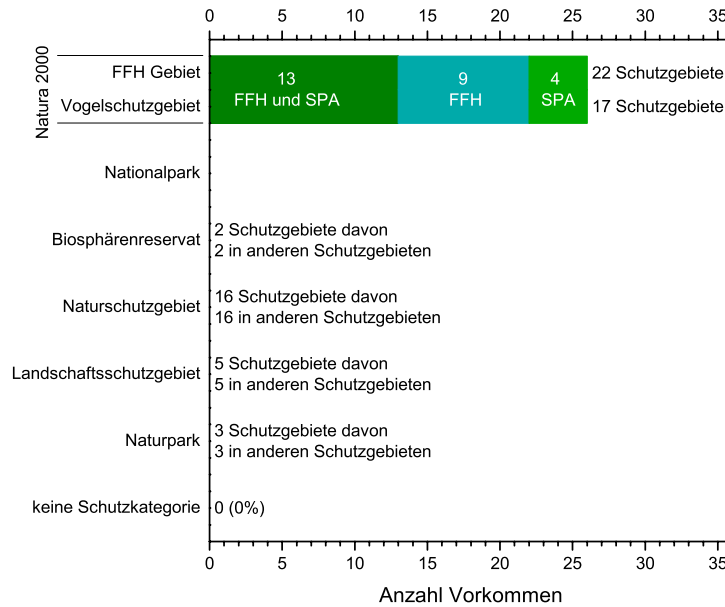


Abbildung 4-31: Anzahl der kartierten Vorkommen in Deutschland mit Schutzstatus.

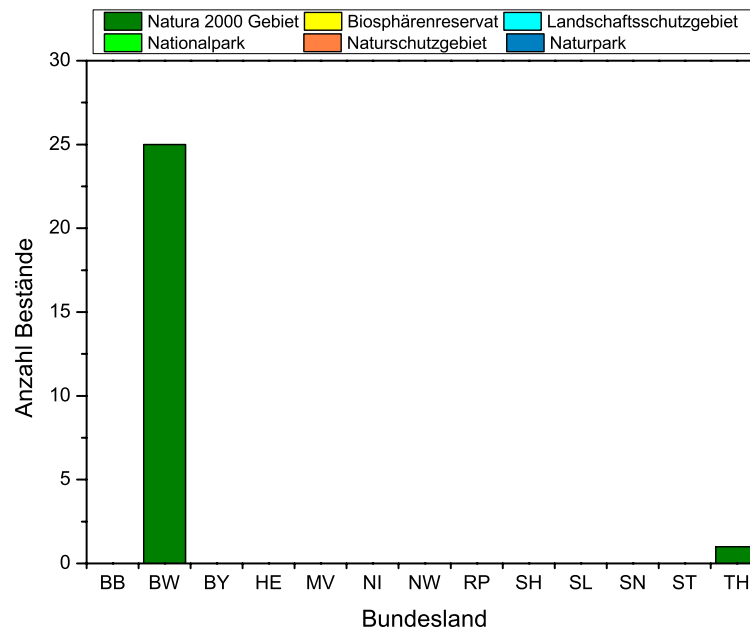


Abbildung 4-32: Anzahl der kartierten Bestände mit verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern. Dargestellt ist der höhere Schutzstatus in der Reihung: Natura 2000 Gebiet (FFH oder SPA) - Nationalpark - Biosphärenreservat - Naturschutzgebiet - Landschaftsschutzgebiet - Naturpark.

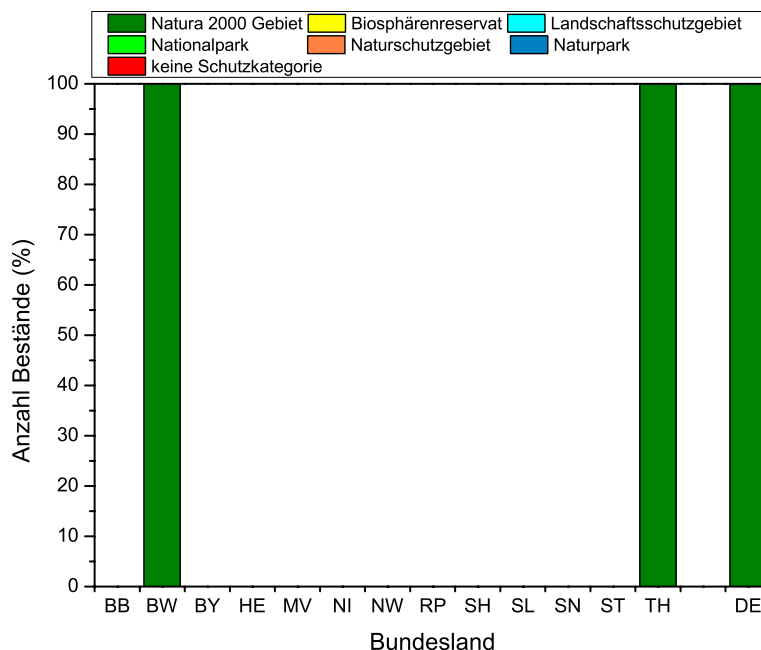


Abbildung 4-33: Prozentuale Verteilung der verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern. Dargestellt ist der höhere Schutzstatus in der Reihung: Natura 2000 Gebiet (FFH oder SPA) - Nationalpark - Biosphärenreservat - Naturschutzgebiet - Landschaftsschutzgebiet - Naturpark.

Formal sind alle untersuchten Vorkommen somit geschützt.

4.9 Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen

Insgesamt wurden in Deutschland 26 Bestände untersucht, die als Flaum-Eichen Vorkommen benannt waren. Hiervon wurden 21 Vorkommen beprobt, wobei in zwei Fällen (Niederrotweil, Schelingen) nahe benachbarte Vorkommen zu einem größeren Probenkontingent zusammen gefasst wurden (Abbildung 4-34 und im Detail in Abbildung 4-35). Ein Standort (Zellerhorn) wurde aufgrund der geringen Baumanzahl von fünf Individuen verworfen. Von einigen Standorten (Birnberg, Büchsenberg, Schönberg) wurden einige Blattproben aussortiert. Für die Analytik lagen somit von 12 Vorkommen 360 Blattproben für die Untersuchungen vor (Tabelle 4-8).

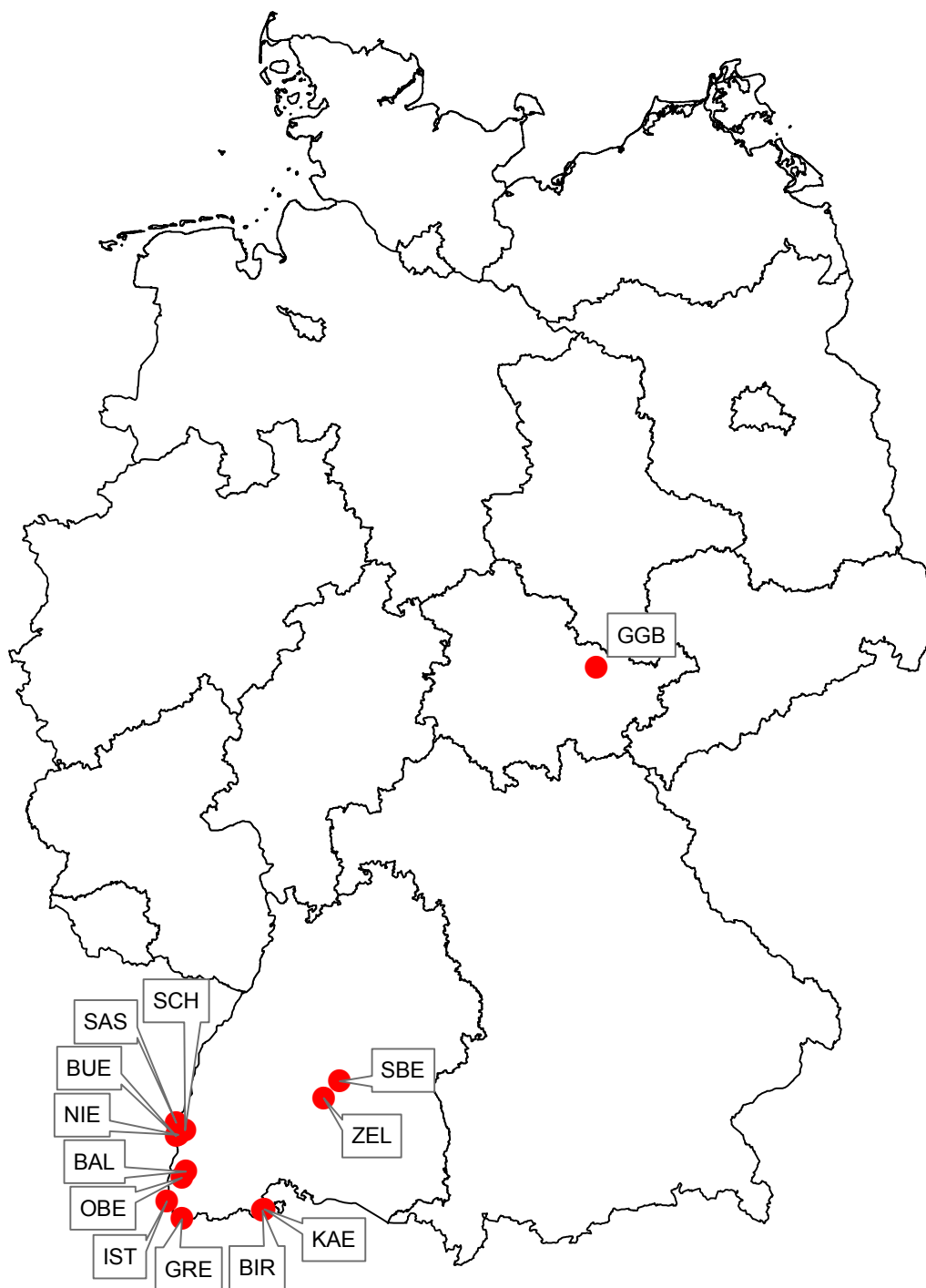


Abbildung 4-34: Lage der Flaum-Eichen Vorkommen für die genetischen Untersuchungen in der Übersicht.

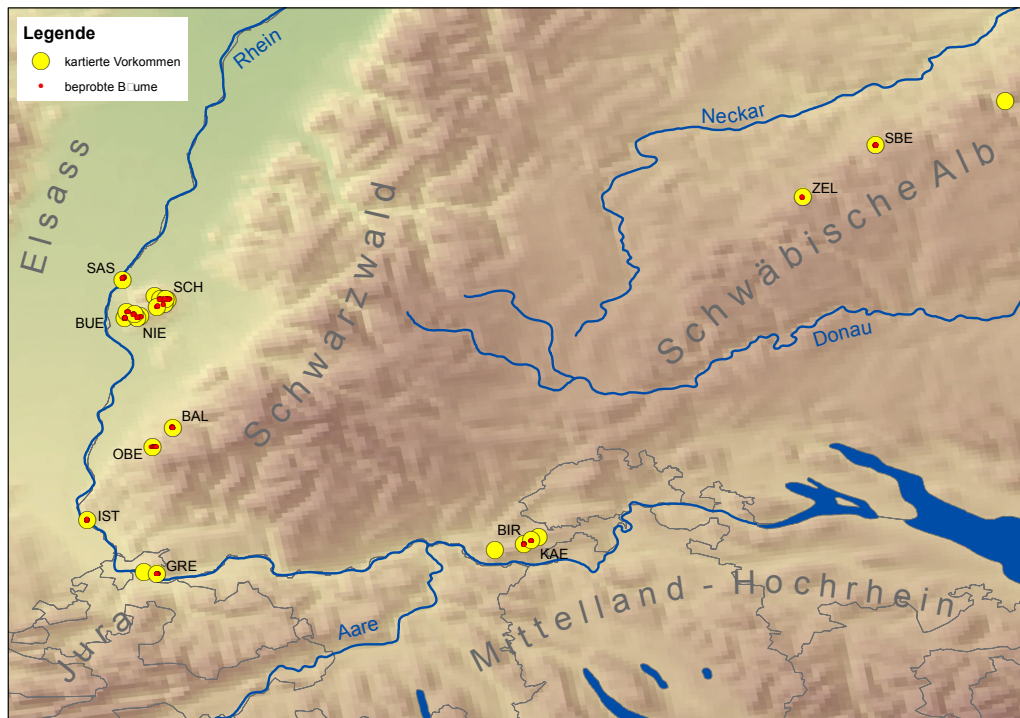


Abbildung 4-35: Lage der untersuchten und der beprobten Flaum-Eichen Vorkommen im südwestlichen Baden-Württemberg.

Tabelle 4-8: Übersicht der beprobten Genobjekte der Flaum-Eiche.

KennNr in Datenbank	BL	Ort / Region	Kürzel	Anzahl Bäume	Fläche (ha)	Anzahl Bäume	Fläche (ha)	Anzahl Proben	Anzahl analysierter Proben
11-08-84-0513	BW	Ballrechten	BAL	200	1,5			35	35
11-08-84-0523	BW	Birnberg	BIR	22	2,6			22	14
11-08-84-0509	BW	Buechsenberg	BUE	11.000	10,4			35	30
11-08-84-0516	BW	Grenzach	GRE	250	10,5			30	30
11-08-84-0515	BW	Istein	IST	500	17,9			30	30
11-08-84-0524	BW	Kaetzler	KAE	13	2,2			13	13
11-08-84-0507	BW	Niederrotweil	NIE	130	1,5	430	16,7	41	41
11-08-84-0508				200	0,9				
11-08-84-0510				50	9,5				
11-08-84-0511				50	4,8				
11-08-84-0514	BW	Oberweiler	OBE	300	28,8			30	30
11-08-84-0512	BW	Sasbach	SAS	300	16,1			30	30
11-08-84-0501	BW	Schelingen	SCH	18	1,5	558	8,1	58	58
11-08-84-0502				200	1,3				
11-08-84-0503				180	3,4				
11-08-84-0504				100	0,6				
11-08-84-0505				20	0,5				
11-08-84-0506				40	0,8				
11-08-84-0525	BW	Schoenberg	SBE	30	1,4			30	19
11-08-84-0526	BW	Zellerhorn	ZEL	5	1,0			5	0
11-08-84-0517	BW			100	2,5				
11-08-84-0518	BW			10	3,5				
11-08-84-0520	BW			50	4,2				
11-08-84-0521	BW			500	17,5				
11-08-84-0522	BW			150	37,5				
11-16-62-0001	TH	Jena	GGB	120	2,4			30	30
Summe								389	360

4.9.1 Genetische Variabilität

Von den acht untersuchten Mikrosatelliten-Genorten sind sieben in die populationsgenetische Statistik einbezogen worden. An den einzelnen Loci sind zwischen 19 und 37 allelische Varianten, über alle Genorte insgesamt 194 Allele identifiziert worden (Tabelle 4-9). Damit liegen hoch variable Genmarker vor. Der SSR-Genort QrZAG87 zeigte leider einige Ausfälle, so dass eine Verwendung zur Beurteilung der Diversität insbesondere in kleinen Beständen nicht sinnvoll erschien. Dieser Marker ist dafür aber bei der Beurteilung der Artzugehörigkeit mit berücksichtigt worden.

Tabelle 4-9: Bezeichnung der verwendeten Kern-Mikrosatelliten, die in dieser Studie gefundenen Fragmentlängen in Basenpaaren (bp) sowie die Anzahl der Allele pro SSR-Genort über alle Populationen (aktuelle Proben und Referenzproben).

SSR-Locus	Min. und max. Allellängen in bp	Anzahl Allele (beobachtet)
QrZAG112	83 – 117	19
QrZAG96	140 – 188	25
QpZAG110	190 – 242	26
QrZAG11	243 – 311	28
QpZAG20	151 – 209	26
QpZAG5b	218 – 300	37
QpZAG65	248 – 312	33

In Tabelle 4-10 ist die Anzahl gefundener Allele jeweils für die einzelnen Bestände dargestellt. Hier zeigen sich deutliche Unterschiede. Der Bestand KAE weist nur insgesamt 65 Allele (zwischen 5 und 12 Allele pro Locus), der Bestand GGB mit 128 (12 bis 28 pro Locus) die nahezu doppelte Anzahl an Allelen auf. Aber unter den Referenzproben befindet sich ein Bestand mit noch weniger genetischen Varianten. In BIE (= Bielinek, Polen) sind nur insgesamt 61 Allele (5 bis 12 pro Locus) beobachtet worden.

Tabelle 4-10: Anzahl gefundener Allele an sieben SSR-(Mikrosatelliten-) Genorten sowie Gesamtanzahl an Allelen über alle Loci (Referenzpopulationen BIE, BOL und SIG in kursiver Schrift).

SSR-Locus	SCH	NIE	BUE	SAS	BAL	OBE	IST	GRE	BIR	KAE	GGB	SBE	<i>BIE</i>	<i>BOL</i>	<i>SIG</i>
QrZAG112	11	9	9	13	9	7	10	7	6	5	12	8	5	10	7
QrZAG96	20	16	15	19	15	17	14	14	11	11	17	16	10	15	11
QpZAG110	12	14	11	12	10	10	11	9	9	10	17	12	7	12	7
QrZAG11	16	14	11	12	12	10	11	12	9	10	16	13	6	11	7
QpZAG20	17	17	12	12	14	11	10	11	9	8	15	12	10	14	9
QpZAG5b	24	23	15	21	22	15	17	16	14	12	28	17	12	21	12
QpZAG65	27	18	22	23	14	18	12	12	16	9	23	19	11	24	11
Total	127	111	95	112	96	88	85	81	74	65	128	97	61	107	64

Tabelle 4-11: Genetische Diversität v_a an sieben SSR-(Mikrosatelliten-) Genorten sowie im Mittel über alle Loci (Referenzpopulationen BIE, BOL & SIG in kursiver Schrift).

SSR-Locus	SCH	NIE	BUE	SAS	BAL	OBE	IST	GRE	BIR	KAE	GGB	SBE	<i>BIE</i>	<i>BOL</i>	<i>SIG</i>
QrZAG112	2,5	2,7	2,5	3,2	4,0	2,2	5,1	3,0	2,2	1,6	2,4	3,1	3,2	4,9	3,8
QrZAG96	9,2	7,5	8,6	10,3	9,6	12,3	7,8	7,7	6,0	8,0	9,5	10,6	6,9	7,3	7,3
QpZAG110	6,3	5,2	4,7	7,9	2,5	2,9	5,0	5,00	4,4	5,1	6,3	6,7	4,2	5,8	4,0
QrZAG11	6,4	6,8	5,1	5,6	7,0	4,1	5,0	7,6	5,4	7,0	6,9	4,5	5,1	6,6	5,9
QpZAG20	6,4	9,6	7,3	6,7	10,0	9,4	6,0	5,9	6,4	4,7	7,2	6,3	6,2	6,1	6,0
QpZAG5b	11,3	17,0	7,9	12,8	9,0	9,1	9,0	12,0	10,0	8,0	19,8	12,5	6,7	10,4	7,9
QpZAG65	18,0	13,1	15,2	15,3	9,6	14,1	8,3	8,8	11,5	7,7	16,3	14,7	7,1	17,9	7,3
Total	8,6	8,9	7,4	8,8	7,4	7,7	6,6	7,1	6,6	6,0	9,8	8,4	5,6	8,4	6,0

ZAG5b

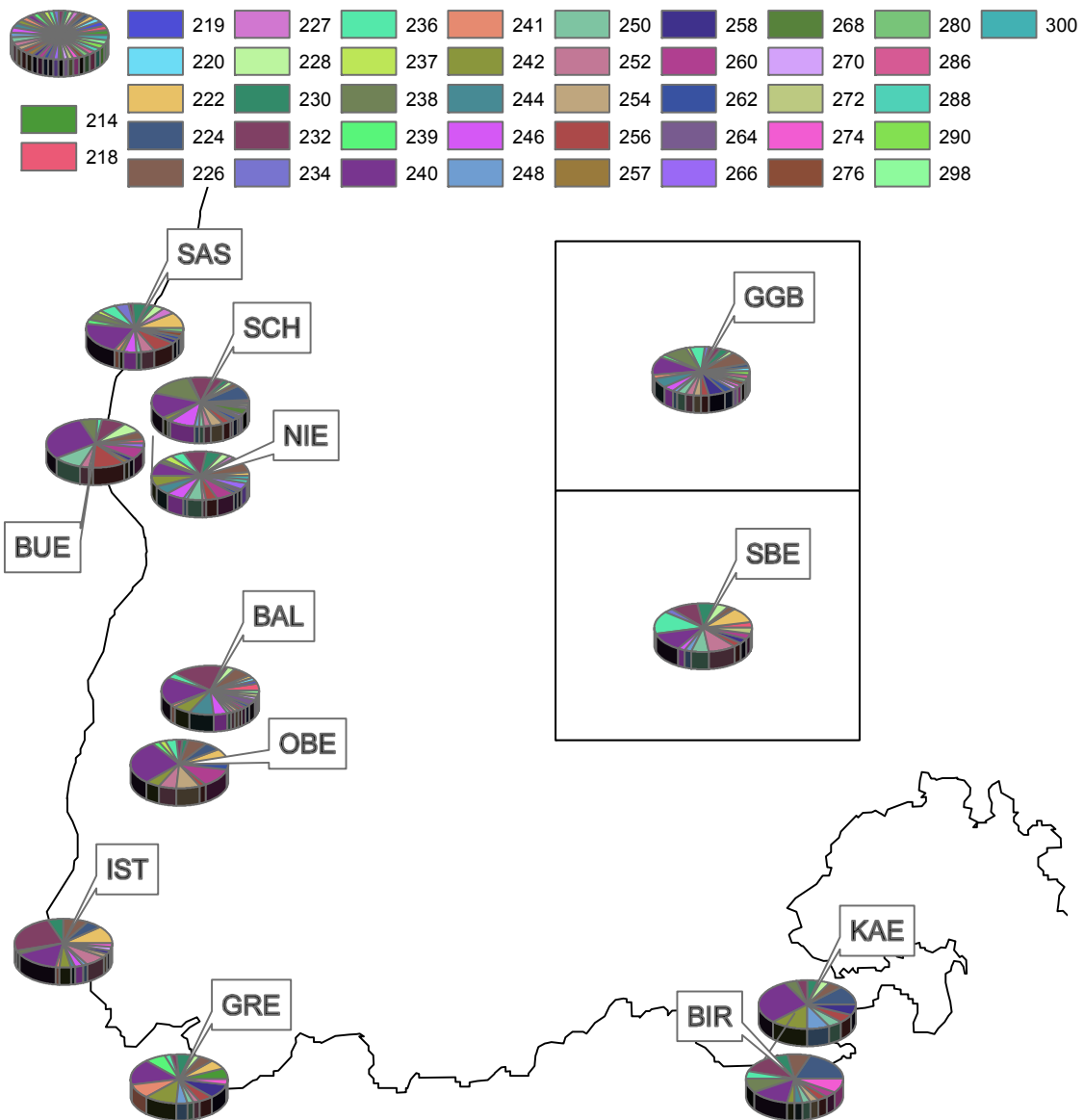


Abbildung 4-36: Allelhäufigkeit am Genort ZAG5b.

Dargestellt sind die untersuchten Bestände im südwestlichen Baden-Württemberg, im Ausschnitt die Bestände in Schöneberg (SBE) und Jena (GGB).

Am Genort ZAG5b (Abbildung 4-36) liegt mit 37 Allelen eine hohe Gesamtzahl an Allelen vor, aber nur zwei Allele (232, 240) sind in allen Vorkommen vorhanden und nehmen auch in den meisten Vorkommen einen hohen Stellenwert ein. Zwei weitere Allele (226, 256) kommen in elf und die Allele 230, 250, 252 kommen in zehn der zwölf Bestände vor. Acht Allele kommen nur in jeweils einem Bestand und fünf Allele kommen in nur zwei Beständen vor. Ein klares Muster der Allelverteilung zwischen den Vorkommen ist nicht zu erkennen.

ZAG11

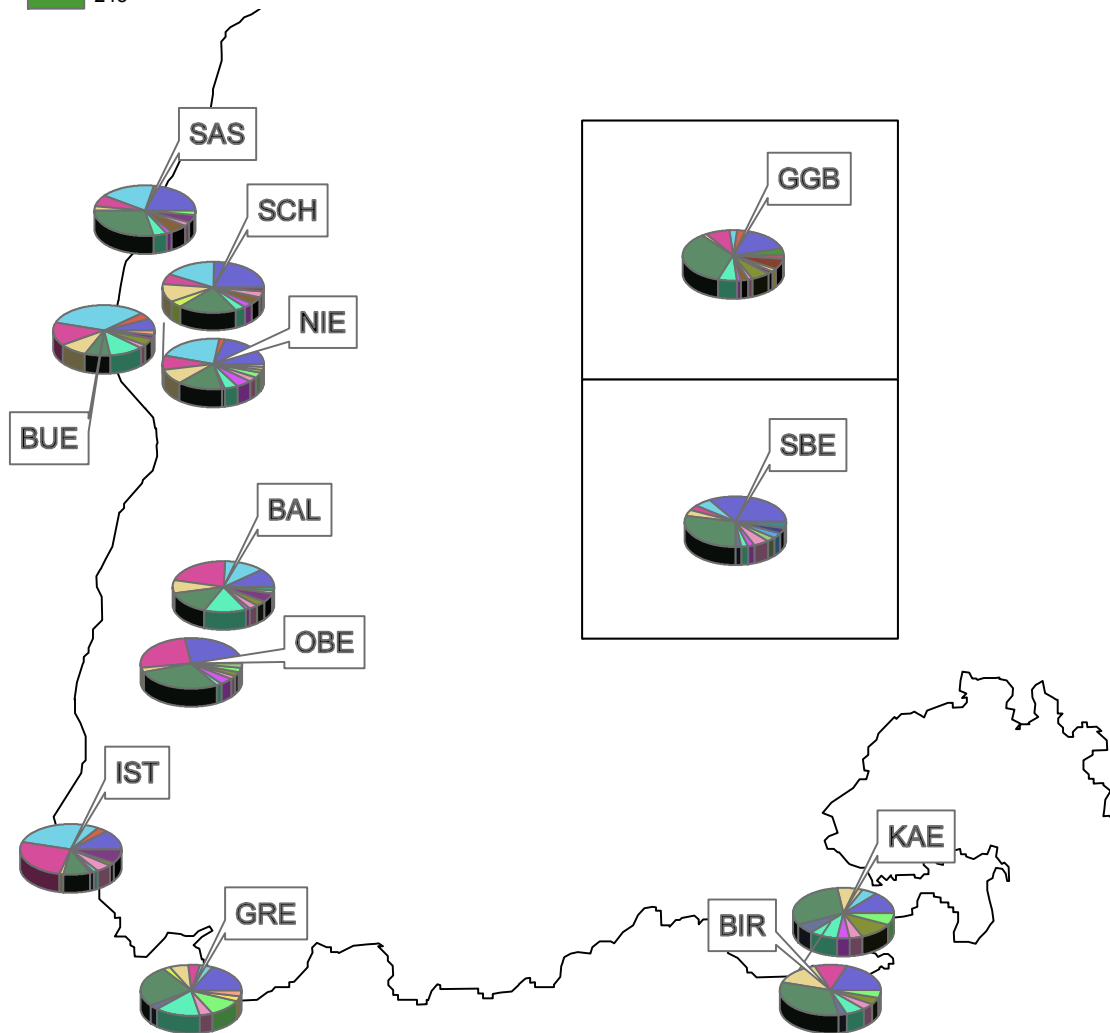


Abbildung 4-37: Allelhäufigkeit am Genort ZAG11.

Dargestellt sind die untersuchten Bestände im südwestlichen Baden-Württemberg, im Ausschnitt die Bestände in Schöneberg (SBE) und Jena (GGB).

Am Genort ZAG11 (Abbildung 4-37) sind fünf Allele (245, 253, 257, 261, 267) von 28 in allen Vorkommen und jeweils ein Allel in elf (251) und in zehn (249) von zwölf Vorkommen vorhanden. Neun Allele kommen nur in jeweils einem Bestand und ein Allel in nur zwei Beständen vor. Die drei südlichen Standorte GRE, BIR, KAE scheinen sich durch das Fehlen oder die nur geringe Ausprägung der Allele 249 und 251 von anderen Vorkommen abzugrenzen. Das Vorkommen IST weist hohe Anteile der Allele 249 und 251 auf und scheint zwischen der Gruppe um den Kaiserstuhl (BUE, NIE, SAS, SCH) mit hohen Anteilen des Allel 249 und geringeren Anteilen von 251 und der Gruppe im Freiburger Raum (BAL, OBE) mit hohen Anteilen des Allel 251 zu stehen.

ZAG20

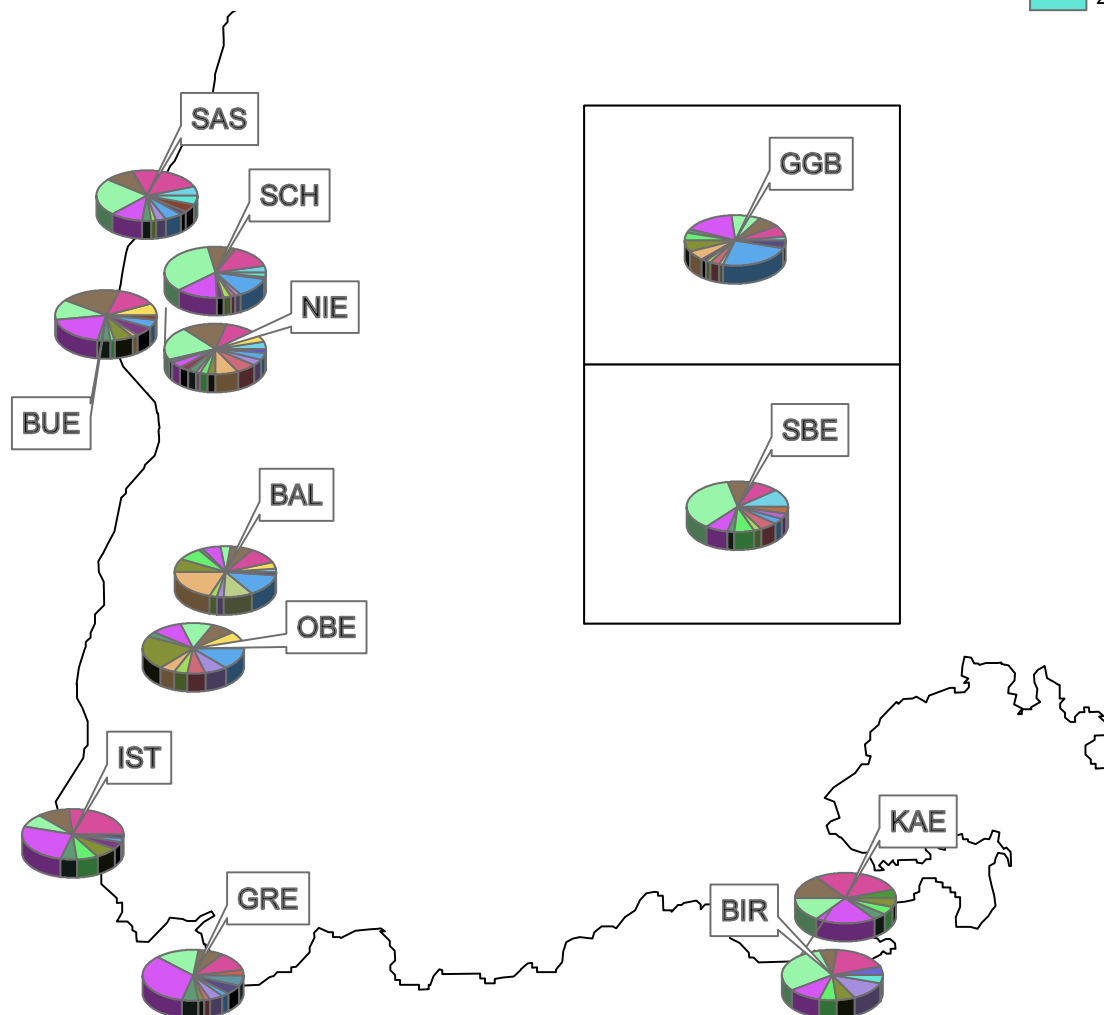
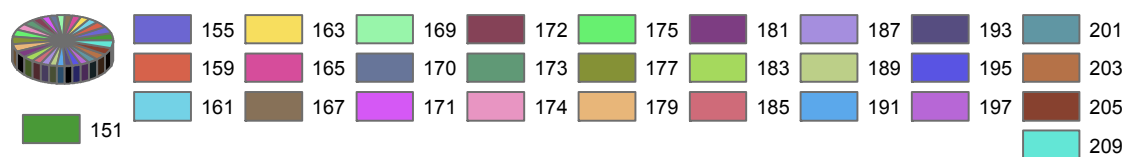


Abbildung 4-38: Allelhäufigkeit am Genort ZAG20.

Dargestellt sind die untersuchten Bestände im südwestlichen Baden-Württemberg, im Ausschnitt die Bestände in Schöneberg (SBE) und Jena (GGB).

Insgesamt sechs der am Genort ZAG20 (Abbildung 4-38) gefundenen Allele sind in allen (167, 169, 171) oder fast allen (165, 173 in elf, 191 in zehn) Beständen vorhanden. Weitere sechs sind nur in einem Vorkommen und sechs Allele nur in zwei Vorkommen vorhanden. Die Standorte BUE, NIE, SAS und SCH grenzen sich von anderen Standorten durch höhere Anteile der Allele 165 und 167 ab, wobei ersteres auch in IST dominiert.

ZAG65

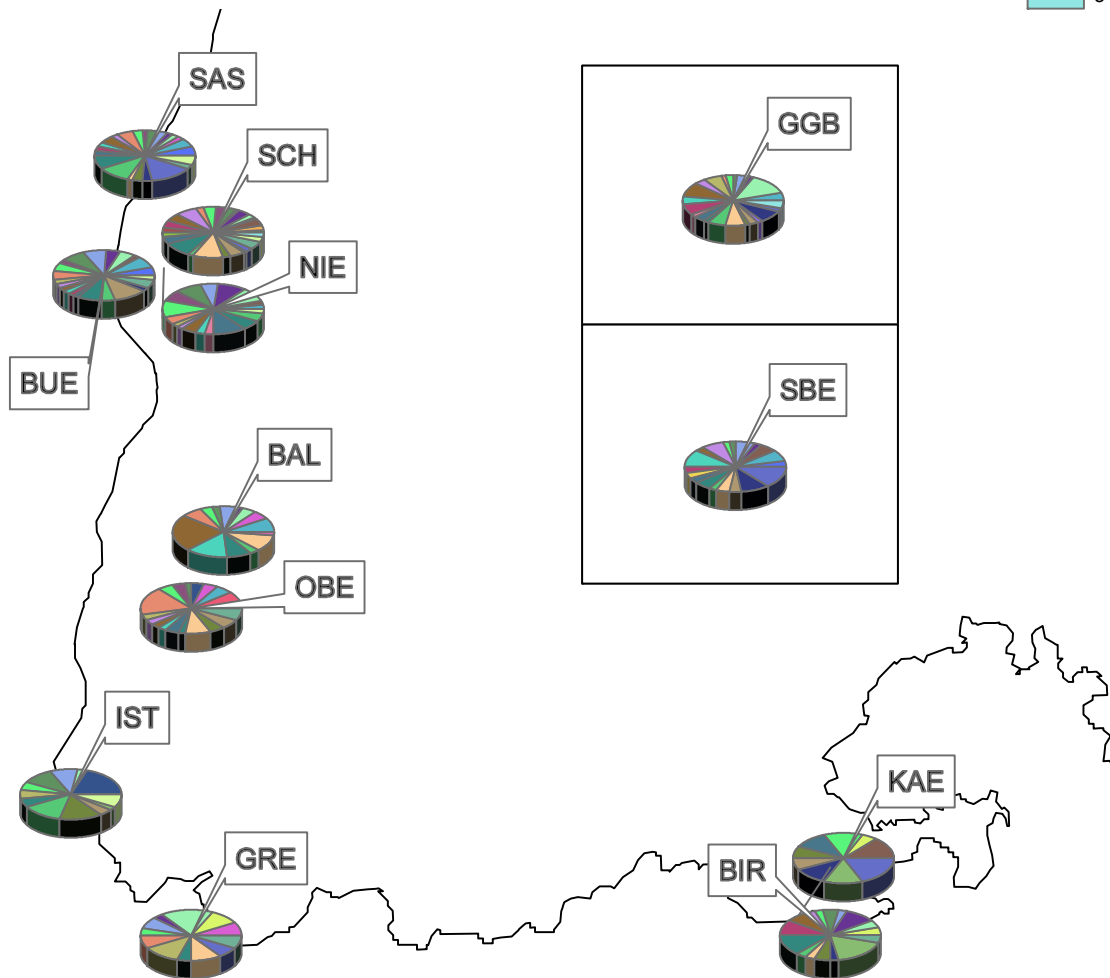
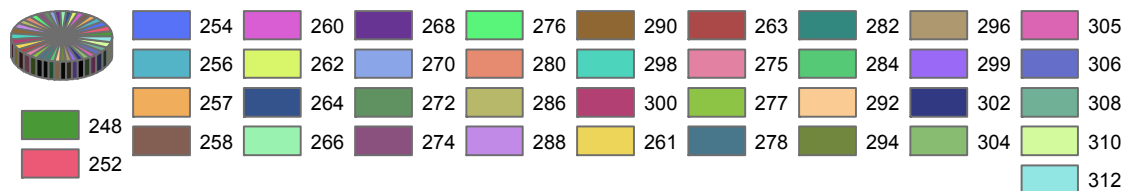


Abbildung 4-39: Allelhäufigkeit am Genort ZAG65.

Dargestellt sind die untersuchten Bestände im südwestlichen Baden-Württemberg, im Ausschnitt die Bestände in Schöneberg (SBE) und Jena (GGB).

Die Variabilität der 33 Allele am Genort ZAG65 (Abbildung 4-39) ist sehr hoch. Nur ein einziges Allel (276) kommt in allen Beständen vor, ein weiteres in elf (282) und zwei weitere Allele (270, 272) in zehn Beständen. Acht Allele sind nur einmal und drei Allele nur zweimal vorhanden. Vergleichbare Muster in der Allelhäufigkeit sind zwischen den Vorkommen nicht auszumachen.

ZAG96

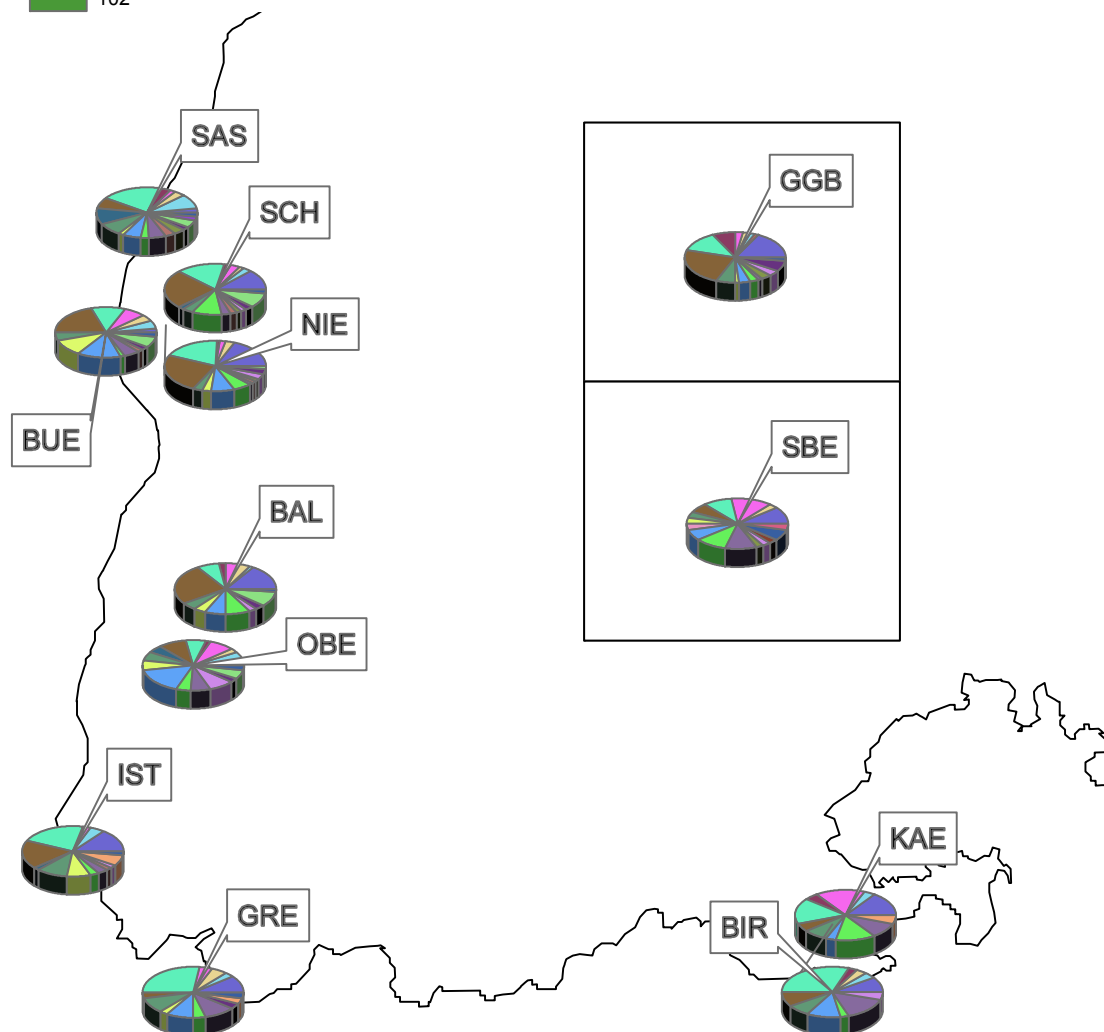
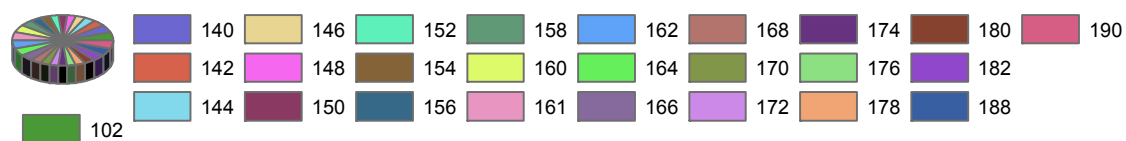


Abbildung 4-40: Allelhäufigkeit am Genort ZAG96.

Dargestellt sind die untersuchten Bestände im südwestlichen Baden-Württemberg, im Ausschnitt die Bestände in Schöneberg (SBE) und Jena (GGB).

Von den am Genort ZAG96 (Abbildung 4-40) gefundenen 25 Allelen sind elf Allele in allen oder fast allen Beständen vorhanden und fünf Allele in jeweils nur einem Bestand. Hohe Anteile der Allele 152 und 154 sind in den Vorkommen am Kaiserstuhl (BUE, NIE, SAS, SCH), aber auch in den südlicher gelegenen Beständen BAL und IST vorhanden sowie im thüringischen GGB. Eine geringe Häufigkeit bei allen Allelen liegt bei KAE und bei SBE vor. BIR, GRE und IST im südlichen Bereich zeigen höhere Anteile an Allel 152 auf, bei geringeren Anteilen anderer Allele.

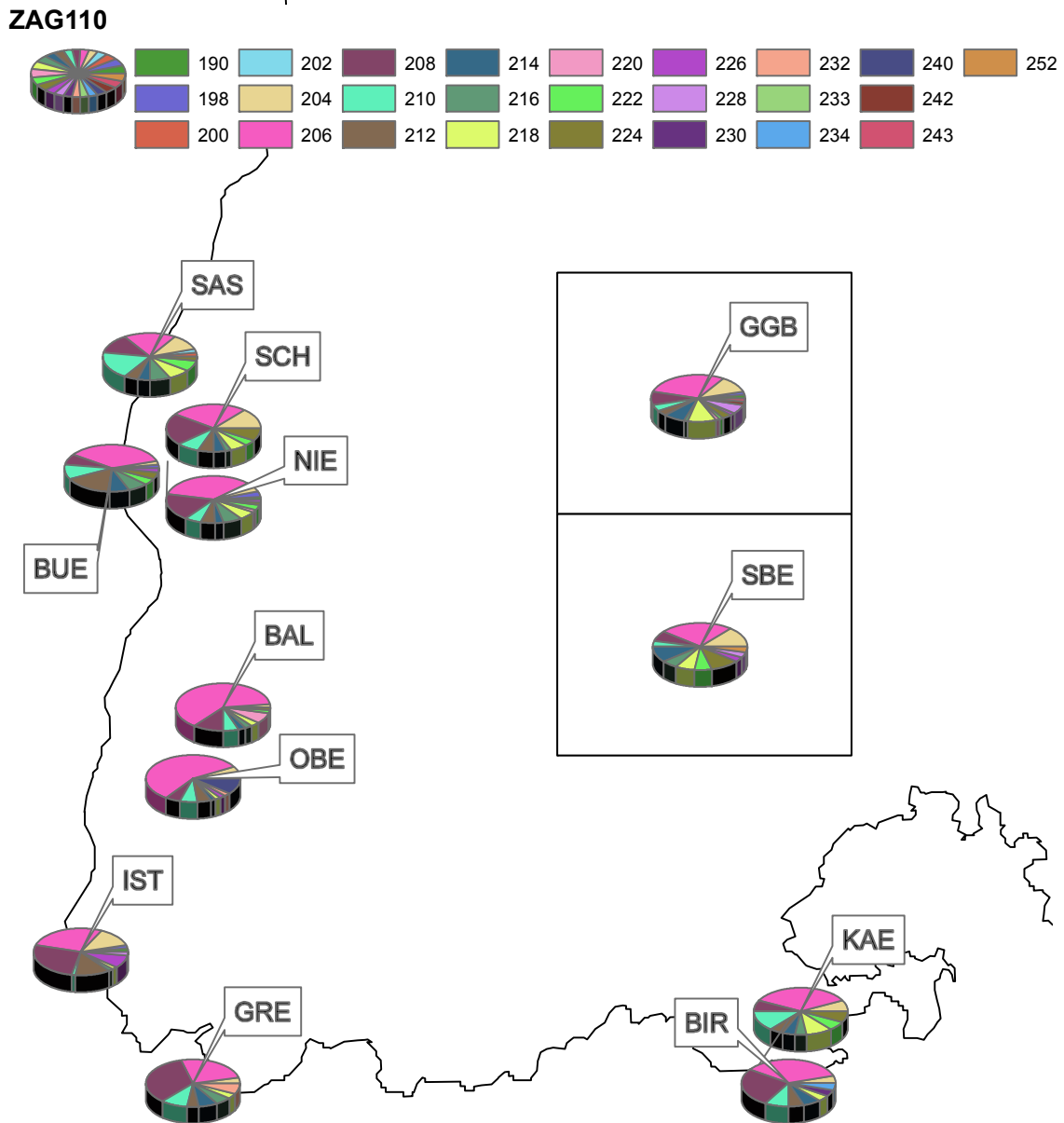


Abbildung 4-41: Allelhäufigkeit am Genort ZAG110.

Dargestellt sind die untersuchten Bestände im südwestlichen Baden-Württemberg, im Ausschnitt die Bestände in Schöneberg (SBE) und Jena (GGB).

Die vier Allele 204, 206, 208, 210 am Genort ZAG110 (Abbildung 4-41) wurden in allen Vorkommen gefunden. Zwei Allele (214, 218) kommen noch in elf und zwei Allele (212, 216) kommen in zehn Beständen vor. Insgesamt neun der 26 Allele sind nur einmal gefunden worden. Das Allel 206 ist in allen Beständen das häufigste und nimmt bei den benachbarten Standorten BAL und OBE knapp 60% ein, bei allen anderen Standorten zwischen 20 % und 40 %. Das Allel 208 ist in den südlichen Vorkommen IST, GRE, BIR häufiger vorhanden, aber auch teilweise bei den Beständen am Kaiserstuhl.

ZAG112

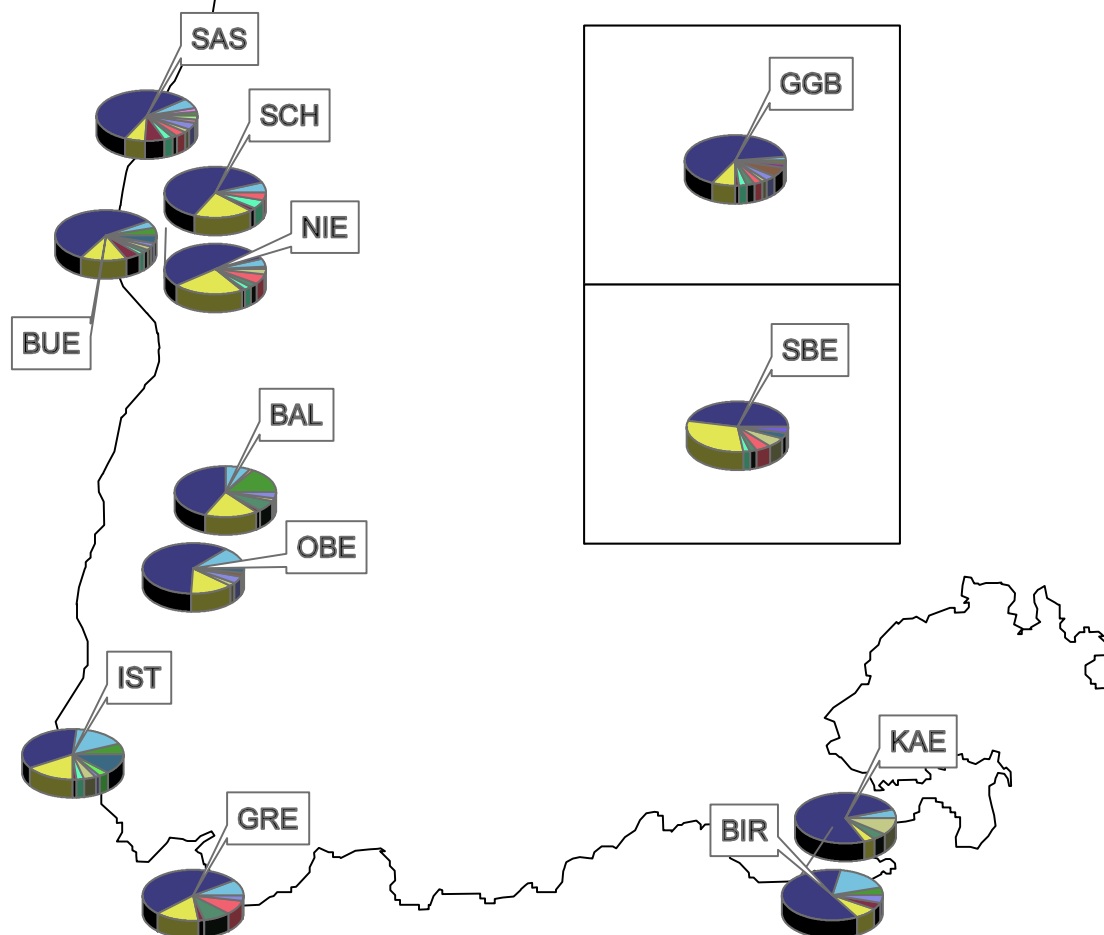
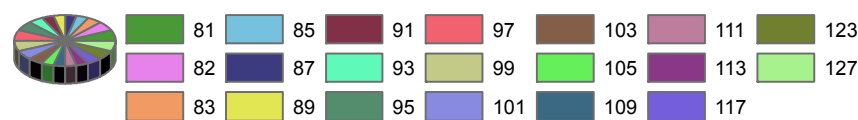


Abbildung 4-42: Allelhäufigkeit am Genort ZAG112.

Dargestellt sind die untersuchten Bestände im südwestlichen Baden-Württemberg, im Ausschnitt die Bestände in Schöneberg (SBE) und Jena (GGB).

Das Allel 87 am Genort ZAG112 (Abbildung 4-42) ist in allen Vorkommen ausser in IST (33 %) mit etwa der Hälfte bis dreiviertel der Allelverteilung das häufigste Allel. Das ebenfalls in allen Vorkommen gefundene Allel 89 ist auffällig mit nur 7 und 4 % in den benachbarten Beständen BIR und KAE vorhanden. Bei der relativ geringen Anzahl von 19 Allelen fällt auf, dass insgesamt sieben Allele (35 %) nur einmal gefunden wurden.

Diese Zahlen sind aber meist ein Effekt unterschiedlicher Stichprobengrößen, da seltene Allele mit einer höheren Wahrscheinlichkeit in großen Populationen auftauchen als in kleinen. Deshalb ist in Tabelle 4-11 zusätzlich die genetische Diversität v_a (effektive Anzahl an Allelen) berechnet, die neben der absoluten auch die relativen Häufigkeiten genetischer Varianten mit berücksichtigt.

Die Diversitätswerte für v_a zeigen ein etwas ausgeglicheneres Bild. Dennoch ist hier ein ähnlicher Trend erkennbar. Die Proben vom Standort GGB charakterisieren auch hier mit weitem Abstand den variabelsten Bestand mit effektiv 9,8 Allelen pro Locus, gefolgt von den Beständen NIE, SAS und SCH. Aber auch hier zeigen die morphologisch und genetisch als sehr artrein charakterisierten Referenzbestände ein sehr differenziertes Bild. BIE (Bielinek, nördliches Oderbruch in Polen) ist mit 5,6 effektiven Allelen der Bestand mit der geringsten Diversität. Der Referenzbestand BOL (Bollenberg, Elsass) hingegen liegt auf einem recht hohen Diversitätsniveau (8,4 effektive Allele pro Locus).

4.9.2 Differenzierung

In Tabelle 4-12 sind die paarweisen genetischen Abstände zwischen den untersuchten Eichenbeständen dargestellt. Die Werte variieren von 0,316 zwischen SCH und NIE bis zu 0,553 zwischen KAE und BAL. Das bedeutet, dass zwischen diesen Beständen 31,6 bzw. 55,3% der genetischen Varianten ausgetauscht werden müssten, um identische genetische Profile zu erhalten. Im Mittel unterscheiden sich die Bestände um 42,9%. Höhere genetische Abstände sind zu Referenzproben zu beobachten (im Mittel 50,6%).

Wie repräsentativ die genetische Ausstattung eines Bestandes im Vergleich zum gesamten untersuchten Genpool (also der Gesamtheit aller anderen Individuen) ist, wird durch den Differenzierungsparameter D_j bestimmt (siehe Abbildung 4-43). Hier zeigt sich, dass die Bestände SCH und NIE mit einem Wert von ca. 0,26 am wenigsten vom gesamten Genbestand der gezogenen Proben abweichen. Die Bestände IST und KAE sind innerhalb der Bestände mit $D_j > 0,4$ am stärksten differenziert und damit bezogen auf den gesamten Genpool am wenigsten repräsentativ. Von den Referenzbeständen weichen insbesondere BIE und SIG mit Werten von $D_j = 0,45$ bzw. 0,54 am deutlichsten von dem durchschnittlichen genetischen Profil ab.

Insgesamt ist die genetische Differenzierung im Vergleich zu den anderen heimischen Eichenarten aber als sehr hoch zu bewerten (vgl. DEGEN et al. 2010). Aber auch hier gilt es zu beachten, dass Drifteffekte gerade in Zusammenhang mit geringen Stichprobengrößen besonders ins Gewicht fallen können und genetische Differenzierungswerte somit an Signifikanz verlieren können (im Bestand KAE sind nur 12 Proben untersucht worden).

Tabelle 4-12: Paarweise genetische Abstände (d_0 nach GREGORIUS 1974) zwischen den untersuchten Eichenbeständen (Referenzproben BIE, BOL, SIG in kursiver Schrift)

	NIE	BUE	SAS	BAL	OBE	IST	GRE	BIR	KAE	GGB	SBE	Referenzproben		
												BIE	BOL	SIG
SCH	0,316	0,378	0,337	0,405	0,413	0,447	0,413	0,383	0,446	0,355	0,370	0,586	0,358	0,478
NIE		0,335	0,364	0,362	0,433	0,437	0,404	0,401	0,470	0,380	0,399	0,562	0,371	0,451
BUE			0,397	0,409	0,439	0,403	0,446	0,423	0,462	0,424	0,471	0,596	0,434	0,459
SAS				0,478	0,435	0,450	0,390	0,397	0,439	0,390	0,399	0,577	0,383	0,514
BAL					0,418	0,444	0,458	0,461	0,553	0,430	0,492	0,552	0,465	0,498
OBE						0,508	0,462	0,413	0,493	0,428	0,469	0,580	0,455	0,577
IST							0,476	0,445	0,516	0,484	0,526	0,598	0,428	0,538
GRE								0,392	0,422	0,442	0,454	0,597	0,439	0,487
BIR									0,402	0,420	0,480	0,568	0,389	0,486
KAE										0,451	0,439	0,613	0,488	0,553
GGB											0,421	0,562	0,465	0,536
SBE												0,623	0,446	0,505
BIE													0,571	0,584
BOL														0,424

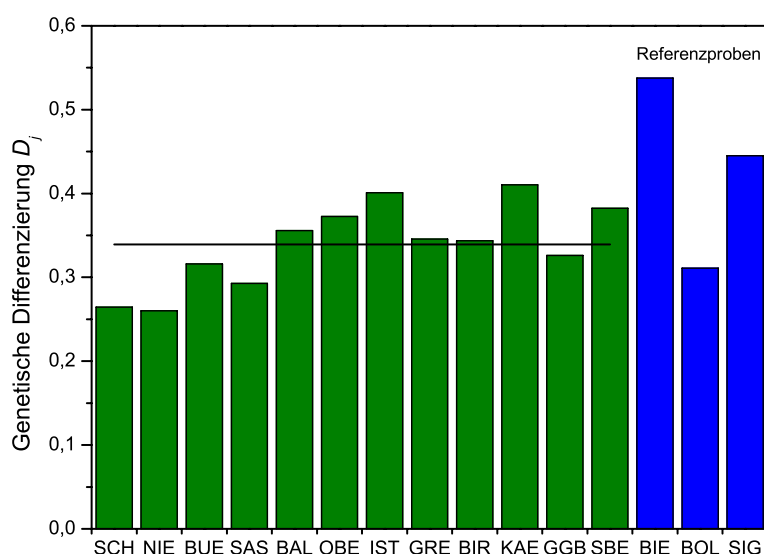


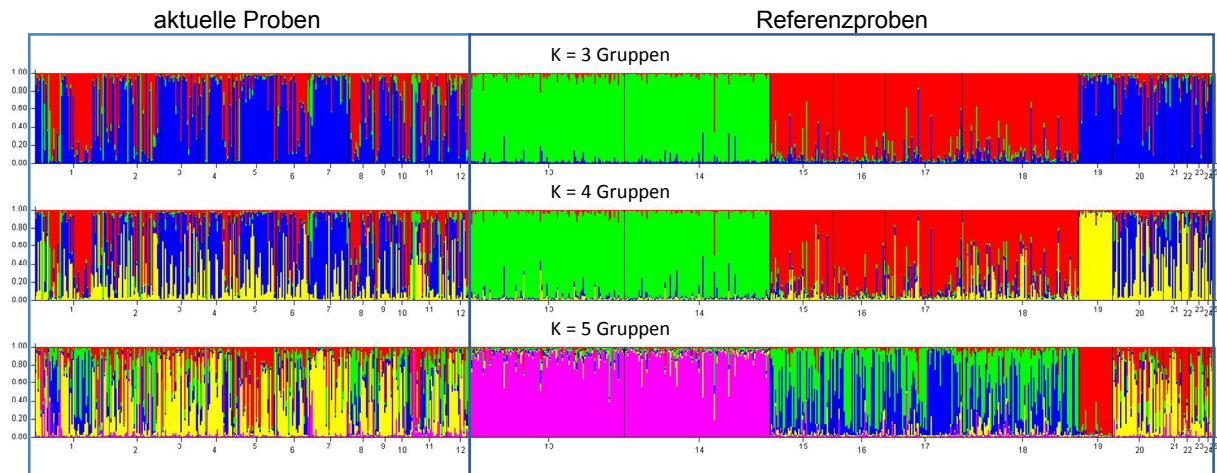
Abbildung 4-43: Grad der Differenzierung D_j jedes einzelnen Bestandes zum Komplement (= Gesamtheit aller anderen untersuchten Bestände). Die schwarze Linie gibt den Durchschnittswert δ an.

4.9.3 Zuordnung von Beständen und Individuen in reproduktive Gruppen

Eine Gesamtübersicht über die Zuordnung der untersuchten Eichen-Kollektive in eine vordefinierte Anzahl von Gruppen ist in Abbildung 4-44 dargestellt. Bei statistischen Auswertungen stellte sich heraus, dass Gruppenzahlen von $K = 3, 4$ und 5 die mit größter Wahrscheinlichkeit zutreffendsten Clusterformationen beschreiben. Jeder einzelne Balken steht für ein Individuum. Die verschiedenen Farbanteile beschreiben die prozentuale Zuordnung eines Baumes zu einer der K Gruppen. Eine höhere Auflösung des Balkendiagramms ist im Anhang zu finden.

Bei den Referenzproben zeigt sich sehr deutlich, dass die drei Eichenarten in nahezu eigene, abgrenzbare Cluster geordnet werden. Besonders eindeutig ist dies bei der Stiel-Eiche (*Quercus robur*) zu beobachten (Kollektiv-Nr. 13 und 14 bei den Referenzproben). Sehr augenfällig ist auch die Zuordnung der Referenzproben der Trauben- und Flaum-Eiche (*Q. petraea*, Kollektiv-Nr. 15 bis 18; *Q. pubescens*, Kollektiv-Nr. 19 bis 25) in eine jeweils eigene Gruppe. Die Trauben- und Flaum-Eichen zeigen teilweise allerdings auch Anteile der jeweiligen anderen Arten und in wenigen Fällen ist bei den Trauben-Eichen auch nahezu vollständig der Stiel-Eichen-Typ ausgeprägt, was aber vermutlich auf eine fehlgeschlagene Artbestimmung oder auch auf Hybridisierung zurückzuführen ist.

Interessant ist die Entwicklung der Gruppenstrukturen, wenn die Clusterzahl von $K = 3$ auf $K = 5$ gesteigert wird. Während die Stiel-Eiche stets einer einzigen Gruppe zugeordnet wird, verteilen sich die Trauben- und Flaum-Eiche auf mehrere, aber ebenfalls nach Species aufgetrennte Gruppen (siehe auch Tabelle 4-13). Bei der Zuordnung der Genotypen auf $K = 4$ Gruppen, wird zunächst die Flaum-Eiche im Wesentlichen auf zwei getrennte Gruppen verteilt (Spalte 3, Spalte 4). Die Trauben-Eichen verbleiben in einem eigenen Cluster (Spalte 1). Wird die Zuordnung in $K = 5$ Gruppen gewählt, so werden auch die Trauben-Eichen in hauptsächlich zwei verschiedenen Gruppen zugeteilt (Spalte 2, Spalte 3).



aktuelle Proben				Referenzproben			
Standort	Land	Nr. in Grafik	Anzahl Individuen	Standort	Land	Nr. in Grafik	Anzahl Individuen
SCH	D	1	57	StEi AB	D	13	119
NIE	D	2	40	StEi SH	D	14	112
BUE	D	3	28	TrEi BD	D	15	49
SAS	D	4	27	TrEi BS	D	16	40
BAL	D	5	34	TrEi HB	D	17	9
OBE	D	6	25	TrEi BB	D	18	90
IST	D	7	30	FIEi Biellinek	P	19	26
GRE	D	8	20	FIEi Bollenberg	F	20	39
BIR	D	9	14	FIEi Sigolsheim	F	21	14
KAE	D	10	12	FIEi Provence	F	22	6
GGB	D	11	30	FIEi Limberg	D	23	12
SBE	D	12	18	FIEi Liliental	D	24	3
Summe			360	FIEi Bessenstein	CH	25	5
				Summe			574

Abbildung 4-44: Zuordnung der Einzelindividuen zu Reproduktionseinheiten. Ergebnis der Datenanalyse mit Hilfe des Programms STRUCTURE 2.3.2.

Bei Betrachtung der Proben kann eine differenzierte Beurteilung der einzelnen Bestände vorgenommen werden (vgl. Abbildung 4-44, dessen höhere Auflösung im Anhang sowie Tabelle 4-13).

Gruppierung der Individuen in K = 3 Gruppen: Im Durchschnitt werden die meisten Bestände größtenteils der Flaum-Eichen-Gruppe zugeordnet, auch wenn der Einfluss der Trauben-Eiche, vermutlich durch Hybridisierung, relativ stark ist. Insbesondere die Bestände SCH und GRE werden zu über 45% in die Trauben-Eichenfraktion gruppiert. Die Bestände BUE, BAL und IST hingegen stellen eher geschlossene Reproduktionseinheiten der Flaum-Eichenfraktion dar. In einzelnen Fällen sind mit großer Wahrscheinlichkeit auch reine Stiel-Eichen in die Analytik eingegangen (im Wesentlichen in den Beständen SCH, NIE, KAE und GGB).

Gruppierung der Individuen in K = 4 Gruppen: Hier zeigt sich ein ähnliches Bild wie bei K = 3. *Quercus pubescens* wird hier allerdings in zwei Gruppen aufgeteilt (Spalte 3, Spalte 4). Dieser Effekt wird vermutlich durch starke Populationsstrukturen hervorgerufen. Kleine Populationen neigen durch Drifteffekte zu einer stärkeren genetischen Differenzierung als große zusammenhängende Populationen. Auch bei dieser Gruppenstruktur stellen die Bestände BUE, BAL und IST die vermutlich reinsten Flaum-Eichenbestände dar.

Gruppierung der Individuen in K = 5 Gruppen: Nun wird auch die Trauben-Eiche zwei Gruppen zugeordnet. Insgesamt zeigt sich aber ein ähnliches Bild wie bei K = 3 und 4.

Tabelle 4-13: Durchschnittliche Gruppenzugehörigkeit der einzelnen Kollektive an den K = 3, 4 oder 5 Clustern.

Farbig hintermalt sind die jeweils höchsten Gruppenzugehörigkeiten, die zusammen einen Anteil von über 70% ergeben, mit Grün = Flaum-Eiche, Orange = Trauben-Eiche, Blau = Stiel-Eiche.

Standort	K=3 Gruppen			K=4 Gruppen				K=5 Gruppen				
	1	2	3	1	2	3	4	1	2	3	4	5
SCH	0.469	0.127	0.404	0.383	0.118	0.305	0.193	0.120	0.216	0.269	0.279	0.115
NIE	0.348	0.105	0.547	0.258	0.097	0.383	0.262	0.194	0.237	0.140	0.337	0.092
BUE	0.171	0.027	0.802	0.088	0.024	0.617	0.270	0.209	0.102	0.094	0.572	0.023
SAS	0.297	0.068	0.635	0.237	0.067	0.471	0.226	0.134	0.166	0.182	0.457	0.062
BAL	0.149	0.045	0.806	0.128	0.040	0.545	0.286	0.471	0.087	0.087	0.316	0.040
OBE	0.413	0.036	0.552	0.250	0.024	0.469	0.257	0.193	0.202	0.210	0.372	0.022
IST	0.059	0.101	0.841	0.036	0.080	0.721	0.162	0.158	0.058	0.047	0.658	0.080
GRE	0.458	0.089	0.452	0.348	0.070	0.413	0.169	0.142	0.285	0.182	0.326	0.065
BIR	0.338	0.021	0.641	0.263	0.019	0.523	0.195	0.187	0.167	0.171	0.456	0.019
KAE	0.405	0.133	0.462	0.296	0.117	0.443	0.144	0.064	0.252	0.160	0.407	0.117
GGB	0.393	0.171	0.436	0.315	0.161	0.280	0.245	0.221	0.221	0.216	0.189	0.153
SBE	0.357	0.086	0.557	0.243	0.069	0.435	0.254	0.166	0.240	0.111	0.417	0.066
StEi AB	0.034	0.937	0.030	0.029	0.913	0.029	0.029	0.026	0.032	0.028	0.027	0.887
StEi SH	0.028	0.937	0.035	0.024	0.915	0.039	0.021	0.023	0.027	0.020	0.040	0.890
TrEi BD	0.874	0.055	0.071	0.793	0.051	0.068	0.088	0.038	0.473	0.410	0.037	0.041
TrEi BS	0.912	0.043	0.044	0.860	0.037	0.059	0.044	0.022	0.481	0.423	0.035	0.038
TrEi HB	0.875	0.044	0.081	0.808	0.038	0.075	0.079	0.038	0.318	0.566	0.045	0.034
TrEi BB	0.874	0.043	0.083	0.734	0.039	0.093	0.133	0.051	0.469	0.383	0.063	0.035
FIEi Biellinek	0.067	0.026	0.908	0.018	0.011	0.014	0.958	0.923	0.037	0.016	0.013	0.011
FIEi Bollenberg	0.191	0.033	0.776	0.115	0.027	0.506	0.352	0.256	0.087	0.137	0.495	0.025
FIEi Sigolsheim	0.055	0.069	0.876	0.043	0.065	0.496	0.396	0.332	0.043	0.042	0.522	0.061
FIEi Povenca	0.027	0.057	0.916	0.018	0.056	0.128	0.798	0.814	0.023	0.024	0.089	0.050
FIEi Limberg	0.250	0.025	0.725	0.143	0.021	0.396	0.440	0.359	0.242	0.045	0.330	0.024
FIEi Liliental	0.231	0.154	0.616	0.116	0.145	0.280	0.458	0.338	0.192	0.091	0.222	0.157
FIEi Bessenstein	0.024	0.032	0.943	0.021	0.031	0.716	0.232	0.233	0.025	0.020	0.697	0.026

4.9.4 Genetische Variabilität und Reproduktionszusammenhalt

Ein interessanter Zusammenhang wird deutlich, wenn die Höhe des reproduktiven Zusammenhalts der beprobten Bestände über deren genetischer Diversität aufgetragen wird (Abbildung 4-45). Hier zeigt sich ziemlich deutlich der Trend, dass Hybridschwärme aus zwei oder mehr Eichenarten deutlich höhere genetische Variabilität vorzuweisen haben. Dies ist auch nicht sehr verwunderlich, da die verschiedenen Arten unterschiedliche Häufigkeitsverteilungen ihrer allelischen Varianten mitbringen. Der Bestand GGB beispielsweise zeigt hohe Anteile aller drei heimischen Eichenarten. Die Folge ist eine hohe genetische Diversität (zu Lasten der Artintegrität). Die Bestände BUE und BAL hingegen zeigen eine hohe Artintegrität und ihre genetischen Diversitätswerte liegen mit ca. 7,4 effektiven Allelen pro Locus ungefähr auf mittlerem Niveau. Die als sehr artrein charakterisierten Bestände (BIE, SIG aus dem Referenzprobenmaterial sowie IST) haben zwar hohe Zuordnungswerte für die Flaum-Eichenfraktion, dafür fallen die Diversitäten deutlich niedriger aus.

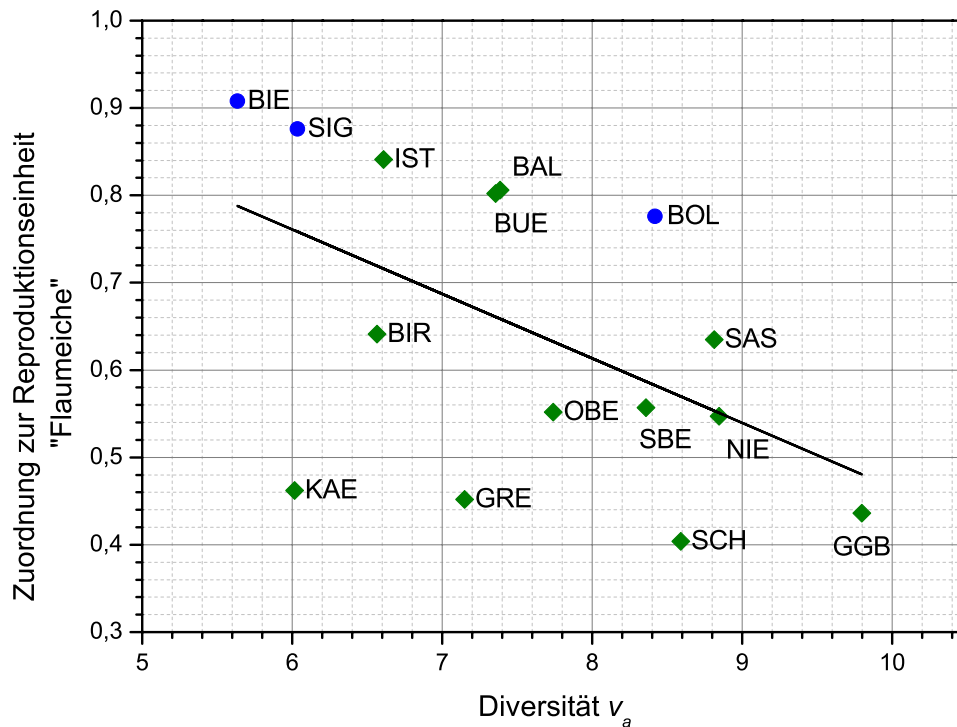


Abbildung 4-45: Zusammenhang zwischen reproduktivem Artzusammenhalt (Artintegrität) und genetischer Diversität in den untersuchten Beständen (◆) und in den Referenzbeständen (●).

4.9.5 Fazit

Die Untersuchungen zur Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Flaum-Eiche (*Q. pubescens* Willd.) erbrachte eine Reihe von interessanten Ergebnissen. Durch die Kombination von genetischem Fingerprinting mit Kern-Mikrosatelliten und dem anschließenden Gruppierungsverfahren mit dem Programm STRUCTURE 2.3.2 steht nicht nur ein interessantes Verfahren für populationsgenetische Studien, sondern auch für die taxonomische Analyse heimischer Eichenarten zur Verfügung. Es konnte gezeigt werden, dass sich die drei Eichenarten *Quercus robur* (Stiel-Eiche), *Q. petraea* (Trauben-Eiche) und *Q. pubescens* (Flaum-Eiche) auf diese Weise mit recht hoher Genauigkeit voneinander unterscheiden lassen.

Insgesamt kann mit diesen Daten auch ein Ranking erstellt werden, welche Stichprobenkollektive nun als besonders artreine Flaum-Eiche oder doch eher als Hybridschwarm zwischen Trauben- und Flaum-Eiche bewertet werden können.

In der Gesamtbetrachtung kann festgehalten werden, dass die Proben aus den Beständen BUE, BAL und IST zum großen Teil genetisch als sehr artreine Flaum-Eiche charakterisiert werden können. Im Mittelfeld liegen BIR und SAS. Die übrigen Bestände repräsentieren eher Stichproben aus größeren Hybridschwärmen zwischen Flaum- und Trauben-Eiche.

5 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Die bundesweite Erfassung der Flaum-Eiche 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 Analysen von DNS-Markern an ausgewählten Beständen geben Hinweise zur genetischen Variation der Flaum-Eiche 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 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 Bundes-sicht 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).

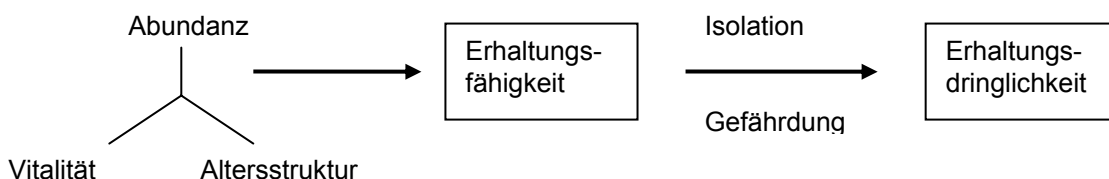


Abbildung 5-1: Bewertungsparameter zur Bestimmung des Grades der Erhaltungsfähigkeit und der Erhaltungsdringlichkeit (Quelle: LFE).

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, wurde 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.

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	0	0
gut	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
geschwächt	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	10
bedroht	0	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	14
absterbend	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Summe	0	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	26
nicht bewertbar	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

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
gut		4,0											0,0	3,9
geschwächt		36,0											100,0	38,5
bedroht		56,0											0,0	53,9
absterbend		4,0											0,0	3,9
Summe		100											100	100

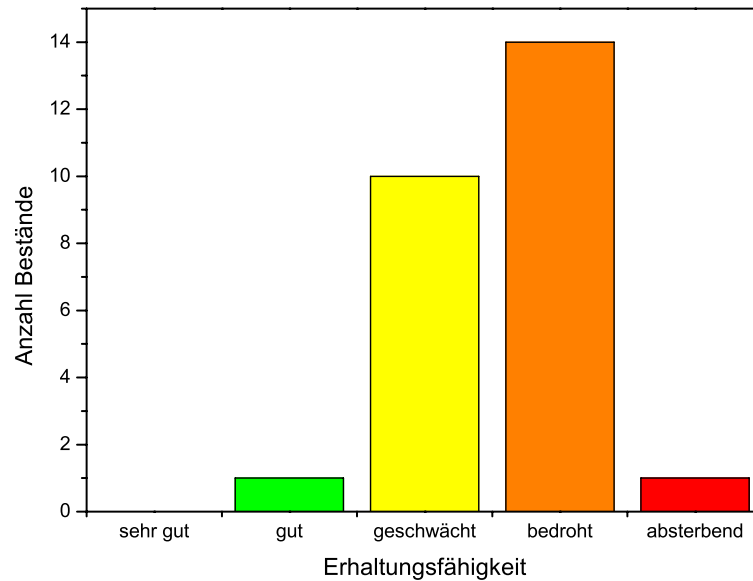


Abbildung 5-2: Stufen der Erhaltungsfähigkeit mit den Anteilen der Vorkommen im Bundesgebiet.

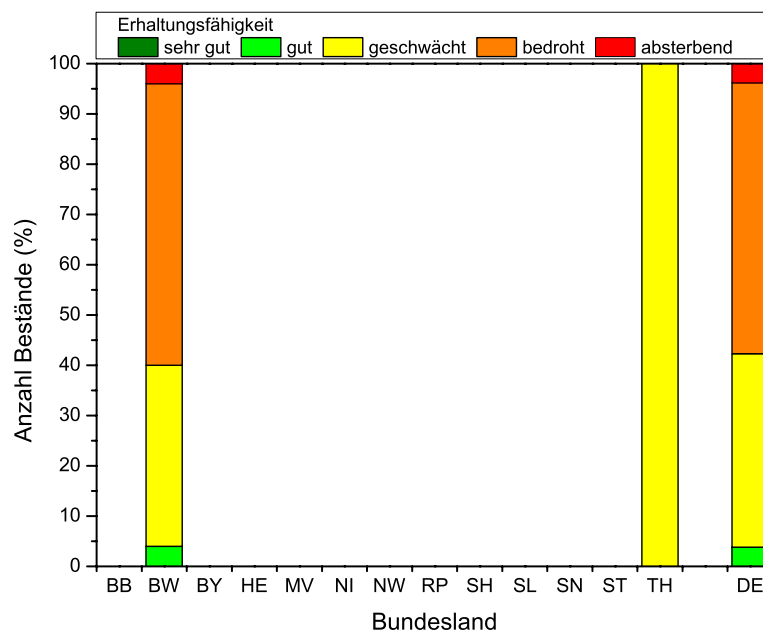


Abbildung 5-3: In-situ-Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen in den Bundesländern.

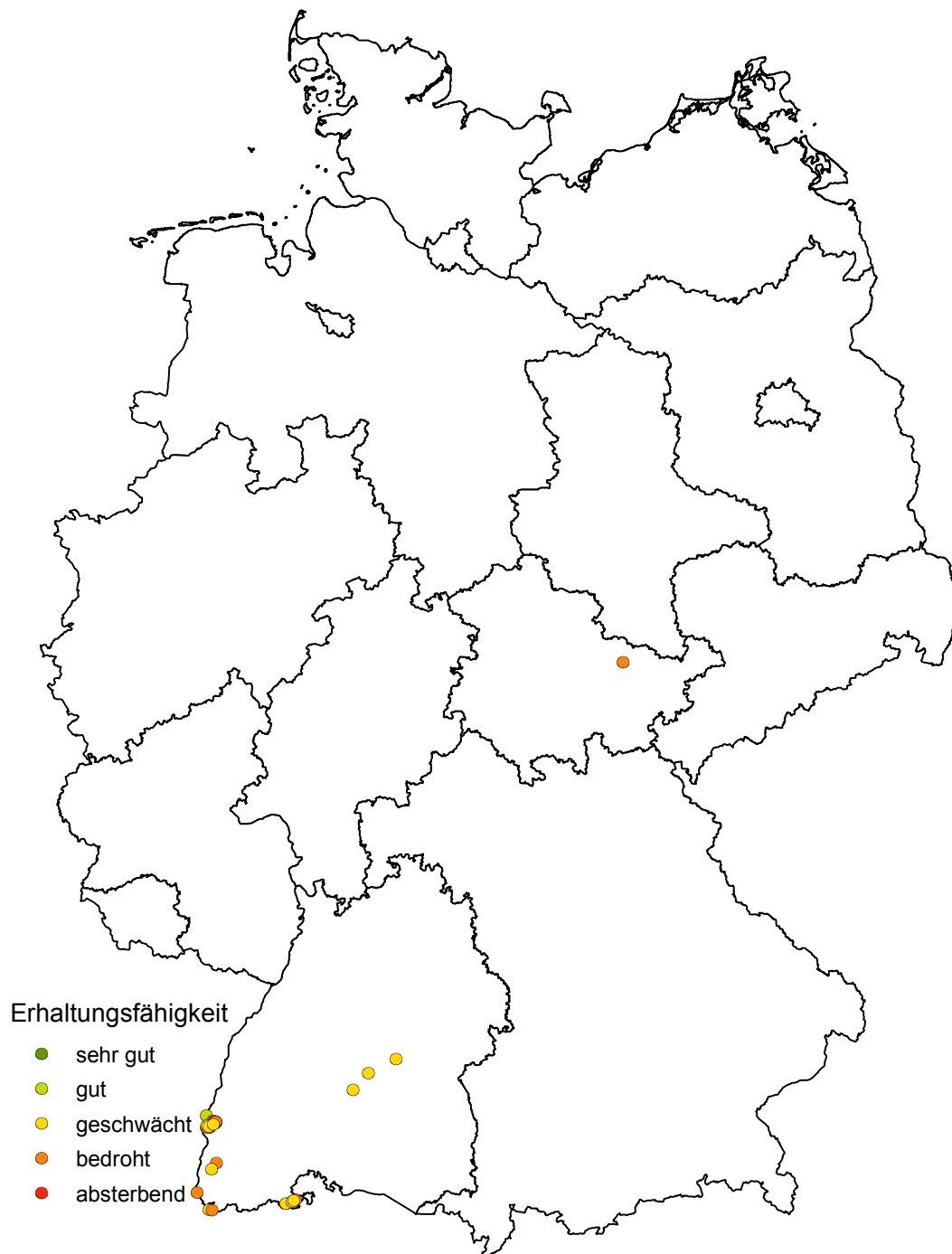


Abbildung 5-4: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen im Bundesgebiet.

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 erhaltungsfähiger Bestände in fünf Bewertungsstufen dargestellt (Tabelle 5-1 und Tabelle 5-2), die die "*In-situ*-Erhaltungsfähigkeit" dokumentiert. Die Abbildung 5-2 und Abbildung 5-3 stellen die Zahlen anschaulich dar.

Als "gut" konnte von den untersuchten Flaum-Eichen Vorkommen in Deutschland nur ein einziger Bestand bewertet werden. Der Bestand in Sasbach (SAS) liegt auf einer exponierten Geländekuppe am Rhein mit geschätzten 300 Individuen. Der Bestand mit über 11.000 vermuteten Bäumen im NSG Buechsenberg (BUE) ist aufgrund fehlender Naturverjüngung, bzw. fehlender Bäume mit weniger als 7 cm BHD, in die Klasse "geschwächt" eingestuft worden. Hier finden sich 9 (36 %) der 25 Vorkommen. Der Großteil der Vorkommen (56%) ist in seinem Bestand "bedroht". Ein Vorkommen ist laut Datenlage als "absterbend" zu bewerten. Der Bestand im Sammel-Vorkommen Schelingen (SCH mit insgesamt sechs Teilbeständen) umfasst zwar geschätzte 180 Bäume mit "sehr guter" Altersstruktur, ist aber in einem schlechten Zustand (Vitalitätsstufe 3).

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

Die Karte in Abbildung 5-4 zeigt die Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der erfassten Vorkommen. Die drei Vorkommen auf der Schwäbischen Alb sind "geschwächt", wie die beiden Vorkommen im Klettgau (BIR, KAE). Die beprobten Bestände IST, GRE und BAL sind "bedroht". Im Kaiserstuhl-Gebiet sind "geschwächte" und "bedrohte" Bestände vorhanden.

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.

Beide Handlungsalternativen bedürfen der Kenntnis der Genzentren der Flaum-Eiche. Die Abbildung 5-5, Abbildung 5-6 und Abbildung 5-7 zeigen die Verbreitungsschwerpunkte der Flaum-Eiche 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 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.

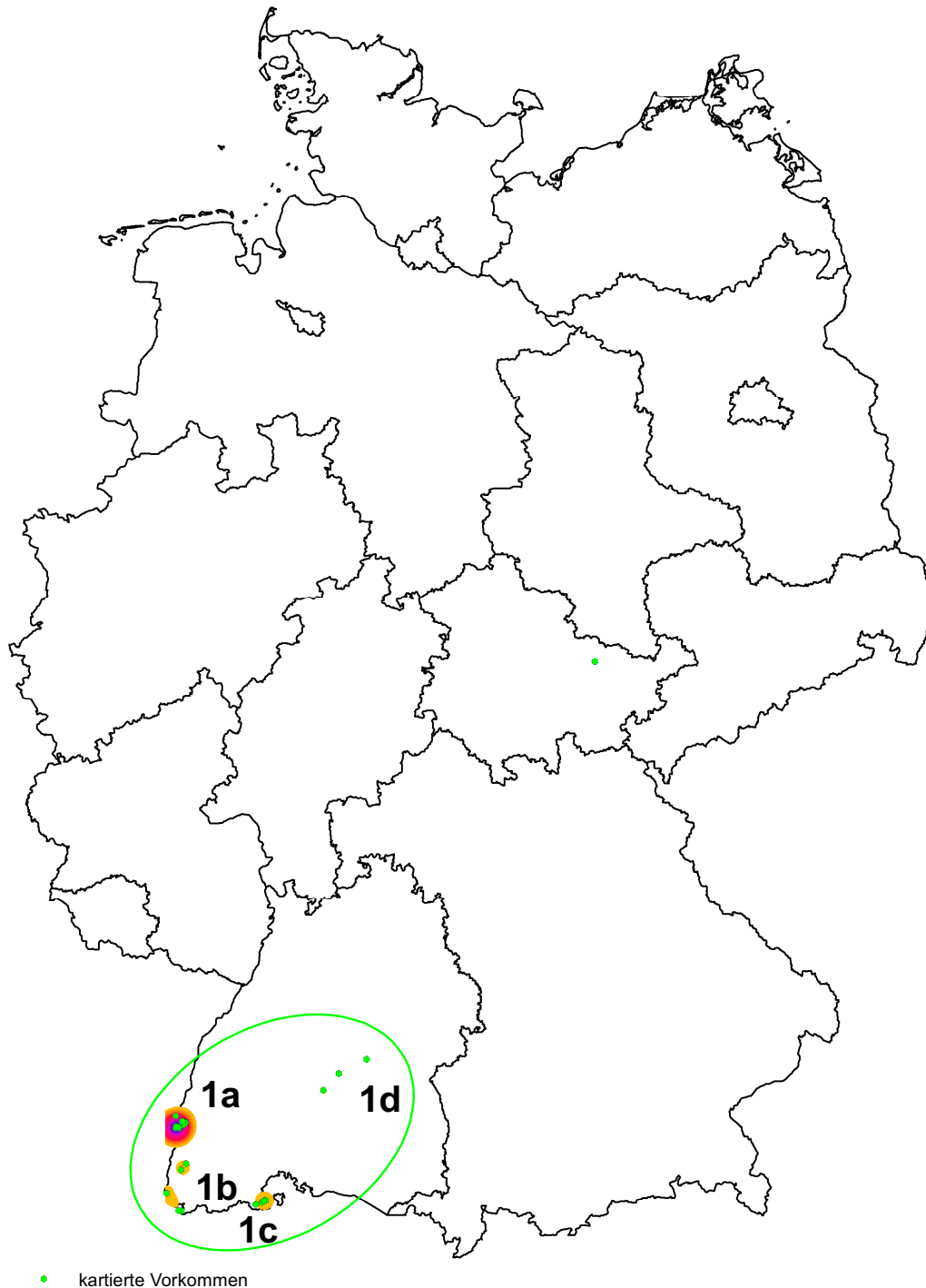


Abbildung 5-5: Darstellung der Kerneldichte der Flaum-Eiche mit Berücksichtigung der Baumzahl.

Die genannten Abbildungen stellen diese Kerneldichten der Flaum-Eichen-Vorkommen dar. Bei der Analyse der Darstellungen zeigt sich ein Verbreitungsschwerpunkt der Flaum-Eiche in der Bundesrepublik mit mehreren Teilbereichen. In Tabelle 5-3 sind diese Teilbereiche der Flaum-Eiche in der Bundesrepublik aufgeführt. In Abbildung 5-8 ist in einer höheren Auflösung das Verbreitungsgebiet der Flaum-Eiche mit den Dichteanalysen der Vorkommen im südwestlichen Baden-Württemberg dargestellt.

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

Nummer	Bezeichnung des Genzentrums	Nummer	Teilbereich
1	Südwest Baden-Württemberg	1a	Kaiserstuhl
		1b	Markgräflerland-Dinkelberg
		1c	Klettgau
		1d	Schwäbische Alb

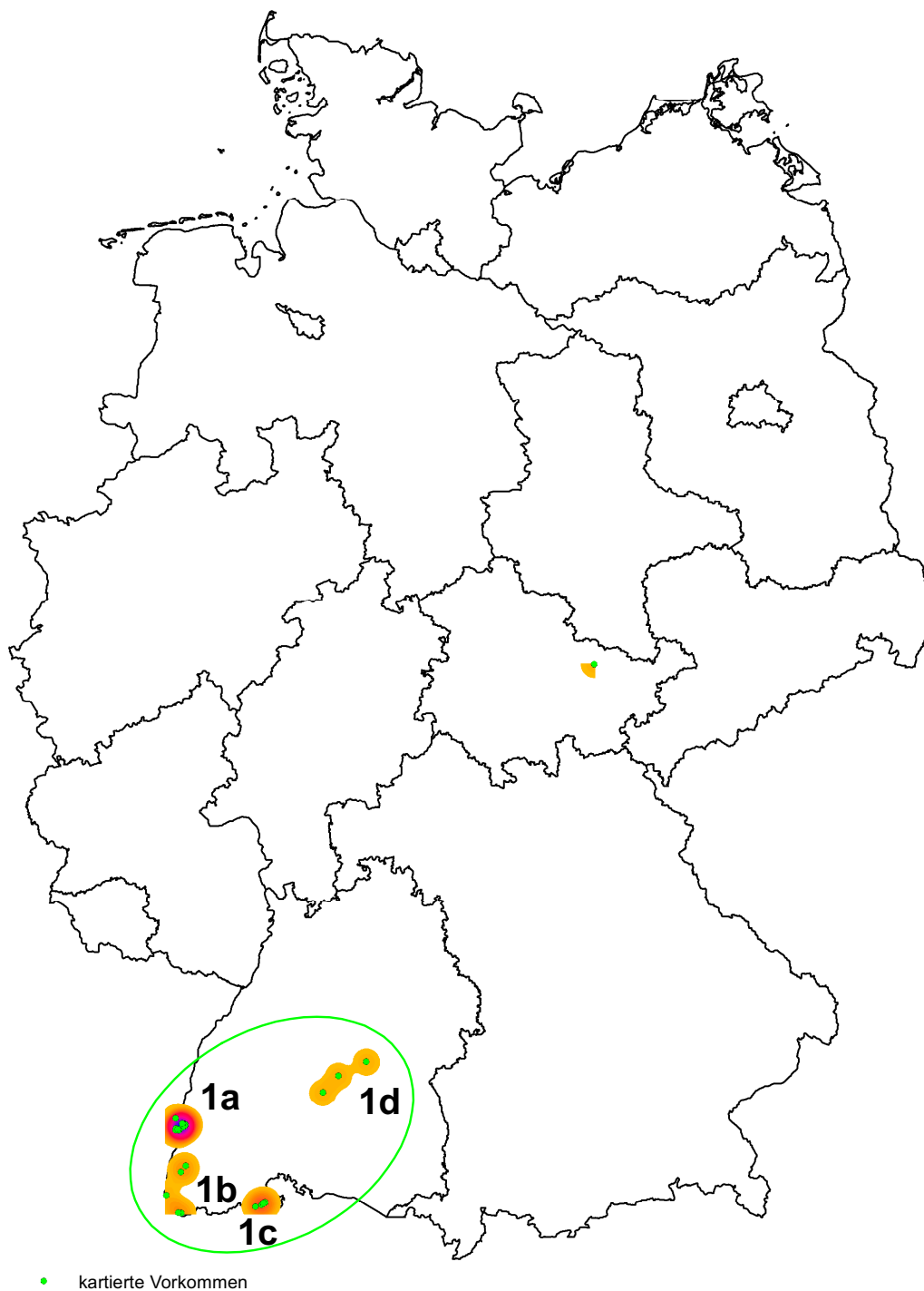


Abbildung 5-6: Darstellung der Kerneldichte der Flaum-Eiche ohne Berücksichtigung der Baumzahl.

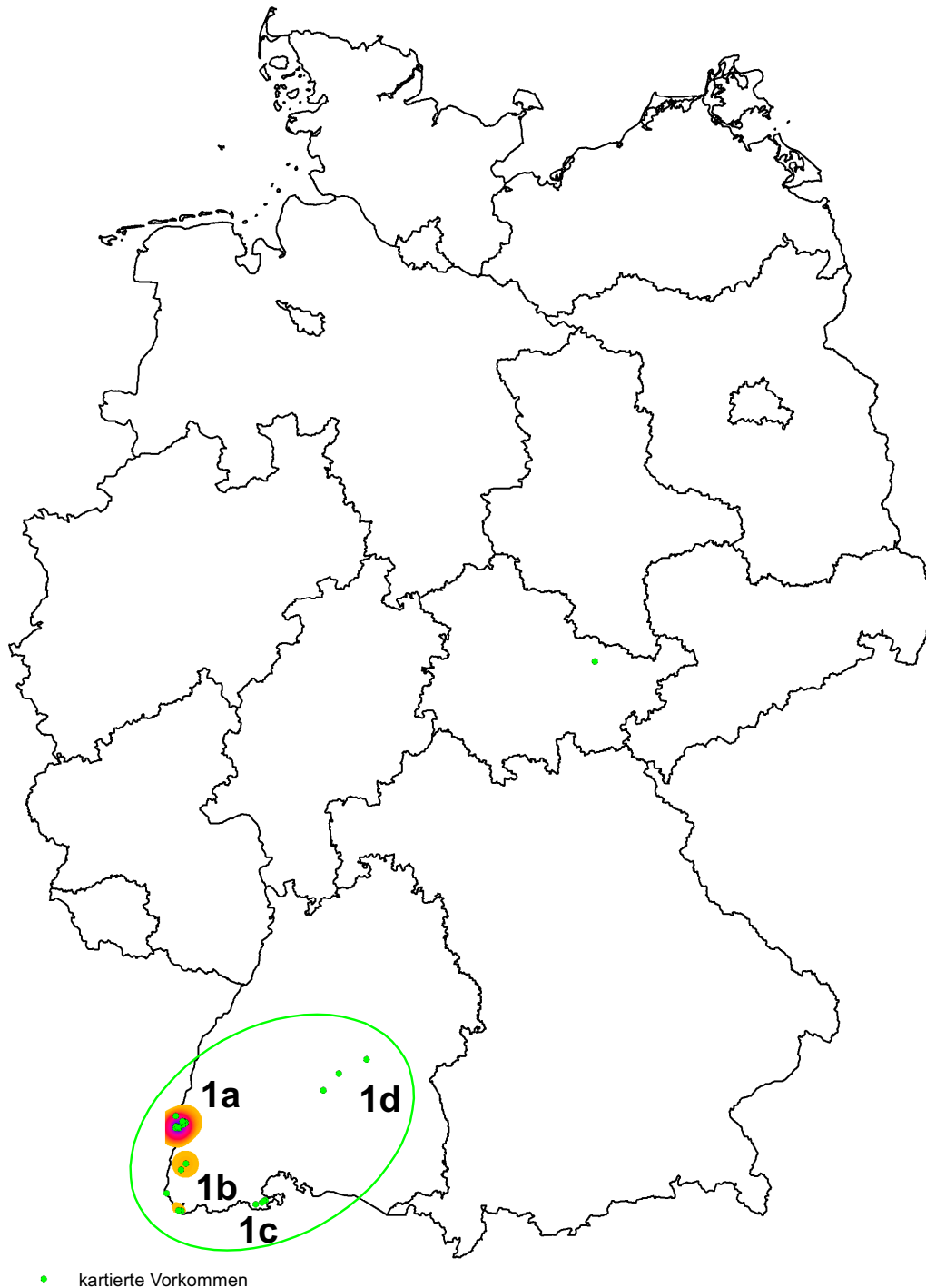


Abbildung 5-7: Darstellung der Kernaldichte der Flaum-Eiche bezogen auf die Baumzahlen pro Hektar Vorkommensfläche.

Sicher verbreitet ist die Flaum-Eiche im südwestlichen Baden-Württemberg - mit den vier Teilbereichen Kaiserstuhl, Markgräflerland-Dinkelberg, Klettgau und Schwäbische Alb. Die höchsten Dichten liegen im Kaiserstuhl-Gebiet, mit den beprobten Beständen Buechsenberg (BUE), Sasbach (SAS) und den Sammel-Vorkommen Niederrotweil (NIE) und Schelingen (SCH) vor. Der Teilbereich Markgräflerland-Dinkelberg, mit beprobten Vorkommen Ballrechten (BAL) und Oberweiler (OBE) im Norden und Istein (IST) und Grenzach (GRE) im Süden, schliesst sich dem Bereich Kaiserstuhl rheinaufwärts an. Die Entfernung zwischen diesen

beiden Teilbereichen ist nur gering und beträgt zwischen den berechneten Grenzen etwa 10 km. Es ist nicht auszuschließen, dass bisher nicht gefundene, bzw. kartierte Vorkommen existieren, über die die beiden Bereiche verbunden sein könnten.

Weiter rheinaufwärts befindet sich der Teilbereich Klettgau mit den beprobten Vorkommen Birnberg (BIR) und Kaetzler (KAE). Eine Verbindung entlang des Rheins nach Grenzach und Istein (Markgräflerland-Dinkelberg) könnte über versprengte Einzelvorkommen existieren. Vorallem, da die südliche Rheinseite auf schweizer Boden nicht kartiert wurde.

Der vierte Teilbereich, mit den beprobten Vorkommen Schoenberg (SBE) und Zellerhorn (ZEL), ist über die Berechnung der Kernel-Dichte nur schwach ausgeprägt.

Die Flaum-Eiche wird über den Wind bestäubt (Anemophilie) und ihre Samen werden u. a. auch von Vögeln und (Klein-)säugern verbreitet. Ein Genaustausch zwischen den Teilbereichen ist vorstellbar - wenn weitere, bisher nicht untersuchte Vorkommen im Gebiet existieren. Aufgrund ihrer Seltenheit und ihrer regional begrenzten Verbreitung, sowie aufgrund des ermittelten Erhaltungszustandes der untersuchten Vorkommen, ist die Flaum-Eiche in Deutschland in ihrem Gesamtbestand bedroht. Maßnahmen für den Erhalt der Flaum-Eiche in Deutschland sind dringend notwendig.

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.

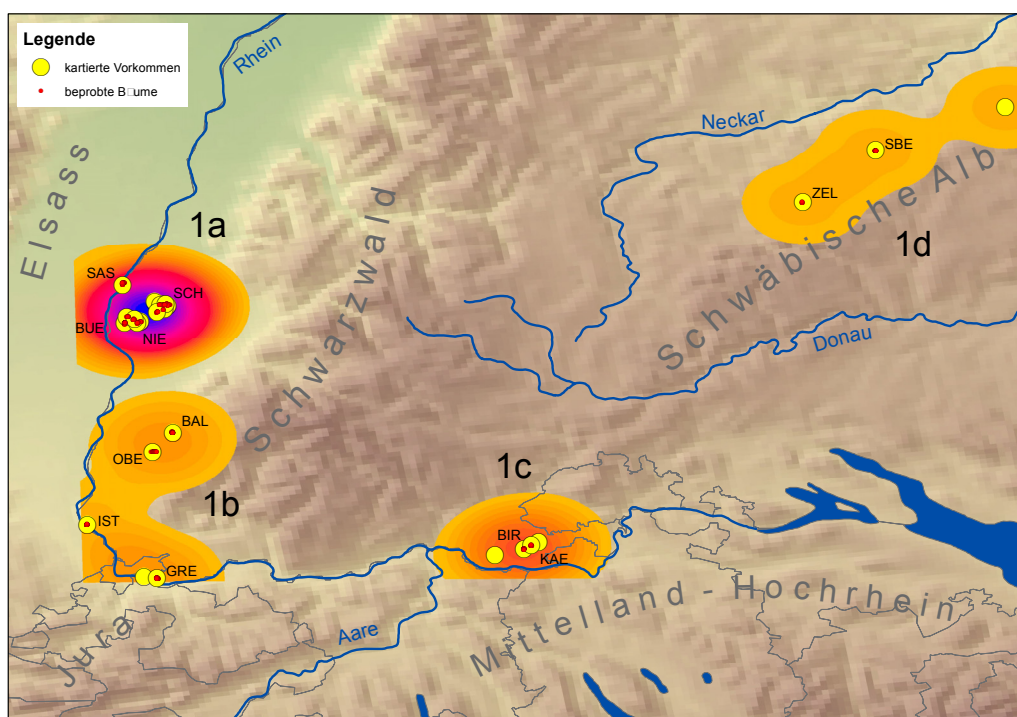


Abbildung 5-8: Kernel-Dichte Karte der untersuchten Flaum-Eichen Vorkommen im südwestlichen Baden-Württemberg. Angegeben ist zusätzlich die Lage der beprobten Bäume.

5.2 Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen

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

In den angeführten Teilbereichen im Südwesten Baden-Württembergs sollte der Aufbau vitaler Bestände mit guter Altersverteilung (mehreren Baumgenerationen im selben Bestand) und reichlicher Naturverjüngung im Vordergrund stehen.

Der Genaustausch zwischen den identifizierten Teilbereichen Kaiserstuhl, Markgräflerland-Dinkelberg, Klettgau und Schwäbische Alb sollte durch die Anlage von Trittsteinen zwischen den Vorkommen ermöglicht und gefördert werden. Zudem sollte einbezogen werden, in welchem Umfang Flaum-Eichen im Rheintal auf schweizerischer und französischer Seite vorhanden sind, bzw. in ausreichender Entfernung für einen möglichen Genaustausch liegen. Linksrheinisch, in der Colmarer-Trockenebene liegt zwischen Breisach/Neuf-Brisach und Colmar einer der größten Flaum-Eichenbestände des Elsass.

Genetisches Material zur Anlage von Trittsteinen könnte aus den baden-württembergischen Vorkommen gewonnen werden, allen voran, dem Kaiserstuhl-Gebiet, als auch aus benachbarten Vorkommen im Elsass bezogen werden. Die Umsetzung dieser Strategie fällt in die Kompetenz der Länder.

Die Flaum-Eiche besiedelt im südwestlichen Baden-Württemberg den derzeit nördlichsten Rand ihres natürlichen, zusammenhängenden Verbreitungsgebietes und stellt dort in wenigen Beständen die einzigen größeren und erhaltungsfähigen Vorkommen auf dem Boden der Bundesrepublik Deutschland dar. Diese Populationen sind als erhaltungsdringlich bei hoher Erhaltungswürdigkeit anzusehen bzw. die Erhaltungswürdigkeit sollte durch geeignete Maßnahmen (Förderung der Verjüngung, Begünstigung durch Durchforstungseingriffe, Rücknahme schädigender Nutzungsformen, Förderung der Niederwaldwirtschaft, u.a.m.) erhöht werden.

Generhaltungsmaßnahmen für die Flaum-Eiche sollten 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. Daneben sollten in weiteren Zeitabständen genetische Parameter, insbesondere die Diversität erfasst werden, um die Effektivität der Generhaltungsmaßnahmen beurteilen zu können. Desweiteren sollten Untersuchungen mit dem Ziel stattfinden, Hybridisierungen mit der Trauben-Eiche näher zu untersuchen.

5.3 Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung

Die Erfassung der Flaum-Eiche im Rahmen dieses 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 Flaum-Eiche ist in Deutschland selten und im südwestlichen Baden-Württemberg in einem vergleichsweise kleinem Verbreitungsgebiet vorhanden. Fast alle der untersuchten Vorkommen wurden als langfristig nicht überlebensfähig bewertet.

Der Großteil der untersuchten Vorkommen besiedelt Bergkuppen oder Hanglagen. Die Flaum-Eiche ist im Untersuchungsgebiet in freistehenden Kleingruppen, Waldrandlagen oder lichten Mischwäldern zu finden. Einzig im NSG Buechsenberg am Kaiserstuhl ist sie bestandsbildend. Zwar befinden sich alle Vorkommen in Naturschutzgebieten und / oder Natura 2000 Gebieten, aber dreiviertel der Bestände ist von Weinanbaugebieten umgeben und somit von direkten oder indirekten Bewirtschaftungsmaßnahmen betroffen. An vielen Stellen steht sie in Konkurrenz zur Buche und wird bei Überschattung verdrängt. Die Hauptbedrohung der Reinbestände dürfte allerdings in der Hybridisierung mit der Trauben-Eiche liegen. Vielerorts finden sich im südwestlichen Baden-Württemberg Bestände, die morphologisch nicht eindeutig einer der beiden Arten zugeordnet werden können.

Strategien zum Erhalt der Flaum-Eiche sollten in der Stärkung der Vitalität und der Altersstruktur der vorhandenen natürlichen Bestände bestehen, durch z. B. Verhinderung von Überschattung und Förderung der Naturverjüngung. Auf geeigneten Standorten sollte die Flaum-Eiche gezielt eingebracht werden, um vorhandene Bestände miteinander zu vernetzen und Genaustausch zu ermöglichen.

Die Flaum-Eiche hat für die Forstwirtschaft in der Bundesrepublik keine Bedeutung, sie unterliegt aber dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) von 2002. Angesichts sich ändernder Umwelt- und Klimabedingungen könnte die Flaum-Eiche in Zukunft evtl. größere Bedeutung gewinnen. In diesem Zusammenhang wäre zu prüfen, ob die Vorkommen auf dem Gebiet der Bundesrepublik Potential zur Gewinnung von Vermehrungsgut aufweisen, um die Bereitstellung von Vermehrungsgut im Bedarfsfall für *Ex-situ*- oder *In-situ*-Maßnahmen zu gewährleisten.

6 Zusammenfassung

Die Flaum-Eiche (*Quercus pubescens* Willd.) ist eine in Deutschland seltene Baumart, die sich hier an der nördlichsten Grenze ihres natürlichen, zusammenhängenden Verbreitungsgebietes befindet. Auf dem Boden der Bundesrepublik Deutschland ist sie in ihrem Bestand gefährdet durch die Überwachsung durch Buche und / oder gebietsfremde Arten. Insbesondere besteht eine Gefährdung von Flaum-Eichen Beständen durch Hybridisierung mit der Trauben-Eiche.

Bisher fehlten bundesweite Untersuchungen ihres Vorkommens und der einheitlichen Bewertung des Zustands der Bestände hinsichtlich Vitalität, Altersstruktur oder genetischer Diversität. Mit dem von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) beauftragten Forschungsvorhaben konnten Wissenslücken geschlossen sowie verstreut vorhandene und neue Daten zentral zusammengefasst werden.

Das Ziel des Projektes war es, die Vorkommen der Flaum-Eiche nach einheitlichen Kriterien und Methoden bundesweit zu erfassen, zu charakterisieren und zu dokumentieren. Ausgewählte Vorkommen sollten hinsichtlich ihrer genetischen Diversität analysiert und bewertet werden. Zusammenfassende Auswertungen sollten zu einer Einordnung der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit führen und kartographisch dargestellt werden.

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

Das Vorhaben wurde in drei Phasen bearbeitet. In der ersten Bearbeitungsphase wurde nach möglichen Flaum-Eichen-Vorkommen in verschiedenen Quellen der forstlichen Versuchsanstalten, Forstbetriebe, Naturschutzbehörden, Botanischen Vereine, der Bundeswaldinventur, Betriebsinventuren, Biotopkartierungen, Bundesforsten, Forstsaatgutstellen sowie bei Privatwaldbesitzern recherchiert. Am ergiebigsten erwiesen sich die dabei die Rückmeldungen aus den Forstbetrieben und den 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 kartographische 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 zu 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 Flaum-Eiche in Deutschland herausgearbeitet werden. Genetische Analysen mit DNA-Markern (Mikrosatelliten) an ausgewählten Populationen ermöglichten die erste Bewertung der genetischen Vielfalt der Populationen.

Auf dem Gebiet der Bundesrepublik Deutschland wurden insgesamt 26 Vorkommen kartiert, mit einer geschätzten Gesamtzahl etwa 15.000 Individuen über alle Entwicklungsstufen. Die Flächengröße der untersuchten Vorkommen reicht von 0,5 bis 38 ha, mit 2,6 ha im Mittel. Die geschätzten Baumzahlen in den Beständen liegen zwischen 5 und 500 Individuen - zusätzlich existiert ein Vorkommen mit einem Bestand von etwa 10.000 Bäumen. Die mittlere Baumzahl liegt bei 100 Individuen bei einer mittleren Dichte von 24 Bäumen pro ha.

Die mit Hilfe geografischer Informationssysteme visualisierten Verbreitungsschwerpunkte mit hoher *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit (Verknüpfung von Populationsgröße, Altersstruktur und Vitalität) liegen im südwestlichen Baden-Württemberg. Hier konnten vier Teilbereiche der Ver-

breitung im Kaiserstuhl-Gebiet, in der Region Markgräflerland-Dinkelberg, im Klettgau und auf der Schwäbischen Alb identifiziert werden. Unklar ist noch, ob diese vier Teilbereiche isolierte Populationen darstellen oder ob über bisher nicht identifizierte Einzelvorkommen ein Genaustausch stattfindet. Nicht untersucht wurde die Verbreitung der Flaum-Eiche im angrenzenden schweizerischen und französischen Rheingebiet, oder ob eine Verbindung zu großen Vorkommen im benachbarten Elsaß besteht.

20 der 26 untersuchten Vorkommen wurden beprobt. Aufgrund der räumlichen Nähe wurden in zwei Bereichen 4 und 6 Bestände zu jeweils einer Gesamtprobe vereinigt, sodass insgesamt für die genetischen Analysen 12 Proben mit Blättern von 13 bis 58 Bäumen je Vorkommen (360 Proben gesamt) untersucht werden konnten.

Für die genetischen Untersuchungen standen Referenzproben aus zwei französischen und einem polnischen Bestand zur Verfügung. Insgesamt konnten sieben Mikrosatelliten-Genorte mit 19 bis 37 allelischen Varianten identifiziert werden - alle Genorte summieren sich auf 194 Allele. In den untersuchten Vorkommen konnten deutliche Unterschiede zwischen den Allelzahlen und somit hohe Diversitäten festgestellt werden. Vergleiche mit genetischen Mustern von Trauben-Eiche und Stiel-Eiche zeigten, dass einige Bestände mit Hybriden durchsetzt waren. Auf der anderen Seite konnte nachgewiesen werden, dass drei Bestände sehr artrein und zwei weitere Bestände nahezu artrein sind.

Gemäß unserer morphologischen Ansprache im Gelände und der durchgeführten genetischen Analysen kommt die Flaum-Eiche in Deutschland nur regional begrenzt in einigen Beständen im südwestlichen Baden-Württemberg vor. Benannte Vorkommen in anderen Regionen Deutschlands konnten entweder nicht aufgefunden und somit untersucht werden, oder die Artbestimmung vor Ort konnte aufgrund häufiger Bastardisierungen mit der Trauben-Eiche nicht eindeutig bestätigt werden.

Die Erhaltungsfähigkeit der Flaum-Eiche in der Bundesrepublik ist als gering einzustufen. Als Maßnahmen zum Schutz und zur Förderung werden deshalb zum einen der Schutz und die Förderung der natürlichen Verjüngung der bestehenden Vorkommen, zum anderen eine, eventuell grenzüberschreitende, Vernetzung vorhandener Vorkommen zur Ermöglichung des Genaustausches zwischen den Populationen vorgeschlagen.

Darüber hinaus werden Empfehlungen zu weiteren Erhebungen, insbesondere einem Monitoring der untersuchten Vorkommen hinsichtlich Vitalität und Verjüngungspotenzial sowie weitere Analysen zu Hybrisierungen mit der Trauben-Eiche vorgeschlagen.

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 Datenlage war sehr heterogen. Teilweise wurde deren Herausgabe verzögert bzw. zum Teil 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.

Als genetische Untersuchungen waren anfangs Isoenzym-Analysen vorgesehen. Im Rahmen der Projektberatung wurde der Zusatzantrag genehmigt, für die Flaum-Eiche DNA-Analysen durchzuführen, weil durch diese inzwischen etablierte Methode bessere Ergebnisse erzielt und verlässlichere Aussagen gemacht werden können.

8 Literatur

- AAS G. (1991): Kreuzungsversuche mit Stiel- und Traubeneichen (*Quercus robur* L. und *Q. petraea* (Matt.) Liebl.). Allgemeine Forst- und Jagdzeitung 162, 141-145.
- AAS G., MÜLLER B., HOLDENRIEDER O. & SIEBER M. (1997): Sind Stiel- und Traubeneiche zwei getrennte Arten? Allgemeine Forstzeitung/Wald 18, 960–962.
- BANFI E., CONSOLINO F. (1998): Bäume in Garten, Park und freier Natur. Neuer Kaiser Verlag, Klagenfurt.
- 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>.
- CEDRO A. (2007): Tree-ring chronologies of Downy Oak (*Quercus pubescens*), Pedunculate Oak (*Q. robur*) and Sessile Oak (*Q. petraea*) in the Bielinek Nature Reserve: Comparison of the climatic determinants of tree-ring width. Geochronometria 26, pp 39-45.
- DEGEN B., HÖLTKEN A.M. & ROGGE M. (2010): Use of DNA-fingerprints to control the origin of forest reproductive material. Silvae Genetica 59, 268-273.
- DUMOLIN S., DEMESURE B. & PETIT R.J. (1995): Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculate oak investigated with an efficient PCR method. Theoretical and Applied Genetics 91: 1253-1256.
- FALUSH D., STEPHANS M. & PRITCHARD J.K. (2003): Inference of population structure: Extensions to linked loci and correlated allele frequencies. Genetics 164: 1567-2620.
- FALUSH D., STEPHANS M. & PRITCHARD J.K. (2007): Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. Molecular Ecology Notes 7: 574-578.
- GREGORIUS H.R. & DEGEN B. (2007): Monitoring genetischer Ressourcen – Prinzipien und Methoden. In: Begemann F., Schröder 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. (1987): The relationship between concepts of genetic diversity and differentiation. Theor. Appl. Genet. 74: 397-401.
- HATTEMER H.H., BERGMANN F. & ZIEHE M. (1993): Einführung in die Genetik für Forstwissenschaftler. Sauerländers Verlag.
- HECKER U. (2006): Bäume und Sträucher. BLV Buchverlag, München.
- HÖLTKEN A.M., BUSCHBOM J. & KÄTZEL R. (2011): Die Artintegrität unserer heimischen Eichen *Quercus robur* L., *Q. petraea* (Matt.) Liebl. und *Q. pubescens* Willd. aus genetischer Sicht. Allg. Forst- und Jagdzeitung 5-6, 100-110.
- JOHANN HEINRICH VON THÜNEN-INSTITUT (vti) (2012): Bundeswuchsgebiete. Geoinformationen <https://gdi.vti.bund.de/geonetwork/srv/de> (10.05.2012).
- LEPAIS O., LÉGER V. & GERBER S. (2006): High throughput microsatellite genotyping in oak species. Silvae Genetica 55: 4-5.

- LEPAIS O., PETIT R.J., GUICHOUX E., LAVABRE J.E., ALBERTO F., KREMER A. & GERBER S. (2009): Species relative abundance and direction of introgression in oaks. *Molecular Ecology* 18: 2228-2242.
- PRITCHARD J.K., STEPHENS M. & DONNELLY P. (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959.
- PRITCHARD J.K., WEN X. & FALUSH D. (2009): Documentation for structure software: Version 2.3. <http://pritch.bsd.uchicago.edu/structure.html>
- SAYER U. (2000): Die Ökologie der Flaumeiche (*Quercus pubescens* Willd.) und ihrer Hybriden auf Kalkstandorten an ihrer nördlichen Arealgrenze. – *Dissertationes Botanicae* Band 340. Bornträger Verlagsbuchhandlung, Berlin – Stuttgart: 198 S.
- SCHÜTT, P., SCHUCK, H.J., STIMM, B. (1992) *Lexikon der Forstbotanik*. ecomed Verlagsgesellschaft, Landsberg/ Lech.
- SEBALD O., SEYBOLD S., PHILIPPI G. (Hrsg.) (1990): Die Farn- und Blütenpflanzen Baden-Württembergs. Band 1: Allgemeiner Teil; Spezieller Teil (Pteridophyta, Spermatophyta). Eugen Ulmer, Stuttgart.
- STEINHOFF S. (1998): Kontrollierte Kreuzungen zwischen Stiel- und Traubeneiche: Ergebnisse und Folgerungen. *Allgemeine Forst- und Jagdzeitung* 169, 163-168.
- UNITED NATIONS (1992): Convention on Biological Diversity. <http://www.cbd.int/doc/legal/cbd-en.pdf>. In Krafttretung 29. Dezember 1993.
- WALTER H. & STRAKA H. (1970) *Arealkunde*. Eugen Ulmer, Stuttgart.

9 Anhang Inhalt

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 9-1: Zuordnung der Einzelindividuen zu Reproduktionseinheiten; Ergebnis der Datenanalyse mit Hilfe des Programms STRUCTURE 2.3.2. 7

Tabellenverzeichnis

Tabelle 9-1: Mikrosatelliten-Genorte. 1
Tabelle 9-2: Anleitung zur Beprobung der Flaum-Eiche. 8

Kartieranleitung mit Erfassungsbogen und Zählhilfe zur Vitalitätsbestimmung

Tabelle 9-1: Mikrosatelliten-Genorte.

Pop	ZAG112	ZAG112	ZAG96	ZAG96	ZAG110	ZAG110	ZAG11	ZAG11	ZAG87	ZAG87	ZAG20	ZAG20	ZAG5b	ZAG5b	ZAG65	ZAG65
SCH	87	87	148	154	206	206	257	267	108	112	165	171	240	272	284	308
SCH	87	87	156	166	206	212	249	249	116	132	169	169	224	228	270	282
SCH	89	101	152	168	214	214	251	251	102	124	169	181	232	246	258	258
SCH	85	89	154	176	206	208	249	253	124	126	165	169	232	270	272	296
SCH	87	89	148	164	206	222	249	249	114	120	187	191	224	246	292	300
SCH	87	97	140	140	204	206	255	281	114	128	165	171	232	262	258	290
SCH	89	91	148	154	206	206	249	253	112	120	169	171	226	234	288	288
SCH	87	89	140	164	206	206	-9	-9	128	132	169	171	-9	-9	-9	-9
SCH	89	89	158	164	210	214	245	249	120	130	169	169	240	260	292	292
SCH	87	87	154	154	212	214	253	257	112	120	161	169	246	246	274	274
SCH	87	97	140	140	208	208	263	267	132	168	165	165	238	238	312	312
SCH	87	97	140	152	208	208	257	267	122	122	-9	-9	-9	-9	-9	-9
SCH	87	87	150	172	206	210	257	259	118	128	187	191	232	232	-9	-9
SCH	87	93	154	176	204	233	257	257	122	124	167	191	244	254	248	276
SCH	85	87	140	154	210	212	253	275	124	132	-9	-9	-9	-9	-9	-9
SCH	87	87	152	152	208	224	245	257	120	126	169	209	240	252	280	294
SCH	87	87	152	152	206	210	257	257	122	126	167	191	238	240	290	292
SCH	85	89	146	176	206	208	257	257	124	124	165	191	246	246	277	277
SCH	87	87	140	150	206	218	257	275	124	130	161	169	-9	-9	-9	-9
SCH	93	93	170	172	206	206	255	265	126	156	161	169	250	290	302	306
SCH	87	89	164	170	204	206	249	249	114	132	165	169	246	248	296	296
SCH	89	89	148	168	204	212	249	257	120	126	167	167	256	256	282	282
SCH	87	87	158	164	214	222	249	253	108	114	169	195	238	240	263	288
SCH	87	91	158	166	206	206	249	249	102	124	169	183	232	256	282	310
SCH	87	89	154	164	206	218	253	265	108	124	167	197	232	240	290	306
SCH	87	89	150	164	204	212	249	253	120	122	169	169	232	238	308	308
SCH	87	89	152	164	206	206	245	245	120	124	167	183	232	252	282	282
SCH	87	87	-9	-9	-9	-9	-9	-9	112	112	-9	-9	-9	-9	-9	-9
SCH	85	89	152	168	204	206	245	247	124	126	167	171	224	228	288	288
SCH	87	89	146	166	208	212	245	249	112	118	171	171	232	254	296	296
SCH	87	89	152	164	220	224	245	245	124	126	-9	-9	-9	-9	-9	-9
SCH	87	87	142	152	208	210	245	257	118	124	171	179	238	242	266	266
SCH	89	93	152	154	208	224	245	245	122	124	167	191	238	252	288	310
SCH	87	89	176	176	208	222	257	261	118	124	165	169	-9	-9	-9	-9
SCH	87	87	140	176	206	208	245	257	122	124	169	169	246	248	272	272
SCH	87	87	154	174	206	222	245	257	104	122	181	191	238	254	260	278
SCH	87	87	144	164	206	206	245	257	118	124	169	209	254	254	292	294
SCH	87	89	152	152	206	208	245	257	124	126	167	185	232	240	292	292
SCH	87	89	152	152	208	224	245	261	122	124	167	169	224	224	292	294
SCH	87	95	164	166	204	212	245	245	118	124	171	171	238	238	-9	-9
SCH	87	87	152	154	204	216	257	265	124	124	171	171	-9	-9	-9	-9
SCH	87	87	152	154	206	210	245	257	132	140	171	191	232	232	274	274
SCH	87	87	152	154	206	224	245	257	124	134	167	171	226	240	276	276
SCH	87	87	176	176	210	210	257	257	120	124	165	181	224	242	282	282
SCH	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	167	169	238	264	288	308
SCH	87	87	156	158	-9	-9	249	249	122	124	-9	-9	-9	-9	-9	-9
SCH	87	89	160	188	206	208	251	273	116	120	-9	-9	-9	-9	-9	-9
SCH	87	89	152	154	218	218	245	245	112	112	169	171	240	246	278	278
SCH	87	87	154	162	206	208	249	251	116	118	169	191	224	262	268	292
SCH	87	97	154	164	214	218	263	263	112	114	165	169	230	238	280	280
SCH	89	89	144	144	208	218	245	245	112	114	173	183	-9	-9	300	300
SCH	87	87	154	174	204	224	261	261	124	124	169	169	246	266	268	284
SCH	85	103	152	152	206	218	257	269	124	124	165	191	232	240	274	290
SCH	93	123	140	140	204	206	255	255	-9	-9	165	169	218	240	276	276
SCH	87	87	154	164	208	216	249	253	-9	-9	170	174	230	268	263	292
SCH	87	99	164	188	216	224	249	251	-9	-9	171	185	240	268	292	292
SCH	87	87	154	174	210	212	245	245	-9	-9	165	169	250	268	257	257
SCH	87	89	154	154	204	204	253	265	-9	-9	169	191	238	238	268	268
NIE	87	99	140	154	208	222	251	251	112	120	165	171	-9	-9	-9	-9
NIE	87	87	140	140	-9	-9	245	249	-9	-9	175	179	246	246	266	266
NIE	85	87	152	168	208	226	249	257	112	112	165	165	242	262	276	276
NIE	87	87	140	154	206	206	249	261	-9	-9	177	187	232	260	-9	-9
NIE	87	89	140	152	204	206	245	257	-9	-9	165	191	232	232	272	276

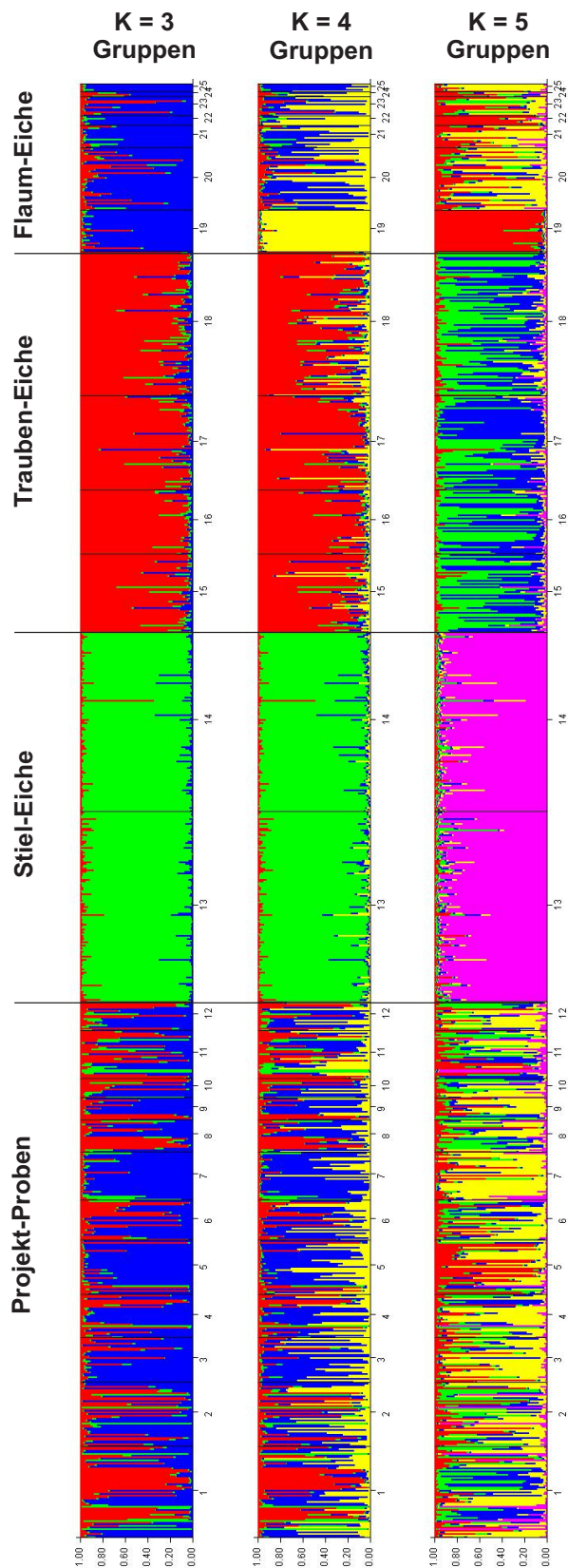
Pop	ZAG112	ZAG112	ZAG96	ZAG96	ZAG110	ZAG110	ZAG111	ZAG111	ZAG87	ZAG87	ZAG20	ZAG20	ZAG5b	ZAG5b	ZAG65	ZAG65
NIE	87	87	152	154	206	206	257	259	-9	-9	165	169	250	250	270	274
NIE	89	99	-9	-9	208	208	249	249	112	118	-9	-9	-9	-9	-9	-9
NIE	87	87	152	152	-9	-9	-9	-9	100	112	-9	-9	-9	-9	-9	-9
NIE	87	89	152	154	198	210	251	257	112	116	169	179	226	244	282	290
NIE	89	89	164	164	206	210	245	279	-9	-9	169	174	260	260	274	274
NIE	87	89	152	154	208	214	245	249	116	120	167	167	228	256	-9	-9
NIE	89	91	154	162	206	216	249	253	112	118	-9	-9	-9	-9	-9	-9
NIE	87	89	140	162	206	214	249	257	-9	-9	167	170	232	236	272	272
NIE	87	89	140	162	204	216	253	257	112	116	-9	-9	-9	-9	-9	-9
NIE	97	97	140	140	208	212	263	263	108	132	163	165	232	288	275	275
NIE	87	89	154	154	206	218	253	253	-9	-9	172	172	230	238	272	310
NIE	87	89	158	162	212	214	249	257	-9	-9	169	169	240	256	268	282
NIE	89	89	154	176	206	206	253	257	116	128	163	173	230	237	-9	-9
NIE	87	97	152	162	206	212	245	261	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
NIE	87	87	152	152	204	206	245	263	-9	-9	169	173	230	250	266	278
NIE	87	89	152	158	218	220	249	261	112	126	167	179	242	248	268	270
NIE	87	89	148	152	206	216	247	253	122	124	-9	-9	-9	-9	-9	-9
NIE	85	87	154	162	206	206	249	249	-9	-9	167	169	222	237	268	290
NIE	87	87	152	164	206	206	245	257	118	124	-9	-9	-9	-9	-9	-9
NIE	93	95	140	140	190	198	263	285	-9	-9	165	169	250	300	280	280
NIE	87	87	152	154	206	210	245	257	-9	-9	179	191	244	252	270	290
NIE	87	87	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
NIE	87	89	154	162	206	206	245	245	-9	-9	161	179	230	264	256	286
NIE	87	89	154	164	208	218	245	257	-9	-9	169	171	236	246	270	276
NIE	81	89	154	160	208	208	249	251	-9	-9	167	175	226	246	284	284
NIE	87	87	148	170	206	210	245	277	124	124	-9	-9	-9	-9	-9	-9
NIE	87	87	152	164	-9	-9	-9	-9	118	120	-9	-9	-9	-9	-9	-9
NIE	87	89	152	172	208	222	249	267	120	124	167	187	228	232	272	298
NIE	95	97	140	174	206	206	247	261	122	122	161	179	240	242	258	278
NIE	87	89	140	150	206	218	245	273	122	124	167	167	227	236	268	268
NIE	87	87	146	160	206	216	249	257	126	132	185	185	226	266	278	278
NIE	87	87	146	160	206	216	249	257	126	132	185	185	226	266	278	278
NIE	87	89	158	162	206	216	251	257	108	112	-9	-9	-9	-9	-9	-9
NIE	89	93	146	174	212	224	245	273	112	120	167	177	240	244	278	288
NIE	87	89	166	172	208	212	245	249	112	124	165	195	226	260	268	298
NIE	85	87	154	154	204	210	249	267	112	120	167	169	240	256	266	282
BUE	81	89	152	152	206	214	249	249	-9	-9	171	177	226	260	256	256
BUE	87	89	144	144	198	214	261	261	-9	-9	169	175	240	260	256	284
BUE	87	109	152	188	206	206	249	257	-9	-9	171	171	218	232	268	268
BUE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	167	173	252	256	272	272
BUE	89	99	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
BUE	87	89	154	168	206	212	249	251	-9	-9	165	165	-9	-9	282	282
BUE	89	91	152	152	206	216	245	249	112	116	165	177	256	256	284	296
BUE	87	89	148	160	208	212	249	257	112	120	-9	-9	-9	-9	-9	-9
BUE	87	101	146	174	208	212	249	257	108	112	181	181	232	254	286	302
BUE	87	87	162	162	206	216	251	267	120	124	-9	-9	-9	-9	-9	-9
BUE	87	89	152	162	206	222	249	249	128	132	171	173	240	256	270	270
BUE	81	95	154	162	206	210	249	251	122	124	167	191	232	256	266	290
BUE	87	91	160	166	206	226	245	249	126	132	163	169	250	266	268	282
BUE	85	87	158	162	212	214	249	271	112	118	167	167	238	250	296	296
BUE	87	87	154	160	206	214	249	285	112	112	165	171	240	250	296	310
BUE	87	89	154	162	212	216	249	249	112	126	165	169	240	240	280	280
BUE	87	87	154	154	210	222	247	261	112	124	191	205	240	250	-9	-9
BUE	87	87	152	154	212	214	249	257	116	124	165	171	240	240	308	308
BUE	87	89	154	162	204	206	249	249	108	116	167	171	238	240	270	296
BUE	85	89	152	166	216	224	251	253	112	124	167	171	240	252	254	300
BUE	89	109	148	148	206	206	261	269	124	124	167	167	256	260	266	284
BUE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
BUE	87	93	154	160	210	212	245	249	118	136	167	171	228	258	272	272
BUE	87	87	140	146	206	208	247	261	118	122	171	177	232	257	274	288
BUE	87	87	164	176	206	206	249	253	112	114	167	169	240	240	258	278
BUE	87	91	162	166	206	206	251	251	112	124	165	179	240	256	270	270
BUE	87	87	148	162	206	206	257	269	112	124	167	169	226	232	266	298
BUE	87	87	158	162	210	212	253	253	112	112	163	167	228	238	282	282
BUE	87	87	160	176	212	224	253	261	112	116	177	181	238	250	276	296

Pop	ZAG112	ZAG112	ZAG96	ZAG96	ZAG110	ZAG110	ZAG111	ZAG111	ZAG87	ZAG87	ZAG20	ZAG20	ZAG5b	ZAG5b	ZAG65	ZAG65
BUE	87	87	154	176	206	212	257	261	112	132	163	173	228	236	254	276
SAS	87	97	144	176	210	214	261	265	116	122	173	187	240	242	270	300
SAS	87	101	154	156	204	212	249	257	116	122	167	183	234	234	298	306
SAS	87	87	158	160	206	218	257	257	118	124	165	169	262	280	284	284
SAS	87	87	158	168	206	216	257	257	116	118	-9	-9	-9	-9	-9	-9
SAS	85	89	158	174	204	206	249	249	122	124	165	193	222	232	266	308
SAS	87	87	152	162	206	222	249	267	124	124	167	191	222	234	276	284
SAS	87	87	152	152	210	210	245	257	124	158	167	191	230	246	254	260
SAS	95	127	140	182	200	208	247	263	114	130	161	165	238	240	254	302
SAS	87	87	152	158	210	222	257	257	116	124	169	173	230	237	278	282
SAS	91	99	152	154	206	218	245	245	114	130	171	209	236	240	268	282
SAS	87	91	146	166	208	214	257	271	116	130	169	171	222	240	294	306
SAS	85	111	146	188	206	214	251	257	102	130	165	171	239	240	284	306
SAS	87	89	156	170	204	210	249	257	116	118	165	167	230	256	306	306
SAS	87	91	152	166	204	212	251	271	112	116	169	169	240	240	272	272
SAS	89	91	154	170	206	208	245	249	120	122	165	209	250	256	276	302
SAS	87	89	166	176	206	218	257	265	114	120	161	169	252	256	284	306
SAS	87	89	152	156	210	224	245	249	116	122	165	171	240	258	290	290
SAS	87	87	150	166	204	206	245	249	116	116	165	171	222	240	256	294
SAS	82	91	150	164	208	212	245	257	116	120	165	165	256	276	256	306
SAS	87	87	152	168	206	218	249	257	122	122	169	205	230	230	-9	-9
SAS	87	87	-9	-9	-9	-9	-9	-9	120	120	-9	-9	-9	-9	-9	-9
SAS	87	97	144	144	202	216	251	265	112	124	167	187	227	227	280	282
SAS	81	93	152	152	206	210	245	261	122	140	-9	-9	-9	-9	-9	-9
SAS	87	87	148	162	210	216	245	257	118	140	191	205	236	252	280	292
SAS	87	93	152	152	206	222	245	261	122	124	165	169	236	241	274	288
SAS	87	101	162	162	208	216	249	249	122	130	165	169	238	246	310	310
SAS	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
SAS	87	87	144	156	-9	-9	-9	-9	116	124	-9	-9	228	228	-9	-9
SAS	85	87	152	164	208	216	253	273	122	122	165	171	246	252	270	280
SAS	87	87	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
BAL	87	87	152	154	206	210	245	251	112	112	173	175	236	252	282	290
BAL	81	87	140	154	206	208	249	267	112	118	163	189	219	226	276	276
BAL	87	89	172	174	206	210	257	269	118	118	167	187	240	272	256	260
BAL	87	95	160	164	214	214	245	269	108	112	169	191	240	241	266	292
BAL	87	87	152	176	206	216	257	261	118	136	179	187	244	254	290	305
BAL	87	95	140	140	204	208	263	299	114	118	179	193	244	244	260	282
BAL	87	89	140	164	206	206	249	271	110	112	171	191	246	246	284	298
BAL	85	87	172	174	206	206	257	257	112	112	165	171	240	240	298	298
BAL	85	87	140	154	206	206	251	267	112	112	175	179	232	232	282	290
BAL	85	87	148	162	206	220	249	251	110	114	167	189	228	232	-9	-9
BAL	87	101	148	154	208	208	-9	-9	118	132	171	183	222	260	292	292
BAL	81	95	154	154	206	206	251	251	112	118	-9	-9	-9	-9	-9	-9
BAL	81	95	154	154	206	206	251	251	112	118	175	191	232	232	272	272
BAL	89	89	158	188	206	206	257	271	112	112	165	179	264	264	266	266
BAL	89	89	162	164	210	220	251	251	112	112	171	189	232	298	256	284
BAL	87	89	140	144	206	206	249	261	106	118	179	189	242	246	276	282
BAL	87	89	154	162	206	220	251	261	112	118	189	191	232	242	256	256
BAL	87	101	150	154	206	208	245	261	112	112	165	169	240	242	298	298
BAL	81	85	154	162	206	210	261	261	112	120	165	189	232	240	280	298
BAL	87	99	146	150	206	208	249	257	112	112	179	191	236	250	290	290
BAL	81	81	154	176	206	206	245	261	112	116	179	191	232	244	280	280
BAL	85	89	158	164	206	206	251	253	112	118	179	189	232	244	268	280
BAL	87	87	152	158	206	206	249	257	112	120	175	179	218	232	298	298
BAL	85	87	140	164	206	224	249	253	118	124	175	179	228	256	290	290
BAL	89	91	152	164	206	206	245	261	112	136	177	177	-9	-9	-9	-9
BAL	85	89	160	176	206	206	249	273	112	112	167	177	244	246	290	298
BAL	87	87	140	146	208	208	251	251	112	112	165	191	226	226	270	270
BAL	83	87	164	176	206	210	245	261	112	112	163	167	226	244	260	270
BAL	81	89	154	162	206	216	251	257	114	118	-9	-9	-9	-9	-9	-9
BAL	87	87	154	176	206	220	251	253	112	112	165	167	232	240	270	270
BAL	81	87	146	148	206	218	249	261	102	112	169	189	232	242	282	282
BAL	81	89	160	162	206	206	261	261	112	112	183	191	232	262	290	290
BAL	87	87	140	148	206	208	253	257	118	124	171	179	240	240	292	292
BAL	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	161	179	218	220	-9	-9

Pop	ZAG112	ZAG112	ZAG96	ZAG96	ZAG110	ZAG110	ZAG111	ZAG111	ZAG87	ZAG87	ZAG20	ZAG20	ZAG5b	ZAG5b	ZAG65	ZAG65
BAL	89	89	152	152	218	222	249	271	116	118	167	177	232	270	290	298
OBE	87	89	172	174	206	206	257	257	118	130	167	169	226	252	272	286
OBE	89	99	102	152	206	214	257	269	122	124	177	185	232	254	280	294
OBE	87	101	160	176	212	232	251	251	118	122	185	187	226	254	276	294
OBE	87	89	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
OBE	85	103	144	146	206	226	251	251	110	112	-9	-9	-9	-9	-9	-9
OBE	87	109	144	154	-9	-9	251	257	118	118	171	177	222	240	292	292
OBE	87	89	162	176	208	210	245	245	116	124	-9	-9	224	224	252	252
OBE	87	87	154	164	204	210	251	267	112	120	171	177	240	240	280	296
OBE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
OBE	87	87	162	162	206	210	245	245	112	118	171	191	242	260	252	256
OBE	87	101	-9	-9	-9	-9	-9	-9	122	130	-9	-9	-9	-9	-9	-9
OBE	85	87	156	166	208	240	251	257	118	124	163	177	222	254	296	308
OBE	87	87	164	166	206	206	245	257	118	122	173	191	226	230	260	260
OBE	87	89	156	160	206	206	257	257	112	120	169	187	242	260	280	308
OBE	87	89	148	166	204	206	245	245	114	116	169	179	256	260	292	292
OBE	87	87	148	188	206	206	261	277	120	130	-9	-9	-9	-9	-9	-9
OBE	87	87	154	164	206	206	251	251	112	112	-9	-9	-9	-9	-9	-9
OBE	87	89	148	158	204	206	245	251	120	122	167	169	239	260	276	280
OBE	87	89	-9	-9	206	240	245	245	120	122	-9	-9	-9	-9	-9	-9
OBE	85	87	152	154	206	206	257	257	120	120	163	171	240	262	282	298
OBE	87	87	148	172	240	240	245	257	112	114	-9	-9	-9	-9	-9	-9
OBE	87	89	162	166	212	218	245	257	112	118	177	185	240	254	280	290
OBE	85	87	-9	-9	206	212	245	257	112	124	-9	-9	-9	-9	-9	-9
OBE	87	87	152	154	206	206	251	257	112	130	169	183	240	240	-9	-9
OBE	85	87	150	162	206	206	251	273	-9	-9	167	187	252	252	274	274
OBE	85	87	158	162	206	206	245	257	-9	-9	163	183	236	236	256	278
OBE	87	87	152	172	206	206	253	257	-9	-9	191	191	240	240	278	288
OBE	87	87	162	172	208	210	263	263	-9	-9	177	179	222	237	264	264
OBE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
OBE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
IST	85	105	140	152	198	206	247	257	-9	-9	165	171	232	246	-9	-9
IST	85	87	140	140	204	228	251	269	-9	-9	165	175	232	232	264	284
IST	93	93	-9	-9	204	208	249	251	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
IST	85	87	140	148	204	204	251	267	112	118	165	175	224	232	264	284
IST	85	101	144	158	208	212	249	249	-9	-9	165	171	222	242	286	286
IST	87	109	158	166	206	206	247	253	-9	-9	165	167	238	248	272	272
IST	89	109	152	178	208	212	245	251	114	120	165	177	224	240	294	310
IST	85	87	152	152	204	212	249	271	-9	-9	165	175	232	242	294	294
IST	89	109	152	178	208	212	245	251	-9	-9	-9	-9	222	240	294	294
IST	89	109	154	160	208	226	245	251	-9	-9	171	177	226	232	264	310
IST	87	99	160	160	-9	-9	249	257	-9	-9	165	171	242	258	270	270
IST	87	87	152	158	206	208	249	251	-9	-9	165	175	241	254	264	284
IST	85	87	152	152	204	212	249	271	112	112	165	175	232	244	294	294
IST	87	87	148	160	206	208	251	251	-9	-9	167	173	226	226	266	266
IST	87	87	154	158	206	208	249	249	-9	-9	165	167	232	240	270	270
IST	85	87	154	156	206	206	245	249	-9	-9	173	173	240	252	-9	-9
IST	85	87	152	152	204	212	249	271	-9	-9	167	193	230	240	264	264
IST	85	87	158	160	206	212	257	257	-9	-9	167	169	232	252	296	296
IST	87	99	152	166	206	226	249	251	-9	-9	171	171	232	252	272	304
IST	87	89	144	168	208	212	249	249	-9	-9	171	181	222	222	284	284
IST	89	89	140	154	206	210	251	267	-9	-9	171	171	222	252	284	284
IST	81	89	144	158	190	206	249	249	-9	-9	169	171	240	274	282	282
IST	85	87	154	164	206	206	249	261	-9	-9	165	181	230	270	-9	-9
IST	89	91	152	152	206	212	249	251	-9	-9	171	191	226	226	294	294
IST	99	109	140	178	208	226	245	267	-9	-9	165	177	232	240	264	264
IST	87	89	154	172	208	218	249	257	-9	-9	167	171	230	240	276	276
IST	87	89	164	188	206	216	251	257	112	112	169	173	224	240	272	272
IST	89	109	154	160	208	226	245	251	120	124	171	177	226	232	264	310
IST	81	85	152	158	208	208	257	271	-9	-9	165	167	-9	-9	-9	-9
IST	81	105	140	154	206	206	249	259	-9	-9	165	169	230	246	270	270
GRE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
GRE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
GRE	87	97	146	174	210	218	253	253	-9	-9	165	167	222	230	-9	-9
GRE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9

Pop	ZAG112	ZAG112	ZAG96	ZAG96	ZAG110	ZAG110	ZAG111	ZAG111	ZAG87	ZAG87	ZAG20	ZAG20	ZAG5b	ZAG5b	ZAG65	ZAG65
GRE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
GRE	87	97	146	178	206	212	249	285	-9	-9	171	171	239	239	262	266
GRE	87	87	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
GRE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
GRE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
GRE	87	87	152	166	206	210	257	259	-9	-9	169	187	226	226	-9	-9
GRE	87	87	-9	-9	-9	-9	273	273	-9	-9	169	169	240	240	266	266
GRE	87	89	148	152	208	208	245	245	-9	-9	177	201	228	242	292	292
GRE	87	89	140	162	206	216	245	273	-9	-9	167	185	-9	-9	266	282
GRE	87	89	140	158	206	208	245	255	-9	-9	165	191	240	248	266	276
GRE	85	87	152	152	206	214	245	257	-9	-9	171	187	240	250	-9	-9
GRE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
GRE	89	95	140	158	206	232	261	273	-9	-9	171	171	240	241	266	266
GRE	89	89	164	166	208	214	251	257	-9	-9	167	169	242	248	306	306
GRE	85	95	152	152	206	208	251	257	-9	-9	171	173	230	258	308	308
GRE	87	97	152	162	208	216	253	257	-9	-9	171	171	239	252	270	270
GRE	87	101	152	166	208	210	261	261	-9	-9	169	201	258	258	268	282
GRE	87	87	152	162	208	232	245	261	-9	-9	165	169	222	236	286	286
GRE	87	95	144	166	206	208	261	261	-9	-9	173	173	241	241	286	286
GRE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	193	193	214	214	-9	-9
GRE	87	95	148	160	208	210	249	261	-9	-9	169	171	242	256	260	260
GRE	85	91	158	164	206	212	267	267	-9	-9	165	171	232	256	292	292
GRE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
GRE	87	87	152	188	204	214	257	257	-9	-9	167	171	242	242	280	280
GRE	87	89	154	162	206	208	257	279	-9	-9	159	171	230	274	262	262
GRE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
BIR	87	87	152	152	204	208	245	257	112	112	175	187	238	250	284	292
BIR	87	87	152	152	210	230	245	273	118	124	169	169	226	226	268	270
BIR	87	87	140	154	206	208	257	257	124	124	165	187	232	254	266	308
BIR	87	87	144	146	210	234	253	259	114	124	167	169	224	240	272	302
BIR	87	89	140	154	208	218	245	269	108	112	165	167	224	230	282	282
BIR	87	101	150	164	206	214	257	261	112	124	165	175	230	240	304	304
BIR	87	87	152	166	206	206	257	267	112	112	-9	-9	224	242	290	290
BIR	85	87	152	172	206	214	245	251	112	120	165	169	224	232	268	268
BIR	85	85	152	162	206	212	257	257	112	112	171	209	224	240	300	300
BIR	81	87	152	162	210	212	257	257	112	118	169	177	236	244	272	282
BIR	87	91	158	162	206	206	245	261	116	124	171	171	226	238	294	304
BIR	85	87	162	166	206	206	251	253	-9	-9	177	187	232	274	262	304
BIR	87	89	166	166	208	208	253	253	-9	-9	169	169	240	274	294	304
BIR	85	87	152	158	206	208	251	251	114	120	155	165	256	260	276	288
KAE	87	95	140	166	206	212	259	263	118	124	165	171	242	250	302	302
KAE	87	87	158	162	204	214	245	261	112	114	165	165	242	242	304	304
KAE	87	99	148	178	206	218	257	269	112	114	169	177	232	256	304	306
KAE	87	99	154	158	206	216	261	267	114	120	165	165	224	238	278	278
KAE	87	87	148	148	206	206	249	257	112	124	171	175	240	258	-9	-9
KAE	87	87	148	164	208	218	269	273	132	132	169	173	224	240	258	258
KAE	87	89	164	164	-9	-9	-9	-9	124	126	169	171	240	248	306	306
KAE	87	87	152	166	-9	-9	-9	-9	112	120	165	171	-9	-9	-9	-9
KAE	87	87	150	164	206	222	245	257	114	118	165	171	240	240	262	296
KAE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
KAE	85	87	140	140	-9	-9	-9	-9	112	116	165	167	-9	-9	-9	-9
KAE	87	87	148	152	206	224	253	257	124	132	167	171	230	248	276	276
KAE	87	87	144	152	210	210	253	257	118	124	151	167	226	228	276	294
GGB	87	87	150	164	206	206	245	245	126	130	169	191	224	236	282	302
GGB	87	87	152	164	214	228	257	257	122	136	171	171	232	244	276	302
GGB	87	87	148	154	216	218	245	261	112	124	167	193	252	252	266	298
GGB	87	95	152	158	206	214	261	269	108	112	169	179	232	246	292	300
GGB	93	103	140	140	206	208	257	263	114	126	161	177	254	258	288	302
GGB	103	123	140	154	190	214	265	271	126	128	167	173	220	236	290	299
GGB	89	89	154	174	206	206	243	291	114	156	175	191	226	270	284	312
GGB	87	89	140	160	206	208	249	253	114	132	-9	-9	-9	-9	-9	-9
GGB	95	101	154	158	206	206	251	291	112	112	191	191	262	286	268	298
GGB	87	91	154	174	206	206	251	291	112	128	167	191	226	248	266	300
GGB	87	87	154	166	206	206	247	257	126	126	191	193	240	262	286	292
GGB	85	87	154	162	206	228	245	265	118	122	169	171	240	254	278	292

Pop	ZAG112	ZAG112	ZAG96	ZAG96	ZAG110	ZAG110	ZAG11	ZAG11	ZAG87	ZAG87	ZAG20	ZAG20	ZAG5b	ZAG5b	ZAG65	ZAG65
GGB	87	93	144	152	206	212	245	257	112	120	191	191	250	290	284	302
GGB	87	87	140	150	210	218	257	295	114	116	165	191	237	244	272	288
GGB	87	87	154	172	204	208	245	257	118	122	169	191	241	258	256	280
GGB	87	101	146	162	206	224	251	279	112	160	171	191	226	230	286	296
GGB	87	87	140	174	206	210	243	257	122	130	169	191	234	258	270	270
GGB	87	87	152	152	220	226	257	257	114	118	165	171	250	256	286	296
GGB	87	97	140	154	204	206	261	261	112	122	-9	-9	-9	-9	-9	-9
GGB	87	87	152	158	214	224	269	269	112	130	171	179	232	238	286	292
GGB	87	89	170	172	212	214	257	257	112	124	171	191	226	238	266	270
GGB	89	99	154	170	222	228	251	257	112	112	169	179	240	274	266	290
GGB	87	103	154	158	204	206	251	261	112	112	171	191	240	280	290	306
GGB	87	87	140	152	204	218	251	267	108	120	169	177	238	238	292	300
GGB	97	113	140	148	198	206	247	269	114	118	165	171	236	246	278	290
GGB	87	87	146	150	218	243	249	257	120	124	175	189	228	244	284	294
GGB	87	89	150	150	204	204	257	257	124	124	171	185	236	258	266	276
GGB	87	87	142	150	218	218	245	257	112	120	183	185	230	256	266	284
GGB	87	87	154	188	208	218	245	245	120	126	167	177	239	276	266	312
GGB	87	87	158	162	218	242	247	257	116	124	181	191	238	240	256	275
SBE	89	117	146	160	208	218	257	267	108	112	167	175	232	240	254	282
SBE	87	95	148	166	204	228	245	257	116	120	169	173	236	252	261	288
SBE	89	109	166	166	224	252	290	287	112	112	165	169	222	232	272	288
SBE	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9
SBE	99	99	140	148	204	206	245	257	112	122	-9	-9	232	260	306	306
SBE	87	89	148	190	208	216	245	245	112	112	167	185	230	236	276	302
SBE	87	89	154	164	206	222	245	253	112	122	161	169	228	256	268	306
SBE	87	87	158	162	206	216	261	277	112	112	171	185	222	234	288	302
SBE	89	89	166	170	224	226	259	289	112	112	165	169	218	226	290	306
SBE	87	89	148	162	206	214	245	257	112	122	161	169	230	250	270	270
SBE	87	87	148	161	206	222	245	257	124	124	161	169	230	258	296	296
SBE	93	97	140	188	204	222	245	249	112	124	165	171	222	236	302	302
SBE	87	97	152	188	206	224	245	249	112	112	169	175	250	272	298	300
SBE	87	87	152	166	206	224	245	245	116	116	169	169	232	240	270	298
SBE	87	89	154	164	206	214	257	257	112	112	167	169	252	252	256	256
SBE	87	87	152	180	206	218	251	257	122	124	167	175	228	240	284	292
SBE	87	87	140	164	210	214	257	267	124	134	197	203	248	250	278	292
SBE	87	89	148	152	204	206	257	263	118	124	171	191	240	252	282	298
SBE	89	89	164	172	206	218	245	245	112	118	169	183	236	246	258	258



Standort	Land	Nr. in Grafik	Anzahl Individuen
FIEi Biellinek	P	19	26
FIEi Bollenberg	F	20	39
FIEi Sigolsheim	F	21	14
FIEi Provence	F	22	6
FIEi Limberg	D	23	12
FIEi Liliental	D	24	3
FIEi Bessenstein	CH	25	5
Summe			105

Standort	Land	Nr. in Grafik	Anzahl Individuen
TrEi BD	D	15	49
TrEi BS	D	16	40
TrEi HB	D	17	9
TrEi BB	D	18	90
Summe			188

Standort	Land	Nr. in Grafik	Anzahl Individuen
StEi AB	D	13	119
StEi SH	D	14	112
Summe			231

Standort	Land	Nr. in Grafik	Anzahl Individuen
SCH	D	1	57
NIE	D	2	40
BUE	D	3	28
SAS	D	4	27
BAL	D	5	34
OBE	D	6	25
IST	D	7	30
GRE	D	8	20
BIR	D	9	14
KAE	D	10	12
GGB	D	11	30
SBE	D	12	18
Summe			360

Abbildung 9-1: Zuordnung der Einzelindividuen zu Reproduktionseinheiten; Ergebnis der Datenanalyse mit Hilfe des Programms STRUCTURE 2.3.2.

Tabelle 9-2: Anleitung zur Beprobung der Flaum-Eiche.

Genmarker:	Mikrosatellitenmarker
Durchführende Institution:	Plant Genetic Diagnostics Dr. Aki Michael Höltnen Sieker Landstraße 2 D-22927 Großhansdorf
Probenumfang:	30 Individuen je Population
Probenmaterial:	grüne Blätter
Probenahmezeitpunkt:	April / Mai - Ende August / Anfang September (je nach Witterungsverhältnissen: Herbstfärbung darf nicht eingesetzt haben; junge, ausgefärbte Blätter sind zu bevorzugen)
Beprobungsmuster:	<ul style="list-style-type: none">• Entnahme von (jungen) ausgefärbten, gesunden Blättern, Herbstfärbung darf nicht eingesetzt haben• je Individuum drei bis fünf (angewachsene) Blätter• die Blätter können von 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 Blätter 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">• 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.

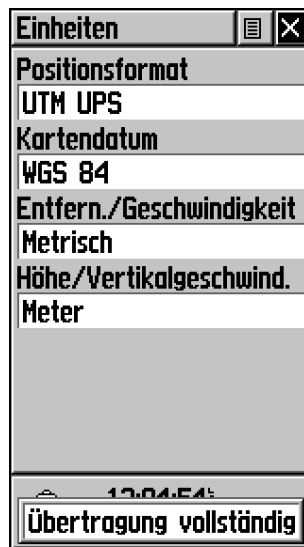


Abbildung 1.: Einstellungen des GPS-Empfängers, hier Garmin eTrex-Reihe im UTM Format

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 Anteilgruppen:

- 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

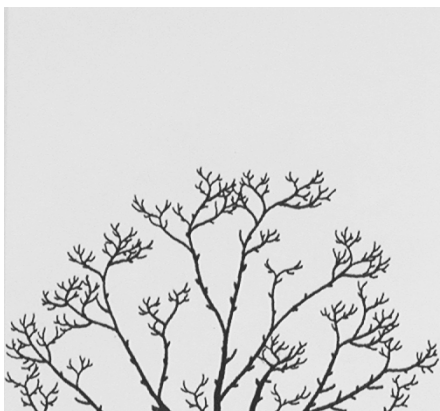
Spieß- oder
flaschenbürstenartige
oder längliche
Kronenstrukturen

gilt nicht für junge Exemplare!



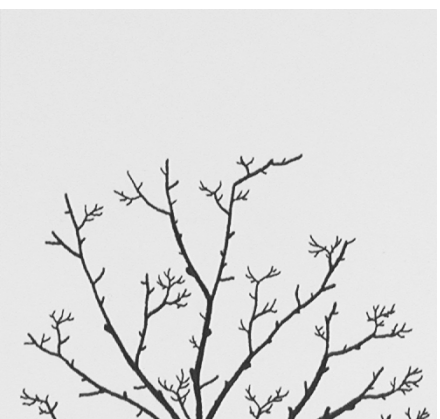
2 merklich geschädigt

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)