

**Abschlussbericht zum Modell- und Demonstrationsvorhaben im Bereich der
Erhaltung und innovativen nachhaltigen Nutzung der biologischen Vielfalt
„Identifikation und Erhaltung historisch alten Grünlands“**

FKZ: 2813BM001

Projektlaufzeit: 01.12.2014 – 31.10.2019



Projektleiter:

Prof. Dr. Poschlod

Lehrstuhl für Ökologie und Naturschutzbiologie

E-mail: peter.poschlod@biologie.uni-regensburg.de

Prof. Dr. Reisch

AG Molekulare Ökologie und Naturschutzgenetik

E-mail: christoph.reisch@biologie.uni-regensburg.de

Projektbearbeitung:

Theresa Anna Lehmailr, Ellen Pagel, Cornelia Straubinger

Abschlussarbeiten und wissenschaftl. Angestellte:

Lina Begemann, Simone Fabian (B.Sc.), Laura Krassini (B.Sc.), Patricia Krickl (M.Sc.), Christina Manhart (B.Sc.), Franziska Parzefall (B.Sc.), Laila Pfättisch (B.Sc.), Thorsten Raith (B.Sc.), Sven Rubanschi, Katrin Sagmeister (M.Sc.), Annika Schmid (B.Sc.), Sebastian Segieth (B.Sc.), Jakob Speigl (B.Sc.), Vivien Tkocz (B.Sc.), Eva Wagner

Institut für Pflanzenwissenschaften

Universitätsstr. 31

93053 Regensburg

Regensburg, März 2020

INHALTSVERZEICHNIS

Tabellen- und Abbildungsverzeichnis	II
Kapitel 1: Vorgehensweise und Bearbeitung	1
1.1 Auswahl und Evaluierung der Untersuchungsflächen	1
1.2 Rekonstruktion der Nutzungsgeschichte	1
1.3 Anthrakologische Untersuchungen	2
1.4 Vegetations- und Bodenkunde	3
1.5 Genetische Untersuchungen	4
1.6 Saatgutsammlungen	5
Kapitel 2: Ergebnisse der durchgeführten Untersuchungen.....	7
2.1 Vegetationskundliche und genetische Analysen	7
2.1.1 Kalkmagerrasen.....	7
2.1.2 Glatthaferwiesen.....	11
2.1.3 Feuchte Futterwiesen.....	16
2.1.4 Streuwiesen.....	20
2.2 Anthrakologische Untersuchungen	24
Kapitel 3: Während der Projektlaufzeit durchgeführte Fachgespräche	27
3.1 Öffentlichkeitsarbeit	27
3.2 PAG und Abschlussveranstaltung	28
Kapitel 4: Fazit	29
Literatur	30
Kartenwerke.....	31
Anhang.....	32

TABELLEN- UND ABBILDUNGSVERZEICHNIS

Tabelle 1:	Alterskategorien zur Bestimmung der Grünlandnutzungsdauer	2
Tabelle 2:	Auswahl der analysierten Arten je Grünlandtyp.....	5
Tabelle 3:	Artenzahlen, Deckungsgrade verschiedener Pflanzengruppen und	
	Bodenparameter zu den 44 Kalkmagerrasen.....	9
Tabelle 4:	Anzahl der analysierten Individuen, genetische Diversität nach Nei, Shannon Index, Anzahl polymorpher Loci, Prozentsatz polymorpher Loci und Anzahl seltener Allele von <i>A. cynanchica</i> , <i>C. rotundifolia</i> und <i>L. catharticum</i>	10
Tabelle 5:	Genetische Variation pro Art und Alterskategorie, zwischen und innerhalb der Populationen, berechnet mit Hilfe einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA)	11
Tabelle 6:	Anteile verschiedener Pflanzengruppen (Deckungsgrade) und Bodenparameter für 31 Glatthaferwiesen	13
Tabelle 7:	Anzahl der analysierten Individuen, genetische Diversität nach Nei, Shannon Index, Anzahl polymorpher Loci, Prozentsatz polymorpher Loci und Anzahl seltener Allele von <i>D. glomerata</i> , <i>H. sphondylium</i> und <i>T. pratense</i>	14
Tabelle 8:	Genetische Variation pro Art und Alterskategorie, zwischen und innerhalb der Populationen, berechnet mit Hilfe einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA)	14
Tabelle 9:	Anzahl der untersuchten Standorte, die Anteile verschiedener Pflanzengruppen (Artenanzahl & Deckungsgrade) und Bodenparameter gemittelt für die <i>Lolium</i> -Standorte in Bayern und Baden-Württemberg.....	15
Tabelle 10:	Anzahl der analysierten Individuen, genetische Diversität nach Nei, Shannon Index, Anzahl polymorpher Loci, Prozentsatz polymorpher Loci und Anzahl seltener Allele von <i>L. perenne</i> an den Standorten Baden-Württemberg und Bayern, sowie Mittelwerte über alle Standorte.....	16
Tabelle 11:	Genetische Variation zwischen den Regionen, zwischen und innerhalb der Populationen, berechnet mit Hilfe einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA)	16
Tabelle 12:	Artenzahlen, Anteile verschiedener Pflanzengruppen (Deckungsgrade) und Bodenparameter für die 39 feuchten Futterwiesen	19

Tabelle 13:	Anzahl der analysierten Individuen, genetische Diversität nach Nei, Shannon Index, Anzahl polymorpher Loci, Prozentsatz polymorpher Loci und Anzahl seltener Allele von <i>A. sylvestris</i> der untersuchten feuchten Futterwiesen im Vergleich zu Streuwiesen Standorten.	20
Tabelle 14:	Genetische Variation zwischen Lebensräumen, zwischen und innerhalb der Populationen, berechnet mit Hilfe einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA)	20
Tabelle 15:	Artenzahlen, Anteile verschiedener Pflanzengruppen (Deckungsgrade) und Bodenparameter für die 39 Streuwiesen. Die Werte wurden über die Aufnahmen der jeweiligen Alterskategorie gemittelt.	22
Tabelle 16:	Anzahl der analysierten Individuen, genetische Diversität nach Nei, Shannon Index, Anzahl polymorpher Loci, Prozentsatz polymorpher Loci und Anzahl seltener Allele von <i>A. sylvestris</i> , <i>F. ulmaria</i> und <i>S. pratensis</i>	23
Tabelle 17:	Genetische Variation pro Art und Alterskategorie, zwischen und innerhalb der Populationen, berechnet mit Hilfe einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA)	24
Tabelle 18:	Auswertung der extrahierten Holzkohlefragmente in Bodenproben verschiedener Grünlandtypen.....	26
Tabelle 19:	Liste der 44 Kalkmagerrasen auf der Schwäbischen Alb, die vegetationsökologisch sowie genetisch bearbeitet wurden.....	33
Tabelle 20:	Liste der 31 Glatthaferwiesen auf der Schwäbischen Alb, für die vegetationsökologische Arbeiten, sowie genetische Analysen durchgeführt wurden	34
Tabelle 21:	Übersicht bearbeiteter IPK-Flächen („Oetmann-Projekt“) und Anzahl der entnommenen Proben von <i>L. perenne</i>	35
Tabelle 22:	Tabelle der 38 feuchten Futterwiesen im baden-württembergischen Allgäu, die vegetationsökologisch sowie genetisch bearbeitet wurden.....	36
Tabelle 23:	Auflistung der 21 Untersuchungsflächen im Naturschutzgebiet Federsee	37
Tabelle 24:	Tabelle der 39 Streuwiesen im baden-württembergischen Allgäu, die vegetationsökologisch sowie genetisch bearbeitet wurden.....	38
Tabelle 25:	Auflistung der Standorte an denen Saatgut entnommen.....	39

Abbildung 1:	Anordnung der Vegetationsaufnahmen der Kalkmagerrasen - NMDS Ordination	8
Abbildung 2:	Korrelation der geographischen mit der genetischen Distanz (Manteltest) von <i>A. cynanchica</i> und <i>C. rotundifolia</i>	11
Abbildung 3:	Anordnung der Vegetationsaufnahmen der Glatthaferwiesen - NMDS Ordination	12
Abbildung 4:	Anordnung der Vegetationsaufnahmen der feuchten Futterwiesen - NMDS Ordination	12
Abbildung 5:	Anordnung der Vegetationsaufnahmen der Streuwiesen - NMDS Ordination	32
Abbildung 6:	Geographische Verteilung aller Untersuchungsflächen der vier Lebensräume im Regierungsbezirk Tübingen.	32

KAPITEL 1: VORGEHENSWEISE UND BEARBEITUNG

1.1 Auswahl und Evaluierung der Untersuchungsflächen

Für das Modell- und Demonstrationsvorhaben „Identifikation und Erhaltung historisch alten Grünlands“ wurden Untersuchungsflächen im Regierungsbezirk Tübingen (Baden-Württemberg) für vier verschiedene Grünlandtypen ausgewählt. Ein breites Spektrum an Habitaten abdeckend wurden (von trockenem zu feuchtem Grünland), Kalkmagerrasen und Glatthaferwiesen auf der Schwäbischen Alb, sowie feuchte Futterwiesen und Streuwiesen im Allgäu bearbeitet. Mit Hilfe der Biotopkartierung und der Flora-Fauna-Habitat-(FFH-)Mähwiesenkartierung der Landesanstalt für Umwelt, Messungen und Naturschutz Baden-Württemberg (LUBW; LUBW 2015a, LUBW 2015b) wurde eine Vorauswahl an Flächen getroffen. Die Qualität dieser Flächen wurde mithilfe von Begehungen und Aufnahmen des Artenspektrums evaluiert. Basierend auf dieser Auswahlmethode wurden 44 Kalkmagerrasen (Tab. 18), 31 Glatthaferwiesen (Tab. 19), 38 feuchte Futterwiesen im Allgäu (Tab. 21) und 21 weitere im Naturschutzgebiet Federsee (Tab.22), sowie 39 Streuwiesen (Tab. 23) ausgewählt.

1.2 Rekonstruktion der Nutzungsgeschichte

Zur Rekonstruktion der Nutzungsgeschichte wurde für alle Untersuchungsflächen die historische Landnutzung an vier Zeitpunkten innerhalb der letzten 200 Jahre bestimmt. Durch diese Kategorisierung der Nutzungsdauer konnte der Einfluss der historischen Nutzung deutlicher herausgearbeitet werden. Es wurden vier Kartenwerke herangezogen, die Informationen über die ehemalige, sowie aktuelle Landnutzung lieferten: die historische Landesaufnahme Württembergs von 1820 bis 1849 (Kohler 1858), die topographische Karte des Königreichs Württemberg, die zwischen 1907 und 1921 entstand (SLUB 2016), die topographischen Karten der Alliierten um 1955 (Ritz 2016) und aktuelle Luftbildaufnahmen (ESRI). Vier Grünland-Alterskategorien konnten differenziert werden – alte, mittelalte, mitteljunge und junge Grünlandlebensräume (Tab. 1).

Bei einzelnen Flächen war, aufgrund der historischen Grenzen der damals bestehenden Königreiche, die Württembergische Landesaufnahme nicht verfügbar, sodass auf die für das jeweilige Königreich angefertigte Kartierung zurückgegriffen wurde (Baden und Hohenzollern, LUBW).

Tabelle 1: Alterskategorien zur Bestimmung der Grünlandnutzungsdauer, basierend auf den entsprechenden Kartierungen von 1820 - 1849, 1907 - 1921 und 1951 - 1955, sowie der aktuellen Nutzung.

Alterskategorie	Beginn der Grünlandnutzung	1820 - 1850	1907 - 1914	1951 - 1955	Aktuell
Jung	Nach 1955	Weiher, Acker- oder Waldnutzung	Weiher, Acker- oder Waldnutzung	Weiher, Acker- oder Waldnutzung	Grünlandnutzung
Mitteljung	Nach 1914	Weiher, Acker- oder Waldnutzung	Weiher, Acker- oder Waldnutzung	Grünlandnutzung	Grünlandnutzung
Mittelalt	Nach 1850	Weiher, Acker- oder Waldnutzung	Grünlandnutzung	Grünlandnutzung	Grünlandnutzung
Alt	Vor 1850	Grünlandnutzung	Grünlandnutzung	Grünlandnutzung	Grünlandnutzung

1.3 Anthrakologische Untersuchungen

Zusätzlich zur Evaluierung anhand der historischen Karten, wurde die Historie der Flächen seit Nutzungsbeginn mit Hilfe von Holzkohlefragmenten über den Zeitraum der letzten 200 Jahre hinaus rekonstruiert (Nelle et al. 2010, Poschlod & Baumann 2010, Robin et al. 2018). Holzkohlefragmente als Überreste aus natürlichen oder anthropogenen Feueraktivitäten geben einen Einblick in die Häufigkeit von Brandereignissen und das Auftreten von Holz bildenden Pflanzen (Robin et al. 2018). Für die Extraktion von Holzkohlefragmenten wurden für alle Kalkmagerrasen und Glatthaferwiesen mindestens je drei Bodenproben mit einem Gesamtvolumen von mehreren Litern entnommen. Für die feuchten Futterwiesen wurde nur eine Bodenprobe je Standort entnommen. Eine Sondierung in mehreren Streuwiesen ergab kein Holzkohlevorkommen. Deshalb liegen für diesen Lebensraum keine Daten vor. Die Aufreinigung der Bodenproben erfolgte im Schlammbecken mit einem Sieb (Maschenweite: 1 mm). Von jedem so erhaltenen Holzkohlefragment wurde das Gewicht bestimmt. Die Identifikation auf Gattungs- oder Artenebene erfolgte anhand anatomischer Merkmale unter dem Auflichtmikroskop (Grosser 1977, Schweingruber

1990, Schoch et al. 2004). Zusätzlich wurde eine Kollektion mit 39 einheimischen Baumarten angelegt, die zum Vergleich der Proben herangezogen wurde. Von als alt kategorisierten Grünlandstandorten der Magerrasen, Glatthaferwiesen und feuchten Futterwiesen, wurden bis zu drei Holzkohlefragmente von Offenlandarten mittels der Radiokarbon-Methode datiert. Damit konnte eine Einschätzung getroffen werden, seit wann die verschiedenen Flächen als Offenlandlebensräume genutzt wurden. Falls Standorte keine Offenlandarten aufwiesen, wurden Fragmente von *Fagus sylvatica* (Glatthaferwiesen) und von *Abies alba* (feuchte Futterwiesen) zur C_{14} -Datierung eingeschickt. Diese erlauben zumindest eine Aussage darüber, wann erstmals Offenstellen auf den Flächen auftraten bzw. eine Brandrodung getätigt wurde.

1.4 Vegetations- und Bodenkunde

Mittels vegetations- und bodenkundlicher Untersuchungen sollten mögliche Unterschiede aufgrund der historischen Nutzung der Grünlandbestände herausgearbeitet werden.

Hierfür wurden für jede untersuchte Fläche zwischen Mai und September 2015 bis 2017 fünf Vegetationsaufnahmen á 4 m² mit der erweiterten Skala nach Braun-Blanquet (Reichert & Wilmanns 1973) aufgenommen. Für die Glatthaferwiesen wurde eine sechste Aufnahme erstellt, da für Wirtschaftsgrünland eine größere Fläche nötig ist, um die Variation des Bestandes abzudecken (Ellenberg 1996). Zusätzlich wurde hier die Biomasseschätzung nach Klapp durchgeführt (Klapp & Stählin 1936). Außerdem wurden für alle Flächen Umweltparameter wie Steigung, Exposition, Höhe und Zusammensetzung der Vegetation, aktuelle Nutzung und Hinweise auf ehemalige Bewirtschaftungsformen, wie Ackerrainstufen oder Steinriegel dokumentiert. Basierend auf den Vegetationsaufnahmen wurde eine Indikatoranalyse durchgeführt (Chytrý et al. 2002), um Pflanzenarten zu identifizieren, welche charakteristisch für Grünland einer oder mehrerer Alterskategorien sind.

Für die bodenkundlichen Untersuchungen wurde die Wasserhaltekapazität ermittelt und anhand einer Mischprobe aus fünf Einstichen (0 - 10 cm tief) der pH-Wert in Wasser und Calciumchlorid, Leitfähigkeit, Kalium- und Phosphatgehalt, sowie das

Kohlenstoff/Stickstoff-Verhältnis analysiert. Für die Vegetationsaufnahmen auf den Kalkmagerrasen und Glatthaferwiesen wurden außerdem die edaphischen Parameter für die Bodenphase von 10 - 20 cm analysiert, soweit die Böden tiefgründig genug waren, und die Bodentiefe (Mittelwert aus fünf Einstichen je Vegetationsaufnahme) ermittelt.

Die fünf in Südbayern liegenden „Oetmann“-Flächen (Tab.20) wurden auch vegetations- und bodenkundlich bearbeitet. Pro Standort wurde auf einer Fläche von 24 m² (4 m x 6 m), analog zu den Glatthaferwiesen der Schwäbischen Alb, eine Vegetationsaufnahme nach der erweiterten Skala von Braun-Blanquet und der Biomasseschätzung nach Klapp, aufgenommen. Die bodenkundlichen Untersuchungen wurden wie oben beschrieben durchgeführt.

1.5 Genetische Untersuchungen

Der Vergleich von Grünlandflächen unterschiedlicher Alterskategorien, sowie die Bestimmung der genetischen Diversität wurde mit Hilfe von Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) Analysen (Vos et al. 1995, Reisch 2007) durchgeführt. Von den oben ausgewählten Standorten wurde pro Lebensraum eine annähernd gleiche Anzahl alter und junger Bestände in die Untersuchungen miteinbezogen. Es wurden nur Standorte mit mindestens 1,5 km Abstand zur nächsten Untersuchungsfläche in die genetischen Untersuchungen integriert, um die Analyse abgeschlossener Populationen sicher zu stellen.

Damit ergab sich für die Kalkmagerrasen, Glatthaferwiesen und Streuwiesen ein Set von je drei umfassend untersuchten Arten (Tab. 2). Dieses Artenset ermöglicht einen Vergleich der Lebensräume bezüglich der genetischen Diversität und darauf einwirkenden Einflussfaktoren (u.a. Habitatalter). Die feuchten Futterwiesen waren aufgrund ihrer Verteilung (bzgl. Alterskategorie, Habitatgröße, Mindestabstand, etc.) nur eingeschränkt für genetische Untersuchungen geeignet. Deshalb wurde *Angelica sylvestris* nur exemplarisch auf fünf ausgewählten feuchten Futterwiesenstandorten untersucht.

Zusätzlich wurden Blattproben von *Lolium perenne* genetisch analysiert. Hierbei wurde die genetische Struktur der fünf „Oetmann“-Flächen in Bayern mit fünf zufällig gewählten *Lolium* - Populationen von der Schwäbischen Alb verglichen.

Tabelle 2: Auswahl der analysierten Arten je Grünlandtyp.

Kalkmagerrasen	Glatthaferwiesen	Streuwiesen	Feuchtwiesen
<i>Asperula cynanchica</i> L.	<i>Dactylis glomerata</i> L.	<i>Angelica sylvestris</i> L.	<i>Angelica sylvestris</i> L.
<i>Campanula rotundifolia</i> L. s. str.	<i>Heracleum sphondylium</i> L.	<i>Filipendula ulmaria</i> (L.) MAXIM	
<i>Linum catharticum</i> L.	<i>Trifolium pratense</i> L.	<i>Succisa pratensis</i> MOENCH	
	<i>Lolium perenne</i> L.		

1.6 Saatgutsammlungen

In Absprache mit dem Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) wurde 2018 Saatgut landwirtschaftlich relevanter Pflanzenarten auf einem ausgewählten Set an Untersuchungsflächen für die Ex situ-Sicherung in Saatgutbanken gesammelt. Es wurden Samen der Gräser *Dactylis glomerata*, *Festuca ovina* agg., *Festuca pratensis* HUDS. s. str., *Festuca rubra* L., *Lolium perenne*, *Phleum pratense* L. s. str., *Poa pratensis* agg., *Poa trivialis* L. s. l. sowie der Leguminosen, *Trifolium pratense* und *Trifolium repens* L. auf jeweils fünf Kalkmagerrasen (25 Akzessionen), Glatthaferwiesen (27 Akzessionen) und feuchte Futterwiesen (26 Akzessionen) entnommen (Tab. 25). Jede Fläche wurde hierzu zweimal im phänologischen Jahresverlauf besucht. Saatgut der gleichen Art von unterschiedlichen Sammelterminen wurde als getrennte Akzessionen behandelt. Bei den ausgewählten Flächen handelte es sich ausschließlich um historisch alte Grünlandflächen, die sowohl genetisch als auch floristisch eine überdurchschnittlich hohe Diversität aufweisen. Außerdem wurde die geographische Verteilung der Flächen berücksichtigt, um die Sammlungen repräsentativ über alle, in das Projektdesign einbezogene Naturräume sicher zu stellen. Die Sammlung des Saatguts erfolgte nach den ENSCONET-Standards (ENSCONET 2009) und in Analogie zur Vorgehensweise der WEL-Genbank (Poschlod et al. 2014). Von den ebenfalls angestrebten Arten *Lolium multiflorum* LAM., *Medicago sativa* L. s. str., *Medicago x varia* MARTYN und *Onobrychis viciifolia* SCOP. konnten keine Akzessionen gesammelt werden,

da keine, oder nur wenige Exemplare auf den Standorten wuchsen oder zum Zeitpunkt der Sammlungen keine reifen Samen zur Verfügung standen.

Die gesammelten Akzessionen wurden manuell gereinigt und auf ca. 10 % relative Feuchte getrocknet. An 100 der getrockneten Samen wurde mittels Röntgenanalyse eine Fertilitätskontrolle durchgeführt, um anhand des Zustandes der Embryonen eine Aussage über die Keimfähigkeit treffen zu können (Poschlod et al. 2014, Leipold et al. 2019). Die Samen pro Akzession wurden auf drei Chargen aufgeteilt und unter Vakuum in Alubeutel verschweißt und bei -18 °C eingelagert. Zwei Chargen pro Akzession verblieben zur Sicherung in der Genbank Regensburg und wurden zugleich in die Datenbank der WEL-Genbank integriert (<https://genbank-wel.uni-osnabrueck.de/index.php/de/>). Eine weitere Charge wurde ans IPK zur Einlagerung versandt und in die dortige Datenbank aufgenommen.

KAPITEL 2: ERGEBNISSE DER DURCHGEFÜHRTEN UNTERSUCHUNGEN

2.1 Vegetationskundliche und genetische Analysen

2.1.1 Kalkmagerrasen

Im Rahmen des Projekts fanden auf 44 Kalkmagerrasen der Schwäbischen Alb vegetationsökologische Untersuchungen statt (Abb. 6, Tab. 3 und 19). Die räumliche Verteilung der Flächen konzentrierte sich auf die Naturräume Albuch und Härtsfeld, Lonetal-Flächenalb, Mittlere Flächenalb, Mittlere Kuppenalb und Hohe Schwabenalb. Hinsichtlich der Zeitspanne seit Beginn der Grünlandnutzung wurden 20 Magerrasen als alt, 12 als mittelalt, 3 als mitteljung und 9 als jung klassifiziert.

In einer Ordination der Vegetationsaufnahmen (Abb. 1) zeigte sich, dass sich die Standorte durch ihre Vegetationszusammensetzung und historische Nutzung auftrennen.

Junge Magerrasen wiesen eine hohe Dominanz von *Trisetum flavescens* (L.) P. Beauv. und *Cerastium holosteoides* Fr. auf. Im Vergleich wiesen Flächen mit einer Nutzungsdauer von 100 oder mehr als 200 Jahren (mittelalt und alt) geringere Deckungsanteile dieser Arten auf. Dafür traten *Asperula cynanchica* L. und *Prunella grandiflora* (L.) Scholler wesentlich dominanter in den Beständen auf (Abb. 1). Alte und mittelalte Flächen zeigten außerdem höhere Anteile an Arten trockener und magerer Standorte (*Festuco-Brometea*) und auch gefährdeter oder seltener Arten.

Hinsichtlich der Anzahl der Gefäßpflanzen ergab sich aufgrund der Nutzungsdauer nur ein leichter Rückgang von durchschnittlich 37,6 Arten in alten Flächen, zu 35,4 in jungen Flächen. Bei den Moosen und bodenlebenden Flechten sank die Anzahl an Arten von alten zu jungen Flächen signifikant von 7,1 auf 4,7 und auch der Anteil der seltenen oder gefährdeten Arten nach der Roten Liste von Baden-Württemberg sank von 14,1 auf 7,0. In jungen Kalkmagerrasen traten vorwiegend Indikatorarten auf, die zur Gruppe des Wirtschaftsgrünlandes gehören (z.B. *Arrhenatherum elatius* (L.) P. Beauv. ex J. Presl & C. Presl, *Dactylis glomerata* L., *Trisetum flavescens* (L.) P. Beauv. und *Galium mollugo* agg.). Junge und mitteljunge Flächen waren auch durch das Vorkommen von halbparasitischen Arten der Gattung *Rhinanthus*, früheren Acker“un“kräutern gekennzeichnet. Die giftige

Pflanze *Senecio jacobea* L. war ebenfalls wesentlich häufiger in mitteljungem und jungem Beständen anzutreffen. *Medicago sativa* trat ausschließlich in jungen Beständen auf.

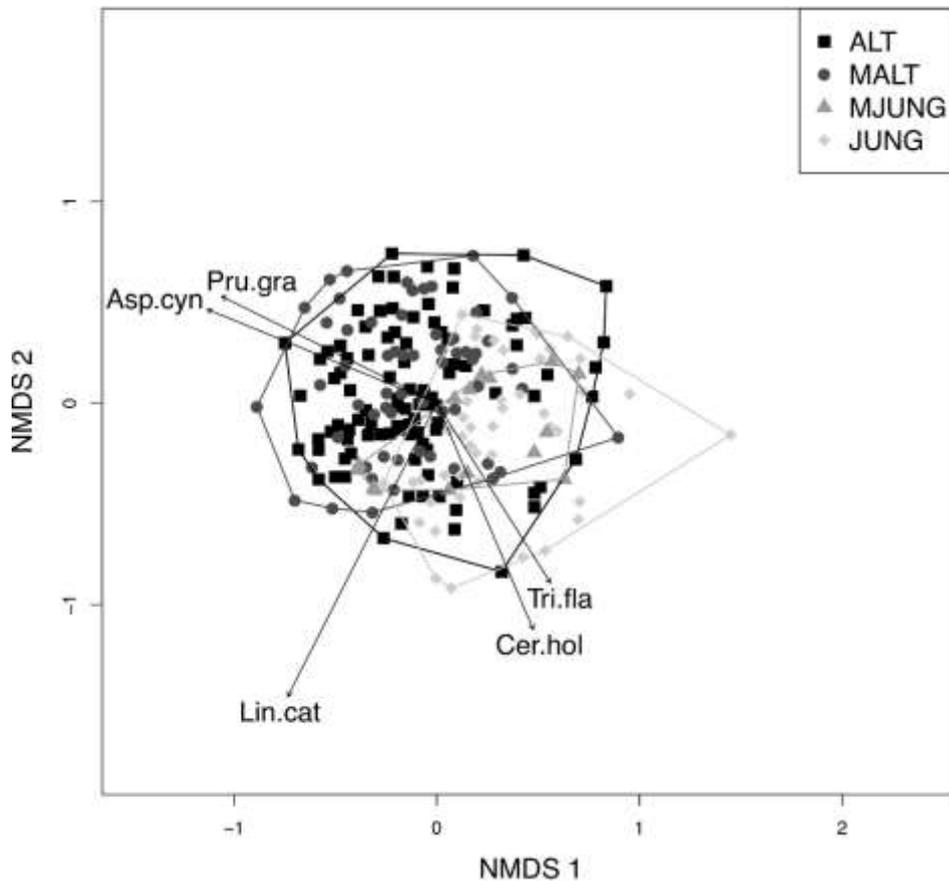


Abbildung 1: Anordnung der Vegetationsaufnahmen der Kalkmagerrasen (ALT – historisch alte Kalkmagerrasen, MALT, mittelalt, MJUNG – mitteljung, JUNG – jung). NMDS Ordination (Stress: 0.278).

In der Betrachtung einzelner Arten wiesen die alten Bestände vor allem Pflanzen auf, die typisch für Magerrasen sind, so waren z.B. *Asperula cynanchica* L., *Euphorbia cyparissias* L., *Helianthemum nummularium* (L.) Mill. s. l. oder *Teucrium montanum* L. deutlich häufiger und in höherer Deckung anzutreffen als in jungen Beständen. Zu den Arten, die auf alte Kalkmagerrasen beschränkt waren, gehörten eine Reihe an Trockenheits- oder Magerkeitszeigern, darunter *Antennaria dioica* (L.) J. GAERTN., *Euphrasia stricta* agg., *Potentilla erecta* (L.) RAEUSCH. und *Pulsatilla vulgaris* GAERTN. Die Auswertung der Indikatorarten zeigte auch, dass sich der Wechsel von der traditionellen Dreifelderwirtschaft zur verbesserten Dreifelderwirtschaft hin zur modernen Landwirtschaftspraxis auch in der

Artenzusammensetzung widerspiegelt. Diese Tatsache wird unterstützt von der Zunahme der grasartigen Pflanzen, die maßgeblich für gute Futterwerte in moderner Grünlandnutzung sind (Tab. 3). Im Gegensatz dazu nahm der Anteil der Kräuter mit kürzerer Grünlandnutzung ab. Die Anteile der Leguminosen zeigten einen deutlichen Anstieg, mit den höchsten Anteilen in mitteljungem Grünland.

Die Bodenparameter der jungen Magerrasen reflektieren die erst wenige Jahrzehnte zurückliegende ackerbauliche Nutzung, die durch Düngung und Bodenbearbeitung zu hohen Nährstoffgehalten an Phosphat und Kalium, sowie einer höheren Wasserhaltekapazität führte sind (Tab. 3). So heben sich vor allem die jungen Bestände, die erst in der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts in eine dauerhaft als Grünland genutzte Fläche umgewandelt wurden, deutlich von den länger genutzten Magerrasen ab.

Tabelle 3: Artenzahlen, Deckungsgrade verschiedener Pflanzengruppen und Bodenparameter zu den 44 Kalkmagerrasen, gemittelt über die Anzahl der Vegetationsaufnahmen je Alterskategorie.

Alterskategorie	Alt	Mittelalt	Mitteljung	Jung
n (Standorte)	20.0	12.0	3.0	9.0
n (Anzahl Gefäßpflanzen)	37.6	37.2	38.3	35.4
Anteil Gräser [%]	36.0	35.6	34.7	38.0
Anteil Leguminosen [%]	2.4	6.7	12.9	5.7
Anteil Kräuter [%]	44.3	39.6	37.1	36.4
Wasserhaltekapazität Gewichtsprozent	75.6	76.2	69.3	85.5
Leitfähigkeit	104.2	115.9	103.3	114.4
pH(CaCl₂)	6.4	6.8	6.6	6.9
pH(H₂O)	7.0	7.2	7.1	7.3
Kaliumgehalt [mg K/kg Erde]	111.2	135.6	128.5	151.7
Phosphatgehalt [mg P/kg Erde]	11.9	10.3	11.1	37.3
C/N-Verhältnis	16.5	19.2	15.7	17.2

Je 19 Populationen von *Asperula cynanchica*, *Campanula rotundifolia* und *Linum catharticum* wurden auf Kalkmagerrasen-Standorten genetisch analysiert. Insgesamt wurden 912 Individuen (304 pro Art) auf zehn alten, sowie neun mittelalten/jungen Flächen untersucht.

Die genetische Diversität der untersuchten Arten (Tab. 4) entsprach der mittleren genetischen Diversität häufiger Arten (Reisch & Bernhardt-Römermann 2014). Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen war mit 7 % (*A. cynanchica*), 5 % (*C. rotundifolia*) und 8 % (*L. catharticum*) als gering anzusehen (Tab. 5). Die innerartliche genetische Variation war hoch (Tab. 5). Zwischen alten und mittelalten Populationen war keine genetische Differenzierung feststellbar (Tab. 5). Es scheint somit ein erheblicher Genfluss zwischen den untersuchten Flächen vorzuliegen, obwohl die untersuchten Kalkmagerrasen heutzutage als fragmentiert angesehen werden (Wettstein & Schmid 1999; Krauss *et al.* 2004). Zusätzlich konnte eine „Isolation by Distance“, also eine Korrelation der geographischen mit der genetischen Distanz, für *A. cynanchica* und *C. rotundifolia* gezeigt werden (Abb. 2).

Tabelle 4: Anzahl der analysierten Individuen (N), genetische Diversität nach Nei (H), Shannon Index (SI), Anzahl polymorpher Loci (PL), Prozentsatz polymorpher Loci (PPL [%]) und Anzahl seltener Allele (DW) von *A. cynanchica*, *C. rotundifolia* und *L. catharticum*.

Arten	Alter	N	H	± SE	SI	± SE	PL	PPL [%]	± SE	DW	± SE
<i>A. cynanchica</i>	Mittelwert	304	0.27	0.01	0.39	0.01	103.00	69.59	1.68	7.42	0.08
	Alt	160	0.27	0.01	0.40	0.01	105.20	71.08	2.03	7.31	0.03
	Jung	144	0.26	0.01	0.38	0.01	0.00	67.94	2.77	7.54	0.15
<i>C. rotundifolia</i>	Mittelwert	304	0.24	0.00	0.36	0.00	103.42	68.49	0.83	7.32	0.03
	Alt	160	0.24	0.00	0.36	0.01	102.50	67.88	1.24	7.29	0.04
	Jung	144	0.24	0.00	0.36	0.01	0.00	69.17	1.11	7.34	0.05
<i>L. catharticum</i>	Mittelwert	304	0.16	0.00	0.23	0.01	65.42	44.81	1.04	5.68	0.06
	Alt	160	0.16	0.01	0.24	0.01	67.00	45.89	1.44	5.71	0.10
	Jung	144	0.15	0.01	0.22	0.01	0.00	43.61	1.48	5.65	0.09
Alle Arten	Mittelwert	304	0.22	0.00	0.33	0.01	90.61	60.96	1.18	6.81	0.06
	Alt	160	0.22	0.01	0.33	0.01	91.57	61.62	1.57	6.77	0.06
	Jung	144	0.22	0.01	0.32	0.01	0.00	60.24	1.79	6.85	0.10

Tabelle 5: Genetische Variation pro Art und Alterskategorie, zwischen und innerhalb der Populationen, berechnet mit Hilfe einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) (df: Freiheitsgrade, SS: Quadratsumme, MS: quadratischer Mittelwert, Est. Var.: geschätzte Varianz, %: genetische Differenzierung. Signifikanzlevels basieren 999 Wiederholungen und werden mit drei Sternchen dargestellt ($p < 0.001$)).

Arten	AMOVA	df	SS	MS	Est. Var.	%	Φ_{PT}
<i>A. cynanchica</i>	Zwischen den Alterskategorien	1	34.15	34.15	0.00	0	0.072 ***
	Zwischen den Populationen	17	698.70	41.10	1.45	7	
	Innerhalb der Populationen	285	5115.19	17.95	17.95	93	
<i>C. rotundifolia</i>	Zwischen den Alterskategorien	1	32.26	32.26	0.00	0	0.048 ***
	Zwischen den Populationen	17	589.23	34.66	0.97	5	
	Innerhalb der Populationen	285	5453.25	19.13	19.13	95	
<i>L. catharticum</i>	Zwischen den Alterskategorien	1	19.09	19.09	0.00	0	0.078 ***
	Zwischen den Populationen	17	449.13	26.42	0.97	8	
	Innerhalb der Populationen	285	3116.63	10.94	10.94	92	

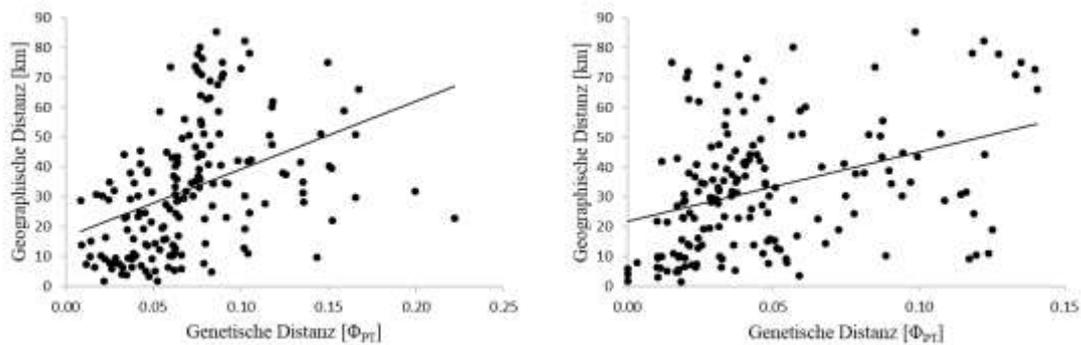


Abbildung 2: Korrelation der geographischen (km) mit der genetischen (Φ_{PT}) Distanz (Manteltest) von *A. cynanchica* (links) und *C. rotundifolia* (rechts) ($p=0.001$).

2.1.2 Glatthaferwiesen

Die vegetations- und bodenkundliche Erfassung fand auf 31 ausgewählten Glatthaferwiesen statt (Abb. 6, Tab. 6 und 20).

Vegetationskundlich zeigt sich eine Differenzierung v.a. der alten und jungen Flächen, während die mittelalten Flächen und die jungen mit Zwischennutzung dazwischen liegen (Abb. 3). So sind die alten Glatthaferwiesen v.a. durch Arten charakterisiert, die heute eher als typische Kalkmagerrasenarten bezeichnet werden wie *Bromus erectus* Huds. und *Sanguisorba minor* Scop. Die jungen Flächen sind durch hohe Anteile der typischen

Gräser wie *Arrhenatherum elatius* (L.) P. Beauv. ex J. Presl & C. Presl und *Trisetum flavescens* (L.) P. Beauv. sowie der Kräuter *Achillea millefolium* L. und *Salvia pratensis* L. gekennzeichnet.

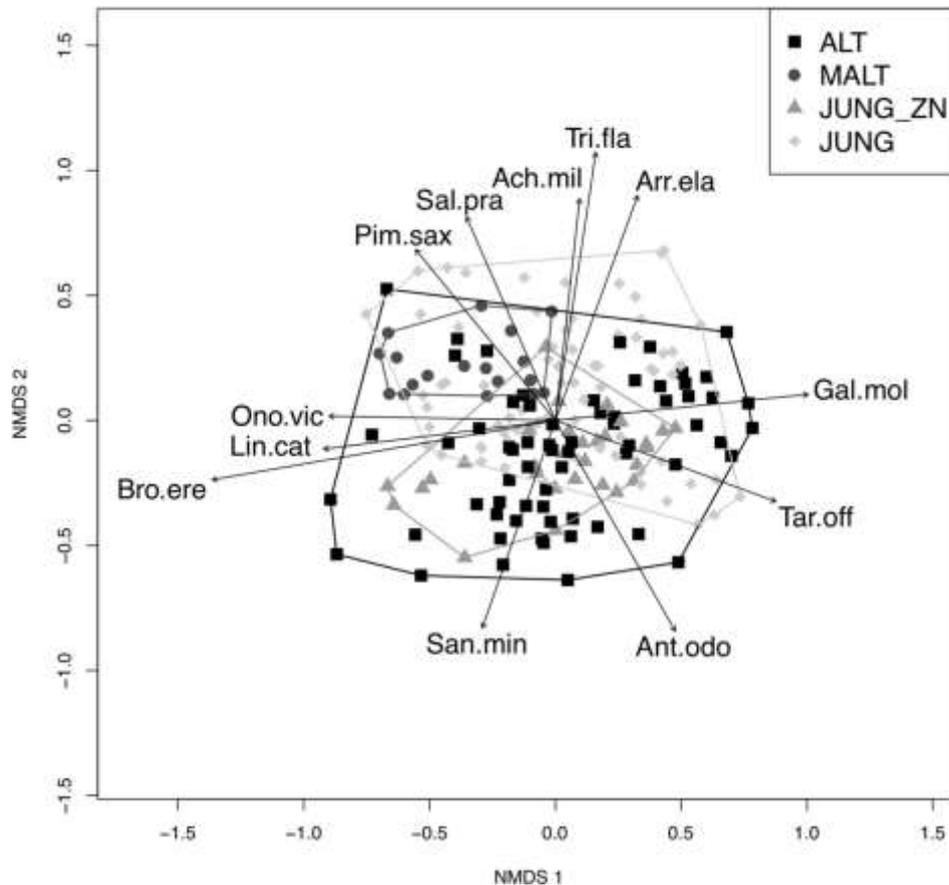


Abbildung 3: Anordnung der Vegetationsaufnahmen der Glatthaferwiesen (ALT – historisch alte Glatthaferwiesen, MALT, mittelalt, JUNG_ZN – jung, mit Zwischennutzung, JUNG – jung). NMDS Ordination (Stress: 0.237).

Indikatorarten für alte Glatthaferwiesen sind unter anderem *Sanguisorba minor* Scop., *Knautia arvensis* (L.) Coult. s. str., *Helianthemum nummularium* (L.) Mill., *Phyteuma orbiculare* L. und *Ranunculus polyanthemos* L. Mittelalte Flächen zeichneten sich hingegen durch ein häufigeres Vorkommen von *Onobrychis viciifolia* Scop., *Microthlaspi perfoliatum* (L.) F.K. Mey., *Rhinanthus alectorolophus* (Scop.) Pollich u.v.a. aus. *Crepis biennis* L. u.a. sind charakteristisch für junge Flächen mit Zwischennutzung. Als Indikatorart für junge Glatthaferwiesen ergab sich in der Auswertung u.a. *Bellis perennis* L.

Hinsichtlich der standortkundlichen Bewertung zeigten sich mehrere signifikante Unterschiede. So hatten die jungen Flächen die signifikant niedrigsten Werte bezüglich der Wasserhaltekapazität. Die alten Flächen wiesen die niedrigsten Leitfähigkeits- und Kaliumwerte auf, signifikant niedrigere pH-Werte und C/N-Verhältnis als die mittelalten und jungen Flächen (Tab. 6).

Tabelle 6: Anteile verschiedener Pflanzengruppen (Deckungsgrade) und Bodenparameter für 31 Glatthaferwiesen, gemittelt über die Aufnahmen der jeweiligen Alterskategorie.

Alterskategorie	Alt	Mittelalt	Jung	Jung mit Zwischennutzung
n (Standorte)	11.0	3.0	12.0	5.0
n (Anzahl Gefäßpflanzen)	35.3	35.8	33.3	36.7
Anteil Gräser [%]	39.3	37.2	40.8	35.9
Anteil Leguminosen [%]	11.7	13.2	13.3	15.1
Anteil Kräuter [%]	47.7	50.6	49.8	51.2
Bodentiefe [cm]	28.7	12.7	20.2	24.4
Wasserhaltekapazität Gewichtsprozent	78.3	75.6	69.6	74.5
Leitfähigkeit [μ S/cm]	116.1	151.9	145.2	132.1
pH(CaCl ₂)	6.4	6.9	6.6	6.3
pH(H ₂ O)	6.8	7.3	7.0	6.8
Kaliumgehalt [mg K/kg Erde]	99.2	185.1	229.9	165.0
Phosphatgehalt [mg P/kg Erde]	23.0	25.5	32.6	20.9
C/N-Verhältnis	12.4	12.9	15.4	12.6

Im Rahmen der genetischen Analysen wurden die drei Glatthaferwiesenarten *Dactylis glomerata*, *Heracleum sphondylium* und *Trifolium pratense* mittels der AFLP-Methode untersucht. Es wurden jeweils zehn alte und zehn junge Glatthaferwiesen für die genetischen Analysen herangezogen (Tab. 20), auf denen alle drei Arten in ausreichender Menge gesammelt werden konnten. Insgesamt wurden 953 Individuen in die Studie einbezogen (318 Ind. für *D. glomerata*, 315 Ind. von *H. sphondylium* und 320 Ind. für *T. pratense*).

Tabelle 7: Anzahl der analysierten Individuen (N), genetische Diversität nach Nei (H), Shannon Index (SI), Anzahl polymorpher Loci (PL), Prozentsatz polymorpher Loci (PPL [%]) und Anzahl seltener Allele (DW) von *D. glomerata*, *H. sphondylium* und *T. pratense*.

Arten	Alter	N	H	± SE	SI	± SE	PL	PPL [%]	± SE	DW	± SE
<i>D. glomerata</i>	Mittelwert	318	0.25	0.01	0.37	0.02	120.10	64.92	2.44	8.05	0.27
	Alt	159	0.26	0.01	0.37	0.02	121.60	65.73	2.85	7.95	0.04
	Jung	159	0.25	0.01	0.36	0.01	118.60	64.11	1.57	8.15	0.35
<i>H. sphondylium</i>	Mittelwert	315	0.17	0.01	0.26	0.02	84.00	46.20	3.88	7.17	0.31
	Alt	160	0.18	0.01	0.26	0.02	85.00	45.33	3.82	7.03	0.04
	Jung	155	0.17	0.01	0.25	0.02	83.00	45.76	3.87	7.10	0.23
<i>T. pratense</i>	Mittelwert	320	0.22	0.01	0.32	0.02	93.20	57.30	4.18	6.79	0.12
	Alt	160	0.22	0.02	0.32	0.02	93.40	57.06	2.60	6.81	0.16
	Jung	160	0.22	0.01	0.32	0.01	93.00	57.18	3.49	6.80	0.14
Alle Arten	Mittelwert	318	0.22	0.01	0.32	0.02	99.10	56.14	3.50	7.34	0.23
	Alt	160	0.22	0.01	0.32	0.02	100.00	56.04	3.09	7.26	0.08
	Jung	158	0.21	0.01	0.31	0.02	98.20	55.68	2.98	7.35	0.24

Tabelle 8: Genetische Variation pro Art und Alterskategorie, zwischen und innerhalb der Populationen, berechnet mit Hilfe einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) (df: Freiheitsgrade, SS: Quadratsumme, MS: quadratischer Mittelwert, Est. Var.: geschätzte Varianz, %: genetische Differenzierung. Signifikanzlevels basieren auf 999 Wiederholungen und werden mit drei Sternchen dargestellt ($p < 0.001$)).

Arten	AMOVA	df	SS	MS	Est. Var.	%	Φ_{PT}
<i>D. glomerata</i>	Zwischen den Alterskategorien	1	36.20	36.20	0.05	0	0.022 ***
	Zwischen den Populationen	18	518.86	28.83	0.44	2	
	Innerhalb der Populationen	298	6512.78	21.85	21.85	98	
<i>H. sphondylium</i>	Zwischen den Alterskategorien	1	20.94	20.94	0.00	0	0.046 ***
	Zwischen den Populationen	18	449.70	24.98	0.70	5	
	Innerhalb der Populationen	295	4106.44	13.92	13.92	95	
<i>T. pratense</i>	Zwischen den Alterskategorien	1	22.09	22.09	0.00	0	0.029 ***
	Zwischen den Populationen	18	446.54	24.81	0.51	3	
	Innerhalb der Populationen	300	4971.81	16.57	16.57	97	

Die drei Arten zeigten eine mittlere genetische Diversität, welche mit der von anderen häufigen Arten vergleichbar ist (Reisch & Bernhardt-Römermann 2014). Dabei wies *D. glomerata* als windbestäubte Art für alle errechneten Diversitätsindices die höchsten Werte auf, während *H. sphondylium* und *T. pratense* als insektenbestäubte Arten typischerweise niedrigere Werte zeigten (Tab. 7). Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen der jeweiligen Art ist mit 2 bis 5 % als gering anzusehen und

ein durchgeführter Mantel-Test zeigte keinen Zusammenhang der geographischen Distanz mit der genetischen Unterschiedlichkeit der Populationen (Tab. 8). Daher ist hier von einer guten Vernetzung mittels Genfluss der untersuchten Populationen auszugehen. Für keine der drei Arten zeigte sich in den Analysen ein direkter Einfluss des Alters der Untersuchungsfläche auf die genetische Diversität.

Die Auswertung der Vegetationsaufnahmen auf den „Oetmann“-Flächen, im Vergleich mit den genetisch untersuchten Flächen in Baden-Württemberg, zeigte, dass sich die beiden Regionen stark in ihrer Artenzusammensetzung unterscheiden (Tab. 9). Die Standorte auf der Schwäbischen Alb enthalten doppelt so viele Arten, wie die intensiver genutzten Flächen in Bayern. Insbesondere ist dieser Unterschied in der Anzahl an krautigen Arten festzustellen. Auch die Bodenanalysen zeigen Unterschiede. Vor allem der Phosphatgehalt im Boden ist mit 20.58 mg/kg auf der Schwäbischen Alb deutlich geringer, als in Bayern mit 43.95 mg/kg.

Tabelle 9: Anzahl der untersuchten Standorte, die Anteile verschiedener Pflanzengruppen (Artenanzahl & Deckungsgrade) und Bodenparameter gemittelt für die *Lolium*-Standorte in Bayern und Baden-Württemberg.

	Bayern	Baden-Württemberg
n (Standorte)	5.0	5.0
n (Anzahl Gefäßpflanzen)	19.0	37.4
Anzahl Gräser	7.8	11.7
Anzahl Leguminosen	1.8	4.6
Anzahl Kräuter	9.4	21.0
Anteil Gräser [%]	40.2	40.1
Anteil Leguminosen [%]	28.0	13.4
Anteil Kräuter [%]	29.0	35.3
Bodentiefe [cm]	28.2	35.9
pH(CaCl₂)	5.7	6.7
pH(H₂O)	6.1	7.1
Kaliumgehalt [mg K/kg Erde]	155.1	144.7
Phosphatgehalt [mg P/kg Erde]	44.0	20.6
C/N-Verhältnis	10.6	13.3

Die genetische Analyse von *Lolium perenne* Populationen in Baden-Württemberg und Bayern zeigte ebenfalls Unterschiede. Es zeigte sich, dass die bayerischen Populationen mehr polymorphe und seltene Loci aufwiesen (Tab. 10). Jedoch lag die genetische Differenzierung zwischen den beiden Regionen nur bei 2 %, die bayerischen und württembergischen Populationen sind sich also vergleichsweise ähnlich (Tab. 11).

Tabelle 10: Anzahl der analysierten Individuen (N), genetische Diversität nach Nei (H), Shannon Index (SI), Anzahl polymorpher Loci (PL), Prozentsatz polymorpher Loci (PPL [%]) und Anzahl seltener Allele (DW) von *L. perenne* an den Standorten Baden-Württemberg und Bayern, sowie Mittelwerte über alle Standorte.

Art	Standort	N	H	± SE	SI	± SE	PL	PPL [%]	± SE	DW	± SE
<i>L. perenne</i>	Ba-Wü	77	0.26	0.01	0.39	0.01	255.40	83.19	1.04	30.09	0.33
	Bayern	80	0.27	0.01	0.41	0.02	272.40	88.73	4.23	31.31	1.36
	Mittelwert	157	0.26	0.01	0.40	0.02	263.90	85.96	4.14	30.70	1.16

Tabelle 11: Genetische Variation zwischen den Regionen, zwischen und innerhalb der Populationen, berechnet mit Hilfe einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) (df: Freiheitsgrade, SS: Quadratsumme, MS: quadratischer Mittelwert, Est. Var.: geschätzte Varianz, %: genetische Differenzierung. Signifikanzlevels basieren 999 Wiederholungen und werden mit drei Sternen dargestellt ($p < 0.001$)).

Art	AMOVA	df	SS	MS	Est. Var.	%	Φ_{PT}
<i>L. perenne</i>	Zwischen den Regionen	1	160.10	160.10	1.06	2	0.056 ***
	Zwischen den Populationen	8	612.84	76.61	1.79	4	
	Innerhalb der Populationen	147	7125.16	48.47	48.47	94	

2.1.3 Feuchte Futterwiesen

Für die feuchten Futterwiesen (Kohldistel- und Bachkratzdistelwiesen) fand die vegetationskundliche Bearbeitung auf 39 Flächen statt (Abb. 4, Tab. 12 und 22). Die Untersuchungsflächen erstreckten sich über mehrere Naturräume: Oberschwäbisches Hügelland, Bodenseebecken und Westallgäuer Hügelladen. Der zusätzliche Standort im Naturschutzgebiet Federsee befand sich im Naturraum Donau-Ablachplatten (Fläche FW_Feder_03, Tab. 23). Bereits seit dem frühen 19. Jahrhundert waren 21 Standorte als Wiese oder Weide in Nutzung (alt), 13 Flächen sind jüngeren Ursprungs, mit 100 bis 200 Jahren Grünlandnutzung. Nur 5 Standorte wiesen weniger als 100 Jahre

Grünlandmanagement auf. Zuvor wurden die Standorte als Weiher, Acker oder Wald bewirtschaftet (Tab. 22).

In der Betrachtung der Vegetationsaufnahmen (Abb. 4), zeigten sich weitestgehend ähnliche Artenzusammensetzungen für Standorte mit unterschiedlichen Alterskategorien. Es fiel auf, dass nur alte und mittelalte Standorte eine hohe Deckung von *Anthoxanthum odoratum* L. und *Climacium dendroides* (HEDW.) F.WEBER & D.MOHR aufwiesen. Die Vorkommen deuten magerere Bedingungen und eine oberflächige Versauerung der alten und mittelalten Standorte an.

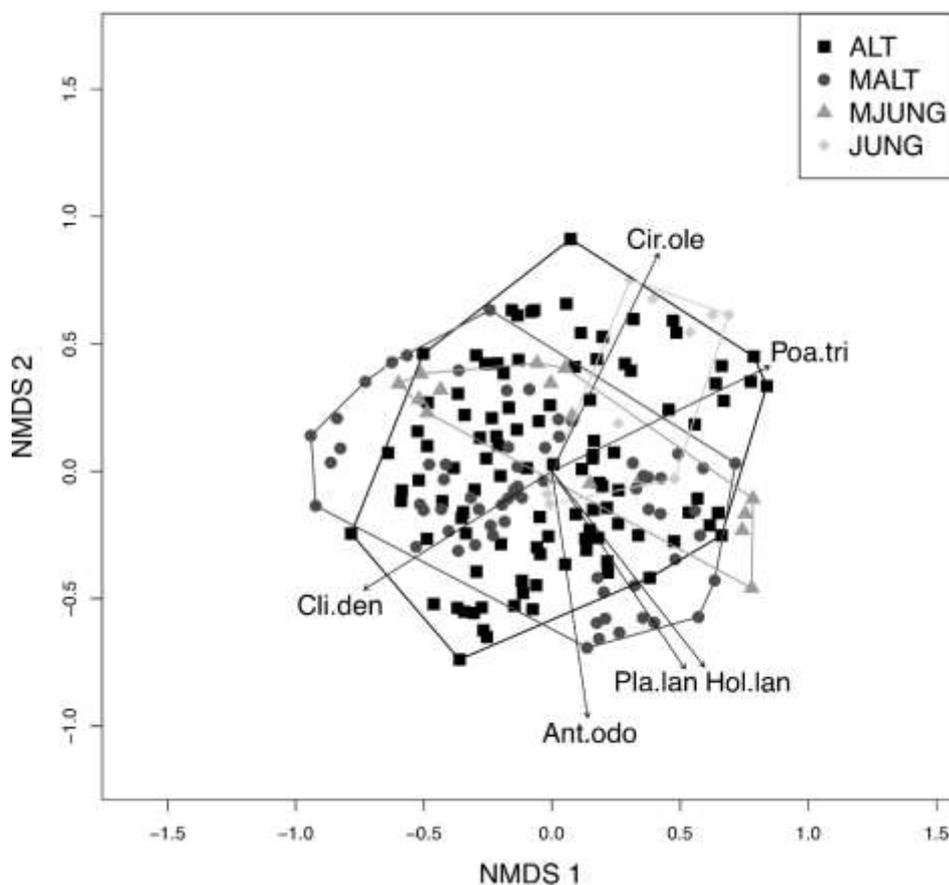


Abbildung 4: Anordnung der Vegetationsaufnahmen der feuchten Futterwiesen (ALT – historisch alte feuchte Futterwiesen, MALT, mittelalt, MJUNG – mitteljung, JUNG – jung). NMDS Ordination (Stress: 0.265).

Hinsichtlich der Indikatoren für die Dauer der Grünlandnutzung zeigten sich in alten Beständen Magerkeitszeiger wie *Rhinanthus serotinus* (Schönh.) Schinz & Thell und *Mentha aquatica* L. Daneben war auch *Juncus effusus* auf den alten Flächen dominant.

Allerdings ist sie eine typische Pflanzenart der Pflegemahd durch Raupen. So liegen die historisch alten feuchten Futterwiesen v.a. in Gebieten, in denen eine Pflegemahd stattfindet. Durch die Bodenverletzungen der Raupenketten werden permanent Keimnischen für diese Art mit einer extrem langlebigen Samenbank im Boden (> 100 Jahre) geschaffen und damit diese Art gefördert. Mittelalte feuchte Futterwiesen waren auch durch die Orchidee *Epipactis palustris* (L.) Crantz und das Moos *Thuidium philibertii* LIMPR. charakterisiert. Indikatorarten für junge feuchte Futterwiesen waren *Carex brizoides* L. und die Moose *Brachythecium rutabulum* (HEDW.) BRUCH, SCHIMP. & W. GÜMBEL und *Scleropodium purum* (HEDW.) LIMPR. Bei kurzer Grünlandnutzung traten auch Nährstoffzeiger wie z.B. die Großseggen *Carex acuta* L. und *C. acutiformis* Ehrh. Auf oder Süßgräser wie *Arrhenatherum elatius* (L.) P.BEAUV. EX J.PRESL & C.PRESL oder *Poa trivialis* L. Zusätzlich nahmen auch die Anteile der Gräser von alten zu jungen Standorten kontinuierlich zu (Tab. 12), ebenso wie deren Wuchshöhe. Dazu konträr zeigten die Deckungsanteile der Kräuter eine Abnahme mit kürzerer Grünlandnutzung, ein Trend der sich auch in den Kalkmagerrasen zeigte. Für die Anteile der Leguminosen war zwischen alten und mittelalten Wiesen, aufgrund der zu dieser Zeit eingeführten verbesserten Dreifelderwirtschaft, ein Anstieg zu verzeichnen. In jüngeren Beständen sank der Anteil wieder. Eine mögliche Erklärung könnte die gezielte Förderung der Gräser und gängigen Wiesenarten durch Mahdgutübertragung aus mäßig trockenen Wiesen zurückzuführen sein.

Tabelle 12: Artenzahlen, Anteile verschiedener Pflanzengruppen (Deckungsgrade) und Bodenparameter für die 39 feuchten Futterwiesen. Die Werte wurden über die Aufnahmen der jeweiligen Alterskategorie gemittelt.

Alterskategorie	Alt	Mittelalt	Mitteljung & jung
n (Standorte)	21.0	13.0	5.0
n (Anzahl Gefäßpflanzen)	27.5	30.4	25.3
Anteil Gräser [%]	38.1	38.7	42.3
Anteil Leguminosen [%]	3.8	5.6	3.2
Anteil Kräuter [%]	45.6	43.5	39.2
Wasserhaltekapazität Gewichtsprozent	412.2	352.1	371.7
Leitfähigkeit	94.8	86.2	73.3
pH(CaCl₂)	5.8	5.8	5.8
pH(H₂O)	6.2	6.4	6.4
Kaliumgehalt [mg K/kg Erde]	87.4	106.5	64.4
Phosphatgehalt [mg P/kg Erde]	47.5	38.2	29.2
C/N-Verhältnis	12.0	12.2	12.7

Feuchte Futterwiesen mit einer langen Nutzungsdauer zeigten außerdem eine höhere Wasserhaltekapazität und einen niedrigeren pH-Wert (Tab. 12). Auf alten Grünlandbeständen konnte sich in der Regel Torf akkumulieren, was u.a. mit einer hohen Leitfähigkeit und niedrigem pH einhergeht. Phosphat, der limitierende Faktor in semiaquatischen Lebensräumen, nahm mit der Dauer der Grünlandnutzung stetig zu, wohingegen junge Standorte deutlich magerer waren. Dies wird auch durch die höheren C/N-Werte unterstützt und deutet auf eine Aushagerung hin.

Im oberschwäbischen Naturschutzgebiet Federsee, wo einer der Standorte bereits in die Auswertung der feuchten Futterwiesen einbezogen wurde, fand eine zusätzliche Untersuchung mit 21 Standorten im Federseeried statt. Im Federseeried sind alle Ausprägungen der Kohl- und Bachkratzdistelwiesen vorhanden und werden traditionell bewirtschaftet. Die Alterskategorien trennten sich nach der Wasserstandsabsenkung von 1787, in Flächen die vor der Absenkung des Wasserspiegels bereits potenziell als Grünland genutzt wurden und Flächen die erst nach der Senkung genutzt werden konnten. Anders als im Allgäu, ist die Grünlandnutzung im Federsee-Ried seit langem auf den landwirtschaftlichen Flächen vorherrschend, zu Beginn des 19. Jahrhunderts waren bereits alle Standorte als Grünland genutzt worden. Insgesamt wurden 11 junge und 10 alte Flächen evaluiert (Tab. 23). Alte Grünlandbestände wiesen eine niedrigere Artenanzahl und Anteil an Leguminosen auf als jüngere Wiesen.

Angelica sylvestris wurde für die exemplarische genetische Analyse einer Art der feuchten Futterwiesen ausgewählt. Insgesamt wurden fünf Standorte in die Untersuchung einbezogen (Tab. 22). Die Auswertung der genetischen Analysen zeigte, dass sich Populationen auf feuchten Futterwiesen nicht von denen auf Streuwiesen unterschieden. Auch die genetische Differenzierung zwischen den Lebensräumen lag bei nur 1 % (Tab. 14). Es ist daher von einem genetischen Austausch zwischen den beiden feuchten Grünlandtypen auszugehen.

Tabelle 13: Anzahl der analysierten Individuen (N), genetische Diversität nach Nei (H), Shannon Index (SI), Anzahl polymorpher Loci (PL), Prozentsatz polymorpher Loci (PPL [%]) und Anzahl seltener Allele (DW) von *A. sylvestris* der untersuchten feuchten Futterwiesen im Vergleich zu Streuwiesen Standorten.

Art	Habitat	N	H	± SE	SI	± SE	PL	PPL [%]	± SE	DW	± SE
<i>A. sylvestris</i>	ST	5	0.22	0.01	0.33	0.02	94.00	61.44	2.74	12.98	0.15
	FW	5	0.22	0.01	0.33	0.03	94.20	61.57	4.28	13.02	0.15
	Mittelwert	10	0.22	0.01	0.33	0.03	94.10	61.51	3.51	13.00	0.15

Tabelle 14: Genetische Variation zwischen Lebensräumen, zwischen und innerhalb der Populationen, berechnet mit Hilfe einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) (df: Freiheitsgrade, SS: Quadratsumme, MS: quadratischer Mittelwert, Est. Var.: geschätzte Varianz, %: genetische Differenzierung. Signifikanzlevels basieren 999 Wiederholungen und werden mit drei Sternen dargestellt ($p < 0.001$)).

Art	AMOVA	df	SS	MS	Est. Var.	%	Φ_{PT}
<i>A. sylvestris</i>	Zwischen den Lebensräumen	1	46.44	46.44	0.15	1	0.048 ***
	Zwischen den Populationen	22	590.94	26.86	0.67	4	
	Innerhalb der Populationen	364	5863.65	16.11	16.11	95	

2.1.4 Streuwiesen

Es wurden 39 Streuwiesen-Standorte für die vegetations- und bodenkundliche Untersuchung ausgewählt, wobei 27 Standorte als alt und 12 Standorte als mittelalt klassifiziert wurden (Abb. 6, Tab. 15 und 24). Mitteljunge und junge Standorte konnten mittels der oben beschriebenen Methode nicht identifiziert werden.

Vegetationskundlich ließen sich die alten Streuwiesen durch *Molinia caerulea* (L.) Moench, *Eriophorum latifolium* Hoppe und das Moos *Campylium stellatum* (Hedw.)

C.E.O. Jensen charakterisieren, die mittelalten Streuwiesen durch *Carex davalliana* Sm., *Filipendula ulmaria* (L.) Maxim. sowie die Moose *Calliergonella cuspidata* (Hedw.) Loeske, *Climacium dendroides* (Hedw.) F.Weber & D.Mohr und *Rhytidiadelphus squarrosus* (Hedw.) Warnst. charakterisieren (Abb. 4).

Indikatorarten für alte Streuwiesen waren v.a. Moose wie *Campylium stellatum* (Hedw.) C.E.O. Jensen und *Tomenthypnum nitens* (Hedw.) Loeske (letzteres gilt als Eiszeitrelikt), aber auch Gefäßpflanzen wie *Carex panicea* L., *Briza media* L., *Linum catharticum* L. u.a. Mittelalte Flächen sind dagegen durch Moose wie *Hylocomium splendens* (Hedw.) Schimp. und *Rhytidiadelphus squarrosus* (Hedw.) Warnst. oder Gefäßpflanzen wie *Galium mollugo* L., *Phragmites australis* (Cav.) Trin. Ex Steud., *Thalictrum aquilegifolium* L. u.a. charakterisiert.

Standörtlich zeigen sich kaum signifikante Unterschiede mit Ausnahme der Kalium-Gehalte sowie des C/N-Verhältnisses (Tab. 15). So sind die Kalium-Gehalte auf den mittelalten Flächen signifikant höher, das C/N-Verhältnis signifikant niedriger.

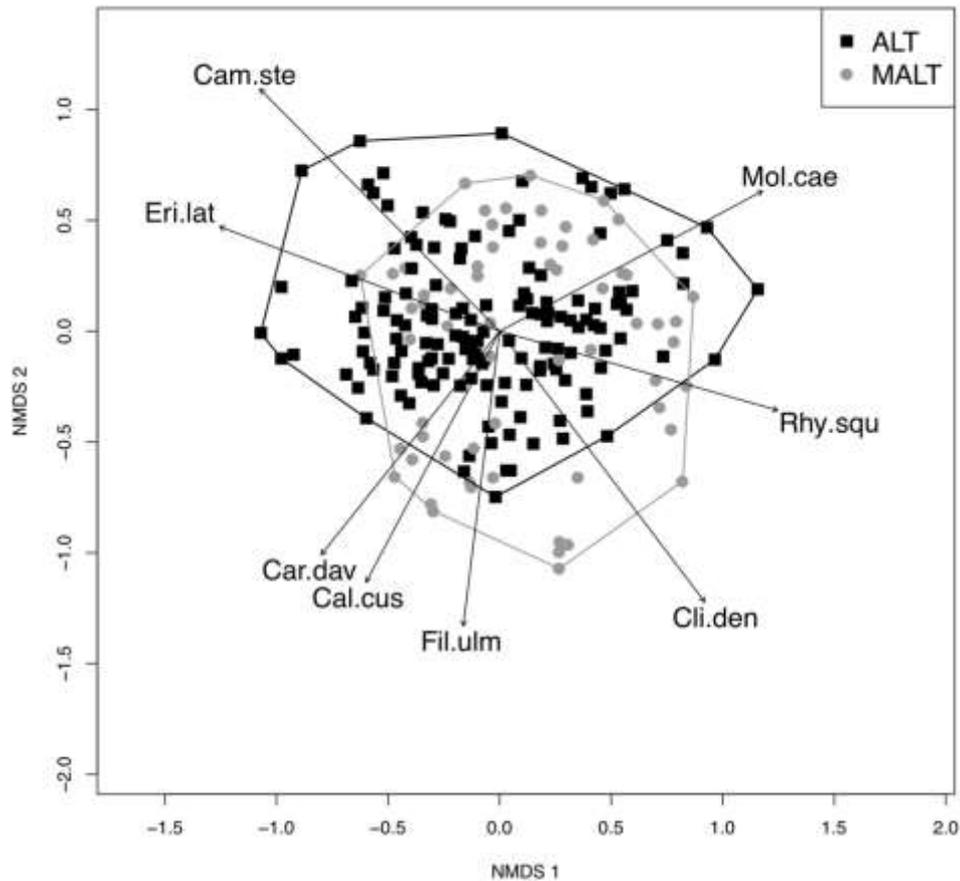


Abbildung 5: Anordnung der Vegetationsaufnahmen der Streuwiesen (ALT – historisch alte Streuwiesen, MALT, mittelalt). NMDS Ordination (Stress: 0.236).

Tabelle 15: Artenzahlen, Anteile verschiedener Pflanzengruppen (Deckungsgrade) und Bodenparameter für die 39 Streuwiesen. Die Werte wurden über die Aufnahmen der jeweiligen Alterskategorie gemittelt.

Alterskategorie	Alt	Mittelalt
n (Standorte)	28.0	12.0
n (Gefäßpflanzen)	27.8	28.2
Anteil Gräser [%]	50.5	50.2
Anteil Leguminosen [%]	1.7	1.3
Anteil Kräuter [%]	29.0	28.5
Wasserhaltekapazität Gewichtsprozent	539.1	564.5
Leitfähigkeit [$\mu\text{S}/\text{cm}$]	228.6	220.2
pH(CaCl ₂)	4.8	4.9
pH(H ₂ O)	5.1	5.2
Kaliumgehalt [mg K/kg Erde]	51.2	85.9
Phosphatgehalt [mg P/kg Erde]	23.7	30.2
C/N-Verhältnis	16.4	15.2

Insgesamt wurden 20 Streuwiesen, jeweils 10 alt und 10 mittelalt (Tab. 24) genetisch analysiert. Die Flächen ST_27 und ST_28 wurden hier als eine Untersuchungsfläche zusammengefasst. Dazu wurden Populationen der drei typischen Arten *Angelica sylvestris*, *Filipendula ulmaria* und *Succisa pratensis* auf diesen Flächen untersucht. Die mittlere genetische Diversität der untersuchten Arten (Tab. 16) entsprach der genetischen Diversität häufiger Arten (Reisch & Bernhardt-Römermann 2014). Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen ist mit 4 % (*A. sylvestris*), 8 % (*F. ulmaria*) und 5 % (*S. pratensis*) als gering anzusehen. Die innerartliche genetische Variation hingegen ist dagegen hoch. Zwischen alten und mittelalten Populationen war keine genetische Differenzierung feststellbar (Tab. 17). Ein Mantel-Test zeigte keinen Zusammenhang der geographischen Distanz mit der genetischen Distanz der Populationen. Daher ist von einer guten Vernetzung der untersuchten Populationen durch Genfluss auszugehen.

Tabelle 16: Anzahl der analysierten Individuen (N), genetische Diversität nach Nei (H), Shannon Index (SI), Anzahl polymorpher Loci (PL), Prozentsatz polymorpher Loci (PPL [%]) und Anzahl seltener Allele (DW) von *A. sylvestris*, *F. ulmaria* und *S. pratensis*.

Arten	Alter	N	H	± SE	SI	± SE	PL	PPL [%]	± SE	DW	± SE
<i>A. sylvestris</i>	Mittelwert	306	0.22	0.01	0.32	0.02	90.95	59.44	3.86	6.79	0.08
	Alt	159	0.21	0.01	0.32	0.02	91.10	59.54	4.13	6.79	0.06
	Jung	147	0.22	0.02	0.32	0.02	90.78	59.33	3.52	6.79	0.10
<i>F. ulmaria</i>	Mittelwert	319	0.22	0.00	0.32	0.01	117.20	63.10	0.87	8.35	0.01
	Alt	175	0.22	0.01	0.33	0.01	116.44	62.94	0.95	8.28	0.06
	Jung	144	0.21	0.01	0.32	0.01	117.82	63.23	1.37	8.43	0.06
<i>S. pratensis</i>	Mittelwert	272	0.21	0.02	0.31	0.03	83.59	53.93	4.42	8.00	0.02
	Alt	160	0.21	0.01	0.31	0.01	84.10	54.26	1.36	7.99	0.02
	Jung	112	0.21	0.01	0.31	0.01	82.86	53.46	1.85	8.02	0.04
Alle Arten	Mittelwert	299	0.22	0.01	0.32	0.02	97.25	58.82	3.05	7.71	0.04
	Alt	165	0.21	0.01	0.32	0.01	97.21	58.91	2.15	7.69	0.05
	Jung	134	0.21	0.01	0.32	0.01	97.15	58.67	2.25	7.75	0.07

Tabelle 17: Genetische Variation pro Art und Alterskategorie, zwischen und innerhalb der Populationen, berechnet mit Hilfe einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) (df: Freiheitsgrade, SS: Quadratsumme, MS: quadratischer Mittelwert, Est. Var.: geschätzte Varianz, %: genetische Differenzierung. Signifikanzlevels basieren 999 Wiederholungen und werden mit drei Sternen dargestellt ($p < 0.001$)).

Arten	AMOVA	df	SS	MS	Est. Var.	%	Φ_{PT}
<i>A. sylvestris</i>	Zwischen den Alterskategorien	1	19.26	19.26	0.00	0	0.039 ***
	Zwischen den Populationen	17	463.78	27.28	0.70	4	
	Innerhalb der Populationen	287	4594.66	16.01	16.01	96	
<i>F. ulmaria</i>	Zwischen den Alterskategorien	1	53.73	53.73	0.04	0	0.077 ***
	Zwischen den Populationen	18	866.09	48.12	1.71	8	
	Innerhalb der Populationen	299	6242.00	20.88	20.88	92	
<i>S. pratensis</i>	Zwischen den Alterskategorien	1	26.26	26.27	0.00	0	0.053 ***
	Zwischen den Populationen	15	393.22	26.21	0.77	5	
	Innerhalb der Populationen	255	3959.298	13.88	13.88	95	

2.2 Anthrakologische Untersuchungen

Für die Aufarbeitung der Nutzungsgeschichte wurden Holzkohlefragmente bestimmt, um mittels der historischen Zusammensetzung der Gehölze und deren ökologische Nische, den Grad an Offenheit der betreffenden Flurstücke festzustellen und auch den Einfluss von Feuer zu ermitteln. Auf fast allen Grünlandflächen konnte Holzkohle gefunden werden, meist in großer Anzahl, was auf ein oder mehrere Brandereignisse zurückzuführen ist (Tab. 18). Bei den Kalkmagerrasen war auf zwei Standorten mit dieser Methode keine Brandpflege festzustellen, bei den feuchten Futterwiesen in sieben Fällen. Brennen war also ein häufiges Ereignis und sicherlich nicht nur natürlichen Ursprungs, sondern eine gängige Landnutzungspraxis. Einen Unterschied im Anteil an Holzkohle je Liter Bodenvolumen hinsichtlich der Altersklassen konnte für Magerrasen nicht festgestellt werden. Für Glatthaferwiesen fand sich in alten Beständen mit 6,2 Fragmenten pro Liter Bodenvolumen tendenziell mehr Holzkohle als in mittelalten oder jungen (jeweils 1,7 Frag/L), oder für junge mit Zwischennutzung (2,7 Frag/L). In den feuchten Futterwiesen war die Anzahl an Fragmenten mit 12,4 Holzkohlen pro Liter in den mittelalten Wiesen am höchsten.

Insgesamt konnten für die Magerrasen 1848 Holzkohlefragmente extrahiert werden. Davon entfallen über 800 Holzkohlestücke auf eine Probe aus der Fläche KM_40, dabei handelt es sich vermutlich um eine Feuerstelle. Von 223 bestimmten Fragmenten, traten vor allem die Offenlandarten *Juniperus communis* L.s.l., *Pinus sylvestris* L., *Quercus* spec. und diverse *Prunus*-Arten dominant auf. Trotzdem wurde die zur Keimung und Etablierung schattenbedürftige Buche (*Fagus sylvatica* L.) auf fast der Hälfte der Kalkmagerrasen nachgewiesen und machte im Gesamtartenspektrum fast 35 % aus. In den letzten Jahrhunderten war die Offenheit der Magerrasen also durchaus von temporärer Sukzession oder Bewaldung unterbrochen. Da einzelne Buchen oft als Weidbäume oder Überständerbäume auf den Wiesen belassen wurden, um den Weidetieren Schutz zu bieten, kann das Sukzessionsereignis bereits weiter zurückliegen. In den Glatthaferwiesen waren sogar 36 % der bestimmten Fragmente der Buche zuzuordnen, hier spielten die Bewaldung oder fortgeschrittene Sukzessionsstadien ebenfalls eine wichtige Rolle. Neben der Buche trat die Eiche (*Quercus* spec.) mit 7 % noch relativ häufig auf.

In den feuchten Futterwiesen wurden 159 Holzkohlestücke bestimmt, wobei 46 % alleine auf die Tanne (*Abies alba* Mill.) entfielen, gefolgt von Fichte/Lärche mit 12 % (*Picea abies* (L.) H. Karst. und *Larix* spec. sind anatomisch nicht zu unterscheiden). An feuchten Standorten ist deshalb davon auszugehen, dass bei Sukzession die Nadelgehölze eine wichtige Rolle einnahmen und die Ausbildung von Moornadelwäldern häufiger anzutreffen war als Erlenbruchwälder oder Weidenbestände.

Tabelle 18: Auswertung der extrahierten Holzkohlefragmente in Bodenproben verschiedener Grünlandtypen. Für die feuchten Futterwiesen wurde keine Bodenprobe am Federsee entnommen, da es sich um ein Bodendenkmal mit historischen Siedlungsresten handelt. MW – Mittelwert des Gewichts der Holzkohlepartikel.

Grünlandtyp	Kalkmagerrasen	Glatthaferwiesen	Feuchte Futterwiesen
Anzahl Bodenproben	Mind. 4	3	Mind. 1
Anzahl Holzkohle	1506	> 2000	799
MW Holzkohle [mg]	24	44	52
Standorte gesamt	44	-	38
Davon mit Holzkohle	42	-	31
Ohne Holzkohle	2	-	7

Zur Feststellung des Zeitpunktes, an dem bereits eine Nutzung oder ein Brand(rodungs)ereignis (s.o.) stattfand, wurden für alte Magerrasen, Glatthaferwiesen und feuchte Futterwiesen Holzkohlereste von Offenlandzeigern (*Juniperus communis*, *Pinus sylvestris*, *Quercus robur*, *Ligustrum vulgare* L., *Fraxinus excelsior* L. und *Betula spec.*) zur Radiokarbondatierung eingeschickt. In einigen Fällen wurden für Glatthaferwiesen auch Holzkohlereste von *Fagus sylvatica* und für feuchte Futterwiesen von *Abies alba* datiert.

Die Ergebnisse zeigten, dass sich die untersuchten Kalkmagerrasen bis in die Eisenzeit zurückverfolgen ließen (Pfullinger Berg 2475 Jahren) und die feuchten Futterwiesen sogar bis in die Bronzezeit (Gaishauer Ried mit 3750 Jahren). Holzkohlefragmente der Glatthaferwiesen ließen sich hingegen maximal in das frühe Mittelalter datieren und zeigen damit die deutlich jüngere Geschichte dieses Grünlandtyps auf.

KAPITEL 3: WÄHREND DER PROJEKTLAUFZEIT DURCHGEFÜHRTE FACHGESPRÄCHE

3.1 Öffentlichkeitsarbeit

Das Projekt wurde durch Prof. Dr. Poschlod und Prof. Dr. Reisch in die Lehre an der Universität Regensburg, Fachrichtung Biologie eingebunden und wurde in den Vorlesungen „Naturschutz“, „Vegetationsgeschichte und Geschichte der Kulturlandschaft“, „Vegetationsökologie der anthropogenen Lebensräume“ und „Molekulare Ökologie und Naturschutzgenetik“, sowie in den Projektpraktika „Ökologie und Naturschutz“, „Naturschutz“ und „Naturschutzgenetik“ vorgestellt. Prof. Peter Poschlod stellte Aspekte des Projektes im Rahmen von zahlreichen Vorträgen auf Veranstaltungen vor.

Außerdem wurde das Projekt mit Postern vom 23. bis 25. Februar 2017 auf dem Fachsymposium “Schutz bedrohter Pflanzenarten in Mitteleuropa: Genetische Grundlagen und Naturschutzpraxis” in Berlin, sowie vom 11. bis 15. Dezember 2017 auf der gemeinsamen Konferenz der British Ecological Society, Gesellschaft für Ökologie, Necov und der European Ecological Federation “Ecology Across Borders” in Ghent, Belgien präsentiert. Das Projekt wurde außerdem vom 04. bis 08. Juni 2018 durch ein Poster auf der 15th Eurasian Grassland Conference in Sulmona, Italien sowie dem 49th Annual Meeting of the Ecological Society of Germany, Austria and Switzerland (GfÖ) vorgestellt. Darüber hinaus wurde das Projekt auch auf der 48. Jahrestagung der Gesellschaft für Ökologie vom 10. bis 14. September 2018 in Vorträgen präsentiert. In der Sektion Bichishausen des Schwäbischen Albvereins fand eine öffentliche Projektvorstellung der Kalkmagerrasen Ende April 2019 durch Cornelia Straubinger statt. Ellen Pagel und Theresa Lehmailr stellten weitere Projektergebnisse auf der 32nd Conference of the Specialist Group Plant Population Biology of the Ecological Society of Germany, Austria and Switzerland (GfÖ) vom 23. bis 25. Mai 2019 sowie auf dem 49th Annual Meeting of the Ecological Society of Germany, Austria and Switzerland (GfÖ) vor. Außerdem wurde eine Webseite auf der Homepage des Lehrstuhls erstellt, in der über das Projekt informiert wird. Diese kann unter folgendem Link eingesehen werden:

<http://www.uni-regensburg.de/biologie-vorklinische-medizin/botanik/gruenland-projekt/index.html>

3.2 PAG und Abschlussveranstaltung

Ab 2016 wurde in jedem Projektjahr ein Treffen der Projektbegleitenden Arbeitsgruppe durchgeführt, entweder in den Räumen des BLE in Bonn oder auf der Schwäbischen Alb. Die Abschlussveranstaltung des Projektes wurde am 7. und 8. Mai 2019 im Biosphärenzentrum durchgeführt und beinhaltete neben Vorträgen und Diskussionen auch eine Bereisung ausgewählter Untersuchungsflächen. Zur Abschlussveranstaltung wurden neben den regulären PAG Teilnehmern auch Vertreter aus Landwirtschaft und Naturschutzpraxis eingeladen.

KAPITEL 4: FAZIT

Die Aufarbeitung historischer Karten, kombiniert mit einer anschließenden Flächenbegehung, eignet sich sehr gut für die Rekonstruktion der jüngeren Nutzungsgeschichte und somit für die Identifikation historisch alten Grünlands. Ergänzend erlaubt die Datierung von Holzkohlefragmenten aus dem Boden die Nutzungsgeschichte noch weiter in die Vergangenheit zurückzuverfolgen (z.B. Eisenzeit). Obwohl „absolute“ Indikatorarten zur Identifikation historisch alten Grünlands auf überregionaler Ebene fehlen, sollte dennoch die Vegetationszusammensetzung und –struktur bei der Identifikation historisch alten Grünlands berücksichtigt werden. Genetische Analysen zeigten keine Unterschiede zwischen Populationen auf historisch alten und jungen Flächen hinsichtlich ihrer genetischen Diversität oder Differenzierung und sind daher nur in seltenen Fällen tatsächlich geeignet historisch altes Grünland exakt zu identifizieren.

LITERATUR

- Chytrý, M., Tichý, L., Holt, J., & Botta-Dukát, Z. (2002) Determination of diagnostic species with statistical fidelity measures. *Journal of Vegetation Science*, 13 (1), 79-90.
- Ellenberg H. (1996) *Vegetation Mitteleuropas mit den Alpen*. 5. Edition, Ulmer. Stuttgart.
- ENSCONET (2009) *ENSCONET Seed Collecting Manual for Wild Plants*.
- Grosser, D. (1977) *Die Hölzer Mitteleuropas. Ein mikrophotographischer Lehratlas*. Springer Verlag, Berlin.
- Klapp, E. & Stählin, A. (1936), *Standorte, Pflanzengesellschaften und Leistung des Grünlandes*. Ulmer. Stuttgart.
- Kraus, J., Klein, A.M., Steffan-Dewenter, I. & Tschardt, T. (2004) Effects of habitat area, isolation, and landscape diversity on plant species richness of calcareous grasslands. *Biodiversity and Conservation*, 13, 1427–1439.
- Leipold, M., Tausch, S., Reisch, C. & Poschlod, P. (2019), *Genbank für Wildpflanzen-Saatgut. Bayern Arche zum Erhalt der floristischen Artenvielfalt. UmweltSpezial*. Augsburg: Bayerisches Landesamt für Umwelt.
- Nelle, O., Dreibrodt, S. & Dannath, Y. (2010) Combining pollen and charcoal: evaluating Holocene vegetation composition and dynamics. *Journal of Archaeological Science*, 37 (9), 2126–2135.
- Poschlod, P. & Baumann, A. (2010) The historical dynamics of calcareous grasslands in the Central and Southern Franconian jurassic mountains – a comparative pedoanthracological and pollen analytical study. *The Holocene*, 20, 13-23.
- Poschlod, P., Borgmann, P., Listl, D., Reisch, C. & Zachgo, S. (2014) *Handbuch Genbank WEL*. Verlag der Regensburgischen Botanischen Gesellschaft.
- Reichert, G. & Wilmanns, O. (1973) *Vegetationsgeographie*. Westermann. Braunschweig.
- Reisch, C. (2007) Genetic structure of *Saxifraga tridactylites* (Saxifragaceae) from natural and man-made habitats. *Conservation Genetics*, 8(4), 893–902.
- Reisch, C. & Bernhardt-Römermann, M. (2014) The impact of study design and life history traits on genetic variation of plants determined with AFLPs. *Plant Ecology*, 215, 1493-1511.
- Robin, V., Nelle, O., Talon, B., Poschlod, P., Schwartz, D., Bal, M.-C., Allée, P., Vernet, J.-L. & Dutoit, T. (2018) A comparative review of soil charcoal data: spatio-temporal patterns of origin and long-term dynamics of Western European nutrient poor grasslands. *The Holocene*, 28, 1313-1324.
- Schoch, W., Heller, I., Schweingruber, F. H. & Kienast, F. (2004) *Wood anatomy of central European Species*. Online verfügbar: www.woodanatomy.ch (Letzter Zugriff: Dezember 2015).
- Schweingruber, F. H. (1990) *Anatomy of European woods*. Kessel. Remagen-Oberwinter.

- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., van de Lee, T., Hornes, M., Friters, A., Pot, J., Paleman, J., Kuiper, M. & Zabeau, M. (1995) AFLP: A New Technique for DNA Fingerprinting. *Nucleic Acids Research*, 23(21), 4407–14.
- Wettstein, W. & Schmid, B. (1999) Conservation of arthropod diversity in montane wetlands: Effect of altitude, habitat quality and habitat fragmentation on butterflies and grasshoppers. *Journal of Applied Ecology*, 36, 363–373.

KARTENWERKE

- Kohler, K. (1858) Die Landesvermessung des Königreichs Württemberg in wissenschaftlicher, technischer und geschichtlicher Beziehung: Cotta. Online verfügbar: <https://www2.landesarchiv-bw.de/ofs21/olf/startbild.php?bestand=50259> (Letzter Zugriff: März 2019).
- Landesarchiv Baden-Württemberg, Gemarkungspläne Hohenzollern, 1875 (1:10,000), <http://www.landesarchiv-bw.de> (Letzter Zugriff: März 2019).
- Landesarchiv Baden-Württemberg. Flurkarten des Königreichs Baden (1:1500), <http://www.landesarchiv-bw.de> (Letzter Zugriff: März 2019).
- Ritz, M (2016) Landkartenarchiv. Meßtischblätter 1:25.000 (1868 - 1945). Online verfügbar: http://www.landkartenarchiv.de/deutschland_messtischblaetter_6.php (Letzter Zugriff Dezember 2016).
- LUBW (2015a) Biotopkartierung nach § 32 NatSchG und § 30a LWaldG. Online verfügbar: <http://udo.lubw.baden-wuerttemberg.de> (Letzter Zugriff: Dezember 2015).
- LUBW (2015b) FFH-Mähwiesen. Online verfügbar: <http://udo.lubw.baden-wuerttemberg.de> (Letzter Zugriff: Dezember 2015).
- SLUB (Sächsische Landesbibliothek – Staats- und Universitätsbibliothek Dresden; 2016) Topographische Karten (Meßtischblätter) Deutschland 1:25000 1870-1943. Online verfügbar: <http://www.deutschefotothek.de/cms/kartenforum-sachsen-messtischblaetter.xml> (Letzter Zugriff Dezember 2016).

ANHANG

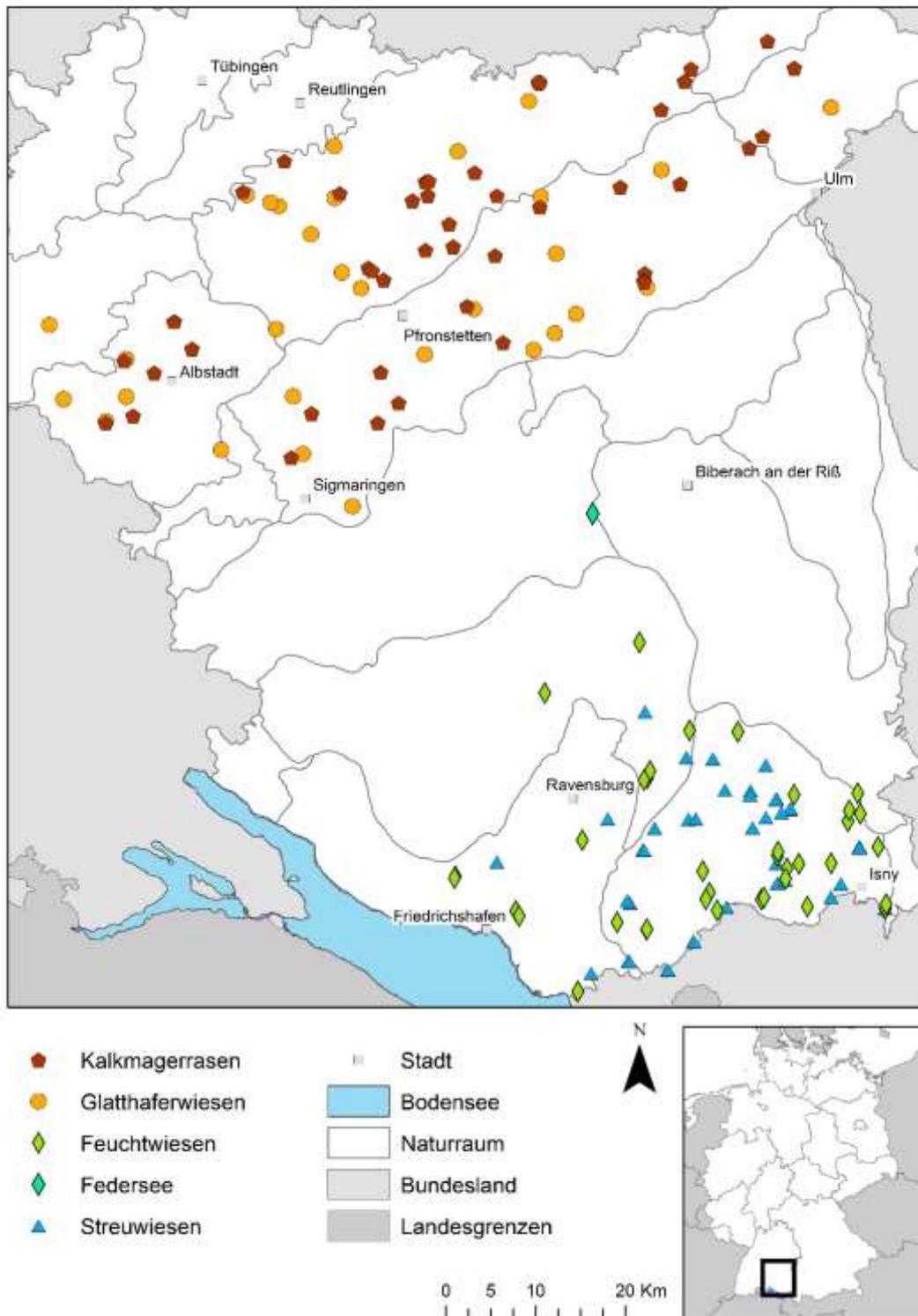


Abbildung 6: Geographische Verteilung aller Untersuchungsflächen der vier Lebensräume im Regierungsbezirk Tübingen.

Tabelle 19: Liste der 44 Kalkmagerrasen auf der Schwäbischen Alb, die vegetationsökologisch (V) sowie genetisch (G) bearbeitet wurden. Mit (*) sind Flächen mit zwischenzeitlicher Grünlandnutzung markiert. NSG – Naturschutzgebiete.

ID	Alterskategorie	Landkreis	Naturraum	NSG	V	G
KM_01	Mittelalt	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Kuppenalb	x	x	x
KM_02	Alt	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Flächenalb	x	x	
KM_03	Alt	Reutlingen	Mittlere Flächenalb		x	x
KM_04	Alt	Zollernalbkreis	Hohe Schwabenalb		x	x
KM_05	Mitteljung	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Flächenalb		x	
KM_06	Jung	Zollernalbkreis	Hohe Schwabenalb		x	x
KM_07	Alt	Alb-Donau-Kreis	Lonetal-Flächenalb		x	
KM_08	Alt	Reutlingen	Mittlere Flächenalb	x	x	x
KM_09	Alt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	
KM_10	Alt	Tübingen, Landkreis	Mittlere Kuppenalb	x	x	
KM_11	Alt	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Kuppenalb	x	x	x
KM_12	Alt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb	x	x	
KM_14	Alt	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Flächenalb	x	x	
KM_15	Jung	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb	x	x	
KM_16	Mittelalt	Reutlingen	Mittlere Flächenalb	x	x	
KM_17	Alt	Zollernalbkreis	Hohe Schwabenalb		x	x
KM_18	Alt	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Kuppenalb	x	x	
KM_19	Alt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	x
KM_20A	Mitteljung	Zollernalbkreis	Hohe Schwabenalb	x	x	
KM_20B	Mittelalt	Zollernalbkreis	Hohe Schwabenalb	x	x	
KM_22	Jung *	Biberach	Mittlere Flächenalb		x	
KM_23	Jung	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	x
KM_24	Mittelalt	Sigmaringen	Mittlere Flächenalb		x	
KM_25	Mittelalt	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Flächenalb		x	x
KM_26	Jung	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	
KM_27	Mittelalt	Biberach	Mittlere Flächenalb	x	x	
KM_28	Alt	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Flächenalb	x	x	x
KM_29	Alt	Alb-Donau-Kreis	Albuch und Härtsfeld	x	x	x
KM_30	Alt	Zollernalbkreis	Hohe Schwabenalb	x	x	x
KM_33A	Mittelalt	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Flächenalb	x	x	x
KM_33B	Jung	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Flächenalb	x	x	
KM_34	Mittelalt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	
KM_35	Mittelalt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb	x	x	x
KM_37	Mitteljung	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	
KM_38	Alt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb	x	x	
KM_39	Jung	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb	x	x	x
KM_40	Alt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	x
KM_41	Mittelalt	Sigmaringen	Mittlere Flächenalb		x	
KM_42	Mittelalt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb	x	x	x
KM_43	Alt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb	x	x	
KM_44	Alt	Biberach	Mittlere Flächenalb		x	
KM_45	Jung	Zollernalbkreis	Hohe Schwabenalb		x	x
KM_46	Mittelalt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb	x	x	
KM_47	Jung	Alb-Donau-Kreis	Lonetal-Flächenalb		x	

Tabelle 20: Liste der 31 Glatthaferwiesen auf der Schwäbischen Alb, für die vegetationsökologische Arbeiten (V), sowie genetische Analysen (G) durchgeführt wurden. Mit (*) sind Flächen mit zwischenzeitlicher Grünlandnutzung markiert. NSG – Naturschutzgebiete.

ID	Alterskategorie	Landkreis	Naturraum	NSG	V	G
GL_03	Jung	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	x
GL_04	Alt	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Flächenalb		x	x
GL_05	Jung *	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	
GL_07	Jung	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Flächenalb	x	x	
GL_08	Jung *	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	
GL_10	Jung	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	x
GL_12	Alt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb	x	x	x
GL_13	Mittelalt	Reutlingen	Mittlere Flächenalb	x	x	
GL_14	Jung *	Zollernalbkreis	Hohe Schwabenalb	x	x	
GL_17	Alt	Zollernalbkreis	Vorland der westlichen Schwäbischen Alb	x	x	x
GL_18	Jung *	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb	x	x	
GL_20	Jung	Alb-Donau-Kreis	Lonetal-Flächenalb		x	
GL_21	Jung	Sigmaringen	Mittlere Flächenalb		x	x
GL_23	Jung	Zollernalbkreis	Hohe Schwabenalb	x	x	x
GL_24	Mittelalt	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Flächenalb	x	x	
GL_26	Alt	Zollernalbkreis	Hohe Schwabenalb		x	x
GL_28	Jung	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Flächenalb		x	x
GL_29	Jung	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	x
GL_30	Mittelalt	Sigmaringen	Mittlere Flächenalb		x	
GL_32	Alt	Sigmaringen	Mittlere Kuppenalb		x	x
GL_34	Alt	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Flächenalb	x	x	x
GL_35	Alt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	x
GL_37	Alt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	
GL_38	Jung *	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	
GL_39	Alt	Zollernalbkreis	Hohe Schwabenalb	x	x	x
GL_41	Jung	Sigmaringen	Mittlere Flächenalb		x	x
GL_43	Jung	Sigmaringen	Baaralb und Oberes Donautal		x	x
GL_44	Jung	Reutlingen	Mittlere Flächenalb		x	x
GL_45	Alt	Reutlingen	Mittlere Flächenalb		x	x
GL_47	Alt	Reutlingen	Mittlere Kuppenalb		x	x
GL_49	Jung	Alb-Donau-Kreis	Mittlere Flächenalb		x	x

Tabelle 21: Übersicht bearbeiteter IPK-Flächen („Oetmann-Projekt“) und Anzahl der entnommenen Proben von *L. perenne*.

GR-Nummer	Pop-Nr.	Probenzahl	Sammeldatum	Landkreis
GR 5097	28	20	18.08.2016	Oberallgäu
GR 5105	74	20	18.08.2016	Oberallgäu
GR 5106	76	20	24.07.2017	Weilheim-Schongau
GR 5107	77	20	17.08.2016	Oberallgäu
GR 5108	79	20	17.08.2016	Kempton

Tabelle 22: Tabelle der 38 feuchten Futterwiesen im baden-württembergischen Allgäu, die vegetationsökologisch (V) sowie genetisch (G) bearbeitet wurden. Zusätzlich wurde noch die Fläche FW_Feder_03 in die Auswertung miteinbezogen (Tab. 23).
NSG – Naturschutzgebiete.

ID	Alterskategorie	Landkreis	Naturraum	NSG	V	G
FW_01	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
FW_02	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	x
FW_03	Jung	Ravensburg	Oberschwäbisches Hügelland		x	
FW_05	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
FW_06	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
FW_07	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
FW_08	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
FW_09	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
FW_10	Alt	Ravensburg	Oberschwäbisches Hügelland	x	x	x
FW_11	Alt	Ravensburg	Bodenseebecken	x	x	x
FW_13	Alt	Bodenseekreis	Westallgäuer Hügelland		x	x
FW_14A	Alt	Bodenseekreis	Bodenseebecken	x	x	
FW_14B	Mittelalt	Bodenseekreis	Westallgäuer Hügelland	x	x	
FW_15	Mitteljung	Bodenseekreis	Bodenseebecken		x	
FW_16	Mittelalt	Bodenseekreis	Bodenseebecken		x	
FW_17	Alt	Bodenseekreis	Bodenseebecken		x	
FW_18A	Alt	Bodenseekreis	Bodenseebecken	x	x	
FW_18B	Alt	Bodenseekreis	Bodenseebecken	x	x	
FW_20	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
FW_21	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
FW_22	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	x
FW_23	Mittelalt	Ravensburg	Oberschwäbisches Hügelland		x	
FW_24	Mittelalt	Ravensburg	Oberschwäbisches Hügelland	x	x	
FW_25	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
FW_26	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
FW_27	Jung	Ravensburg	Oberschwäbisches Hügelland		x	
FW_28	Alt	Ravensburg	Oberschwäbisches Hügelland	x	x	
FW_29	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
FW_30	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
FW_31	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
FW_32	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
FW_33	Mitteljung	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
FW_34	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
FW_35	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
FW_36	Mitteljung	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
FW_37	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
FW_38	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
FW_39	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	

Tabelle 23: Auflistung der 21 Untersuchungsflächen im Naturschutzgebiet Federsee (Landkreis Biberach, Naturraum Donau-Ablach-Platten). Die Alterskategorien beziehen sich auf Flächen, die vor der Seefällung von 1787 als Grünland genutzt werden konnten (Alt) und solchen, die erst nach der Seefällung als Wiese oder Weide entstanden (Jung).

ID	Alterskategorie
FW_Feder_01	Jung
FW_Feder_02	Jung
FW_Feder_03	Alt
FW_Feder_04	Jung
FW_Feder_05	Alt
FW_Feder_06	Jung
FW_Feder_07	Alt
FW_Feder_08	Alt
FW_Feder_09	Alt
FW_Feder_10	Jung
FW_Feder_12	Jung
FW_Feder_13	Alt
FW_Feder_14	Jung
FW_Feder_15	Jung
FW_Feder_16	Alt
FW_Feder_17	Jung
FW_Feder_18	Alt
FW_Feder_19	Jung
FW_Feder_20	Alt
FW_Feder_21	Jung
FW_Feder_22	Alt

Tabelle 24: Tabelle der 39 Streuwiesen im baden-württembergischen Allgäu, die vegetationsökologisch (V) sowie genetisch (G) bearbeitet wurden. NSG – Naturschutzgebiete.

ID	Alterskategorie	Landkreis	Naturraum	NSG	V	G
ST_01	Alt	Bodenseekreis	Bodenseebecken		x	
ST_02	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	x
ST_03	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	x
ST_04	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	x
ST_05	Mittelalt	Bodenseekreis	Westallgäuer Hügelland	x	x	x
ST_06	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	x
ST_07	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
ST_08	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
ST_09	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	x
ST_10A	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
ST_10B	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
ST_11	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
ST_12	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
ST_13	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	x
ST_14	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	x
ST_15	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	x
ST_17	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	x
ST_18	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
ST_19	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	x
ST_21	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
ST_22	Alt	Ravensburg	Adelegg	x	x	x
ST_23	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
ST_24	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
ST_25	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
ST_26	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	x
ST_27	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	x
ST_28	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	x
ST_29	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	x
ST_30	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
ST_31	Mittelalt	Ravensburg	Oberschwäbisches Hügelland	x	x	x
ST_32	Alt	Bodenseekreis	Westallgäuer Hügelland	x	x	x
ST_33	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	x
ST_34	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	
ST_35	Mittelalt	Bodenseekreis	Westallgäuer Hügelland		x	
ST_36	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
ST_37	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
ST_39	Alt	Ravensburg	Oberschwäbisches Hügelland		x	x
ST_40	Alt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland		x	
ST_41	Mittelalt	Ravensburg	Westallgäuer Hügelland	x	x	x

Tabelle 25: Auflistung der Standorte an denen Saatgut entnommen wurde mit Angabe welche Arten auf welchen Flächen gefunden wurden. KM = Kalkmagerrasen, GL = Glatthaferwiese, FW = feuchte Futterwiese. Standorte mit mehr als einer Akzession pro Art sind mit einem * markiert.

Lebensraum	Name	<i>Dac glo</i>	<i>Fes ovi</i>	<i>Fes pra</i>	<i>Fes rub</i>	<i>Lol per</i>	<i>Phl pra</i>	<i>Poa pra</i>	<i>Poa tri</i>	<i>Tri pra</i>	<i>Tri rep</i>
KM	KM_02		x					x*		x*	x
KM	KM_03		x*							x	x
KM	KM_04		x	x						x	x
KM	KM_12		x							x	x
KM	KM_24	x*	x					x*		x	
GL	GL_04	x						x		x	
GL	GL_10	x						x	x	x*	
GL	GL_17	x				x	x	x	x	x*	
GL	GL_26	x				x		x	x	x*	
GL	GL_34	x				x		x	x	x*	
FW	FW_Feder_3	x		x*	x*			x*	x*		
FW	FW_02				x*			x*	x		
FW	FW_08	x		x*	x		x*	x	x	x*	
FW	FW_11	x					x	x	x	x	
FW	FW_13			x			x			x	