

**Leitfaden 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



Universität Regensburg



**Netzwerk Genetische
Erhaltungsgebiete
Deutschland**

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: Identifikation historisch alten Grünlands	1
1.1 Kartenanalysen	1
1.2 Holzkohleanalysen	3
1.3 Floristische Analysen.....	4
1.4 Standortkundliche Analysen	8
1.5 Genetische Analysen.....	9
Kapitel 2: Erstellung einer Gebietskulisse	12
2.1 Grünlanderhaltungsgebiete	12
2.2 Genetische Erhaltungsgebiete	15
Kapitel 3: Fazit	20
3.1 Zur Identifikation historisch alten Grünlands	20
3.2 Zur Erstellung einer Gebietskulisse.....	20
Literatur	22

TABELLEN- UND ABBILDUNGSVERZEICHNIS

Tabelle 1:	Exemplarisches Beispiel für die Festlegung von Alterskategorien zur Bestimmung der Grünlandnutzungsdauer	2
Tabelle 2:	Indikatorarten für historisch alte und junge Kalkmagerasen.....	5
Tabelle 3:	Indikatorarten für historisch alte und junge Glatthaferwiesen im Thüringer Wald, auf der Schwäbischen Alb und der Gemarkung Sonnenbühl auf der Schwäbischen Alb	6
Tabelle 4:	Indikatorarten für historisch alte und junge Feucht- und Streuwiesen in Oberschwaben.....	7
Abbildung 1:	Beispiel zur Bestimmung der Anzahl der Flächen um 95 % oder 99 % der genetischen Diversität von <i>D. glomerata</i> abzubilden.	16
Abbildung 2:	Anzahl und Auswahl der Flächen für eine Gebietskulisse genetischer Erhaltungsgebiete von <i>D. glomerata</i>	17
Abbildung 3:	Schematische Darstellung der Vorgehensweise zur Erstellung einer Gebietskulisse genetischer Erhaltungsgebiete auf Basis genetischer Analysen.	18

KAPITEL 1: IDENTIFIKATION HISTORISCH ALTEN GRÜNLANDS

1.1 Kartenanalysen

Wie sich im Verlauf des Vorhabens, das diesem Leitfaden zugrunde liegt, gezeigt hat, eignen sich historische Karten zur Identifikation historisch alten Grünlands sehr gut. Passende Karten sollten unterschiedliche Nutzungsformen klar unterscheiden (Wald, Acker, Weide, Wiese, Siedlungen, usw.) und eine eindeutige Georeferenzierung ermöglichen, um die Rekonstruktion der Nutzungsgeschichte einer heutigen Wiese oder Weide zu erlauben. Für verschiedene Zeitscheiben existieren für das untersuchte Gebiet unterschiedliche Kartenwerke, die Auskunft über die damalige Landnutzung geben können.

Für den Regierungsbezirk Tübingen entstand die erste flächendeckende Flurkartierung Anfang des 19. Jahrhunderts, während der Anfänge der Industrialisierung in Deutschland (1820 – ca. 1850). Ähnliche Kartenwerke finden sich während des gleichen Zeitraums auch für andere Regionen Deutschlands (z.B. Bayern). Für manche Bundesländer wie Niedersachsen finden sich sogar Kartenwerke aus dem 18. Jahrhundert (Bauer 1993). Zur Zeit des Deutschen Kaiserreichs, kurz vor dem ersten Weltkrieg, wurden flächendeckend Topographische Karten erstellt (1907 - 1914). Nach dem zweiten Weltkrieg wurden diese dann von den Alliierten aktualisiert (1951 - 1955). Mit Hilfe dieser drei Kartenwerke, die wichtige Zeitpunkte in der deutschen Geschichte abdecken, lässt sich die Landnutzung heutiger Grünlandbestände zurückverfolgen.

Allerdings lassen diese Kartenwerke eine kurzfristige andere/abweichende, meist ackerbauliche Nutzung nicht vollständig ausschließen. Deshalb sollte im Anschluss immer noch eine Validierung durch Geländebegehungen erfolgen (siehe auch Kap. 1.4). Bei den Geländebegehungen können eventuell vorhandene Nutzungsstrukturen wie ehemalige Ackerraine, Pflugfurchen etc. erkannt und dokumentiert werden (Morissey 2007). Diese lassen eine endgültige Schlussfolgerung des historischen Alters, zumindest für den Zeitraum seit der ersten Kartenerstellung, zu.

Eine weitere, aber aufwändigere Validierung würde eine Analyse der Bodensamenbank ermöglichen. Karlik & Poschlod (2014) konnten in Kalkmagerrasen, die in historischer

Zeit (bis vor 150 Jahren) ackerbaulich genutzt wurden, noch keimfähige Ackerwildkraut-samen nachweisen. In historisch alten, also während wenigstens der letzten 200 Jahre kontinuierlich bestehenden Kalkmagerrasen, waren dagegen niemals Ackerwildkrautar-ten in der Samenbank zu finden.

Letztendlich ließen sich basierend auf dem für das Projektgebiet vorliegendem Karten-material mehrere Alterskategorien unterscheiden (Tab. 1).

Tabelle 1: Exemplarisches Beispiel für die Festlegung von Alterskategorien zur Bestimmung der Grünlandnutzungsdauer. Diese basiert auf entsprechende Kartierungen von 1820 - 1850, 1907 - 1914 und 1951 - 1955, und des aktuellen Zustandes.

Alters-kategorie	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

Zwar lagen auch für das Untersuchungsgebiet historisch ältere Karten bzw. Illustratio-nen vor, wie die Kieser'schen Ortsansichten aus dem 18. Jahrhundert. Sie sind entweder aufgrund der nur vereinzelt Verfügbarkeit, oder auch durch eine nicht eindeutig nach-vollziehbare Lokalisierung nicht geeignet, um die Landnutzung von Grünland weiter in der Geschichte zurückzuverfolgen. Für einzelne Regionen ist es möglich detaillierte Be-schreibungen zu lokalen Begebenheiten zu finden, wie z.B. die Konold'sche Weiherkar-terierung (Konold 1987), welche eine genauere Nutzungsgeschichte von Streuwiesen auf ehemaligem Weihergrund dokumentiert. Eine Verwendung solcher Daten muss im Ein-zelfall geprüft werden, da nur eindeutig zuzuweisende und zumindest für eine Region und einen Lebensraum flächendeckend verfügbare Informationen für die Rekonstruk-tion der Nutzungsgeschichte zweckmäßig sind.

Unterschiedliche Grünlandtypen zeigen manchmal auch verschiedene historische Nut-zungsformen. Mittelalte bis junge Kalkmagerrasen oder Glatthaferwiesen gingen zum Beispiel in der Regel aus ackerbaulich genutzten Flächen hervor (siehe auch unveröff.

Ergebnisse mehrerer Abschlussarbeiten). Streuwiesen teilten sich in alte Standorte und mittelalte Standorte auf ehemaligen Weihern auf. Feuchte Futterwiesen zeigten komplexere Nutzungsgeschichten mit unterschiedlichen Vornutzungsformen (Wald, Acker, Weiher, o.ä.).

1.2 Holzkohleanalysen

Während die historischen Karten eine Rekonstruktion der jüngeren Nutzungsgeschichte über wenige Jahrhunderte hinweg erlauben, kann mit Hilfe von Holzkohlefragmenten im Boden die Nutzungsgeschichte noch wesentlich weiter in die Vergangenheit zurückverfolgt werden (Nelle *et al.* 2010, Poschod & Baumann 2010, Robin *et al.* 2018). Holzkohle lässt sich mittels anatomischer Merkmale auf Gattungs- oder Artenebene bestimmen (Grosser 1977, Schoch *et al.* 2004). Unterschiedliche Gehölzarten und die entsprechenden Gewichtsanteile der Kohle im Boden geben Hinweise auf die zurückliegende Nutzung, z.B. über das Vorkommen von Weide“ungehölzen“ oder Offenlandarten wie *Juniperus communis* L. s. str. oder *Pinus sylvestris* L. Darüber hinaus können Holzkohlefragmente mittels der C_{14} -Methode datiert und so historisch eingeordnet werden.

Um Holzkohleuntersuchungen durchzuführen, sollten Bodenproben im Gesamtvolumen von mehreren Litern entnommen werden. Diese Proben werden dann im Schlämmbecken gereinigt und die Holzkohle mit Hilfe eines 1 mm Siebs gewonnen. Eine Referenzkollektion einheimischer Gehölzarten ist für die Bestimmung der Proben sinnvoll.

Allerdings ist aufgrund des hohen Aufwandes und der Kosten für die C_{14} -Datierung eine Beprobung nur in „besonderen“ Fällen, z.B. in alten Siedlungslandschaften zu empfehlen. In diesem Projekt konnten auf diese Weise die wahrscheinlich bis dato nachweislich ältesten Grünlandstandorte in Deutschland identifiziert werden (vgl. Robin *et al.* 2018; siehe Abschlussbericht).

1.3 Floristische Analysen

Ein weiterer Ansatz, um historisch altes Grünland zu identifizieren, sind floristische Analysen. So können mittels vegetationskundlicher Untersuchungen floristische Unterschiede zwischen historisch alten und jüngeren Grünlandbeständen herausgearbeitet werden (Karlík & Poschlod 2009, 2019). Um die Vegetationszusammensetzung verschiedener Wiesen und Weiden zu vergleichen, bieten sich klassische Vegetationsaufnahmen, z.B. mit der erweiterten Skala nach Braun-Blanquet (Reichelt & Wilmanns 1973) an. Bewährt hat sich die Dokumentation von fünf Aufnahmen à 4 m² pro Fläche (Karlík & Poschlod 2009, 2019). Für Wirtschaftsgrünland wie die Glatthaferwiesen sollten aufgrund der etwas höheren Heterogenität sechs Aufnahmen durchgeführt werden. In diesen Aufnahmen sollte die Deckung der Gefäßpflanzen, sowie der Moose und Flechten berücksichtigt werden. Moose und Flechten können zumindest in Kalkmagerrasen und Streuwiesen geeignete Indikatoren für das Habitatalter bzw. frühere Nutzungsformen sein (Simmel 2016; siehe auch Tab. 2 und 4).

Mittels multivariater Statistik, die neben der Deckung der Pflanzenarten auch Ellenberg Zeigerwerte und standortkundliche Parameter enthalten kann, sollten die Unterschiede in der Vegetationszusammensetzung zwischen Grünlandbeständen unterschiedlichen Alters ausgewertet und die beeinflussenden Faktoren ermittelt werden.

Auf Basis der Vegetationszusammensetzung sollten dann mit Hilfe der „Fidelity-Analyse“ Indikatorarten für verschieden alte Grünlandbestände bestimmt werden (Chytrý et al. 2002, Caceres et al. 2010, Karlík & Poschlod 2019).

Die Ergebnisse (siehe Abschlussbericht) zeigen, dass es keine Indikatorart gibt, die eine „absolute“ Identifikation historisch alten Grünlands auf überregionaler Ebene zulässt. Dies hat verschiedene Gründe: So unterscheiden sich die Grünlandbestände verschiedener Naturräume durch eine unterschiedliche Artenzusammensetzung. Aber auch für standortspezifische Grünlandbestände wie Kalkmagerrasen lassen sich keine Indikatorarten für historisch alte Bestände identifizieren, die über größere Räume oder innerhalb eines größeren Naturraums Gültigkeit haben (Tab. 2). Eine wesentliche Ursache dafür ist die geographische Verbreitung der entsprechenden Arten. Regional und lokal lassen sich dagegen Übereinstimmungen finden (Tab. 2).

Tabelle 2: Indikatorarten für historisch alte und junge Kalkmagerrasen (M – Moose, F – Flechten).

Indikatorarten	M- und südl. N-Europa (UK, F, CZ, DK) außer D (Karlik & Poschlod 2019)	Fränk. Alb (Karlik & Poschlod 2019)	Schwäb. Alb, RP S (Karlik & Poschlod 2009, Sim- mel 2016)	Schwäb. Alb, dieses Projekt, RP TÜ
Hist. alte Kalkmagerrasen				
<i>Filipendula vulgaris</i>	X			
<i>Thymus praecox</i>	X	X		
<i>Carex caryophyllea</i>	X	X	X	
<i>Hippocrepis comosa</i>	X	X	X	
<i>Asperula cynanchica</i>	X	X		X
<i>Helianthemum nummularium</i> s.l.	X	X		X
<i>Prunella grandiflora</i>	X	X		(MA)
<i>Carex flacca</i>	X		X	
<i>Chamaecytisus ratisbonensis</i>		X		
<i>Pulsatilla vulgaris</i>		X		
<i>Teucrium chamaedrys</i>		X		X
<i>Teucrium montanum</i>		X		X
<i>Euphorbia cyparissias</i>		X		X
<i>Sanguisorba minor</i>	(X)	X		X
P <i>Agaricus xanthoderma</i>		X		
P <i>Hygrocybe persistens</i> var. <i>persistens</i>		X		
<i>Carlina vulgaris</i>			X	
M <i>Fissidens taxifolius</i>			X	
F <i>Cladonia furcata</i> ssp. <i>subrangiformis</i>			X	
F <i>Cladonia rangiformis</i>			X	
<i>Bupthalmum salicifolium</i>			X	X
M <i>Rhytidium rugosum</i>			X	X
Hist. junge Kalkmagerrasen				
<i>Agrimonia eupatoria</i>	X		X	X
<i>Agropyron repens</i>	X			
<i>Dactylis glomerata</i>	X	X	X	X
<i>Potentilla reptans</i>	X	X		
<i>Trisetum flavescens</i>	X		X	X
<i>Vicia cracca</i>	X	X	X	
<i>Arrhenatherum elatius</i>		X	X	X
<i>Vicia hirsuta</i>		X		
<i>Vicia sativa</i>		X		
<i>Melampyrum arvense</i>		X	X	
<i>Cerastium holosteoides</i>			X	
<i>Rhinanthus alectorolophus</i>			X	X
<i>Onobrychis viciifolia</i>			X	
M <i>Rhytidiadelphus squarrosus</i>			X	
<i>Galium mollugo</i>				X
<i>Medicago x varia</i>				X

Trotzdem können sich Indikatorarten regional unterscheiden (Tab. 3). Dabei mögen die Vielfalt der bzw. Unterschiede in der Landnutzungsgeschichte – viele Glatthaferwiesen wurden ursprünglich auch im Frühjahr vor- bzw. im Herbst nachbeweidet – die Ursache sein (Kapfer 2010).

Tabelle 3: Indikatorarten für historisch alte und junge Glatthaferwiesen im Thüringer Wald, auf der Schwäbischen Alb (Regierungsbezirk Tübingen, dieses Projekt) und der Gemarkung Sonnenbühl auf der Schwäbischen Alb (Landkreis Reutlingen, Regierungsbezirk Tübingen).

Indikatorarten	Thüringer Wald (Waesch & Becker 2019)	Schwäb. Alb, dieses Projekt, RP TÜ	Schwäb. Alb, RP TÜ, Gem. Son- nenbühl
Hist. alte Glatthaferwiesen			
<i>Luzula campestris</i>	X		
<i>Potentilla erecta</i>	X		
<i>Anthoxanthum odoratum</i>	X		
<i>Plantago lanceolata</i>	X		
<i>Sanguisorba officinalis</i>	X		
<i>Rhinanthus minor</i>	X		
<i>Hieracium lachenalii</i>	X		
<i>Knautia arvensis</i>	X	X	
<i>Ajuga reptans</i>	X	X	
<i>Sanguisorba minor</i>		X	
<i>Holcus lanatus</i>		X	
<i>Lathyrus pratensis</i>		X	
<i>Galium verum</i>		X	
<i>Helianthemum nummularium</i>		X	
<i>Phyteuma orbiculare</i>		X	
<i>Ranunculus polyanthemos</i>		X	
<i>Alchemilla vulgaris</i>			X
<i>Festuca ovina</i>			X
Hist. junge Glatthaferwiesen			
<i>Agrostis capillaris</i>	X		
<i>Alopecurus pratensis</i>	X		
<i>Poa pratensis</i>	X		
<i>Cerastium holosteoides</i>	X		
<i>Rumex crispus/R. obtusifolius</i>	X		
<i>Veronica arvensis</i>		X	
<i>Bellis perennis</i>		X	
<i>Medicago x varia</i>		X	
<i>Onobrychis viciifolia</i>		X	X
<i>Salvia pratensis</i>			X
<i>Rhinanthus alectorolophus</i>			X
<i>Cynosurus cristatus</i>			X

In Feuchtwiesen konnten vergleichsweise wenige Indikatorarten für historisch alte Bestände identifiziert werden (Tab. 4). Der Hauptgrund dürfte sein, dass neben der Störung durch ackerbauliche Tätigkeiten auch starke standortkundliche Veränderungen insbesondere durch Entwässerung stattfinden. Dies gilt auch, wenn die Flächen nur aufgeforstet werden. Deshalb sind gerade historisch alte Feuchtwiesen besonders schutzwürdig! Bei Kalkmagerrasen und Glatthaferwiesen muss bei Aufforstungen der Standort nicht verändert werden, bei ackerbaulicher Nutzung findet nur eine Düngung statt. Deshalb sind Kalkmagerrasen und Glatthaferwiesen auch einfacher „wiederherzustellen“ (Drobnik & Poschlod 2012, Krickl & Poschlod 2020).

Tabelle 4: Indikatorarten für historisch alte und junge Feucht- und Streuwiesen in Oberschwaben (Regierungsbezirk Tübingen, dieses Projekt).

Indikatorarten Feuchtwiesen	Indikatorarten Streuwiesen
Hist. alte Bestände	
<i>Mentha aquatica</i>	<i>Carex panicea</i>
<i>Rhinanthus serotinus</i>	<i>Briza media</i>
	<i>Linum catharticum</i>
	<i>Parnassia palustris</i>
	M <i>Campylium stellatum</i>
	M <i>Homalothecium nitens</i>
Hist. junge Bestände	
<i>Carex brizoides</i>	<i>Galium mollugo</i>
M <i>Brachythecium rutabulum</i>	<i>Thalictrum aquilegifolium</i>
M <i>Scleropodium purum</i>	M <i>Hylocomium splendens</i>

Auch bei den Streuwiesen erlaubt eine floristische Analyse nur begrenzt Aussagen zum Habitatalter, auch wenn mit Hilfe der statistischen Verfahren Indikatorarten ausgewiesen werden konnten (Tab. 4). Ein Grund dafür dürfte sein, dass in historischen Zeiten neu entstandene Streuwiesen häufig künstlich mit Saat- und Mähgutausbringung sowie Pflanzung geeigneter Streuearten angelegt wurden (Stebler 1898, Poschlod & Fischer 2016, Poschlod 2017). Insbesondere die Mähgutausbringung war geeignet, eine hohe Vielfalt von bestehenden in neu anzulegende Streuwiesen zu übertragen (Poschlod & Biewer 2005).

Abschließend bleibt zu bemerken, dass sich in nährstoffärmeren Grünlandbeständen wie Kalkmagerrasen und Streuwiesen, aber auch Feuchtwiesen bestimmte Kryptogamen, insbesondere Moose, bei der Ansprache auch bewährt haben (Tab. 2 und 4; siehe auch Simmel 2016).

Zusammenfassend bleibt festzustellen, dass die in den Tabellen genannten Indikatorarten im Untersuchungsgebiet des Regierungspräsidiums herangezogen werden können, um eine erste Einschätzung des historischen Alters von Grünlandbeständen vorzunehmen. Da allerdings Indikatorarten historisch alter Bestände gelegentlich auch in historisch jungen Beständen vorkommen – Grünlandbestände waren noch bis in die 1960er Jahre durch traditionelle Landnutzungsformen, die den Austausch von Samen zwischen Flächen ermöglichten, vergleichsweise „eng“ verbunden (Bonn & Poschlod 1998, Poschlod & Bonn 1998) – sollten auch die Indikatorarten für historisch junges Grünland herangezogen werden, um historisch altes Grünland floristisch zu identifizieren. In historisch jungem Grünland gibt es eine vergleichsweise höhere Anzahl an Arten, die ausschließlich dort vorkommen, die allerdings keine typischen Grünlandarten sind. Auf trockenen Standorten (Kalkmagerrasen, Glatthaferwiesen) lassen sich historisch junge Bestände, gerade im Gebiet der Schwäbischen und Fränkischen Alb, mit Hilfe der ehemals in der verbesserten Dreifelderwirtschaft angebauten Futterpflanzen wie der Luzerne (*Medicago x varia*) und der Futteresparsette (*Onobrychis viciifolia* Scop.) sowie einjähriger, halbparasitischer und früher in den Ackerkulturen weitverbreiteter Arten wie dem Acker-Wachtelweizen (*Melampyrum arvense* L.) oder dem Zottigen Klappertopf (*Rhinanthus alectorolophus* agg.) eindeutig identifizieren (Tab. 2 und 3).

1.4 Standortkundliche Analysen

Neben den bereits beschriebenen Verfahren können auch verschiedene standörtliche Parameter herangezogen werden, um die Landnutzungsgeschichte von Grünlandbeständen herauszuarbeiten. Das Vorkommen von Ackerrainstufen, Steinriegeln und Feldhecken deutet auf eine frühere ackerbauliche Nutzung einer Fläche hin (siehe oben) und kann so die Alterskategorisierung aufgrund historischer Karten untermauern, reichen jedoch als alleiniges Kriterium nicht aus (siehe Kap. 1.1).

Die Untersuchung unterschiedlicher Bodenparameter kann Aufschluss über vorhergegangene Landnutzung geben und die aktuellen Standortbedingungen der Grünlandbestände charakterisieren. Dazu sollte die Wasserhaltekapazität des Bodens bestimmt werden, sowie eine Mischprobe aus fünf Einstichen der oberen 10 cm Boden entnommen werden. Diese Probe kann dann für die Messung des pH-Wertes (in Wasser und Calciumchlorid), der Leitfähigkeit sowie Bodennährstoffen (Kalium, Phosphat, Kohlenstoff und Stickstoff) nach VDLUFA (1991) -Standards verwendet werden. Zusätzlich sollte pro Aufnahme die Bodentiefe ermittelt werden.

Auf jüngeren Flächen mit vorheriger Nutzung als Acker finden sich insbesondere auf trockeneren Grünlandstandorten wie Kalkmagerrasen und Glatthaferwiesen häufig höhere Phosphatgehalte als auf Flächen mit einer langen Nutzungskontinuität als Grünland. Die Messung der Phosphatgehalte hat sich bei vergleichenden Untersuchungen von historisch altem und jungem Grünland, letzteres auf ehemals ackerbaulich genutzten Standorten, auch außerhalb des Untersuchungsgebiets bewährt (Römermann et al. 2005, Karlik & Poschlod 2019).

1.5 Genetische Analysen

Ein weiterer Ansatz zur Identifikation historischen Grünlandes können genetische Analysen sein. Um die genetische Variation zwischen historisch alten und jüngeren Grünlandflächen zu vergleichen, bietet sich die Nutzung genetischer Marker wie die Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP)-Analysen (Vos et al. 1995) an. Dabei sollten annähernd gleich viele Flächen der unterschiedlichen Alterskategorien genutzt werden, um eine statistisch stabile Auswertung zu ermöglichen. Außerdem sollten zu untersuchende Flächen mindestens einen Abstand von 1,5 km zueinander haben, um eigenständige Populationen der zu untersuchenden Art sicherzustellen. Die Auswahl der Arten sollte in mehreren Schritten erfolgen. Zunächst werden die bereits vorhandenen Vegetationsaufnahmen gesichtet und ein Set an häufig vorkommenden Arten zusammengestellt. Sehr seltene Arten mit nur wenigen Individuen pro Population sollten hier ausgeschlossen werden. Außerdem sind solche Arten zu vernachlässigen, die aufgrund meh-

rerer parallel vorkommender Ploidiestufen oder wegen störender Inhaltsstoffe die Analyse beeinträchtigen könnten. Die zu untersuchenden Arten sollten nach einer Begehung von etwa 30 % der möglichen Flächen festgelegt werden. Daher wurden als Basis für das diesem Leitfaden zugrundeliegenden Vorhaben gängige Arten in den jeweiligen Habitaten ausgewählt.

Um mindestens 90 % der genetische Diversität abzudecken (Leipold *et al.* 2018) sollten pro Population und Fläche das Blattmaterial von mindestens 16 Individuen gesammelt werden. Um das Beprobieren klonaler oder sehr nah verwandter Individuen zu vermeiden, sollten nur Individuen im Abstand von 5 m beprobt werden. Blattmaterial kann bis zur weiteren Verarbeitung über Silikagel getrocknet oder in flüssigem Stickstoff eingefroren werden.

Die Extraktion der DNA erfolgt nach dem CTAB-Protokoll von Rogers und Bendich (1994), welches von Reisch (2007) überarbeitet wurde. Die Qualität sowie Konzentration der DNA wird mit einem Spektralphotometer ermittelt, dann werden alle DNA-Proben auf eine Zielkonzentration von 7.8 ng DNA pro μl H_2O verdünnt. Die folgenden AFLP-Analysen erfolgen nach dem standardisierten Protokoll von Beckmann Coulter (Bylebyl, Poschlod & Reisch 2008), wobei die DNA Fragmente mit Hilfe eines Kapillarelektrophoresegerätes aufgetrennt werden. Die Fragmente werden anschließend im Programm Bionumerics 4.6 (Applied Maths, Kortrijk, Belgium), oder einem vergleichbaren Programm, manuell detektiert. Die daraus entstehende 0/1-Matrix bildet die Grundlage für alle weiteren statistischen Analysen.

Die genetische Diversität innerhalb der einzelnen Population wird als „Genetische Diversität“, z.B. nach Nei (H), beispielsweise im Programm PopGene 32 (Yeh *et al.* 1997), berechnet: $H = 1 - \sum(p_i)^2$ (p_i repräsentiert die Allelfrequenz). Mit Hilfe, z.B. des Programmes GenAlEx (Peakall & Smouse 2006), kann eine AMOVA (hierarchische Analyse molekularer Varianzen) berechnet werden. Die Ergebnisse dieser Analyse lassen Rückschlüsse auf die genetische Differenzierung innerhalb und zwischen den Populationen zu.

Die im Rahmen des diesem Leitfaden zugrundeliegenden Vorhabens durchgeführten genetischen Analysen zeigten allerdings keine Unterschiede zwischen Populationen auf

historisch alten und jungen Flächen hinsichtlich ihrer genetischen Diversität oder Differenzierung. Rosengren et al. (2013) postulierten, dass sich die genetische Diversität junger Flächen erhöht, sobald sie regelmäßig mit historisch alten Flächen in Austausch stehen. Zusätzlich wurde die Umwandlung zahlreicher Äcker in Grünland (junge Flächen) durch Mahdgutübertragung und/oder Einsaat gefördert (Stebler 1898, Poschlod & WallisDeVries 2002). Der dadurch entstandene Genfluss schwächt daher die Effekte unterschiedlichen Habitatalters auf die genetische Variation von Pflanzenarten im Grünland massiv ab (Vandepitte et al. 2010). Zusätzlich gilt es zu bedenken, dass Grünlandarten mit vergleichsweise großer Populationsgröße, langer Lebensdauer und zugleich langsamer intrinsischer Dynamik sehr langsam auf veränderte Umweltbedingungen reagieren (Maurer, Durka & Stöcklin 2003). Genetische Analysen sind daher nur in seltenen Fällen tatsächlich geeignet historisch altes Grünland exakt zu identifizieren.

KAPITEL 2: ERSTELLUNG EINER GEBIETSKULISSE

2.1 Grünlanderhaltungsgebiete

Historisch alte Grünlandbestände weisen mit ihren Indikatorarten eine höhere Anzahl typischer Arten für die jeweiligen Grünlandbestände auf. Diese Indikatorarten kommen dazu lokal oder regional fast ausschließlich in historisch alten Beständen vor. Deshalb sollte eine Auswahl von Grünlanderhaltungsgebieten zuallererst historisch alte Grünlandbestände umfassen, die über historisches Kartenmaterial und eine floristische und standortkundliche Analyse identifiziert werden können (siehe Kap. 1.1, 1.3 und 1.4). Für die Dokumentation des möglichen Alters wäre es wünschenswert, pedoanthrakologische Untersuchungen mit Datierungen der Holzkohle zu ergänzen. „Prähistorische“, aber auch seit dem Mittelalter bestehende Grünlandbestände haben auch einen kulturellen Wert (Kulturdenkmäler der Landbewirtschaftung; Poschlod 2017), dem sich auch die Landwirtschaft verpflichten sollte.

Unabhängig vom Alter sollten aber auch Aspekte der Artenzusammensetzung und des Artenschutzes berücksichtigt werden. Dies ist bei der Ausweisung von FFH-Gebieten bereits erfolgt. So sind heute Kalkmagerrasen (FFH-LRT 5130, 6210), Flachland- (FFH-LRT 6510) und Bergmähwiesen (FFH-LRT 6520), die beiden letzteren Glatthaferwiesen i.w.S., und auch Streuwiesen (FFH-LRT 6410) durch die FFH-Richtlinie geschützt. Artenvielfalt ist nach unseren Untersuchungen kein Kriterium, da junge Bestände in der Regel keinesfalls niedrigere Artenzahlen aufweisen, dafür aber mehr oder weniger zahlreiche, nicht-typische Grünlandarten.

Allerdings schließt der Schutz von FFH-Lebensräumen bisher nicht den Schutz von Grünlanderhaltungsgebieten mit ein. Konzepte für Grünlanderhaltungsgebiete existieren noch nicht. Zwar gibt es Konzepte zu sog. Grünlandspenderflächen, die aber historische Aspekte leider komplett ignorieren (Kirmer et al. 2012).

Wir schlagen deshalb folgendes Vorgehen vor. Die Ausweisung von Grünlanderhaltungsgebieten sollte verschiedenen Kriterien folgen. Kriterien sollten neben dem Alter, Artenzusammensetzung und dem Vorkommen bestimmter Arten (neben den Indikatorarten auch RL-Arten) sein: (1) Pflanzengeographische Unterschiede, (2) Flächengröße (Puffer

zu Flächen mit intensiver landwirtschaftlicher Nutzung), (3) Anzahl Grünlandstandorte, (4) langfristige Landnutzung, (5) Lage in FFH-Gebieten bzw. bereits erfolgte Ausweisung als NSG.

Zu 1: Im Untersuchungsgebiet (Regierungsbezirk Tübingen) innerhalb eines Grünlandtyps bestehen keine geographischen Unterschiede. Die Anwendung dieses Kriteriums wäre bei der deutschlandweiten Ausweisung von Grünlanderhaltungsgebieten sinnvoll.

Zu 2: Die Ausweisung von Grünlanderhaltungsgebieten sollte innerhalb größerer Grünlandschutzgebiete (Vorbild FFH-Gebiete bzw. Überlappung, d.h. Ausweisung innerhalb von FFH-Gebieten) erfolgen. Damit sollte ein ausreichender räumlicher Puffer zu z.B. angrenzender intensiver landwirtschaftlicher Nutzung vorhanden bzw. gewährleistet sein.

Innerhalb dieser Gebiete sollten zusätzlich Analysen zur Landnutzungsgeschichte durchgeführt werden, die dann in einer kombinierten Bewertung von historischem Alter und Artenzusammensetzung zur Ausweisung von Grünlanderhaltungsgebieten führen, welche letztendlich auch als Spenderflächen für die Neuanlage oder Wiederherstellung von Grünlandflächen dienen können. Ein Teil der in diesem Projekt untersuchten Flächen liegt bereits in FFH-Gebieten.

Zu 3: Die Lage innerhalb größerer Schutzgebiete bzw. FFH-Gebieten macht die Ausweisung mehrerer Grünlandflächen innerhalb dieses Gebietes möglich und trägt zur Vermeidung von Randeffekten bei.

Zu 4: Eine angepasste Nutzung (Kalkmagerrasen – Beweidung; Glatthaferwiesen und feuchte Futterwiesen – zweimalige Mahd; Streuwiesen – einmalige Herbstmahd) sollte langfristig gewährleistet sein. Ein Monitoring erlaubt neben der Kontrolle der Einhaltung der Landnutzungsvorgaben auch die Kontrolle der Artenzusammensetzung. In Glatthaferwiesen und den feuchten Futterwiesen sollte je nach Bedarf eine Düngung, wenn möglich mit Festmist, möglich sein.

Zu 5: Die Lage in FFH-Gebieten oder die bereits erfolgte Ausweisung als Naturschutzgebiete mindert den administrativen Aufwand für die Ausweisung als Grünland-

derhaltungsgebiet. Zudem liegen in der Regel für diese Gebiete bereits entsprechende Managementpläne vor, die eine langfristig angepasste Nutzung gewährleisten sollten.

Was die Anzahl angeht, schlagen wir ein pragmatisches Vorgehen vor. Bezieht man die Größe des Regierungsbezirkes Tübingen 8.918 km^2 auf die Größe von Deutschland mit 357.582 km^2 , so deckt es etwa 2.5% der Fläche von Deutschland ab. Wenn auf dieser Fläche jeweils drei Grünlanderhaltungsgebiete je Grünlandtyp ausgewiesen werden, wären das für ganz Deutschland mehr als 100 Gebiete. Für die Erhaltung von Ackerwildkrautbeständen werden 100 Flächen als ausreichend betrachtet (Meyer & Leuschner 2015). Mit diesem Ansatz würde die Zielkulisse von 100 Flächen erreicht bzw. überschritten. Mit dieser Zahl der Flächen – wir gehen davon aus, dass in einem Grünlanderhaltungsgebiet neben der „zentralen“ untersuchten Fläche weitere gleichwertige Grünlandflächen liegen -, dürfte auch die gesamte grünlandtypische Artenvielfalt abgedeckt sein.

Unabhängig davon sollte dort, wo mit Hilfe der Indikatorarten historisch alte und der Pedoanthrakologie historisch besonders alte Bestände (in die Bronze-, Eisen- oder Römerzeit zurückreichend) identifiziert werden können und die gleichzeitig in größeren Schutzgebieten liegen, eine Ausweisung erfolgen.

Historisch alte Streuwiesen lagen im Untersuchungsgebiet im Wesentlichen in Moorgebieten, d.h. über torfigem Untergrund. Sie sollten auf den historischen Flurkarten als „Mooswiesen“ ausgezeichnet sein. Untersuchungen der Torfmächtigkeit und der Torfzusammensetzung entlang des Torfprofils lassen das maximale Alter abschätzen. In vielen Fällen liegen Moorkarten vor, aus denen diese Informationen entnommen werden können (im Untersuchungsgebiet siehe Göttlich 1965-1980).

Im Falle unserer Pilotstudie haben sich damit drei Kalkmagerrasen, drei Glatthaferwiesen, vier feuchten Futterwiesen und vier Streuwiesen, alle in FFH-Gebieten liegend und alle bereits als Naturschutzgebiete ausgewiesen, als geeignete Grünlanderhaltungsgebiete ergeben.

2.2 Genetische Erhaltungsgebiete

Die Ausweisung genetischer Erhaltungsgebiete dient der Sicherung genetischer Vielfalt von Pflanzenarten. Diese sind oftmals von landwirtschaftlichem oder züchterischem Interesse und sind häufig so genannte Wildverwandte Kulturarten (WVK). Bisherige Konzepte für solche Arten gingen häufig über die Ausweisung von Erhaltungsgebieten auf Basis bereits existierender Naturschutzgebiete nicht hinaus (Maxted 2003; Frese 2014). In diesem Leitfaden wird daher ein Ansatz vorgestellt, der auf Basis von Daten zur genetischen Variation die Anzahl der potentiellen genetischen Erhaltungsgebiete für Grünlandarten und deren Auswahl ermöglicht.

Die im Rahmen des diesem Leitfaden zugrundeliegenden Vorhabens durchgeführten genetischen Analysen zeigten keine Unterschiede zwischen Populationen auf historisch alten und jungen Flächen hinsichtlich ihrer genetischen Diversität oder Differenzierung. Sowohl historisch alte als auch junge Flächen tragen somit gleichermaßen zur genetischen Gesamtvariation bei, weshalb das Habitatalter bei der Erstellung einer Gebietskulisse für genetische Erhaltungsgebiete zwar keine zwingende Maßnahme ist, aber eine Berücksichtigung von Flächen unterschiedlichen Alters der genetischen Gesamtvariation besser Rechnung trägt.

Um die Anzahl und Auswahl der genetischen Erhaltungsgebiete zu ermitteln, wird ein mehrstufiges Verfahren angewandt. Die Anzahl, die für eine Gebietskulisse minimal erforderlichen Flächen, ergibt sich zunächst aus der Höhe der genetischen Diversität, während die Auswahl der spezifischen Flächen auf Basis der genetischen Differenzierung zwischen den Flächen erfolgt. Beides wird mittels eines geeigneten genetischen Markers (z.B. AFLP) ermittelt.

Basierend auf der Methodik von Neel & Cummings (2003) und Whitlock *et al.* (2016) wird ermittelt, wie viele Flächen notwendig sind, um 95 % bzw. 99 % der genetischen Diversität innerhalb des geographischen Bezugsrahmens zu erhalten. Hierzu wird mittels statistischer Simulationsberechnung die genetische Diversität für verschiedene Anzahlen an Flächen berechnet (Abb. 1).

Am Beispiel von *Dactylis glomerata* wird ersichtlich, dass zwei Flächen des Untersuchungsgebietes in der Gebietskulisse enthalten sein sollten um 95 % der genetischen

Diversität abzubilden, bzw. sechs Flächen für 99 % der genetischen Diversität. Für neutrale Marker wie die AFLP-Marker ist es ratsam einen möglichst hohen Anteil an Diversität als Ziel zu setzen (z.B. 99%), um die vorhandene Bandbreite an seltenen Allelen abzudecken.

Je nach Art ergeben sich unterschiedliche Anzahlen an benötigten Flächen innerhalb des Untersuchungsgebietes für eine Gebietskulisse. Tendenziell hat sich in dem diesem Leitfaden zugrunde liegenden Vorhaben gezeigt, dass für Arten deren Populationen in stark fragmentierten Lebensräumen liegen, wie etwa Kalkmagerrasen, mehr Flächen für die Erhaltung der genetischen Variation benötigt werden.

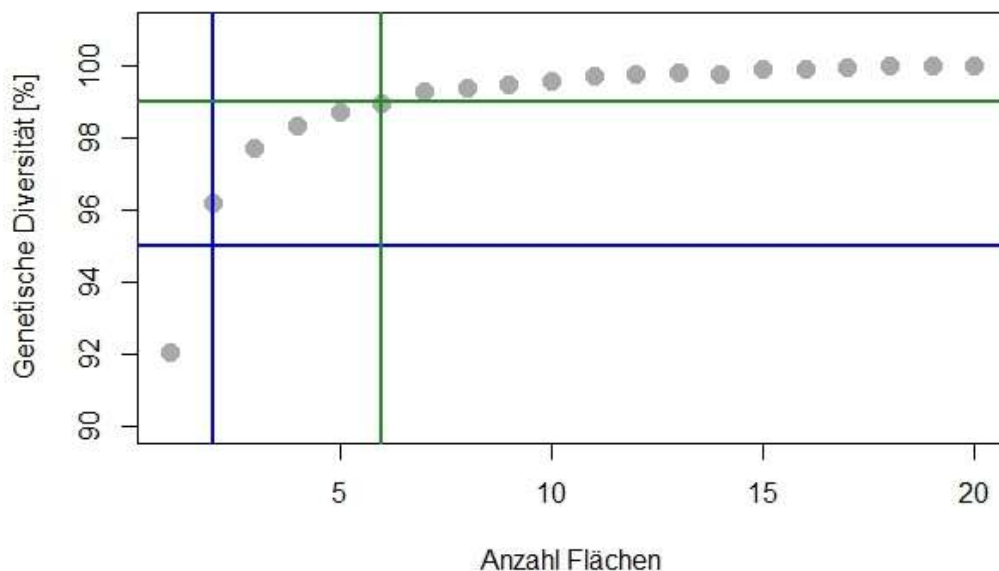


Abbildung 1: Beispiel zur Bestimmung der Anzahl der Flächen um 95 % (blau) oder 99 % (grün) der genetischen Diversität von *D. glomerata* abzubilden.

Die exakte Auswahl der Flächen aus dem Set der untersuchten Grünlandbestände erfolgt dann auf Basis der genetischen Differenzierung. Die genetische Differenzierung wird als Φ_{PT} -Wert angegeben und beschreibt die relative genetische Unterschiedlichkeit der Populationen zweier Flächen. Aus allen Φ_{PT} -Werten einer Fläche zu allen anderen, welche in die Untersuchung einbezogen wurden, wird ein Mittelwert gebildet. Je höher dieser Wert ist, desto unterschiedlicher ist diese eine Fläche im Vergleich zu allen anderen. Anhand des obigen Beispiels von *D. glomerata* sollen sechs Flächen in die Gebietskulisse aufgenommen werden um 99 % der genetischen Diversität abzubilden. Diese

sechs Flächen sind dann diejenigen Flächen mit der höchsten mittleren Differenzierung zu allen anderen untersuchten Flächen (Abb. 2).

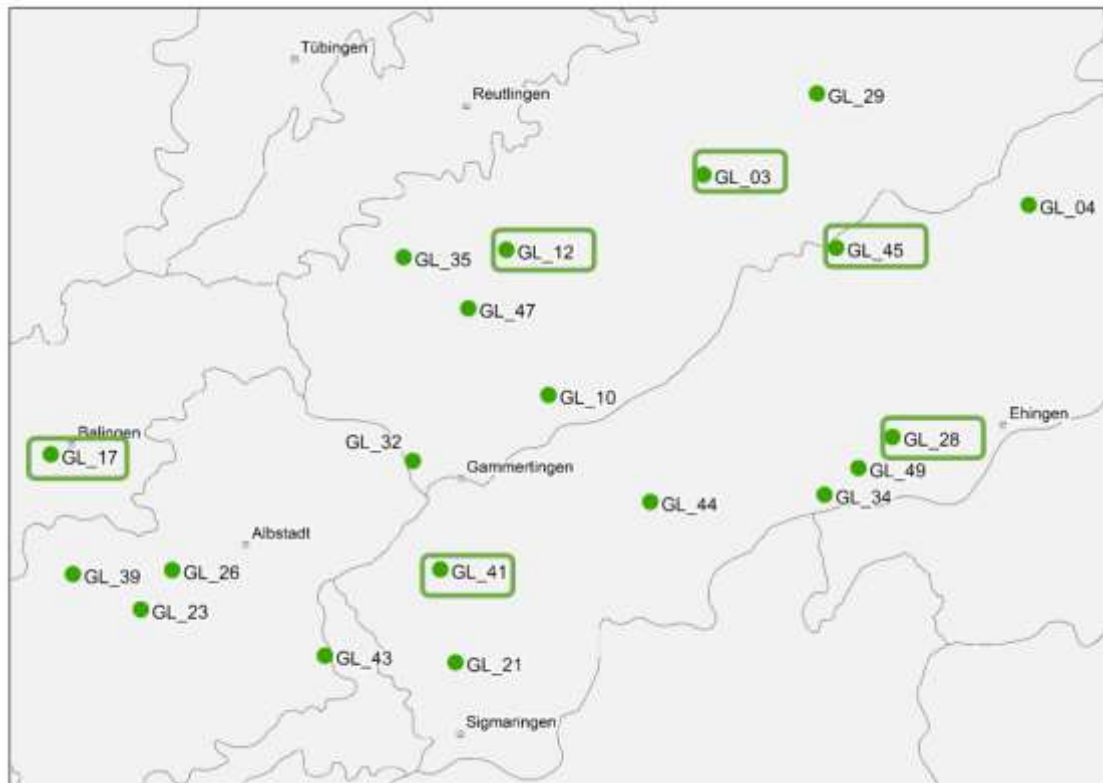


Abbildung 2: Anzahl und Auswahl der Flächen (grüne Markierung) für eine Gebietskulisse genetischer Erhaltungsgebiete von *D. glomerata*.

Mittels der genetischen Diversität und Differenzierung einer Art auf potentiellen Flächen kann eine Gebietskulisse für genetische Erhaltungsgebiete erstellt werden. Für die Umsetzung in der Praxis können zusätzliche Parameter, wie der Schutzstatus oder die Eigentumsverhältnisse einer Fläche, in die Ausweisung einer Gebietskulisse einfließen. Die zur Verfügung stehenden Flächen sind entsprechend limitiert, wenn nur solche Flächen in die Auswahl einbezogen werden sollen, die bereits in Naturschutzgebieten liegen. Für das hier gezeigte Beispiel würden dann von den sechs ausgewählten Flächen nur die Flächen GL_12 und GL_17 bestehen bleiben.

Des Weiteren bestimmt die Menge an vorhandenen finanziellen Mitteln den Umfang der möglichen Analysen und damit auch die Anzahl der Flächen, welche in eine Auswahl einfließen können. In dieser Weise können praktische Parameter Einfluss auf die Anzahl

und Auswahl der Flächen für eine Gebietskulisse genetischer Erhaltungsgebiete nehmen (Abb. 3).



Abbildung 3: Schematische Darstellung der Vorgehensweise zur Erstellung einer Gebietskulisse genetischer Erhaltungsgebiete auf Basis genetischer Analysen.

Die Konstruktion einer Gebietskulisse genetischer Erhaltungsgebiete ist mittels des hier präsentierten Vorgehens gut möglich. Auf Basis genetischer Daten lässt sich die Anzahl und Auswahl von Flächen bestimmen, welche die genetische Vielfalt einer Pflanzenart in einer Region repräsentieren. Auf diese Weise lässt sich das bisher verwendete Verfahren zur Etablierung genetischer Erhaltungsgebiete entschieden verbessern.

Jedoch kann die Auswahl dieser Gebiete nur auf der Artenebene erfolgen. Ein Artübergreifendes Vorgehen auf der Habitatebene ist problematisch, da verschiedene Arten auf

verschiedene Umweltfaktoren bezüglich ihrer genetischen Diversität unterschiedlich reagieren und daher eine Verallgemeinerung über mehrere Arten hinweg nur bedingt möglich ist. Um allgemeinere Schlussfolgerungen ziehen zu können, müsste das Untersuchungsgebiet, welches diesem Leitfaden zugrunde liegt, auf ein größeres geographisches Gebiet ausgeweitet und mehr Flächen und Arten einbezogen werden. Die Analyse zahlreicher Arten mit verschiedenen funktionellen Merkmalen würde weitreichendere Schlussfolgerungen erlauben.

Außerdem sind die zusätzlichen Parameter, wie der Schutzstatus einer Fläche, entscheidende Faktoren. Welche zusätzlichen Parameter in die Auswahl und Ausweisung genetischer Schutzgebiete einfließen sollen oder können muss individuell entschieden werden, angepasst an örtliche Begebenheiten und Zielsetzungen.

KAPITEL 3: FAZIT

3.1 Zur Identifikation historisch alten Grünlands

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. Bronze- oder Eisenzeit). Allerdings sind die Vor- und eigentlichen Arbeiten dazu arbeits- und kostenintensiv. 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. Indikatorarten können insbesondere für Flächen mit früherer ackerbaulicher Nutzung stehen und so die Identifikation von historisch altem Grünland unterstützen. Hier könnte eine umfassendere Studie über ein größeres Untersuchungsgebiet helfen, die aktuellen Aussagen zu verifizieren und zu verallgemeinern.

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 zu identifizieren.

3.2 Zur Erstellung einer Gebietskulisse

Die Ausweisung von Grünlanderhaltungsgebieten sollte verschiedenen Kriterien folgen. Kriterien sollten neben dem Alter, Artenzusammensetzung und dem Vorkommen bestimmter Arten (neben den Indikatorarten auch RL-Arten) sein: (1) Pflanzengeographische Unterschiede, (2) Flächengröße (Puffer zu Flächen mit intensiver landwirtschaftlicher Nutzung), (3) Anzahl Grünlandstandorte, (4) langfristige Landnutzung, (5) Lage in FFH-Gebieten bzw. bereits erfolgte Ausweisung als NSG.

Naturschutzfachliche Bemühungen zum Erhalt von Grünland sollten sich aber nicht nur auf alte Bestände konzentrieren, junge Bestände können auch sehr wertvoll sein. So finden sich z.B. bei Glatthaferwiesen die für diesen Wiesentyp typischen Arten eher häufig in historisch jüngeren Beständen.

Zur Auswahl genetischer Erhaltungsgebiete sollte ein mehrstufiges Verfahren angewandt werden. Zunächst sollte die Anzahl, der für eine Gebietskulisse minimal erforderlichen Flächen, mit Hilfe der Höhe der genetischen Diversität ermittelt werden. Dann erfolgt die Auswahl der spezifischen Flächen auf Basis der genetischen Differenzierung zwischen den Flächen. Genetische Diversität und Differenzierung können mit Hilfe eines geeigneten genetischen Markers (z.B. AFLP) ermittelt werden.

Dieses Modell- und Demonstrationsvorhaben hat deutlich gezeigt, dass die Vielfalt auf Habitat- und Artebene von anderen Prozessen gesteuert wird als die Vielfalt auf genetischer Ebene. Diese Prozesse scheinen voneinander unabhängig, zeitversetzt und keinesfalls parallel abzulaufen, weshalb Artenvielfalt und genetische Vielfalt nicht per se durch den Erhalt derselben Gebiete geschützt werden können. Grünlanderhaltungsgebiete sollten aufgrund der oft heterogenen Struktur der Habitats und durch die Notwendigkeit von Pufferzonen auf größeren Flächen etabliert werden und im besten Fall ganze FFH-Gebiete abdecken. Genetische Erhaltungsgebiete hingegen können – zum Teil innerhalb dieser Grünlanderhaltungsgebiete – auf vergleichsweise räumlich limitierten Flächen ausgewiesen werden.

Neben dem reinen Erhalt dieser Flächen, empfiehlt sich ein durchgängiges aktives Monitoring dieser Flächen. Nur so kann die Pflege und das Management der Bestände zeitnah und angemessen an diverse Umweltveränderungen angepasst werden.

LITERATUR

- Bauer, H. (1993) Die Kurhannoversche Landesaufnahme des 18. Jahrhunderts. Niedersächsisches Landesverwaltungsamt – Landesvermessung. Hannover.
- Bonn, S. & Poschlod, P. (1998): Ausbreitungsbiologie der Pflanzen Mitteleuropas. Grundlagen und kulturhistorische Aspekte. UTB Große Reihe. Quelle & Meyer, Wiesbaden.
- Bylebyl, K., Poschlod, P. & Reisch, C. (2008) Genetic variation of *Eryngium campestre* L. (Apiaceae) in Central Europe. *Molecular Ecology*, 17, 3379–3388.
- 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.
- De Cáceres M., Legendre P. & Moretti M. (2010) Improving indicator species analysis by combining groups of sites. *Oikos*, 119, 1674–84.
- Drobnik, J. & Poschlod, P. (2012) Erweiterung der Literaturstudie zum „Management von (FFH-) Grünland“ hinsichtlich Beibehaltung/Erhöhung der typischen Artenvielfalt. Literaturstudie im Auftrag des LUBW Baden-Württemberg. Karlsruhe.
- Frese, L. (2014) Erhalt der genetischen Vielfalt wildlebender Verwandter unserer Kulturarten (WVK) in ihren natürlichen Lebensräumen. *ANLiegen Natur, Akad. Natursch. Landschaftspfl.*, 36(2), 58–66.
- Göttlich, K. (1965-1980) Die Moorkarte von Baden-Württemberg. Landesvermessungsamt Baden-Württemberg. Stuttgart
- Grosser, D. (1977) Die Hölzer Mitteleuropas. Ein mikrophotographischer Lehratlas. Springer Verlag, Berlin.
- Kapfer, A. (2010) Beitrag zur Geschichte des Grünlands Mitteleuropas. *Naturschutz und Landschaftsplanung*, 42, 133–140.
- Karlik, P. & Poschlod, P. (2009) History or abiotic filter: which is more important in determining species composition of calcareous grasslands? *Preslia*, 81, 321-340.
- Karlik, P. & Poschlod, P. (2014) Soil seed bank composition reveals the land-use history of calcareous grasslands. *Acta Oecologica*, 58, 22-34.
- Karlik, P. & Poschlod, P. (2019) Identifying plant and environmental indicators of ancient and recent calcareous grasslands. *Ecological Indicators*, 104, 405-421.
- Kirmer, A., Krautzer, B., Scotton, M. & Tischew, S. (2012) Praxishandbuch zur Samengewinnung und Renaturierung von artenreichem Grünland. Österreichische Arbeitsgemeinschaft für Grünland und Futterbau. Irdning (Österreich).
- Konold, W. (1987) Oberschwäbische Weiher und Seen. *Beih. Veröff. Naturschutz u. Landschaftspflege Bad.-Württ.*, 52, 1–634.

- Krickl, P. & Poschlod, P. (2020) Monitoring der Auswirkungen von Rodungsmaßnahmen ehemals verbuschter und aufgeforsteter Kalkmagerrasen 1992/1993 - 2018 – Eine vegetationsökologische und funktionelle Bewertung. *Naturschutz und Biologische Vielfalt. Im Druck.*
- Leipold, M., Tausch, S., Hirtreiter, M., Poschlod, P. & Reisch, C. (2018) Sampling for conservation genetics: how many loci and individuals are needed to determine the genetic diversity of plant populations using AFLP? *Conservation Genetics Resources*, 12, 99–108.
- Maurer, K., Durka, W. & Stöcklin, J. (2003) Frequency of plant species in remnants of calcareous grassland. *Basic and Applied Ecology*, 316, 307–316.
- Maxted, N. (2003) Conserving the genetic resources of crop wild relatives in European protected areas. *Biological Conservation*, 113(3), 411–417.
- Meyer, S. & Leuschner, C. (2015) 100 Äcker für die Vielfalt. Initiativen zur Förderung der Ackerwildkrautflora in Deutschland. Universitätsverlag Göttingen. Göttingen.
- Morrissey, C. (2007) Bestandteile der Kulturlandschaft. *Naturschutz-Info* 1/2007, 38-39.
- Neel, M. C., & Cummings, M. P. (2003) Effectiveness of Conservation Targets in Capturing Genetic Diversity\rEfectividad de los Objetivos de Conservación en la Captura de Diversidad Genética. *Conservation Biology*, 17(1), 219–229.
- 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.
- Peakall, R. & Smouse, P.E. (2006) GENALEX 6: Genetic analyses in Excel. Population genetic software for teaching and reseach. *Molecular Ecology Notes*, 6, 288–295.
- Poschlod, P. (2017) *Geschichte der Kulturlandschaft*. 2. Aufl., Ulmer, Stuttgart.
- 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. & Biewer H (2005) Diaspore and gap availability are limiting species richness in wet meadows. *Folia Geobot*, 40, 13–34.
- Poschlod, P. & Bonn, S. (1998) Changing dispersal processes in the central European landscape since the last ice age - an explanation for the actual decrease of plant species richness in different habitats. *Acta Bot. Neerl.*, 47, 27-44.
- Poschlod P. & Fischer S. (2016) Das Streuwiesen-Zeitalter der Grundwassermoore und die Bewaldung der Regenmoore als Spiegel der jüngeren Landnutzungs- und Umweltgeschichte im Alpenvorland. *Tuxenia Beih*, 9, 107–117.
- Poschlod, P. & WallisDeVries, M.F. (2002) The historical and socioeconomic perspective of calcareous grasslands - Lessons from the distant and recent past. *Biological Conservation*, 104, 361–376.
- 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, 893–902.
- 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.
- Rogers, S.O. & Bendich, A.J. (1994) Extraction of total cellular DNA from plants, algae and fungi. In: Gelvin S.B. & Schilperoort R.A. (eds) *Plant molecular biology manual*. Springer, Dordrecht.
- Römermann, C., Dutoit, T., Poschlod, P. & Buisson, E. (2005) Influence of former cultivation on the unique Mediterranean steppe of France and consequences for conservation management. *Biological Conservation*, 121, 21-33.
- Rosengren, F., Cronberg, N., Reitalu, T. & Prentice, H.C. (2013) Genetic variation in the moss *Homalothecium lutescens* in relation to habitat age and structure. *Botany*, 91, 431–441.
- 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).
- Simmel, J. (2016): *Cryptogams as indicator organisms in ecology and conservation biology*. Dissertation am Lehrstuhl für Ökologie und Naturschutzbiologie, Universität Regensburg.
- Stebler, F.G. (1898) *Die besten Streuepflanzen. IV. Teil des schweizerischen Wiesenpflanzenwerkes*. Wyß, Bern.
- Whitlock, R., Hipperson, H., Thompson, D. B. A., Butlin, R. K., & Burke, T. (2016) Consequences of in-situ strategies for the conservation of plant genetic diversity. *Biological Conservation*, 203, 134-142.
- Vandepitte, K., Honnay, O., Jacquemyn, H. & Roldán-Ruiz, I. (2010) Effects of outcrossing in fragmented populations of the primarily selfing forest herb *Geum urbanum*. *Evolutionary Ecology*, 24, 1353–1364.
- VDLUFA (1991) *Die Untersuchung von Böden. Band 1*. VDLUFA-Verlag, Darmstadt.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., Lee, T. Van De, Hornes, M., Friters, A., Pot, J., Paleman, J., Kuiper, M. & Zabeau, M. (1995) AFLP: A new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*, 23, 4407–4414.
- Yeh, F.C., Yang, R.C., Boyles, T.B.J., Ye, Z.H. & Mao, J.X. (1997) POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis.
- Waesch, G. & Becker, T. (2009) Plant diversity differs between young and old mesic meadows in a central European low mountain region. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 129, 457-464.