

# Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland

## Endbericht

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

AZ 114-02.05-20.0074/09-E – Los 4

### Untersuchungen zur Gemeinen Traubenkirsche (*Prunus padus*)



Teisendorf, 05.03.2013



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

AZ 114-02.05-20.0074/09-E – Los 4

**Untersuchungen zur Gemeinen Traubenkirsche (*Prunus padus*)**

Berichtszeitraum: 15.03.2010 – 06.11.2012

Laufzeit: 15.10.2009 – 31.03.2013

**Endbericht**

Teisendorf, 05.03.2013

**Auftraggeber:**



Bundesanstalt für  
Landwirtschaft und Ernährung

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

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

**Auftragnehmer:**



BAYERISCHE   
FORSTVERWALTUNG

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

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

## Inhalt

1	Einleitung.....	11
1.1	Ökologie und Verbreitung .....	11
2	Ziele und Aufgabenstellung des Projektes.....	14
2.1	Ablauf und Planung des Projektes.....	14
2.1.1	Weiterentwicklung der Datenbank.....	15
2.1.2	Erfassung von Vorkommen .....	15
2.1.3	Schematische Übersicht des Projektverlaufes.....	16
2.2	Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde.....	17
3	Material und Methoden.....	17
3.1	Projektmanagement .....	17
3.2	Datenrecherche .....	19
3.3	Auswertung der Quellenabfrage .....	19
3.4	Kartierung .....	20
3.5	Datenbank und GIS-Anwendungen.....	21
3.6	Auswertung der Datenbank .....	23
3.6.1	Schutzstatus.....	24
3.6.2	Abundanz.....	24
3.6.3	Altersstruktur .....	25
3.6.4	Vitalität .....	25
3.6.5	Demografische Strukturen .....	26
3.6.6	Ermittlung der Erhaltungsfähigkeit nach phänotypischen Kriterien.....	26
3.6.7	Dichteanalysen .....	27
3.6.8	Bundeswuchsgebiete .....	27
3.6.9	Potentielle natürliche Vegetation .....	27
3.6.10	Naturverjüngung.....	27
3.7	Auswahl von Genobjekten für die genetischen Analysen.....	27
3.8	Beprobung ausgewählter Genobjekte.....	28
3.9	Genetische Untersuchung.....	30
3.9.1	Probenmaterial .....	30
3.9.2	Methodische Details zur DNA-Analyse.....	30
3.10	Statistische Auswertungen .....	30
4	Darstellung der wichtigsten Ergebnisse .....	32
4.1	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen.....	32
4.1.1	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in Deutschland und in den Bundesländern.....	32

4.1.2	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten.....	38
4.1.3	Potentielle natürliche Vegetation .....	42
4.2	Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl .....	44
4.2.1	Abundanz.....	45
4.3	Durchmesserstruktur und Altersstruktur .....	45
4.3.1	Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen .....	45
4.3.2	Altersstrukturqualitätsklassen .....	48
4.4	Vitalitätsklassen .....	49
4.5	Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen .....	53
4.6	Naturverjüngung .....	54
4.7	Eigentumsverhältnisse.....	57
4.8	Schutzstatus und Höhenlage.....	60
4.9	Anteil der Zielbaumart (Mischungsanteil) .....	61
4.10	Flächengröße der Vorkommen .....	63
4.11	Individuen mit großen Durchmessern.....	65
4.12	Anteil kreuzbarer Arten .....	66
4.13	Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen.....	68
4.13.1	Probenmaterial.....	68
4.13.2	Methodik der DNA-Analyse.....	68
4.13.3	Parameter zur Beschreibung der genetischen Variation .....	69
4.13.4	Ergebnisse.....	70
4.13.5	Schlussfolgerungen.....	86
5	Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse.....	87
5.1	Bewertung nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltensdringlichkeit .....	87
5.2	Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen.....	96
5.3	Schlussfolgerung mit dem Ziel der Politikberatung.....	96
6	Zusammenfassung.....	98
7	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen ...	98
8	Literatur.....	100
9	Anhang.....	101

## Abbildungsverzeichnis:

Abbildung 1 Natürliches Aerial der Traubenkirsche (nach MEUSEL et al., 1965 aus Schütt et al., 1999).....	12
Abbildung 1b: Blüte der Traubenkirsche.....	12
Abbildung 1c: Verjüngung der gemeinen Traubenkirsche.....	13
Abbildung 2: Schematische Darstellung der Projektstruktur (Quelle: LFE).....	17
Abbildung 3: Eingabemaske zur Erfassung der erhobenen Daten (Erfassungsbogen) .....	21
Abbildung 4: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Abundanzklassen in der MS-Access Routine „fgr_auswertung.mdb“ .....	22
Abbildung 5: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Altersstrukturklassen in der MS-Access Routine „fgr_auswertung.mdb.“ .....	23
Abbildung 6: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Erhaltungsfähigkeit in der MS-Access Routine „fgr_auswertung.mdb.“ .....	23
Abbildung 7: Einteilung und Bewertung der Qualitätsklassen der Altersstrukturen anhand der Durchmesserstufen .....	25
Abbildung 8a: Beispiel für Alterspyramiden .....	26
Abbildung 8b: Übersicht über die beprobten Populationen der Gemeinen Traubenkirsche	29
Abbildung 9: Darstellung eines BoxPlot (auch Box-Whisker-Plot) mit Benennung der Kennwerte. Zusätzlich ist der Mittelwert des Datensatzes angegeben.....	31
Abbildung 10: Anzahl der kartierten Traubenkirschen-Vorkommen nach Bundesländern...	32
Abbildung 11: Anzahl der kartierten Traubenkirschen (Anzahl Bäume) nach Bundesländern .....	33
Abbildung 12: Vergleich der Bundesländer hinsichtlich der Anzahl der Traubenkirschen-Vorkommen sowie der Anzahl der Traubenkirschen .....	34
Abbildung 13: Lage der kartierten Bestände der Traubenkirsche mit Größenklassen der kartierten Baumzahlen.....	35
Abbildung 14: Kartierte Traubenkirschen-Vorkommen und deren Höhenlage.....	36
Abbildung 15: Anzahl der kartierten Traubenkirschen-Vorkommen bezogen auf die Fläche (in 1.000 km <sup>2</sup> ) der Bundesländer .....	37
Abbildung 16: Anzahl der kartierten Traubenkirschen bezogen auf die Fläche (in 1.000 km <sup>2</sup> ) der Bundesländer .....	37
Abbildung 17: Anzahl der kartierten Traubenkirschen-Vorkommen in den Bundeswuchsgebieten.....	38
Abbildung 18: Anzahl (Baumzahlklassen) der kartierten Traubenkirschen in den Bundeswuchsgebieten.....	40
Abbildung 19: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen .....	42
Abbildung 20: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Traubenkirschen-Vorkommen (nach Bohn et al. 2000/2003) .....	43

Abbildung 21: Durchschnittliche Baumzahl der Traubenkirschen-Vorkommen pro Bundesland.....	44
Abbildung 22: Durchschnittliche Flächengröße der Traubenkirschen-Vorkommen pro Bundesland.....	44
Abbildung 23: Anzahl Traubenkirschen in den drei Durchmesserstufen in Deutschland .....	45
Abbildung 24: Altersstrukturpyramide der Durchmesserstufen im Bundesgebiet .....	46
Abbildung 25: Grundtypen (Altersstrukturen) der kartierten Vorkommen und deren Häufigkeit in Deutschland .....	46
Abbildung 26: Prozentuale Verteilung der Traubenkirschen in den drei Durchmesserstufen in den Bundesländern.....	47
Abbildung 27a: Altersstrukturqualitätsklassen der Gemeinen Traubenkirsche in Deutschland.....	48
Abbildung 27b: Anteile der Vitalitätsstufen (0 bis 4) der Traubenkirschen in Deutschland in Prozent .....	49
Abbildung 28: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen der Traubenkirsche in den Bundesländern .....	50
Abbildung 29: Durchschnittliche Vitalität der Traubenkirschen-Vorkommen in den Bundesländern .....	51
Abbildung 30: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen der Traubenkirsche.....	52
Abbildung 31: Vitalitätsanteile der Traubenkirsche in den Durchmesserklassen (in Prozent) .....	53
Abbildung 32: Durchmesserverteilung der Traubenkirsche in den Vitalitätsstufen (in Prozent) .....	53
Abbildung 33: Anteile der Traubenkirschen-Vorkommen mit Naturverjüngung .....	54
Abbildung 34: Prozentualer Anteil der Naturverjüngung (bis 3m Höhe) in den Traubenkirschen-Vorkommen .....	55
Abbildung 35: Prozentualer Anteil der Naturverjüngung bis (1,5m Höhe) in den Vorkommen mit Naturverjüngung .....	56
Abbildung 36: Verteilung der Traubenkirschen-Vorkommen auf die Eigentumsarten in Deutschland.....	57
Abbildung 37: Prozentuale Verteilung der Eigentumsarten der Traubenkirschen-Vorkommen in den Bundesländern .....	58
Abbildung 38: Verteilung der Vorkommen auf Eigentumsarten in Deutschland.....	59
Abbildung 39: Anzahl der kartierten Traubenkirschen-Vorkommen in Deutschland mit Schutzstatus .....	60
Abbildung 40: Höhenlagen der Vorkommen der Traubenkirsche .....	61
Abbildung 41: Anteil der Traubenkirsche in den kartierten Vorkommen (in Prozent).....	62
Abbildung 42: Flächenklassen der Traubenkirschen-Vorkommen in ha (Genobjektsflächenklassen) .....	64



Abbildung 43: Traubenkirschen-Vorkommen mit einem BHD bis 40 cm .....	65
Abbildung 44: Anteil kreuzbarer Arten (v.a. <i>Prunus serotina</i> ) in Deutschland .....	66
Abbildung 45: Allelhäufigkeit am Genort BPPCT-040 (Traubenkirsche).....	74
Abbildung 46: Allelhäufigkeit am Genort UDP98-022 (Traubenkirsche) .....	75
Abbildung 47 Genetische Diversität ( $N_e$ ) in den untersuchten Traubenkirschen-Vorkommen .....	78
Abbildung 48: Fixierungskoeffizient (F-Wert) in den untersuchten Traubenkirschen-Vorkommen .....	79
Abbildung 49: Differenzierungswerte ( $D_j$ ) der 24 untersuchten Populationen. Die blaue Linie zeigt die mittlere Differenzierung aller Populationen mit $\Delta \delta = 24,3\%$ an. ....	84
Abbildung 50: Bewertungsparameter zur Bestimmung des Grades der Erhaltungsfähigkeit und der Erhaltungsdringlichkeit (Quelle: LFE). ....	88
Abbildung 50a: Erhaltungsfähigkeit der Traubenkirschen-Vorkommen nach Stufen.....	88
Abbildung 51: <i>In-situ</i> -Erhaltungsfähigkeit der Traubenkirschen-Vorkommen in den Bundesländern (in Prozent) .....	89
Abbildung 52: <i>In-Situ</i> -Erhaltungsfähigkeit der Traubenkirschen-Vorkommen in den Bundesländern (Anzahl) .....	89
Abbildung 53: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen der Traubenkirsche im Bundesgebiet.....	92
Abbildung 54: Kernaldichtendarstellung der Traubenkirschen-Vorkommen mit einem Radius von.....	93
Abbildung 55: Darstellung der Kernaldichte der Traubenkirsche ohne Berücksichtigung der Baumzahl.....	94
Abbildung 56: Genzentren der Gemeinen Traubenkirsche in der Bundesrepublik Deutschland.....	95

**Tabellenverzeichnis:**

Tabelle 1: Übersicht der Arbeitsschritte im Projektverlauf .....16

Tabelle 2: Übersicht der verwendeten Abundanzklassen und zugeordneten Individuenzahlen bei der Traubenkirsche .....24

Tabelle 3: Gesamtbewertung der Vorkommen der Traubenkirsche .....26

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

Tabelle 5a: Kennzahlen der Traubenkirschen-Vorkommen in Deutschland .....33

Tabelle 5: Anzahl der kartierten Traubenkirschen-Vorkommen und Anzahl der kartierten Bäume in den Bundeswuchsgebieten .....41

Tabelle 6: Verteilung der Traubenkirschen-Vorkommen in den Abundanzstufen .....45

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

Tabelle 8: Anzahl der kartierten Traubenkirschen-Bestände unterschiedlicher Qualitätsklassen der Altersstrukturen in Deutschland .....48

Tabelle 9: Getestete und ausgewählte Mikrosatellitenmarker für die Gewöhnliche Traubenkirsche (*Prunus padus* L.); Literatur: <sub>1</sub>Cipriani et al. (1999), <sub>2</sub>Testolin et al. (2000), <sub>3</sub>Schüler et al. (2003), <sub>4</sub>Dirlewanger et al. (2002).....68

Tabelle 10: Allelhäufigkeiten an 5 Genorten in den 24 untersuchten Traubenkirschenvorkommen .....71

Tabelle 11: Anzahl der Allele an 5 Genorten in den 24 untersuchten Traubenkirschenvorkommen .....76

Tabelle 12: Populationsgenetische Parameter für die 24 Traubenkirschenvorkommen .....78

Tabelle 13: F-Werte für die 5 untersuchten Genorte der Traubenkirsche.....79

Tabelle 14: Genetischer Abstand (nach Nei 1972) zwischen den untersuchten Traubenkirschen-Vorkommen .....80

Tabelle 15: Klonale Strukturen innerhalb der untersuchten Traubenkirschenvorkommen...85

Tabelle 16 Genzentren der Traubenkirsche in Deutschland.....90

## 1 Einleitung

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

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

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

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

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

Im vorliegenden Bericht sind die Ergebnisse zur Traubenkirsche dargestellt.

### 1.1 Ökologie und Verbreitung

Die Traubenkirsche ist ein sommergrüner, frostharter Baum (oder großer Strauch) mit geringer forstlicher Bedeutung. Das Verbreitungsgebiet erstreckt sich über weite Teile Eurasiens. Die maximale Höhe beträgt 20 m, bevorzugt werden frische, humusreiche Böden. Die

Traubenkirsche vermehrt sich sowohl durch Samen wie durch üppige Wurzelbrut und Stockausschläge. Reinbestände sind dagegen selten.

*Prunus padus* ist die am weitesten verbreitete *Prunus*-Art. Ihr Areal schließt weite Teile Europas, das mittlere Asien, Sibirien, den Norden Chinas sowie Japan ein. Die Höhengrenze liegt in den Nordalpen bei ca. 1.500 m.

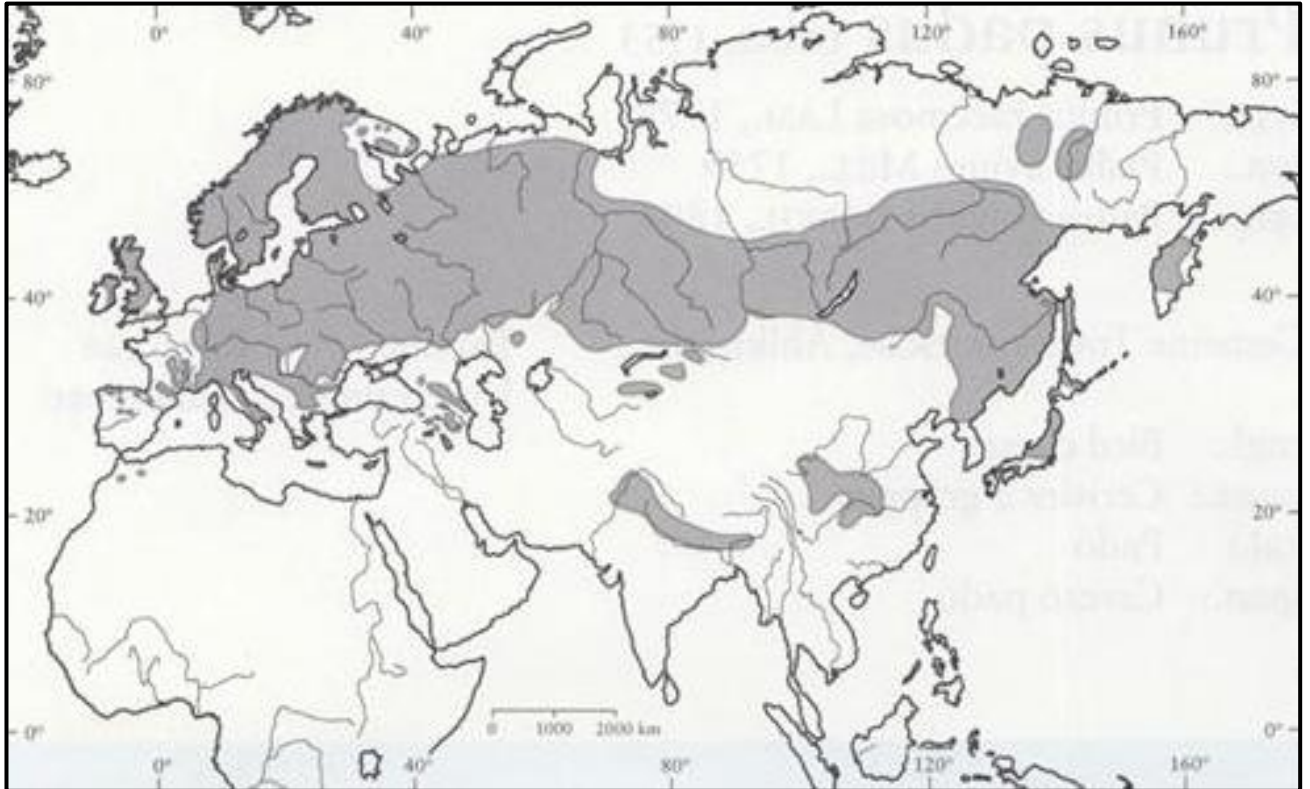


Abbildung 1a Natürliches Areal der Traubenkirsche (nach MEUSEL et al., 1965 aus Schütt et al., 1999)



Abb. 1b: Blüte der Traubenkirsche

*Prunus padus* ist eine frostharte, Halbschatten ertragende Baumart mit ozeanischen bis subozeanischen Klimaansprüchen. Sie kommt einzeln oder in kleinen Gruppen auf frischen bis feuchten, humusreichen Böden, insbesondere in Auwäldern und an Flussläufen, vor. Zeitweise Überflutungen bereiten der Traubenkirsche keine Schwierigkeiten. In ihrem Optimum, dem Schwarzerlen-Eschenwald, kommt sie auf frischen, feinerdereichen Böden mit hohem Basen- und Nährstoffgehalt gemeinsam mit *Salix*-Arten, *Alnus glutinosa*, *Alnus incana*, *Fraxinus excelsior* und *Cornus sanguinea* vor.

Die natürliche Verbreitung erfolgt über Vögel. Besonders hervorzuheben ist die Fähigkeit der Art zur vegetativen Vermehrung durch Wurzelbrut und Stockausschlag.

Die Traubenkirsche wird im natürlichen Habitat weder von Pilzkrankheiten oder Schadinsekten noch von abiotischen Ereignissen ernsthaft bedroht. Besonders auffällig ist der Fraß der Traubenkirschen-Gespinstmotte *Yponomeuta padellus* L. (*Lepidoptera*, *Yponomeutidae*). Innerhalb weniger Wochen treiben die kahlgefressenen Bäume jedoch wieder aus, ohne Anzeichen für eine reduzierte Vitalität. *Prunus padus* wird nicht forstwirtschaftlich bewirtschaftet. Das wenig dauerhafte Holz hat keine wirtschaftliche Bedeutung.



Abb. 1c: Verjüngung der Gemeinen Traubenkirsche

## 2 Ziele und Aufgabenstellung des Projektes

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

### 2.1 Ablauf und Planung des Projektes

Das Gesamtvorhaben „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener Baumarten in Deutschland“ gliedert sich in vier Lose, innerhalb derer die Baumarten Elsbeere, Eibe, Feld-Ahorn, Flaum-Eiche, Grau-Erle, Grün-Erle, Speierling, Traubenkirsche, Wild-Apfel und Wild-Birne untersucht wurden. Das Forstbüro Ostbayern, als Auftragnehmer der Lose 1 und 3 und das Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE) sowie das Bayerische Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) in Teisendorf, als Auftragnehmer der Lose 2 und 4, haben eine enge Kooperation bei der Bearbeitung der Aufgaben vereinbart. In der Praxis ergab sich eine gute Zusammenarbeit über alle 4 Lose hinweg, bei Kartierungen, Beprobungen, Auswertung und Präsentationen/Publicationen.

Die vier Lose untergliedern sich wie folgt:

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

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

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

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

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

Der tatsächliche Projektverlauf und die einzelnen Projektschritte wurden mit dem Auftraggeber und den Projektpartnern Forstbüro Ostbayern und LFE entsprechend abgestimmt. Das Vorhaben „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener Baumarten in Deutschland“ wurde in verschiedenen parallel und/oder zeitlich und inhaltlich aufeinander folgenden Projektschritten bearbeitet, die im Folgenden aufgeführt sind:

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

### **2.1.1 Weiterentwicklung der Datenbank**

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

### **2.1.2 Erfassung von Vorkommen**

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

gewährleisten. Die Erhebungen im Gelände erfolgten während der Vegetationsperiode 2010 und 2011.

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

- Populationsgröße (Anzahl der Individuen, Fläche)
- Demografische Struktur des Vorkommens
- Bewertung der Verjüngung
- Vitalität
- Gefährdung und Gefährdungsursachen
- Hinweise zur Begründungsart
- Lage (Bundesland, Wuchsgebiet, Koordinaten)
- Schutzstatus
- Eigentumsart
- Anteil Zielbaumart
- Anteil kreuzbarer Arten

### 2.1.3 Schematische Übersicht des Projektverlaufes

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

Tabelle 1: Übersicht der Arbeitsschritte im Projektverlauf

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



## 2.2 Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

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

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

## 3 Material und Methoden

### 3.1 Projektmanagement

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

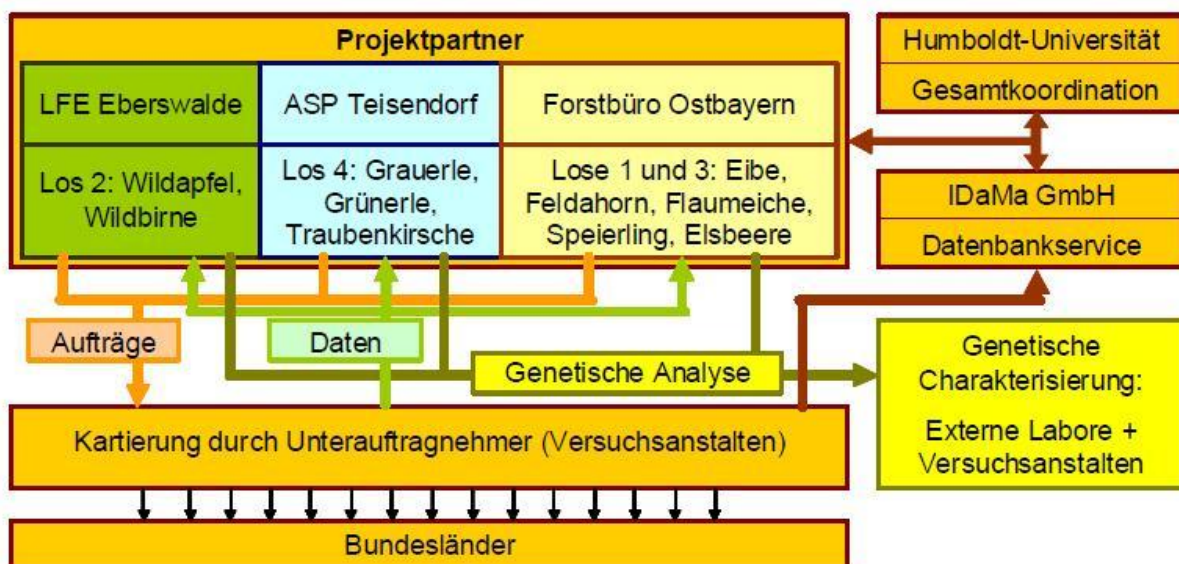


Abbildung 2: Schematische Darstellung der Projektstruktur (Quelle: LFE)

In der ersten Jahreshälfte 2010 fanden mehrere Abstimmungsgespräche bzgl. Art und Umsetzung der vorhandenen Daten in den einzelnen Bundesländern statt. Die Kommunikation

und Zusammenarbeit mit den Landeseinrichtungen hat sich als außerordentlich gut erwiesen. Diese haben zum erfolgreichen Verlauf und Abschluss des Vorhabens wesentlich beigetragen. Die Projektpartner standen während der gesamten Projektlaufzeit in ständigem Kontakt. Somit waren zeitnahe Informationen aller Beteiligten und die Qualitätssicherung der Arbeiten sichergestellt.

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

Am 11.11.2010 fand das erste Koordinierungstreffen in Berlin statt. Es erfolgte eine Darstellung des aktuellen Kartierungsstandes. Ein weiterer Punkt der Tagesordnung waren Probleme bei der Kartierung sowie die Datenbank. Geklärt wurde anschließend das Vorgehen bei der genetischen Beprobung/Analyse. Abschließend wurden die anstehenden Zwischenberichte besprochen sowie Möglichkeiten der Darstellung des Projektes bzgl. Öffentlichkeitsarbeit.

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

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

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

### 3.2 Datenrecherche

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

### 3.3 Auswertung der Quellenabfrage

Die ermittelten Daten wurden auf die Eignung als Gen-Objekt im Sinne der Kriterien der Kartieranleitung überprüft. Hierzu wurden in einem ersten Schritt alle georeferenziert vorliegenden Daten in ein einheitliches Datum, bzw. Koordinatenbezugssystem (KBS) umgewandelt. Alle Projektpartner einigten sich auf das KBS "WGS84 / UTM Zone 32N" (EPSG: 32632). Bei Daten, die nur aus Kartenwerken bestanden, wurde versucht möglichst genau geographische Koordinaten abzuleiten. Eines der Hauptkriterien zur Definition eines geschlossenen Genobjektes ist die Ausdehnung, bzw. die Entfernung der Individuen von maximal 1.000 m voneinander. Durch Bildung entsprechender Puffer konnten einzelne Koordinaten zu größeren oder kleineren Vorkommen zusammengefasst werden und für die Kartiererteams der einzelnen Bundesländer aufbereitet werden. Soweit es aufgrund der vorliegenden Daten möglich war, erfolgte eine kartenmäßige Darstellung der potentiellen Genobjekte. In den Bundesländern, in welchen keine Daten vorhanden waren, wurden mögliche Vorkommensgebiete systematisch aufgesucht und abgearbeitet. Dies erwies sich als sehr arbeitsintensiv und sehr zeitaufwendig. Als Vorkommen wurden nur Bestände ausgewiesen, die folgende Definitionskriterien erfüllten:

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

### 3.4 Kartierung

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

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

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

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

Weitere Angaben zur Weiterverarbeitung/Auswertung sind:

- Bearbeitungszustand
- EDV
- Schutzstatus
- Kartenausschnitt

Die erhobenen Daten wurden im Gelände vor Ort i.d.R. analog erfasst und zu einem späteren Zeitpunkt in die Datenbank eingegeben. Zusätzlich zu den Beschreibungen der Genob-

jekte sowie den Koordinaten wurden die Abgrenzungen der Vorkommen auf Karten eingezeichnet und den Erfassungsbögen angeheftet.

### 3.5 Datenbank und GIS-Anwendungen

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

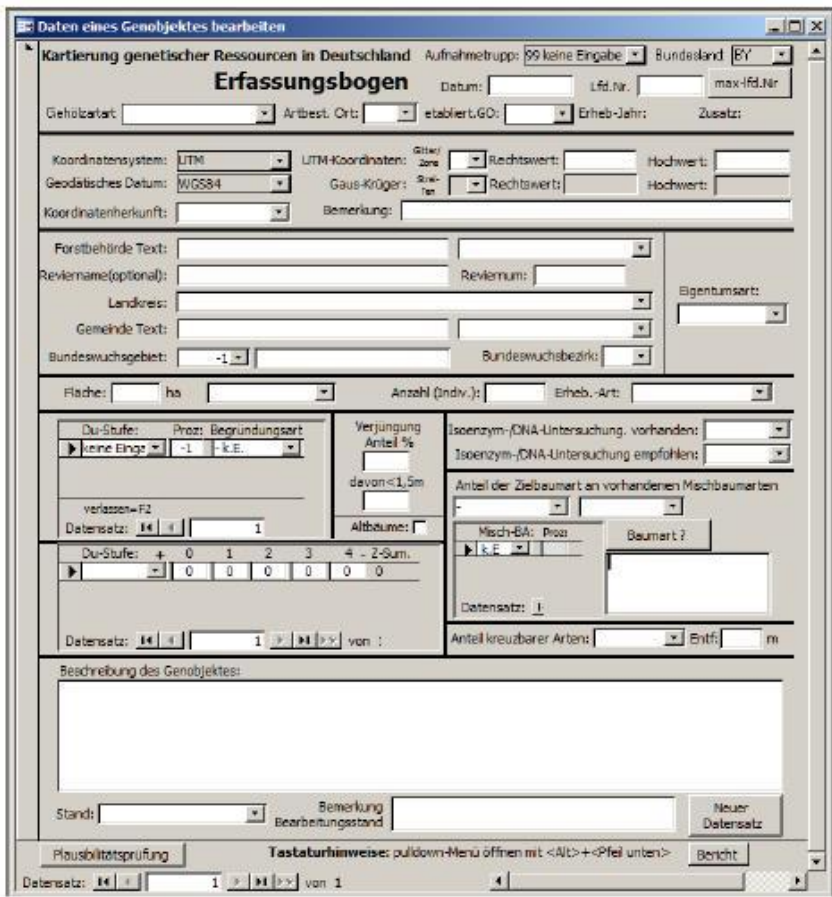


Abbildung 3: Eingabemaske zur Erfassung der erhobenen Daten (Erfassungsbogen)

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

Die Eingaben der Daten in die Datenbank erfolgten direkt nach Vorliegen der jeweiligen Ergebnisse, um frühzeitig Erkenntnisse für nachfolgende Projektschritte, wie z.B. Auswahl geeigneter Populationen für genetische Untersuchungen, treffen zu können.

Die zweite Access-Routine (fgr\_auswertung.mdb) diente der Datenauswertung. Über Eingabemasken konnten Parameter für die Abundanzklassen (Abbildung 4), die Altersstrukturklassen (Abbildung 5) und die Erhaltungsfähigkeit (Abbildung 6) eingetragen und die Ergebnisse tabellarisch ausgegeben werden.

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

Die kartographische Darstellung der erzielten Ergebnisse erfolgte mit den GIS-Programmen Quantum GIS und ESRI ArcGIS9.3. Die Kartenauswertungen erfolgten direkt nach Vorliegen der jeweiligen Ergebnisse, um frühzeitig Erkenntnisse für nachfolgende Projektschritte, wie z.B. Auswahl geeigneter Populationen für genetische Untersuchungen, treffen zu können.

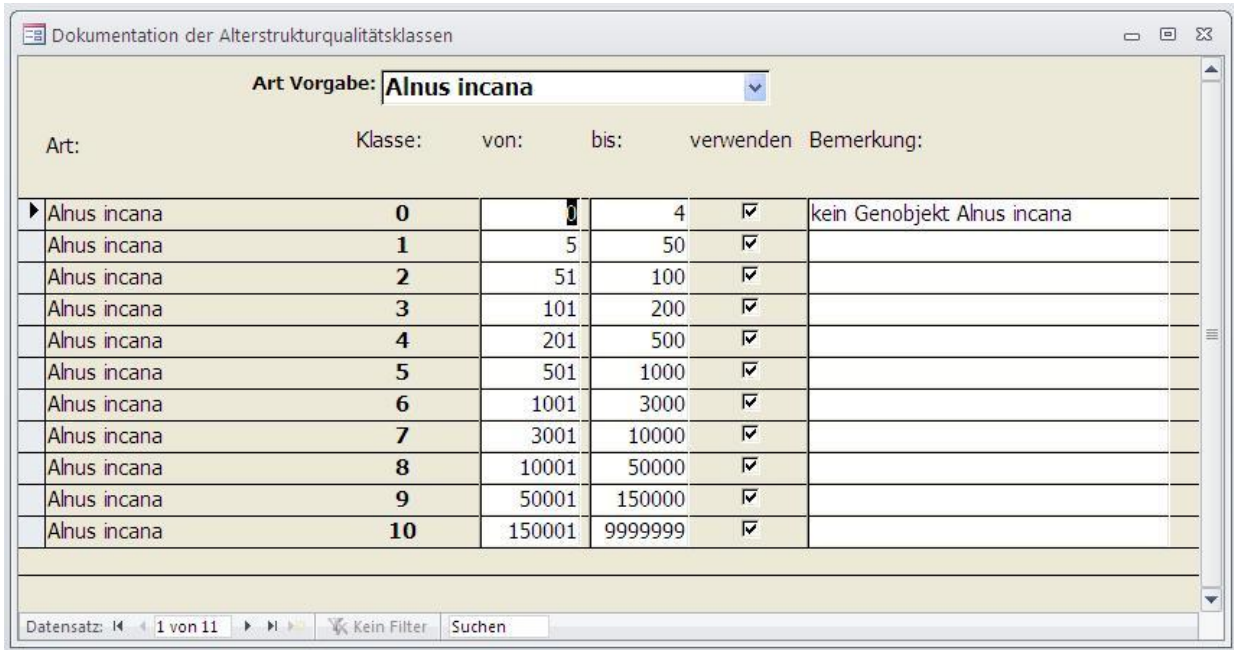


Abbildung 4: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Abundanzklassen in der MS-Access Routine „fgr\_auswertung.mdb“

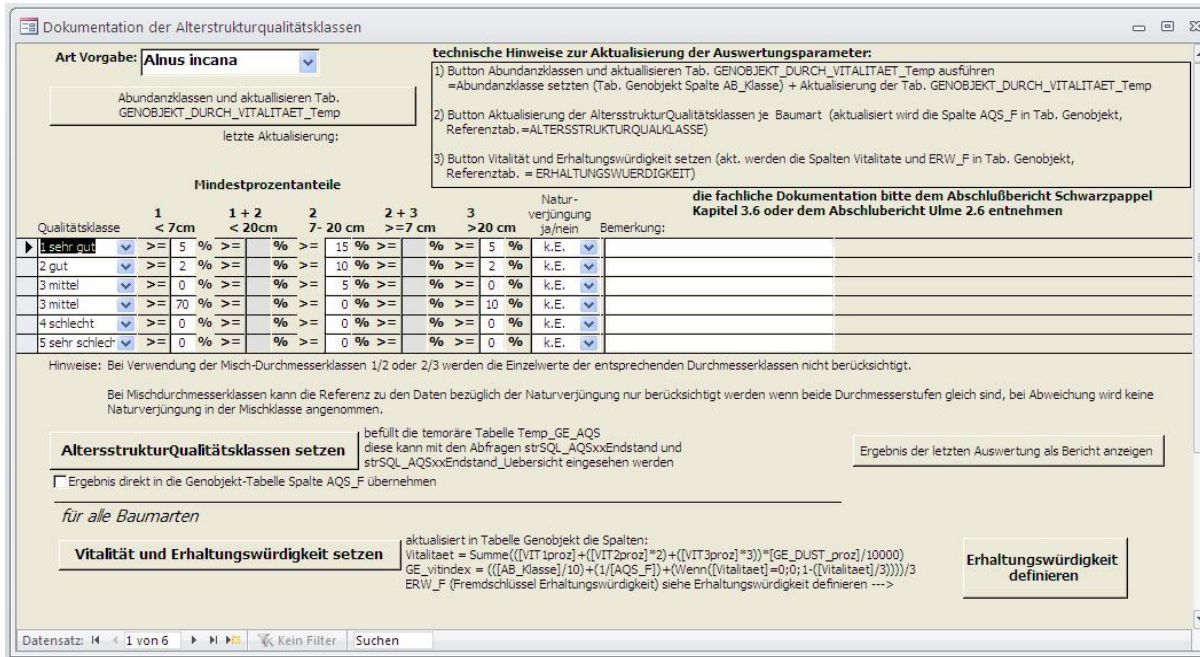


Abbildung 5: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Altersstrukturklassen in der MS-Access Routine „fgr\_auswertung.mdb.“

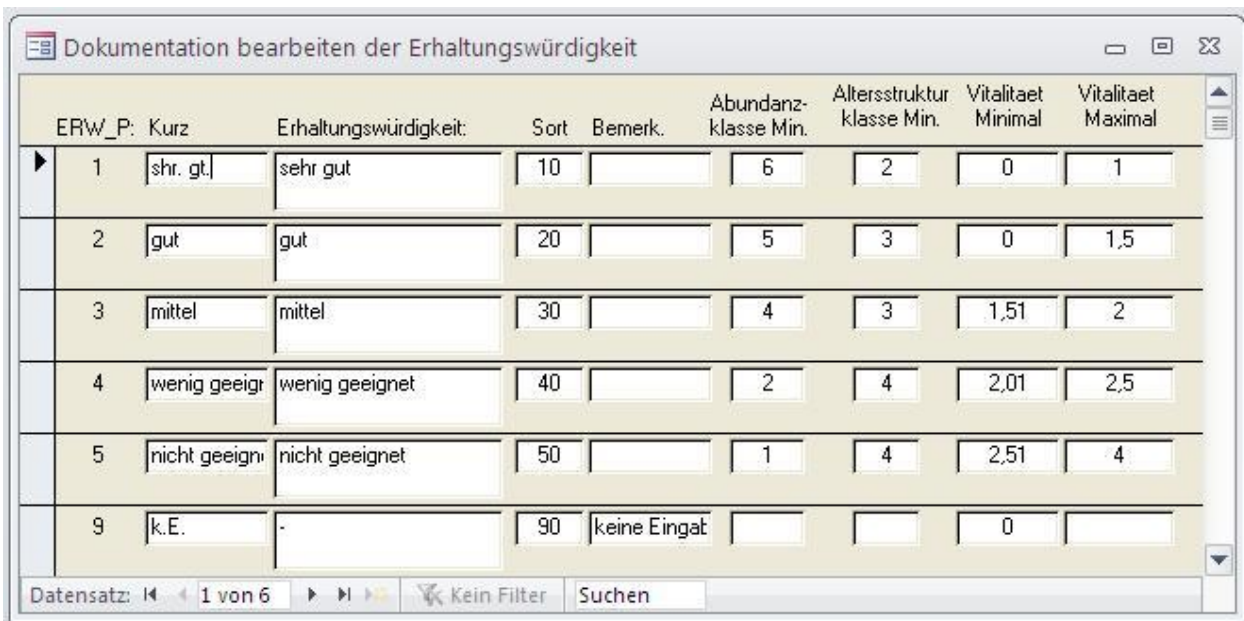


Abbildung 6: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Erhaltungsfähigkeit in der MS-Access Routine „fgr\_auswertung.mdb.“

### 3.6 Auswertung der Datenbank

Die Datenbankinhalte der Kartierer wurden von der Firma IDaMa mehrfach auf Plausibilität und Koordinatenfehler geprüft und zu einem Gesamtdatenpool zusammengeführt. In dieser Gesamtdatenbank konnten nun die Abfragen für die verschiedenen Auswertungen formu-

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

### 3.6.1 Schutzstatus

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

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

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

### 3.6.2 Abundanz

Die Abundanz ist ein Maß für die Individuendichte von Populationen und gibt die Gesamtzahl von Individuen pro Vorkommen an. Die Festlegung der Kriterien zur Berechnung der Abundanz erfolgte über eine Eingabemaske der MS-Access Routine "fgr\_auswertung.mdb" (vgl. auch Abbildung 4). Die einzelnen Vorkommen wurden nach ihrer Gesamtbaumzahl den in Tabelle 2 dargestellten zehn Abundanzklassen zugeordnet. Die berechneten Werte wurden direkt in die Spalte Abundanz\_Klasse der Datenbank "fgr\_stamm\_d.mdb" eingetragen.

Tabelle 2: Übersicht der verwendeten Abundanzklassen und zugeordneten Individuenzahlen bei der Traubenkirsche

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



### 3.6.3 Altersstruktur

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

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

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

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

Die Festlegung der Kriterien zur Berechnung der Qualitätsklassen (prozentuale Anteile der Durchmesserstufen) erfolgte über eine Eingabemaske der MS-Access Routine "fgr\_auswertung.mdb" (vgl. auch Abbildung 4). Die berechneten Qualitätsklassen wurden direkt in die Spalte AQS\_F (als Zahl), bzw. in die Spalte AQS (als Beschreibung) der Datenbank "fgr\_stamm\_d.mdb" eingetragen.

### 3.6.4 Vitalität

Die Vitalität ist ein wesentlicher Parameter zur Einschätzung des aktuellen Gesundheitszustandes der Vorkommen. Sie wurde für jede der drei Durchmesserstufen getrennt erfasst, um den Zustand einer Population differenziert nach dem Alter der Bäume bewerten zu können. Zur Vergleichbarkeit der Vorkommen untereinander wurde die durchschnittliche Vitalität des einzelnen Vorkommens berechnet. Dazu war es zunächst notwendig, pro Vorkommen die durchschnittliche Vitalität jeder Durchmesserstufe zu errechnen. Hieraus wurde dann die durchschnittliche Vitalität des gesamten Vorkommens in Abhängigkeit der prozen-

tualen Durchmesseranteile berechnet. Die berechneten Ergebnisse wurden direkt in die Spalte GE\_vitindex und Vitalität der Datenbank „fgr\_stamm\_d.mdb“ eingetragen.

### 3.6.5 Demografische Strukturen

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

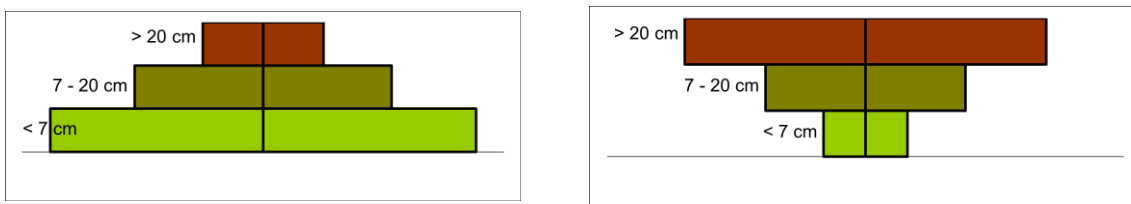


Abbildung 8a: Beispiel für Alterspyramiden

### 3.6.6 Ermittlung der Erhaltungsfähigkeit nach phänotypischen Kriterien

Über die Erhaltungswürdigkeit entscheiden die Populationsgröße, die Vitalität, die Verjüngungsfreudigkeit und ggf. die genetische Vielfalt. Aus den hier vorliegenden drei neu generierten Werten für Abundanz, Durchmesserstruktur und Vitalität wurde nun ein Wert zur Zuordnung der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen abgeleitet. Bei der Auswertung der Datenbank wurde jedes Vorkommen in eine Bewertung von sehr gut (1), gut (2), geschwächt (3), bedroht (4) bis absterbend (5) eingeteilt. Für die Einteilung in eine der entsprechenden Stufen lagen folgende Kriterien zugrunde:

Tabelle 3: Gesamtbewertung der Vorkommen der Traubenkirsche

Gesamtbewertung	Abundanzklasse	Durchmesserstruktur-Qualitätsklasse	Durchschnittliche Vitalität
sehr gut (1)	$\geq 6$	$\leq 2$	0-1
gut (2)	$\geq 5$	$\leq 3$	0-1,5
geschwächt (3)	$\geq 4$	$\leq 3$	1,51-2
bedroht (4)	$\geq 2$	$\leq 4$	2,01-2,5
absterbend (5)	$\geq 1$	$\geq 4$	2,51-4

Die Festlegung der Kriterien zur Berechnung der Erhaltungsfähigkeit erfolgte über eine Eingabemaske der MS-Access Routine "fgr\_auswertung.mdb" (vgl. auch Abbildung 6). Die in Tabelle 3 dargestellten Einstellungen wurden für die hier vorliegenden Untersuchungen gewählt. Die berechneten Ergebnisse wurden direkt in die Spalte ERW der Datenbank "fgr\_stamm\_d.mdb" eingetragen.

### **3.6.7 Dichteanalysen**

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

### **3.6.8 Bundeswuchsgebiete**

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

### **3.6.9 Potentielle natürliche Vegetation**

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

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

### **3.6.10 Naturverjüngung**

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

## **3.7 Auswahl von Genobjekten für die genetischen Analysen**

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

### **3.8 Beprobung ausgewählter Genobjekte**

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

Entnommene Proben wurden für jeden Baum getrennt in Tütchen gesammelt und beschriftet. Feuchte Proben wurden im Gelände zwischen Zeitungspapier kurz getrocknet. Alle Proben eines Standortes wurden gemeinsam verpackt, beschriftet und bis zum Versand kühl aufbewahrt. Mit wenigen Ausnahmen wurden pro Vorkommen 50 Bäume beprobt. Die Proben wurden zeitnah zu Aki Höltgen/Plant Genetic Diagnostics GmbH geschickt und analysiert.

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

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

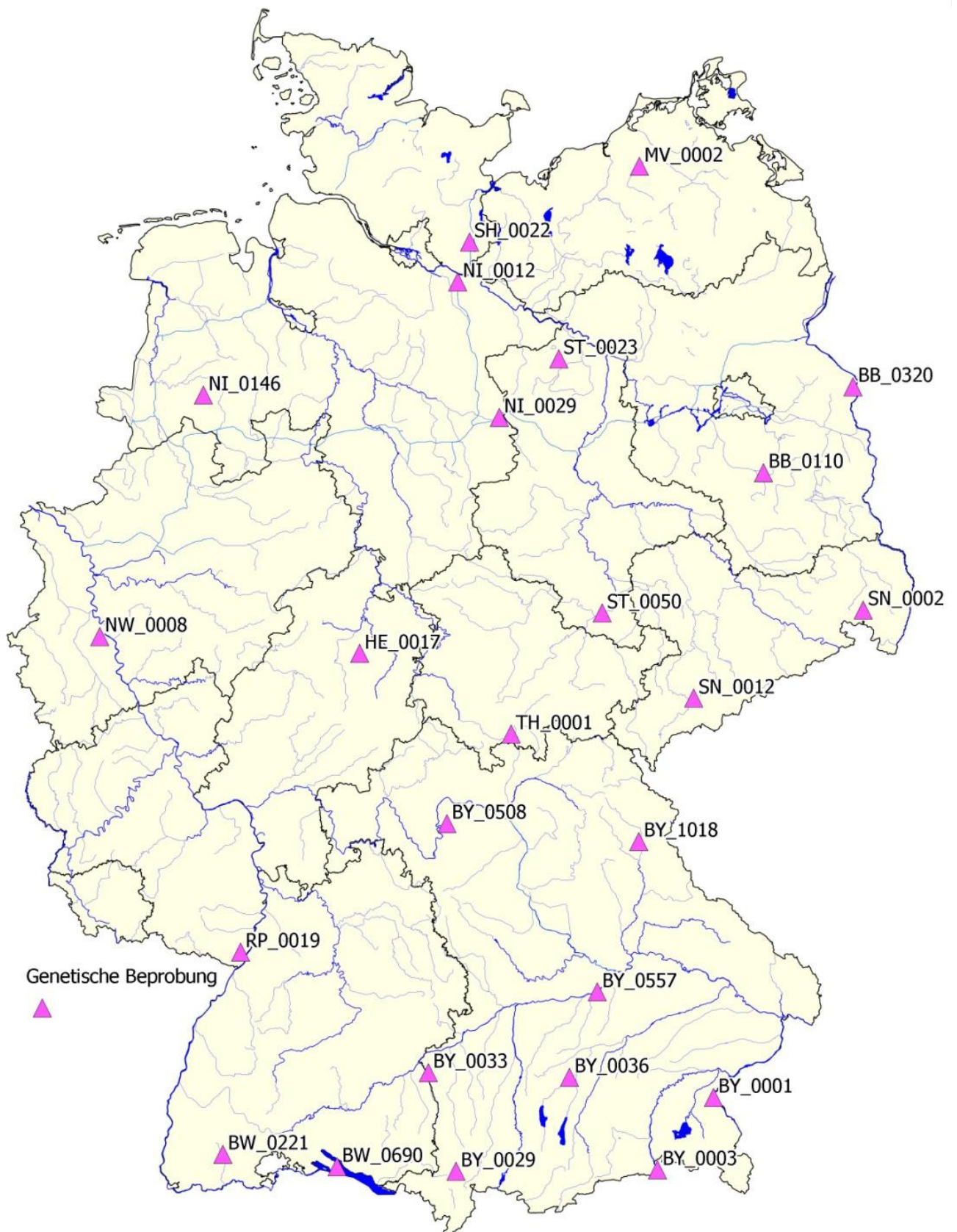


Abb. 8b: Übersicht über die genetisch beprobten Populationen der Gemeinen Traubenkirsche

### 3.9 Genetische Untersuchung

Ziel der Untersuchungen war es, die genetische Variation der Traubenkirsche in Deutschland zu erfassen und darauf aufbauend Empfehlungen für Erhaltungsmaßnahmen aus genetischer Sicht abzuleiten.

#### 3.9.1 Probenmaterial

Unter der Koordination des Bayerischen Amtes für Forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) in Teisendorf wurden ca. 1200 Proben der Baumart *Prunus padus* (Gemeine Traubenkirsche) zur Mikrosatelliten-Genotypisierung an die Firma Plant Genetic Diagnostics GmbH geschickt. Die Blätter von 24 Traubenkirschenbeständen verteilt über ganz Deutschland wurden im Frühjahr/Sommer 2011 eingesammelt. Nach Eintreffen der Proben bei der Fa. Plant Genetic Diagnostics GmbH wurden diese getrocknet und bis zur Analyse zwischengelagert.

#### 3.9.2 Methodische Details zur DNA-Analyse

Es standen herbartgetrocknete Blattproben zur Verfügung. Die DNA wurde nach einem modifizierten Protokoll von Dumolin et al. (1995) extrahiert (Lysispuffer: ATMAB (Alkyltrimethylammoniumbromid)-PVP; Dichlormethan zur Fällung von Verunreinigungen). Die isolierte DNA wurde bis zur Analysedurchführung bei -20°C gelagert. Die Endkonzentration der DNA-Lösungen für die PCR-Analytik wurde auf 10 ng/µl eingestellt.

Zur genetischen Charakterisierung wurden hochvariable DNA-Marker (Kernmikrosatelliten) verwendet. Die Auftrennung erfolgte mittels vollautomatischer Kapillarelektrophorese und wurde softwaregestützt analysiert. In Tabelle 1 sind die getesteten und anschließend für diese Studie ausgewählten SSR-Marker aufgelistet. Von den elf getesteten und ursprünglich für *Prunus avium* und *P. persica* entwickelten Mikrosatelliten, waren schließlich nur 5 eindeutig verwertbar. Die übrigen Marker zeigten keine Amplifikation bzw. waren nur teilweise auswertbar.

Die Auftrennung der Fragmente nach ihren Größen erfolgte über einen MegaBACE-Sequenzierautomaten mit 96 Kapillaren (GE Healthcare, Freiburg) als auch über den ABI3730 mit 48 Kapillaren. Die Fragmentlängen wurden unter Verwendung der Softwareprogramme Fragment-Profiler (GE Healthcare, Freiburg) als auch GeneMapper bestimmt.

### 3.10 Statistische Auswertungen

Zur Veranschaulichung und Beschreibung bestimmter Sachverhalte wurden Daten nach statistischen Verfahren ausgewertet. Da die Datensätze eine sehr große Spannweite aufzeigen, ist die Verwendung und die Aussagefähigkeit von "arithmetischen Mittelwerten" nicht in allen Fällen zielführend. In den vorliegenden Untersuchungen wurde deshalb der "Median" (Zentralwert; 0,5-Quantil) verwendet. Graphisch wurden die Ergebnisse als BoxPlot oder Box-Whisker-Plot (s. Anlagen) dargestellt. Eine Erklärung des Aufbaus mit Nennung der Kennwerte ist in Abbildung 9 gegeben.

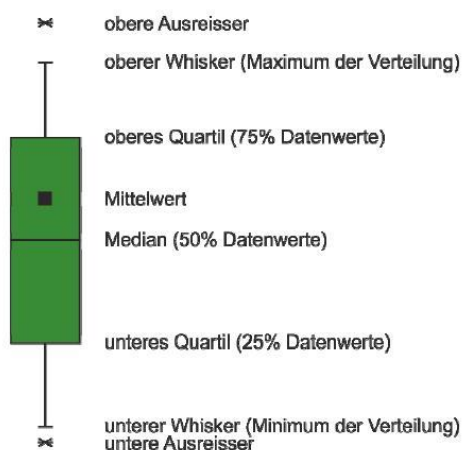


Abbildung 9: Darstellung eines BoxPlot (auch Box-Whisker-Plot) mit Benennung der Kennwerte. Zusätzlich ist der Mittelwert des Datensatzes angegeben.

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

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

Abk.	Bedeutung	Flächengröße (km <sup>2</sup> )
BB	Brandenburg	29.482,0
BW	Baden-Württemberg	35.511,5
BY	Bayern	70.550,0
HE	Hessen	21.114,9
MV	Mecklenburg-Vorpommern	23.189,0
NI	Niedersachsen	47.635,0
NW	Nordrhein-Westfalen	34.088,0
RP	Rheinland-Pfalz	19.853,6
SH	Schleswig-Holstein	15.799,1
SL	Saarland	2.568,7
SN	Sachsen	18.419,7
ST	Sachsen-Anhalt	20.448,9
TH	Thüringen	16.172,4
DE	Deutschland	355.072,5

## 4 Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

Die Erfassung liefert grundlegende Erkenntnisse zur Gesamtzahl der Vorkommen und Bäume sowie zur Altersstruktur, zur Vitalität und zu den Verjüngungsanteilen in den einzelnen Bundesländern. Darüber hinaus konnte den erfassten Beständen Schutzstatus und Eigentumsverhältnis zugeordnet werden. Zur Feststellung von Konzentrationen oder „baumfreien“ Gebieten wird die räumliche Verteilung der Vorkommen hinsichtlich Bundesländern und Wuchsgebieten dargestellt.

In der Gesamtbewertung ergibt sich aus den erhobenen Parametern die errechnete Erhaltungsfähigkeit eines Vorkommens. Nach vorher definierten Kriterien erfolgte auf Grundlage der Auswertungen eine Auswahl von Vorkommen zur Beprobung und genetischen Analyse mittels DNS-Markern. Neben der Genotypisierung der einzelnen Individuen sollten zur Beurteilung der Erhaltungswürdigkeit der einzelnen Vorkommen auch verschiedene populationsgenetische Parameter berechnet werden. Dazu zählen die gefundene Anzahl an genetischen Varianten, die Diversität (effektive Anzahl an Allelen) sowie die Differenzierung der einzelnen Bestände.

### 4.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen

Insgesamt wurden 1.040 Traubenkirschenvorkommen mit über 3,9 Millionen Bäumen aufgenommen (Tab. 5a, S. 33). Die meisten kartierten Vorkommen (183) liegen in Baden-Württemberg, gefolgt von Bayern mit 180 Vorkommen. Es ist darauf hinzuweisen, dass nicht die exakte Individuenanzahl für Deutschland zu benennen war, da die Baumzahl bei größeren Vorkommen geschätzt werden musste und Vorkommen mit geringer Baumzahl nicht berücksichtigt werden konnten.

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

Die Anzahl der Vorkommen in den Bundesländern ist sehr unterschiedlich. So verteilen sich die meisten Vorkommen auf die Bundesländer Baden-Württemberg, Bayern und Niedersachsen. In Mecklenburg-Vorpommern, Saarland, Thüringen, Nordrhein-Westfalen und Sachsen gibt es nur wenige Genobjekte (Abb. 10).

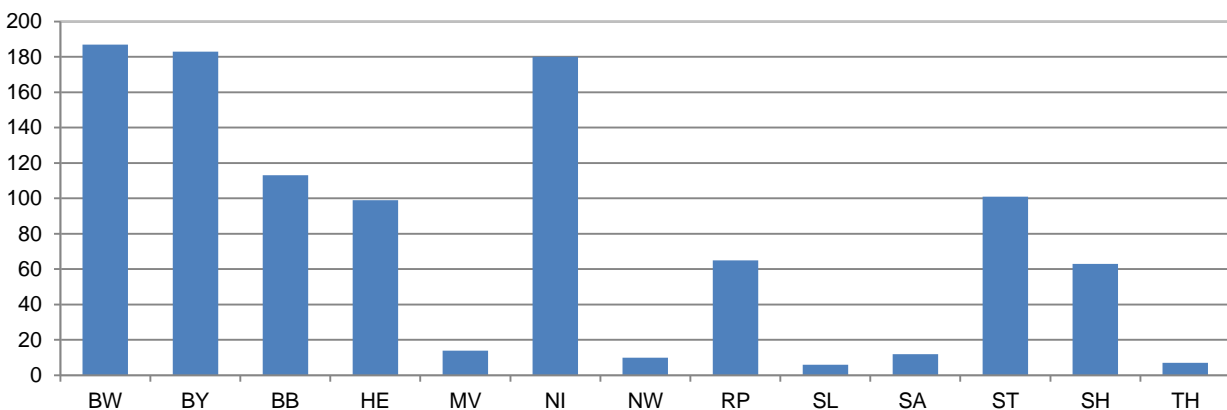


Abbildung 10: Anzahl der kartierten Traubenkirschen-Vorkommen nach Bundesländern



In Niedersachsen konnten mit über 1.332.038 Exemplaren die meisten Traubenkirschen gefunden werden (Abb. 11), gefolgt von Sachsen-Anhalt (858.124), Rheinland-Pfalz (522.403) und Bayern (455.331).

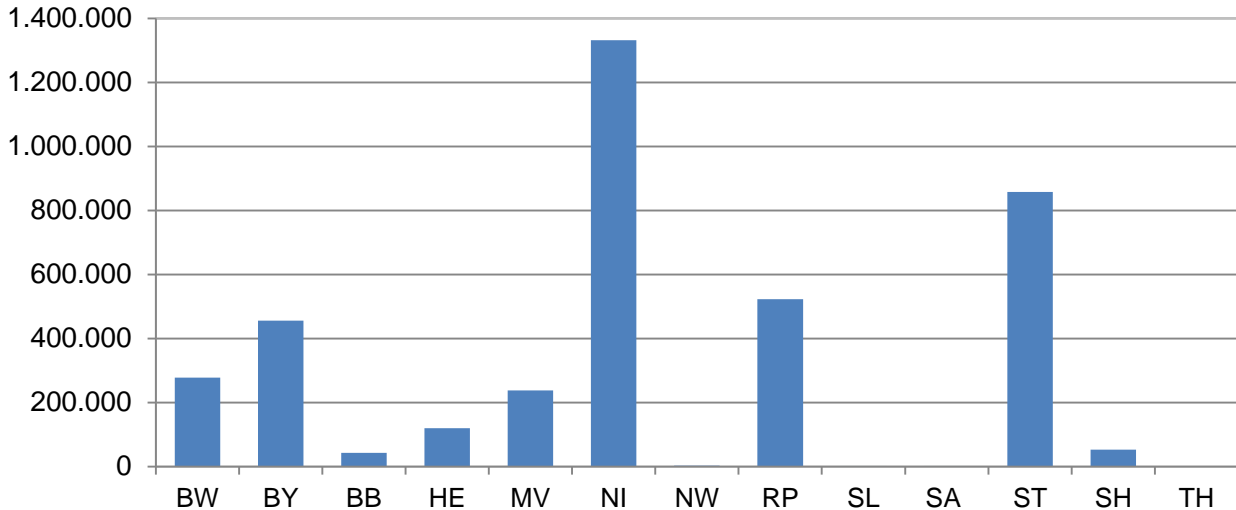


Abbildung 11: Anzahl der kartierten Traubenkirschen (Anzahl Bäume) nach Bundesländern

Die Anzahl der Vorkommen sowie der Anzahl die Bäume in den einzelnen Bundesländern sind in Abbildung 12 dargestellt. Die Bundesländer sind farblich zusätzlich nach der Anzahl der Genobjekte klassifiziert. Die genaue Lage der Vorkommen ist in der Abbildung 13 dargestellt. Die Individuenzahl wird über verschieden große Punkte (Abundanzklassen) dargestellt.

Tab. 5a: Kennzahlen der Traubenkirschen-Vorkommen in Deutschland

Bundesland	Anzahl Vorkommen	Anzahl Bäume	Fläche der Vorkommen [ha]	Anzahl Bäume/ ha Fläche	Vorkommen je 1000 km <sup>2</sup>	Bäume je 1000 km <sup>2</sup>	% Anteil der Vorkommen mit NVJ
BB	113	42.964	1.807	24	3,8	1.457	76%
BW	187	277.342	2.462	113	5,2	7.757	82%
BY	183	455.331	2.732	167	2,6	6.454	57%
HE	99	119.696	13.220	9	4,7	5.669	99%
MV	14	237.871	117	2.030	0,6	10.262	36%
NI	180	1.332.038	19.763	67	3,8	27.970	97%
NW	10	3.061	93	33	0,3	90	80%
RP	65	522.403	115	4.558	3,3	26.314	77%
SL	6	1.360	5	259	2,3	529	83%
SN	12	1.161	6	181	0,7	63	92%
ST	101	858.124	9.041	95	4,9	41.970	98%
SH	63	52.589	454	116	4	3.329	83%
TH	7	625	16	40	0,4	39	57%
DE	1.040	3.904.565	49.831	78	3,2	12.170	82%

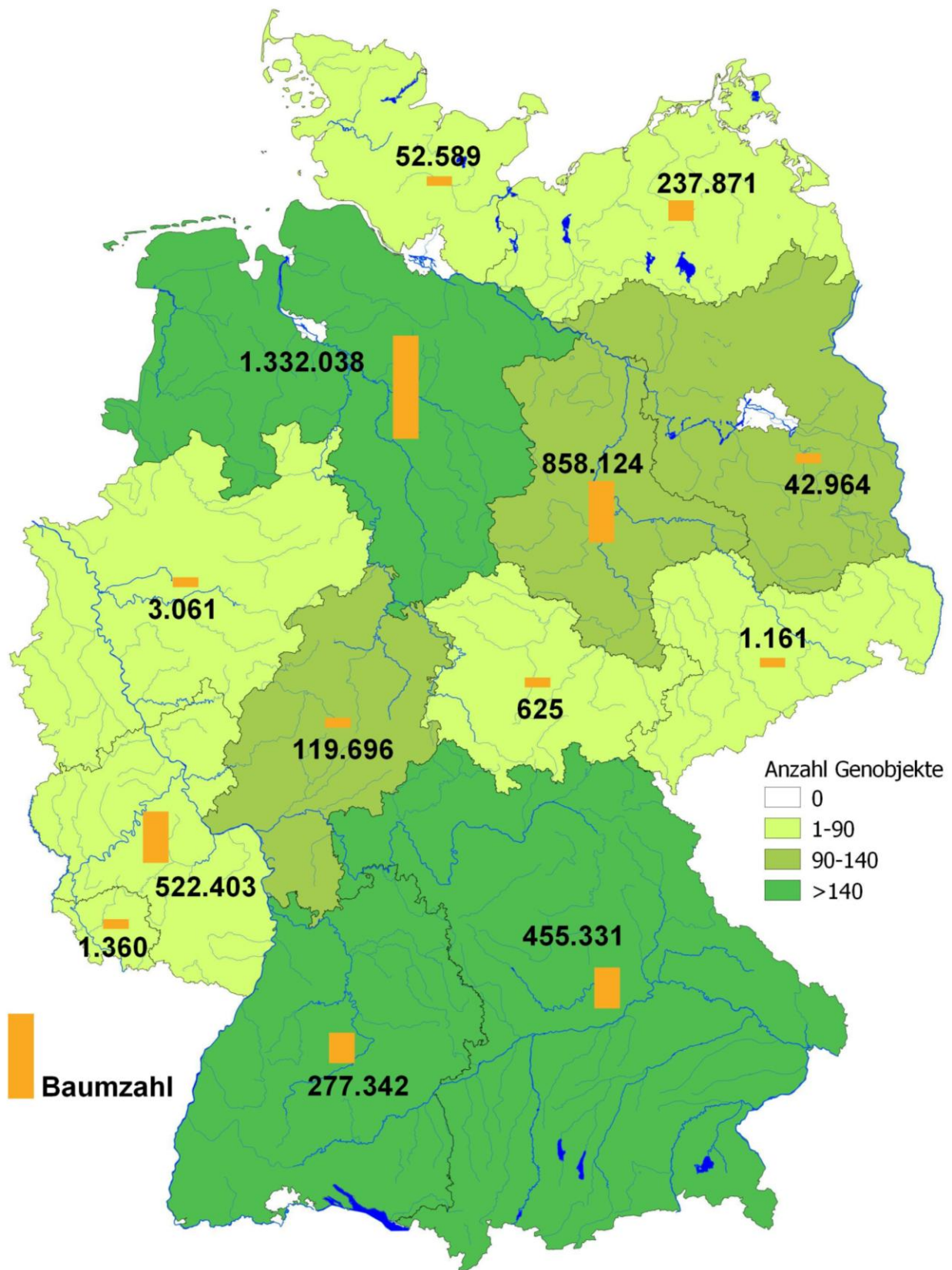


Abbildung 12: Vergleich der Bundesländer hinsichtlich der Anzahl der Traubenkirschen-Vorkommen sowie der Anzahl der Traubenkirschen

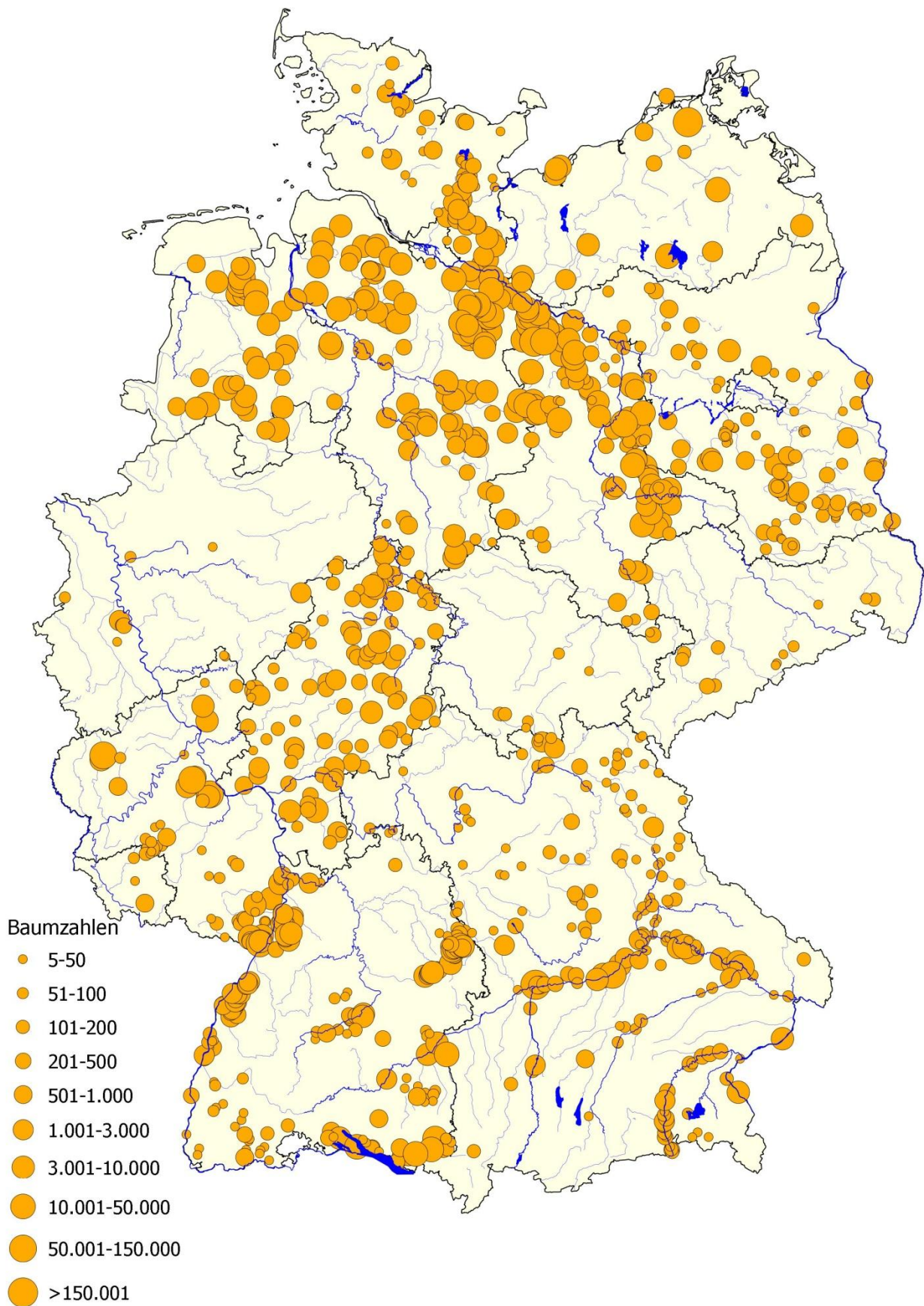


Abbildung 13: Lage der kartierten Bestände der Traubenkirsche mit Größenklassen der kartierten Baumzahlen.

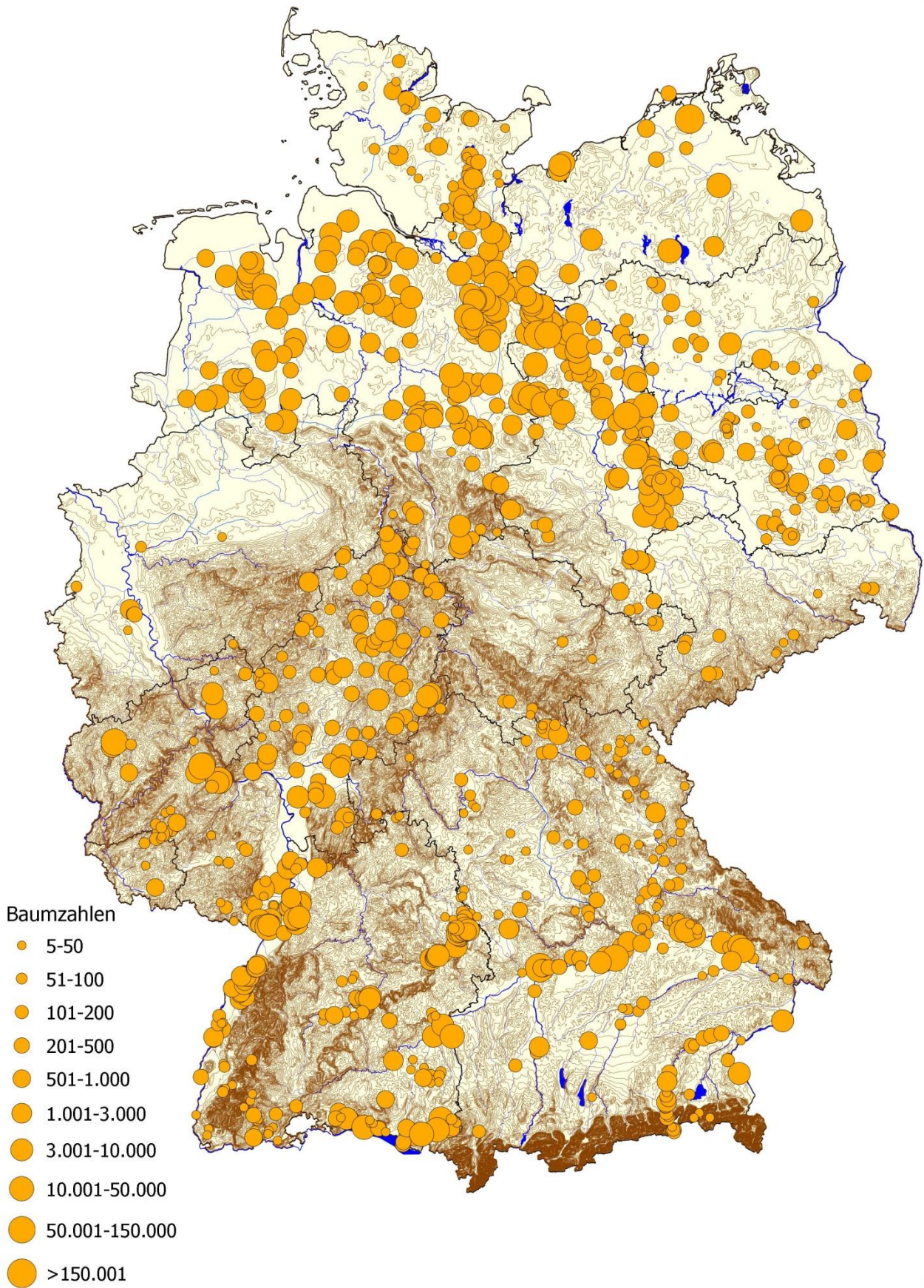


Abbildung 14: Kartierte Traubenkirschen-Vorkommen und deren Höhenlage

Größere Vorkommen der Gemeine Traubenkirsche sind, wie aus Abbildung 14 ersichtlich, im westlichen Norddeutschen Tiefland, der Rheinebene und in den Auwäldern der Donau sowie im Bodenseegebiet und Westdeutschen Bergland zu finden. Höhere Lagen der Alpen, des Schwarzwaldes und der östlichen Mittelgebirge werden kaum besiedelt. Geringe Verbreitung hat sie in der Rheinisch-Westfälische Bucht, im Württembergisch-Fränkischen Hügelland, in Nordbayern sowie in Thüringen und Sachsen.

Bei Berücksichtigung der Anzahl der Vorkommen/Fläche (Vorkommen/1.000 km<sup>2</sup>) bzw. Individuen/Fläche (Bäume/1.000 km<sup>2</sup>) ergibt sich folgendes Bild (Abb. 15). Mit 5,23 Vorkommen je 1.000 km<sup>2</sup> verfügt das Bundesland Baden-Württemberg über die höchste Dichte. Vergleicht man jedoch die Baumzahl (Abb. 16), ergibt sich ein Wert von 7.757 Bäumen je 1000 km<sup>2</sup>, der im unteren Bereich rangiert. Das Bundesland Sachsen-Anhalt besitzt mit 4,94 Vorkommen und 41.970 Individuen pro tausend km<sup>2</sup> bei beiden Kennzahlen den höchsten Anteil Traubenkirschen pro Landesfläche.

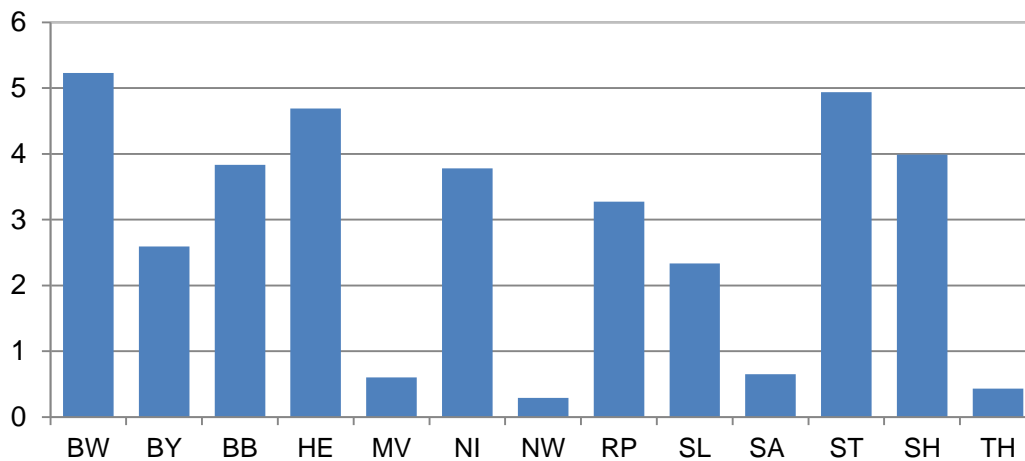


Abbildung 15: Anzahl der kartierten Traubenkirschen-Vorkommen bezogen auf die Fläche (in 1.000 km<sup>2</sup>) der Bundesländer

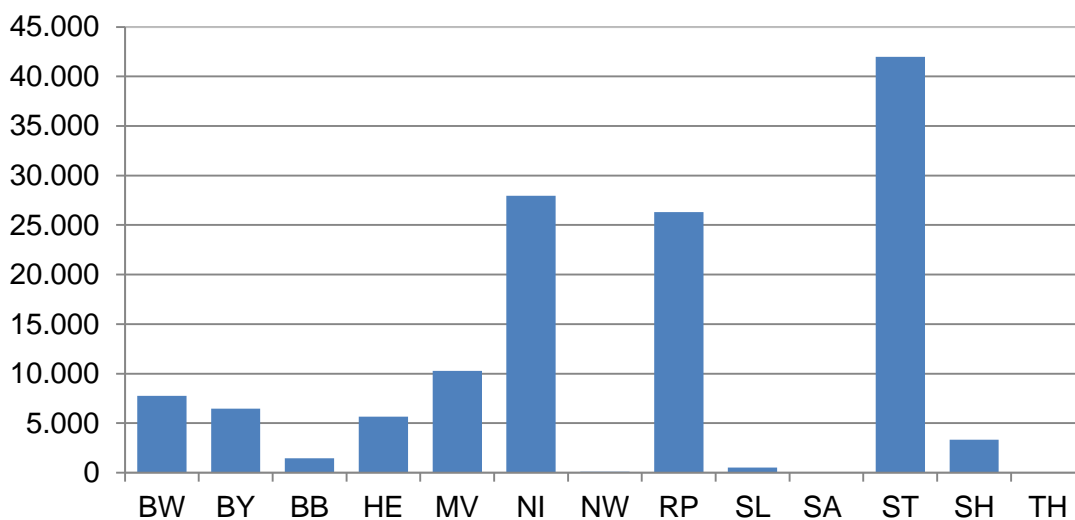


Abbildung 16: Anzahl der kartierten Traubenkirschen bezogen auf die Fläche (in 1.000 km<sup>2</sup>) der Bundesländer

### 4.1.2 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten

Untersucht wurde ebenfalls die Häufigkeit der Traubenkirschen-Vorkommen in den einzelnen Wuchsgebieten (Abb. 17 und 18).

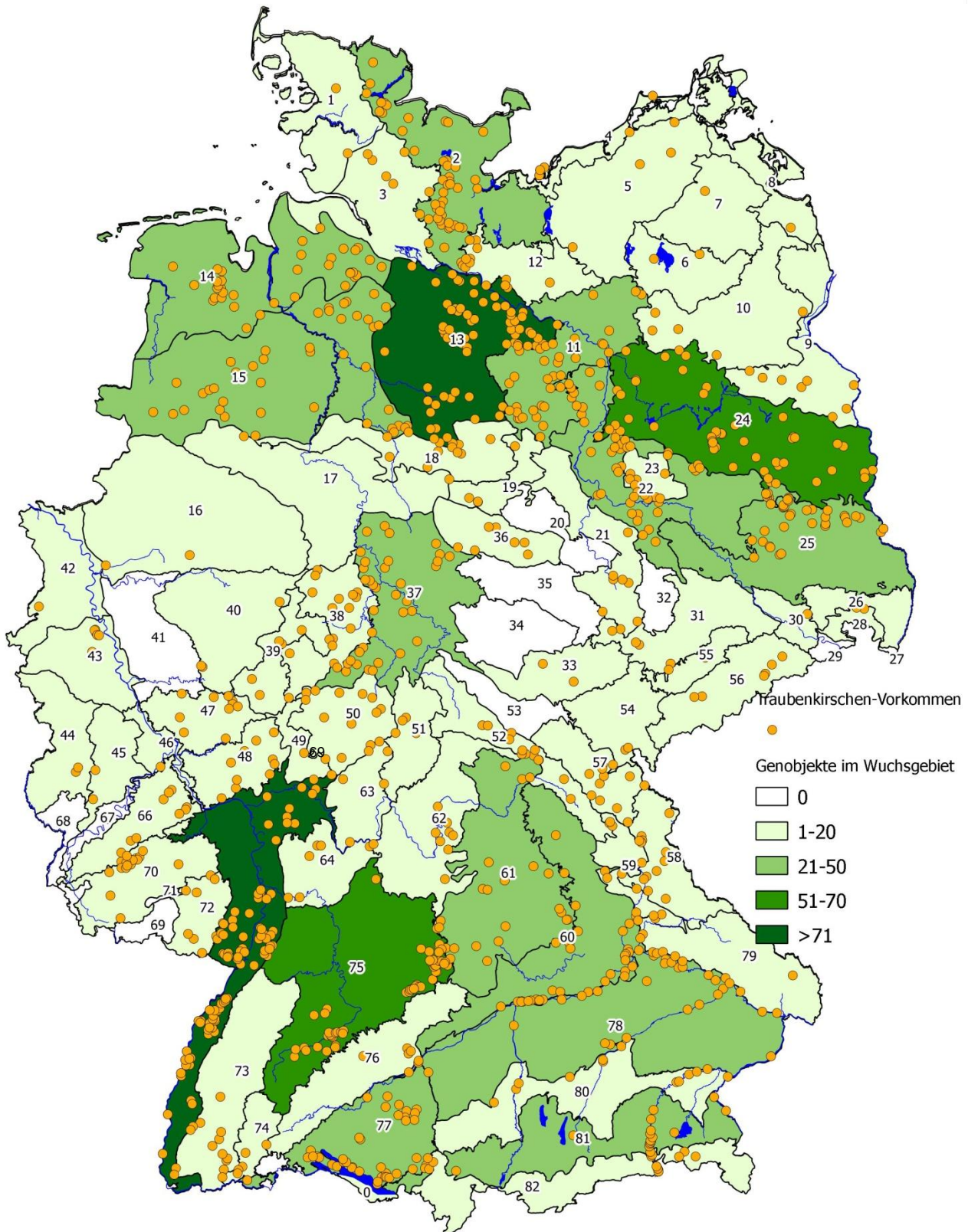


Abbildung 17: Anzahl der kartierten Traubenkirschen-Vorkommen in den Bundeswuchsgebieten

Die genauen Zahlen sind in der Tabelle 5 zusammengestellt. Mit 944.386 Individuen und 75 Vorkommen wachsen im Wuchsgebiet Ostniedersächsisches Tiefland (13) die meisten Traubenkirschen.

Abbildung 18 zeigt, dass die Traubenkirschen-Vorkommen an größeren Flussläufen gehäuft vorkommen. An der mittleren Elbe im Biosphärenreservat *Flusslandschaft Elbe* sind noch größere Populationen der Traubenkirsche zu finden. Im gesamten Süden von Bayern ist die Traubenkirsche an feuchten Standorten wie Mooren, Seen, Bächen und Flüssen in unterschiedlichen Anzahlen zu finden. Aufgrund der häufigen Vorkommen konnten diese Kleinstandorte nicht kartiert werden. Wichtige Vorkommen im Süden befinden sich am Bodensee, entlang der Rheins und der Donau. In Mitteldeutschland sind die meisten Vorkommen in Hessen zu finden, die jedoch nicht an die prägenden Flussabschnitte gebunden sind, sondern eher an feuchten Standorten vorkommen.

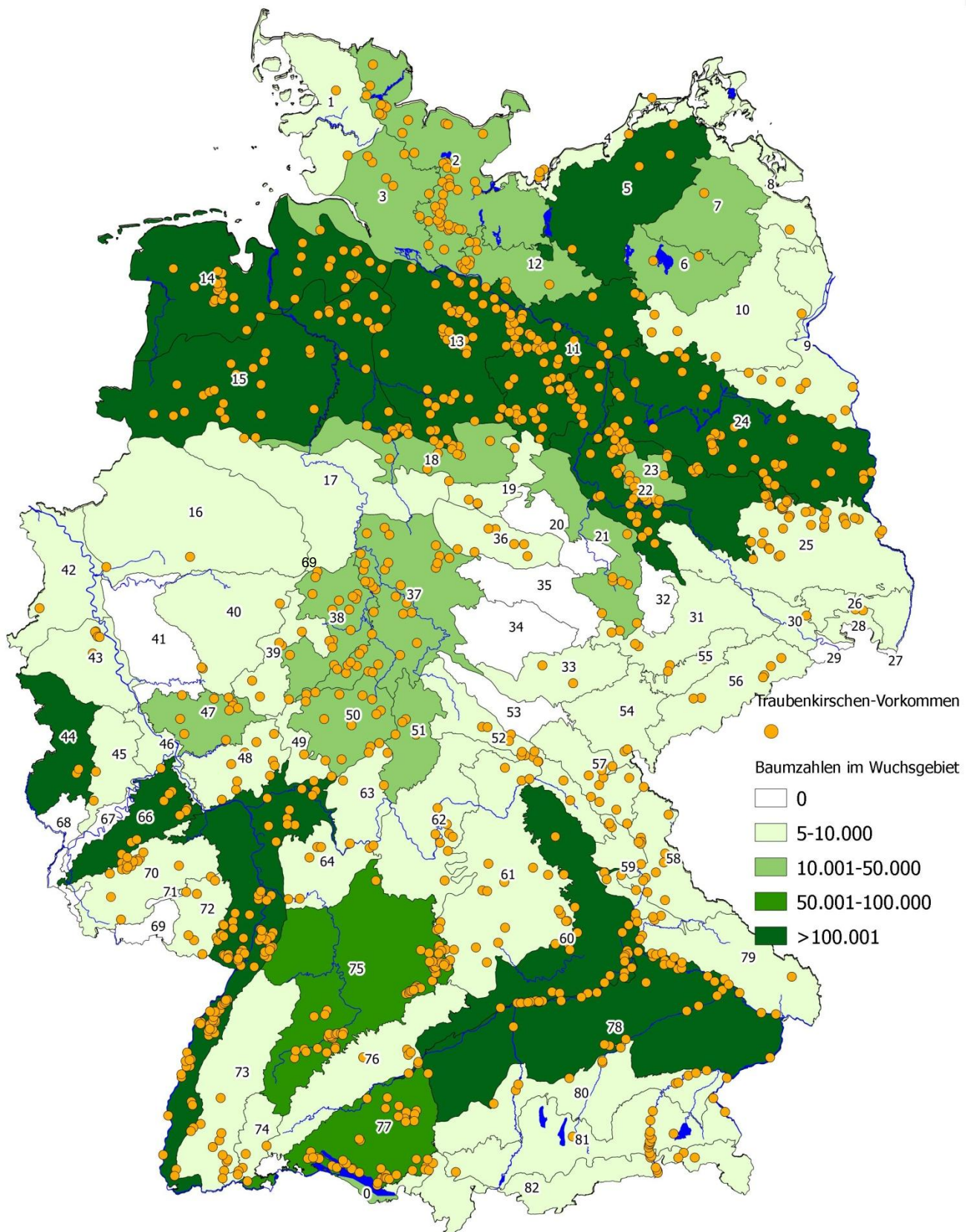


Abbildung 18: Anzahl (Baumzahlklassen) der kartierten Traubenkirschen in den Bundeswuchsgebieten



Tabelle 5: Anzahl der kartierten Traubenkirschen-Vorkommen und Anzahl der kartierten Bäume in den Bundeswuchsgebieten

WG Code	Bundeswuchsgebiet	Baumzahl	Genobjektanzahl
0	(Bodensee)	15.000	1
1	Schleswig-Holstein Nordwest	60	2
2	Jungmoränenlandschaft Schleswig-Holstein Ost / Nordwest-Mecklenburg	37.654	50
3	Schleswig-Holstein Südwest	11.255	8
4	Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland	7.200	1
5	Ostholsteinisch-Westmecklenburger Jungmoränenland	189.031	5
6	(Mittel-) Mecklenburger Jungmoränenland	12.540	2
7	Ostmecklenburg-Vorpommersches Jungmoränenland	12.900	1
8	Ostvorpommersches Küstenland	3.600	1
9	Nordostbrandenburger Jungmoränenland (Mittelbrandenburger Jungmoränenland)	2.666	8
10	Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nordbrandenburger Jungmoränenland)	9.620	5
11	Ostniedersächsisch-Altmarkisches Altmoränenland (Westprignitz-Altmarkisches Altmoränenland)	468.895	38
12	Südost-Holsteinisch-Südwestmecklenburger Altmoränenland	21.970	7
13	Ostniedersächsisches Tiefland	944.386	75
14	Niedersächsischer Küstenraum	168.870	34
15	Mittelwestniedersächsisches Tiefland	235.731	44
16	Westfälische Bucht	94	2
17	Weserbergland	1.128	2
18	Nordwestdeutsche Berglandschwelle	10.909	6
19	Nordwestliches Harzvorland	2.280	4
21	Sachsen-Anhaltinische Löss-Ebene	15.552	8
22	Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland	120.258	49
23	Hoher Fläming	45.446	8
24	Mittelbrandenburger Talsand- und Moränenland	162.318	56
25	Düben-Niederlausitzer Altmoränenland	6.498	32
26	Lausitzer Löss-Hügelland	74	1
28	Oberlausitzer Bergland	159	1
30	Westlausitzer Platte und Elbtalzone	28	1
31	Sächsisch-Thüringisches Löss-Hügelland	632	5
33	Ostthüringisches Trias-Hügelland	80	2
36	Harz	2.139	7
37	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	37.573	35
38	Nordwesthessisches Bergland	17.298	15
39	Nördliches hessisches Schiefergebirge	2.355	8
40	Sauerland	1.104	3
42	Niederrheinisches Tiefland	87	1
43	Niederrheinische Bucht	2.880	7
44	Nordwesteifel	105.000	2
45	Osteifel	1.100	2
46	Mittelrheintal	5	1
47	Westerwald	25.740	10
48	Taunus	6.425	10
49	Wetterau und Giessener Becken	940	3
50	Vogelsberg und östlich angrenzende Sandsteingebiete	11.427	13
51	Rhön	12.340	5
52	Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland	5.983	13
54	Vogtland	86	2
55	Erzgebirgsvorland	107	1
56	Erzgebirge	519	6
57	Frankenwald, Fichtelgebirge und Steinwald	507	12
58	Oberpfälzer Wald	2.027	12
59	Oberpfälzer Becken- und Hügelland	1.005	14
60	Frankenalb und Oberpfälzer Jura	235.290	31
61	Fränkischer Keuper und Albvorland	5.451	25
62	Fränkische Platte	293	8
63	Spessart	320	3
64	Odenwald	3.448	6
65	Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene	276.909	93
66	Hunsrück	230.400	10
70	Saar-Nahe Bergland	3.625	18
72	Pfälzerwald	438	6
73	Schwarzwald	1.381	14
74	Baar-Wutach	145	2
75	Neckarland	96.554	58
76	Schwäbische Alb	4.611	6
77	Südwestdeutsches Alpenvorland	79.693	41
78	Tertiäres Hügelland	191.667	35
79	Bayerischer Wald	577	7
80	Schwäbisch-Bayerische Schotterplatten- und Altmoränenlandschaft	2.930	11
81	Schwäbisch-Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge	7.292	22
82	Bayerische Alpen	71	3

### 4.1.3 Potentielle natürliche Vegetation

In den vier nördlichen Bundeswuchsgebieten 11,13,14 und 15 (Tab. 5) wurden insgesamt über 1.8 Millionen Traubenkirschen kartiert. Mit 944.386 Bäumen verfügt das Niedersächsische Tiefland über die größten Vorkommen in Deutschland insgesamt.

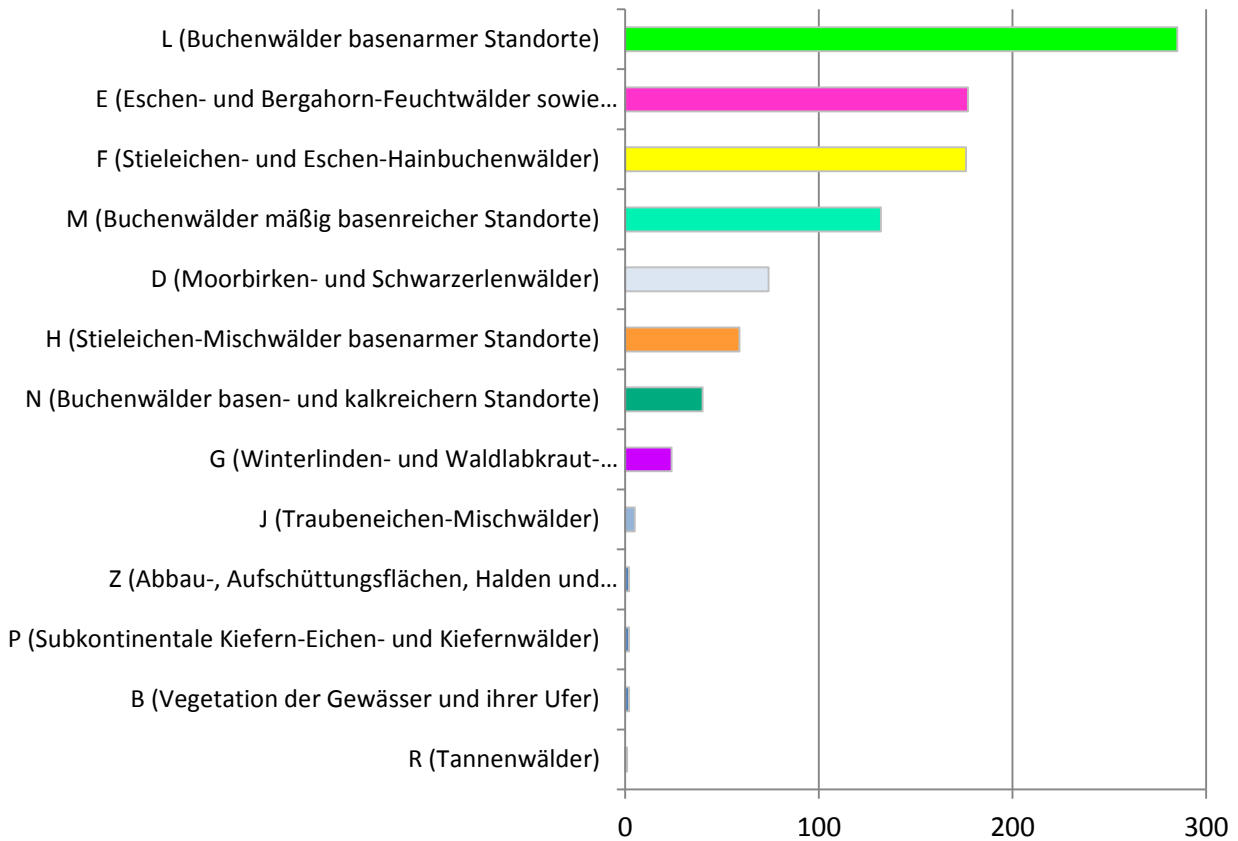


Abbildung 19: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen

Eine Verschneidung der Daten mit der Karte der potentiellen natürlichen Vegetation (pnV, Abb. 20) zeigt, dass die meisten Vorkommen heute auf basenarmen Buchenwaldstandorten vorkommen. Erst an zweiter Stelle rangieren mit ca. 170 Vorkommen die Eschen- und Bergahorn-Feuchtwälder. Abbildung 20 zeigt die Verteilung der Vorkommen nach der pnV.

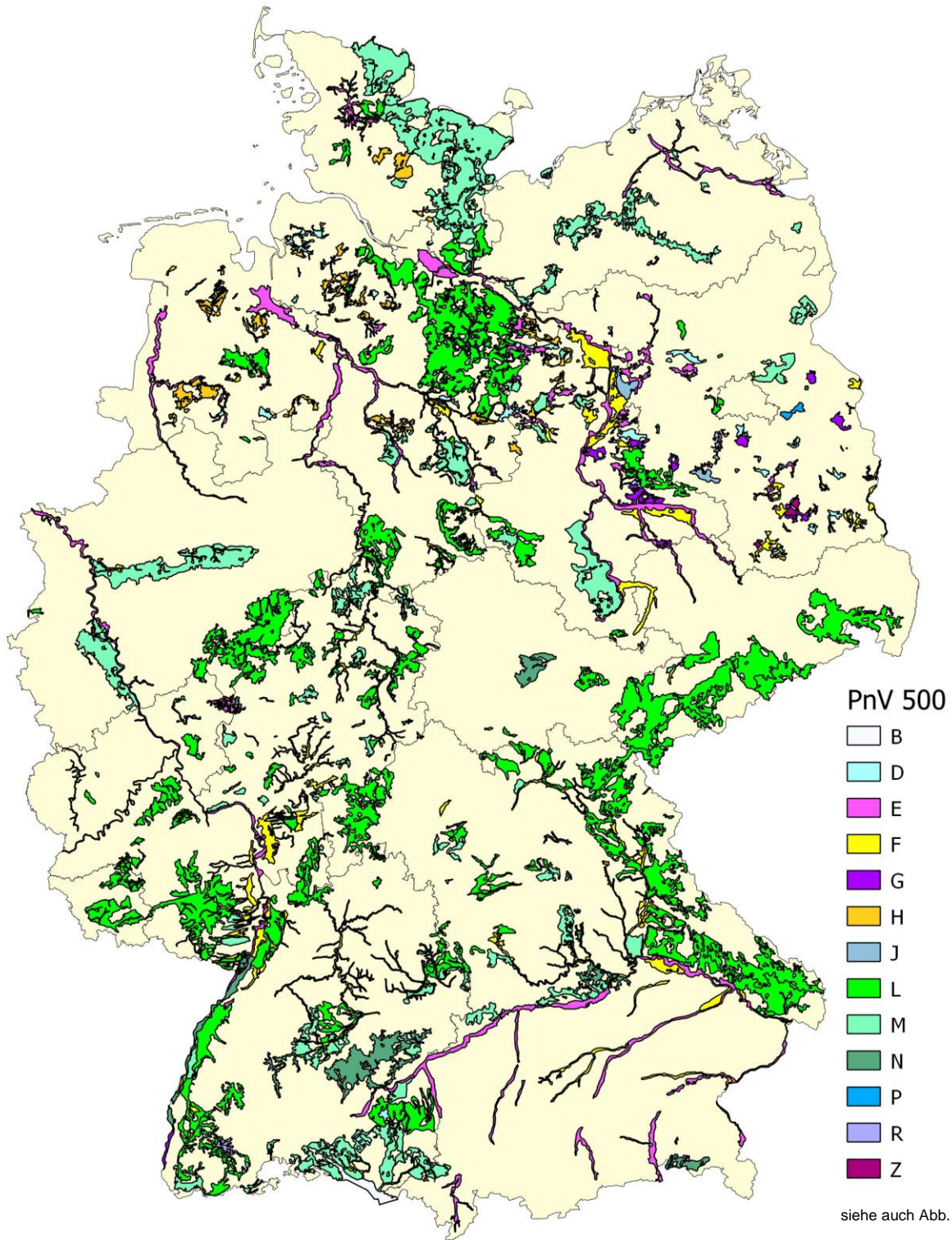


Abbildung 20: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Traubenkirschen-Vorkommen (nach Bohn et al. 2000/2003)

## 4.2 Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl

Mecklenburg-Vorpommern hat mit Abstand die baumzahlreichsten Vorkommen mit durchschnittlich 16.990 Bäumen pro Vorkommen, die im Gegensatz mit 8,4 ha aber zu den kleineren Vorkommen zählen (Abb.21). Die Vorkommen der erfassten Traubenkirschen besitzen eine Durchschnittsfläche von 47,9 ha sowie eine durchschnittliche Baumzahl je Vorkommen von 3.754 Individuen. Die mit deutlichem Abstand flächenmäßig größten Vorkommen der Traubenkirsche liegen in Hessen (134 ha), Niedersachsen (110 ha) und Sachsen-Anhalt (90 ha) (Abb. 22). In Thüringen sind die Vorkommen durchschnittlich nur 2 ha groß. In den anderen Bundesländern liegen die Durchschnittswerte zwischen 0,9 ha und 16 ha je Vorkommen.

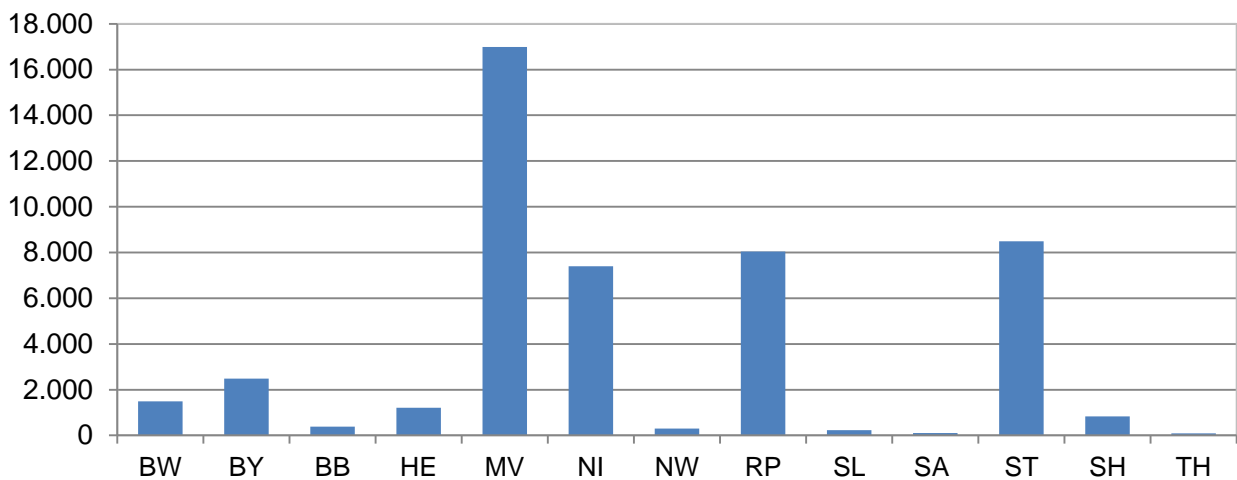


Abbildung 21: Durchschnittliche Baumzahl der Traubenkirschen-Vorkommen pro Bundesland

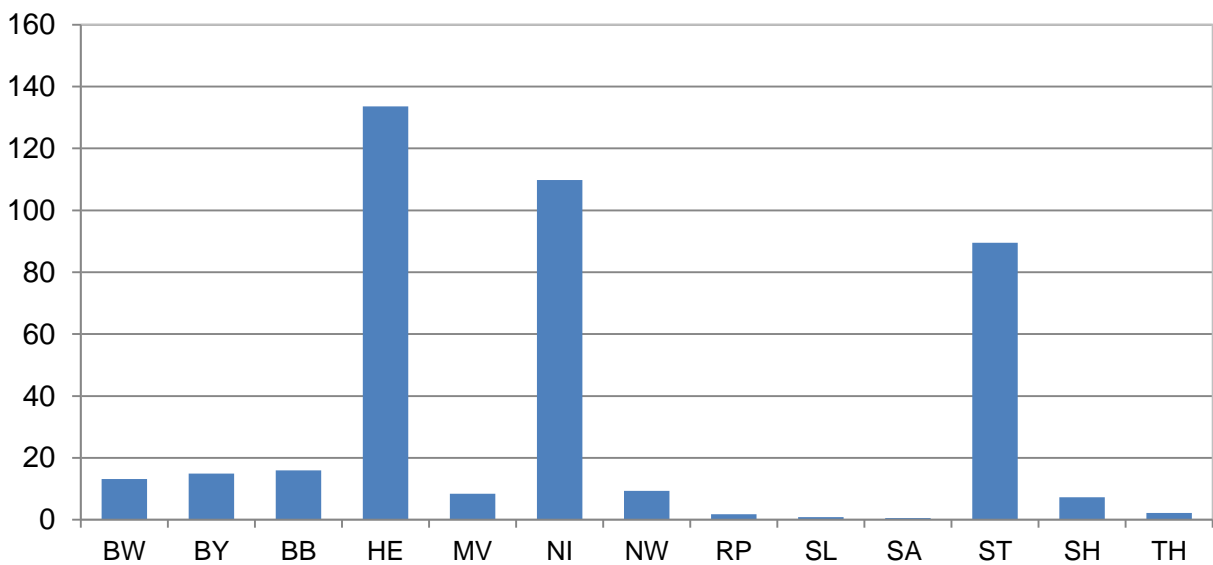


Abbildung 22: Durchschnittliche Flächengröße der Traubenkirschen-Vorkommen pro Bundesland

### 4.2.1 Abundanz

Die Abundanz ist ein Maß der Individuendichte der Populationen und gibt die Gesamtzahl von Individuen pro Vorkommen an. Zur Klassifizierung der Vorkommen hinsichtlich der Erhaltungswürdigkeit wurde die Datenbank nach den bereits beschriebenen Abundanzstufen ausgewertet (Tab. 6). Rund 61 % der Vorkommen weisen Individuenzahlen unter 500 Bäumen auf (Klassen 1, 2, 3 und 4). Etwa 31 % der Vorkommen umfassen 501 bis 10.000 Individuen (Klasse 5, 6 und 7). Knapp 8 % der Vorkommen liegen in den Abundanzklassen 8, 9 und 10 (zwischen 10.001 und 215.000 Bäumen). Bemerkenswert ist, dass es 204 Vorkommen mit über 3.000 Bäumen gibt. Die Tabelle 6 zeigt die Verteilung der Abundanzklassen im Überblick.

Tabelle 6: Verteilung der Traubenkirschen-Vorkommen in den Abundanzstufen

Stufe	Individuenzahl	Anzahl	Anzahl %
1	5- 50	244	23,5%
2	51- 100	121	11,6%
3	101- 200	121	11,6%
4	201-500	149	14,3%
5	501- 1.000	100	9,6%
6	1.001- 3.000	101	9,7%
7	3.001- 10.000	122	11,7%
8	10.001- 50.000	72	6,9%
9	50.001- 150.000	7	0,7%
10	>150.001	3	0,3%

### 4.3 Durchmesserstruktur und Altersstruktur

#### 4.3.1 Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen

Rund 67 % der kartierten Traubenkirschen in der Bundesrepublik Deutschland sind schwächer als 7 cm Brusthöhendurchmesser (BHD). Etwa 29 % der Bäume weisen Durchmesser zwischen 7 cm und 20 cm auf, rund 4 % der Individuen haben einen BHD über 20 cm. Es überwiegen deutlich die kleineren Durchmesser, gefolgt von den mittleren Durchmessern (Abb. 23).

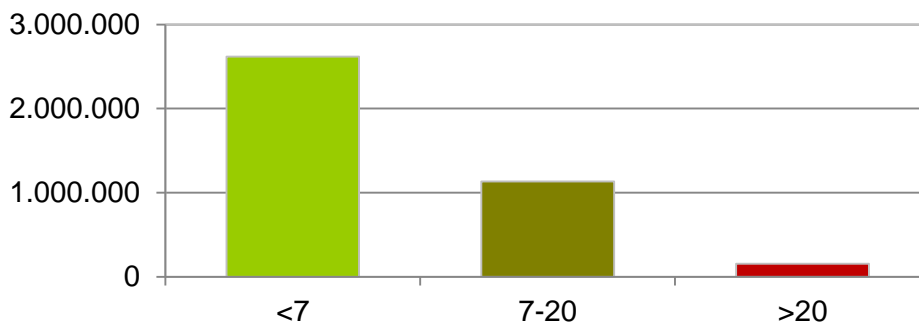


Abbildung 23: Anzahl Traubenkirschen in den drei Durchmesserstufen in Deutschland

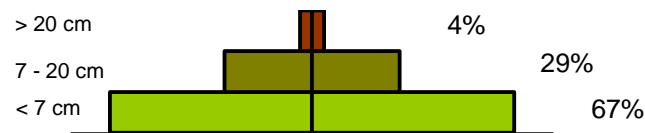


Abbildung 24: Altersstrukturpyramide der Durchmesserstufen im Bundesgebiet

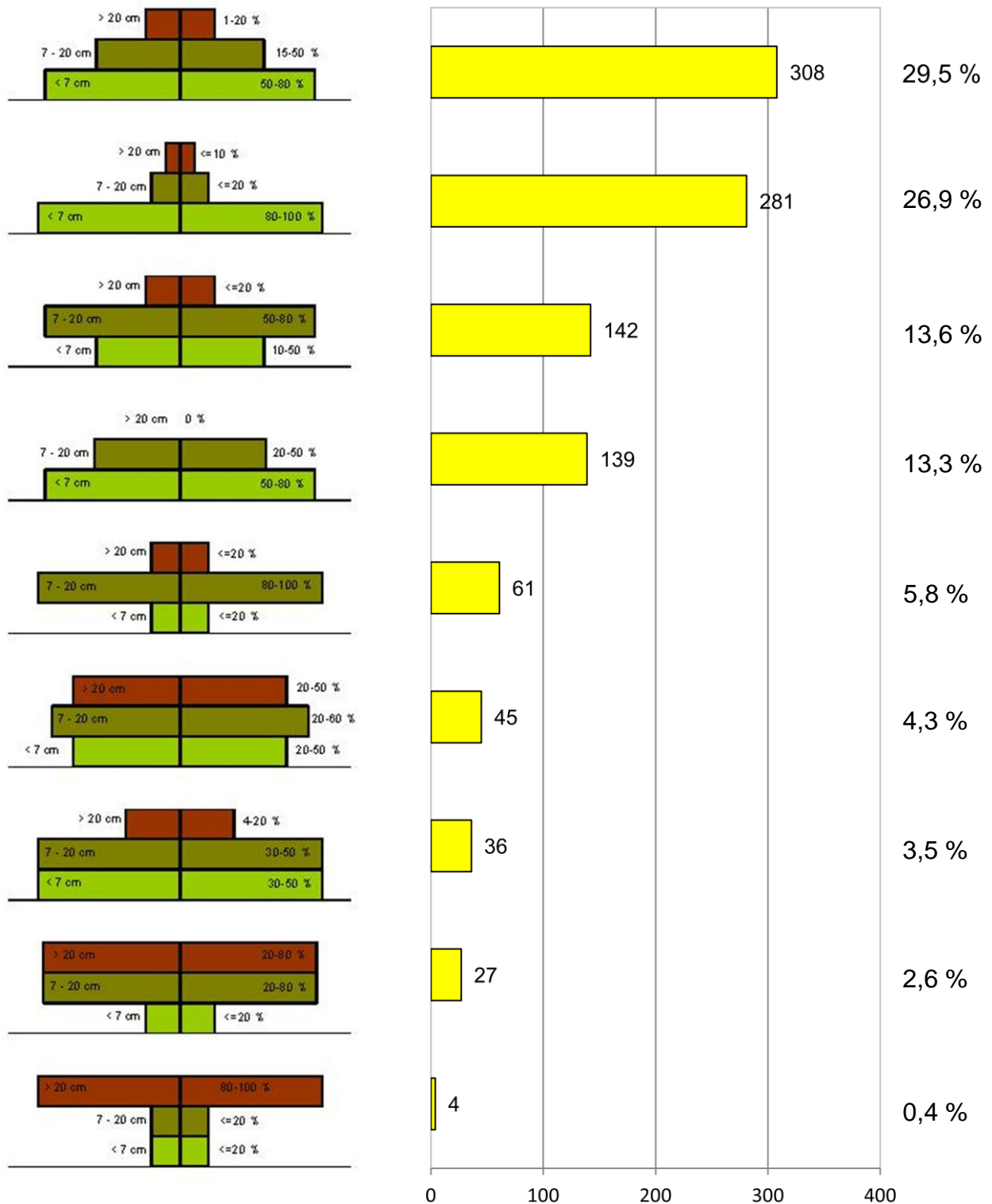


Abbildung 25: Grundtypen (Altersstrukturen) der kartierten Vorkommen und deren Häufigkeit in Deutschland

In Abbildung 24 ist die Altersstrukturpyramide der Traubenkirschenbestände dargestellt. Für die Analyse der Altersstruktur wurden neun verschiedene Strukturtypen ausgewählt und anhand der Daten ihre Vorkommenshäufigkeit überprüft. 589 Bestände (57 %) weisen eine typische Pyramidenstruktur mit zahlreicher jungen, mäßigem Anteil an mittelalten und einer geringen Zahl an alten Bäumen auf. Vorkommen mit einem Überhang von Bäumen mit einem BHD von über 20 cm sind extrem selten (4 Bestände). Bei 30% (311) der Vorkommen dominiert die mittlere Altersstufe (7-20 cm)(Abb. 25).

Die Verteilung der Alterstrukturen von *Prunus padus* in den Bundesländern ist sehr ähnlich (Abb. 26, Tab. 7). Der Anteil der Bäume mit einem Durchmesser von über 20 cm liegt in fast allen Bundesländern bei unter 10 %. Die Anteile der Bäume der unter 7 cm-Stufe variiert zwischen 40 % und 95 %.

Der hohe Anteil der kleinsten Durchmesserstufe (<7 cm) deutet auf eine insgesamt sehr gute Regenerationsfähigkeit der Traubenkirschen hin. Diese Verteilung verdeutlicht aber auch ihre ökologische Nischenfunktion, als beigemischte und wenig konkurrenzfähige Baumart des Auwaldes, in dem sie keine Dominanz wie andere Baumarten erlangen kann. Einzelne Individuen können auch stärkere Durchmesser von bis zu 45 cm erzielen.

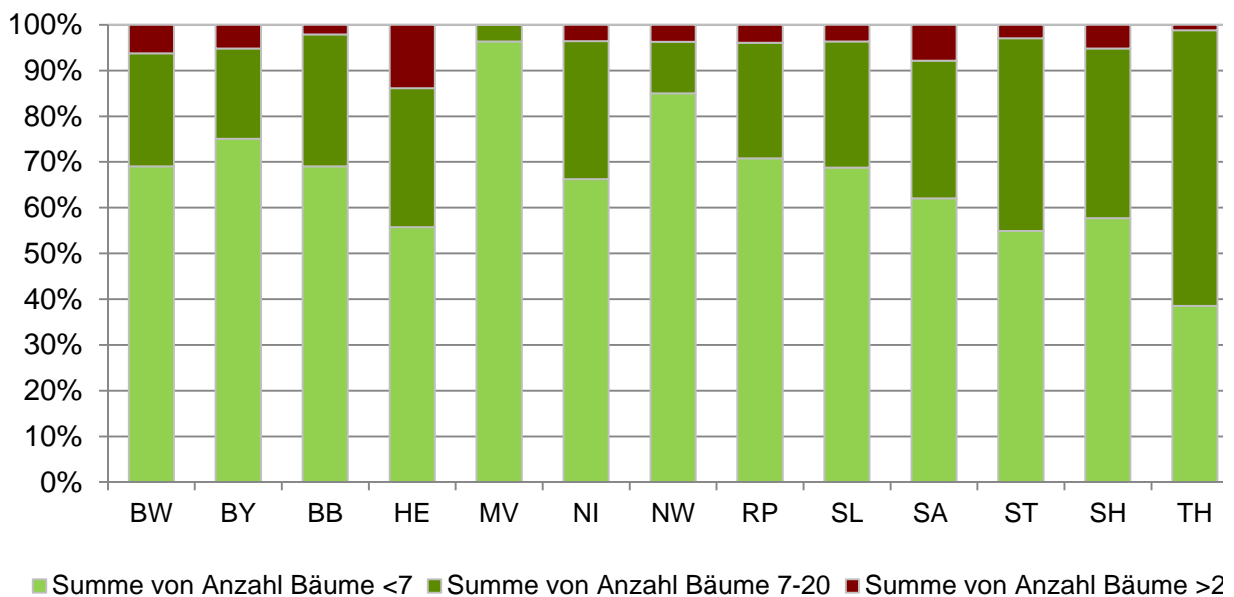


Abbildung 26: Prozentuale Verteilung der Traubenkirschen in den drei Durchmesserstufen in den Bundesländern

Tabelle 7: Traubenkirschen-Baumzahlen der drei Durchmesserstufen (&lt;7 cm, 7-20 cm, &gt;20 cm) in den kartierten Vorkommen

Bundesland	Anzahl Bäume <7 cm	Anzahl Bäume 7-20 cm	Anzahl Bäume >20 cm	Summe
BW	191.481	68.637	17.224	277.342
BY	341.945	89.901	23.485	455.331
BB	29.664	12.402	898	42.964
HE	66.763	36.359	16.574	119.696
MV	229.234	8.624	13	237.871
NI	882.507	402.167	47.364	1.332.038
NW	2.603	344	115	3.061
RP	369.873	131.896	20.634	522.403
SL	935	375	50	1.360
SA	720	350	91	1.161
ST	471.055	361.531	25.538	858.124
SH	30.354	19.508	2.727	52.589
TH	241	377	8	625
<b>Summen</b>	<b>2.617.375</b>	<b>1.132.471</b>	<b>154.719</b>	<b>3.904.565</b>

### 4.3.2 Altersstrukturqualitätsklassen

Die Altersstrukturqualitätsklassen (vgl. Kap. 3.6.3) stellen ein Bewertungsschema dar, womit die Abweichung von einer idealen Durchmesserverteilung beschrieben werden kann. Tabelle 8 zeigt die Übersicht der Altersstrukturklassen der kartierten Traubenkirschen in Deutschland. Fast 50% der Vorkommen weisen eine gute oder sehr gute Altersstruktur auf

Tabelle 8: Anzahl der kartierten Traubenkirschen-Bestände unterschiedlicher Qualitätsklassen der Altersstrukturen in Deutschland

Altersstrukturqualitätsklasse	Anzahl	Anzahl %
sehr gut (1)	361	34,6%
gut (2)	159	15,2%
befriedigend (3)	448	43,0%
schlecht (4)	75	7,2%

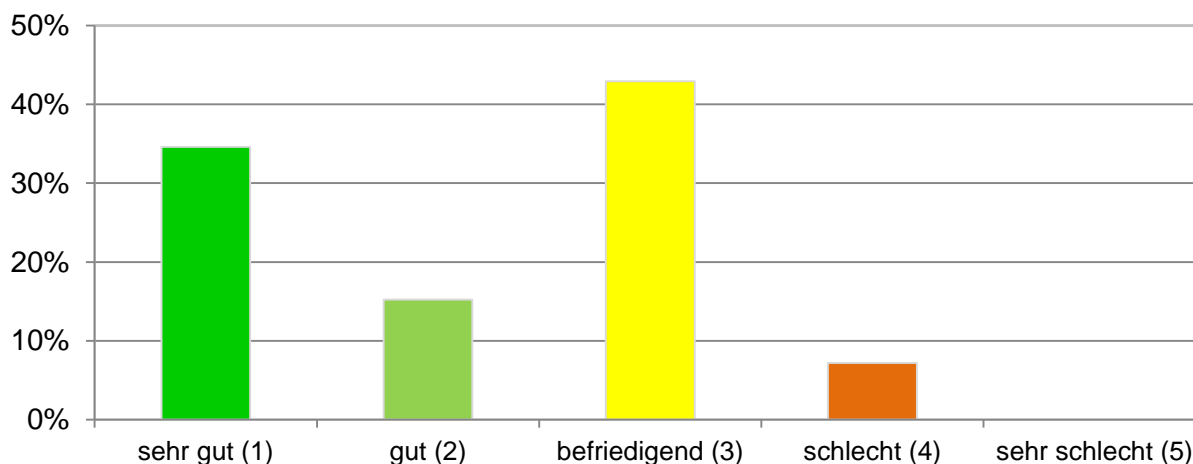


Abb. 27a: Altersstrukturqualitätsklassen der Gemeinen Traubenkirsche in Deutschland



#### 4.4 Vitalitätsklassen

Die Klassifizierung eines Vorkommens hinsichtlich der Erhaltungswürdigkeit richtet sich insbesondere nach seiner Vitalität. Zur Bonitierung der Vitalität der Bäume wurden die Stufen 0 (sehr gut) bis 4 (abgestorben) vergeben (vgl. Kap. 3.6.4). Auf der Grundlage der Vitalität der Einzelindividuen wurden die bundesweiten Anteile berechnet und in der Abbildung 27 dargestellt:

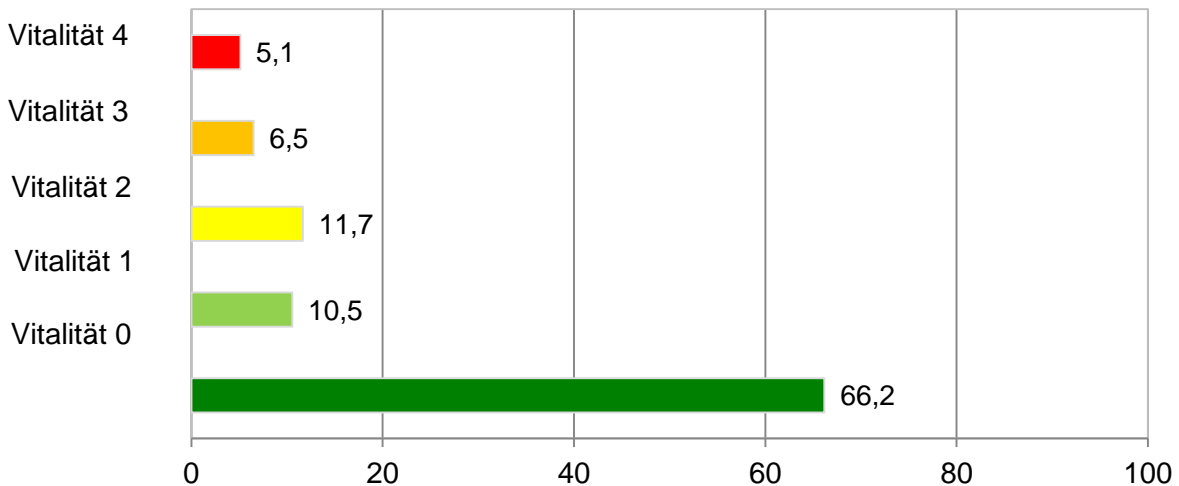


Abbildung 27b: Anteile der Vitalitätsstufen (0 bis 4) der Traubenkirschen in Deutschland in Prozent

Über alle Alterstufen hinweg sind die meisten Bäume der besten Vitalitätsstufe (Stufe 0) zugeordnet worden. Nur 12 % aller Bäume in Deutschland fallen in die Stufen 3 und 4. In Bayern ist der Anteil von Bäumen der Vitalitätsstufe 1 am höchsten, gefolgt von Nordrhein-Westfalen und Thüringen (Abb. 28). Im Saarland wurden mehr als 50% der Bäume mit der Vitalität 2 angesprochen, wobei dort nur 6 Genobjekte kartiert wurden. Die restlichen Bundesländer haben mehr als 50 % der Bäume in der Vitalitätsstufe 0. Länder mit einem über 5 % Anteil an Bäumen mit der Vitalitätsstufe 4 (abgestorben) wurden nur in Sachsen-Anhalt, Niedersachsen und Schleswig-Holstein gefunden (Abb. 28).

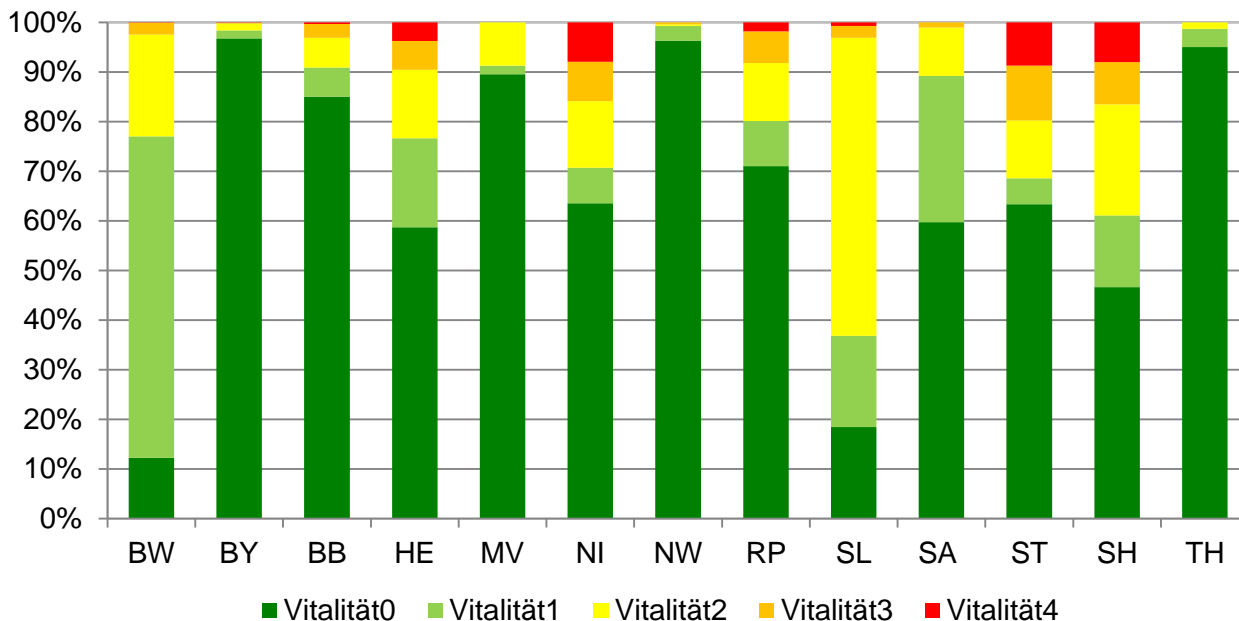


Abbildung 28: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen der Traubenkirsche in den Bundesländern

Für jedes Vorkommen wurde anschließend die durchschnittliche Vitalität berechnet, die auf der Vitalität der Einzelindividuen basiert. Der für jedes Bundesland ermittelte Mittelwert dieser Vitalitätsindizes ist in Abbildung 29 dargestellt. Es gibt keine Vorkommen, die eine durchschnittliche Vitalitätsstufe von 4 aufweisen, d.h. bedroht sind.

Außer in Baden-Württemberg sind allen anderen Bundesländern die Vitalitätswerte der Vorkommen sehr gut. Die berechneten Werte für die Länder weisen eine durchschnittliche Vitalitätsstufe von unter 0,7 aus. Bayern, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen und Thüringen sogar Werte unter 0,4.

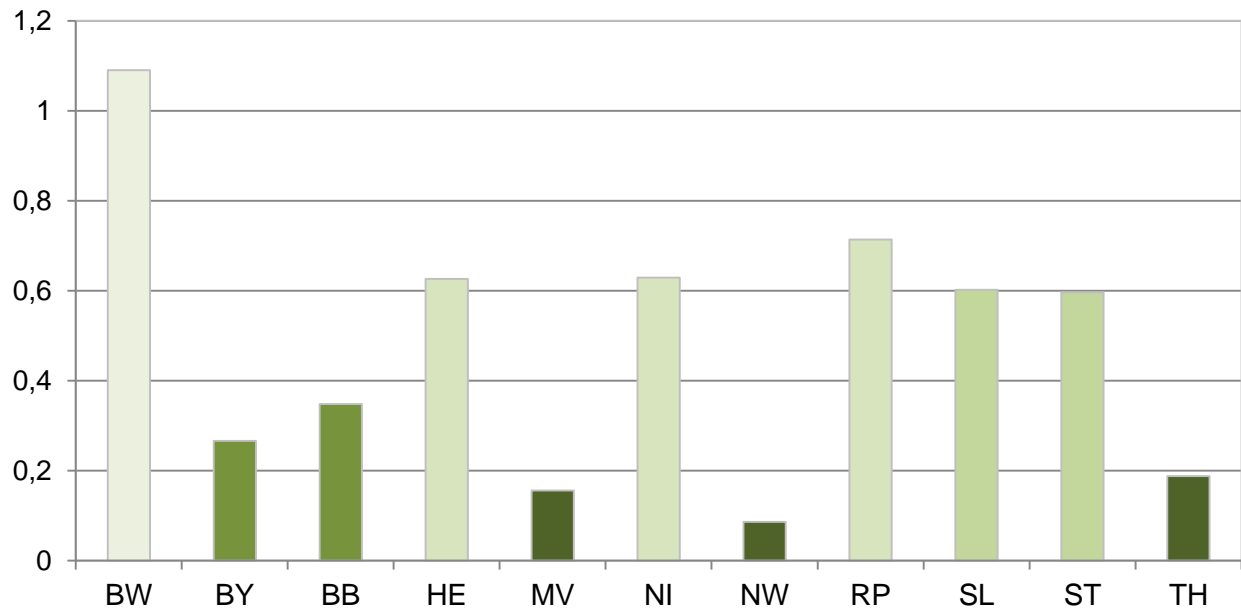


Abbildung 29: Durchschnittliche Vitalität der Traubenkirschen-Vorkommen in den Bundesländern

Abbildung 30 zeigt die Vitalitätsverteilung der Vorkommen. Es wurden keine Vorkommen mit einer durchschnittlichen Vitalität von 4 und nur ein Vorkommen mit Stufe 3 gefunden.

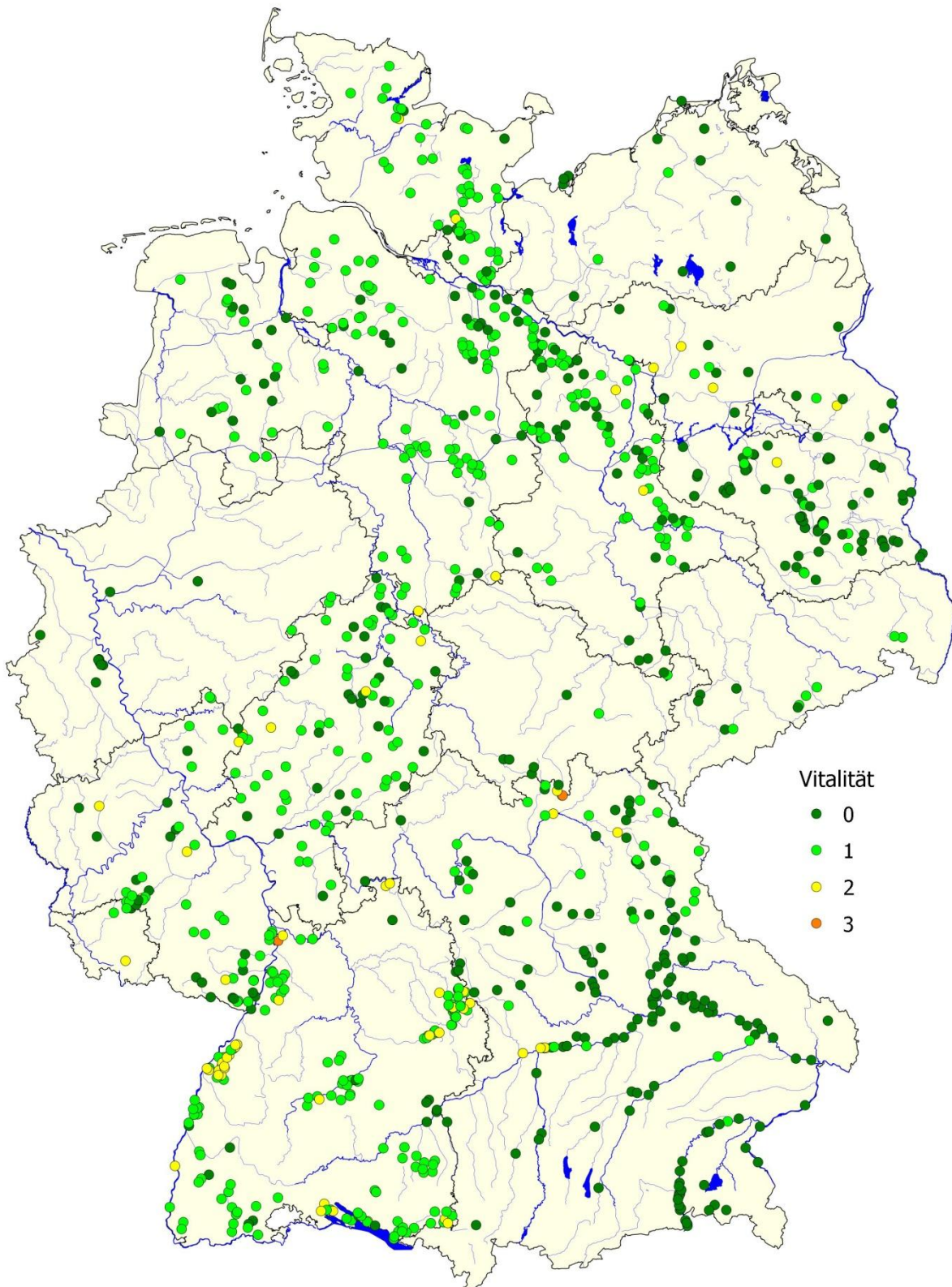


Abbildung 30: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen der Traubenkirsche

### 4.5 Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen

In den folgenden Diagrammen sind einerseits die Verteilung der Vitalitätsstufen in den drei Durchmesserklassen und andererseits die Anteile der Durchmesserklassen in den vier Vitalitätsstufen dargestellt. Aus Abbildung 31 geht hervor, dass die Vitalität mit zunehmendem Durchmesser nur leicht abnimmt. Verschiebungen sind lediglich zwischen Stufe 1 und Stufe 2 zu erkennen. Der Anteil der Vitalitätsstufen 2 bis 4 bleibt jedoch nahezu konstant, im Unterschiede zu den anderen kartierten Baumarten.

Umgekehrt lassen sich die Vitalitätsstufen hinsichtlich ihrer Durchmesserstruktur beschreiben (Abb. 32). Aus der Analyse lassen sich aber keine großen Unterschiede erkennen, die Rückschlüsse auf besondere Sachverhalte ermöglichen.

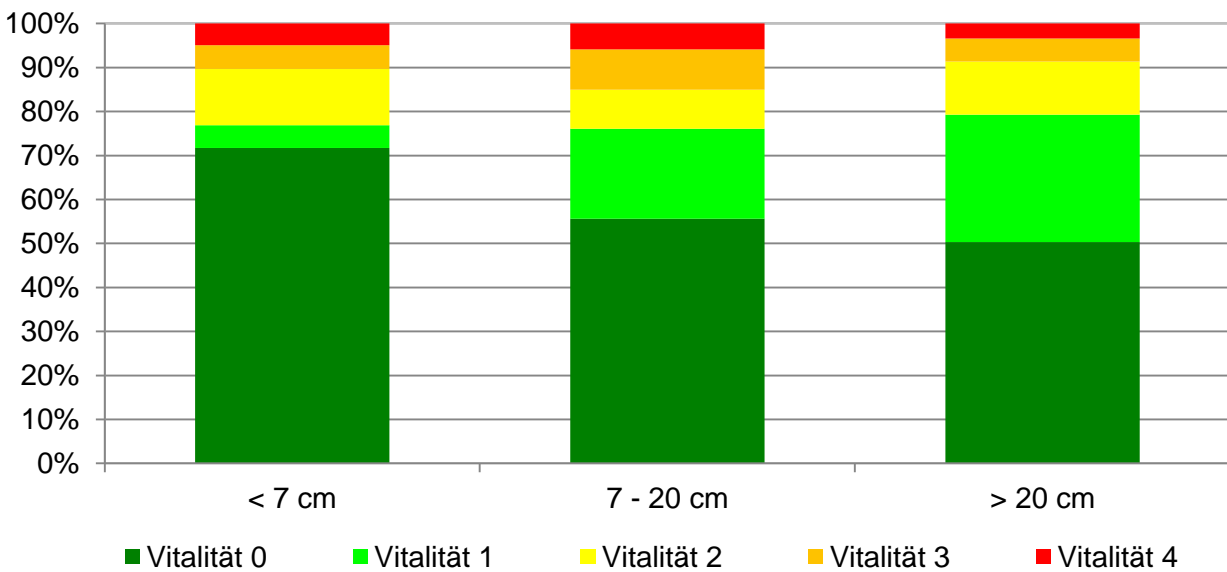


Abbildung 31: Vitalitätsanteile der Traubenkirsche in den Durchmesserklassen (in Prozent)

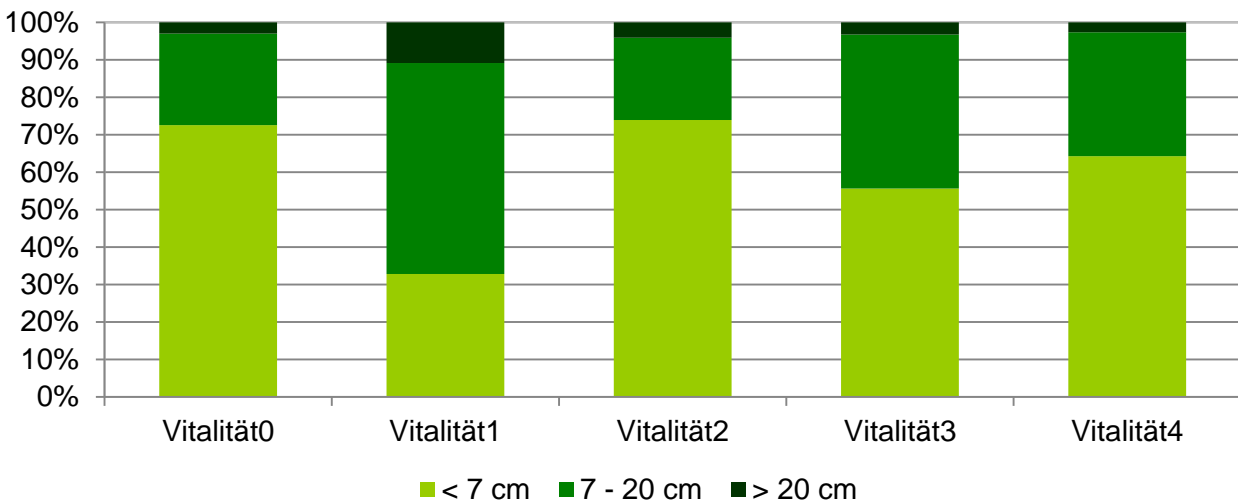


Abbildung 32: Durchmesserverteilung der Traubenkirsche in den Vitalitätsstufen (in Prozent)

### 4.6 Naturverjüngung

Bei der Kartierung wurde die Naturverjüngung miterfasst. In über 80 % der Vorkommen (856) verjüngen sich die Vorkommen natürlich, lediglich bei 190 Vorkommen wurde keine Naturverjüngung festgestellt. Der Vergleich zwischen den Bundesländern zeigt, dass in über 60 % der Vorkommen von Mecklenburg-Vorpommern keine Naturverjüngung vorhanden ist, gefolgt von Bayern und Thüringen mit knapp über 40 %. In allen übrigen Ländern ist der Naturverjüngungsanteil sehr hoch (Abb.33).

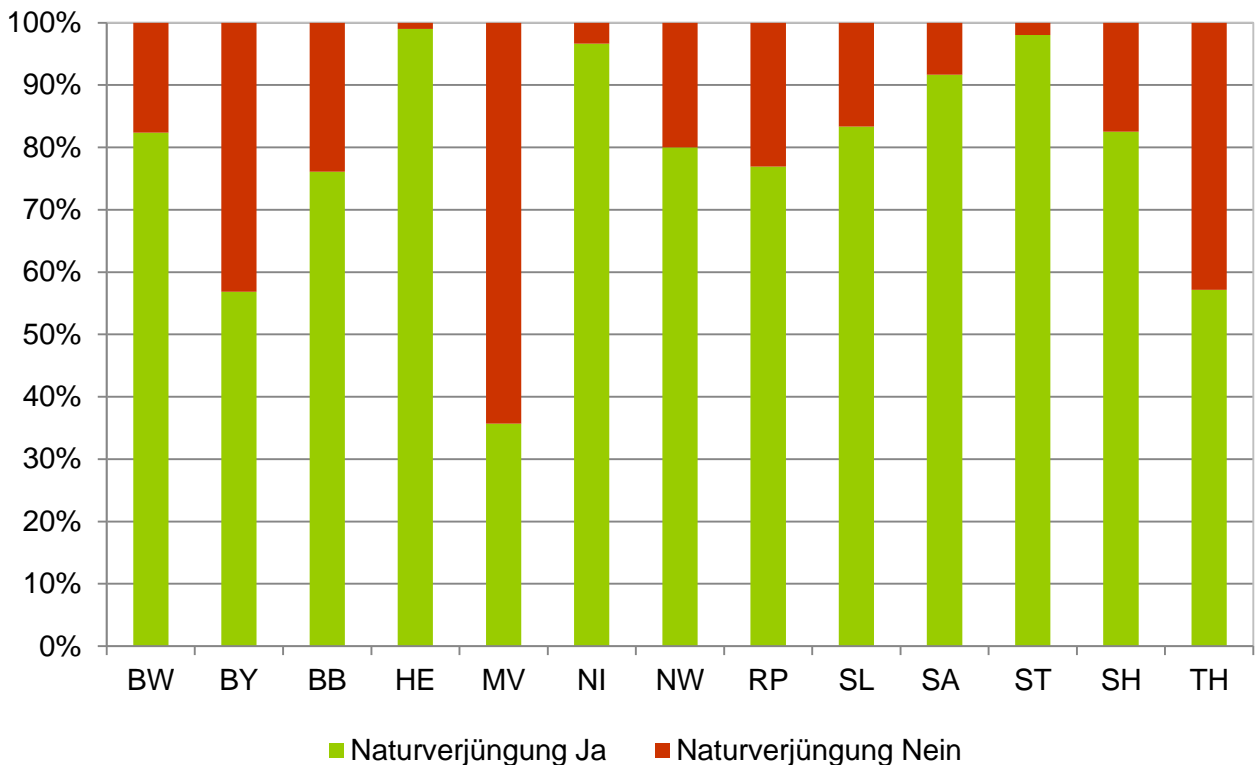


Abbildung 33: Anteile der Traubenkirschen-Vorkommen mit Naturverjüngung

Abbildung 34 zeigt deutlich den Anteil der Naturverjüngung in den einzelnen Vorkommen. Rote Punkte kennzeichnen Vorkommen in denen keine Naturverjüngung gefunden wurde. Eine geringe Verjüngungsneigung der Bestände ist im südlichen und nordöstlichen Teil des Vorkommensgebietes zu finden.

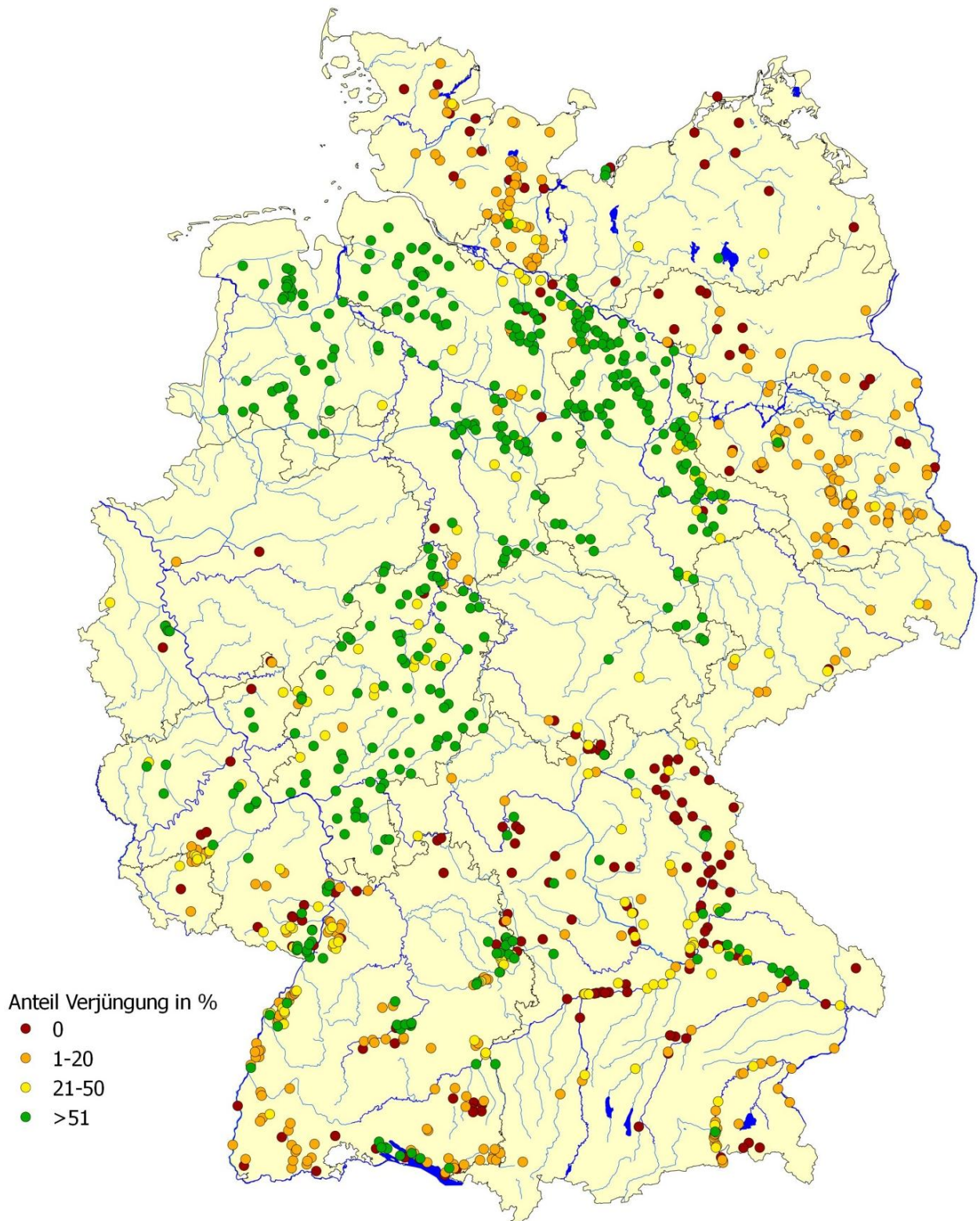
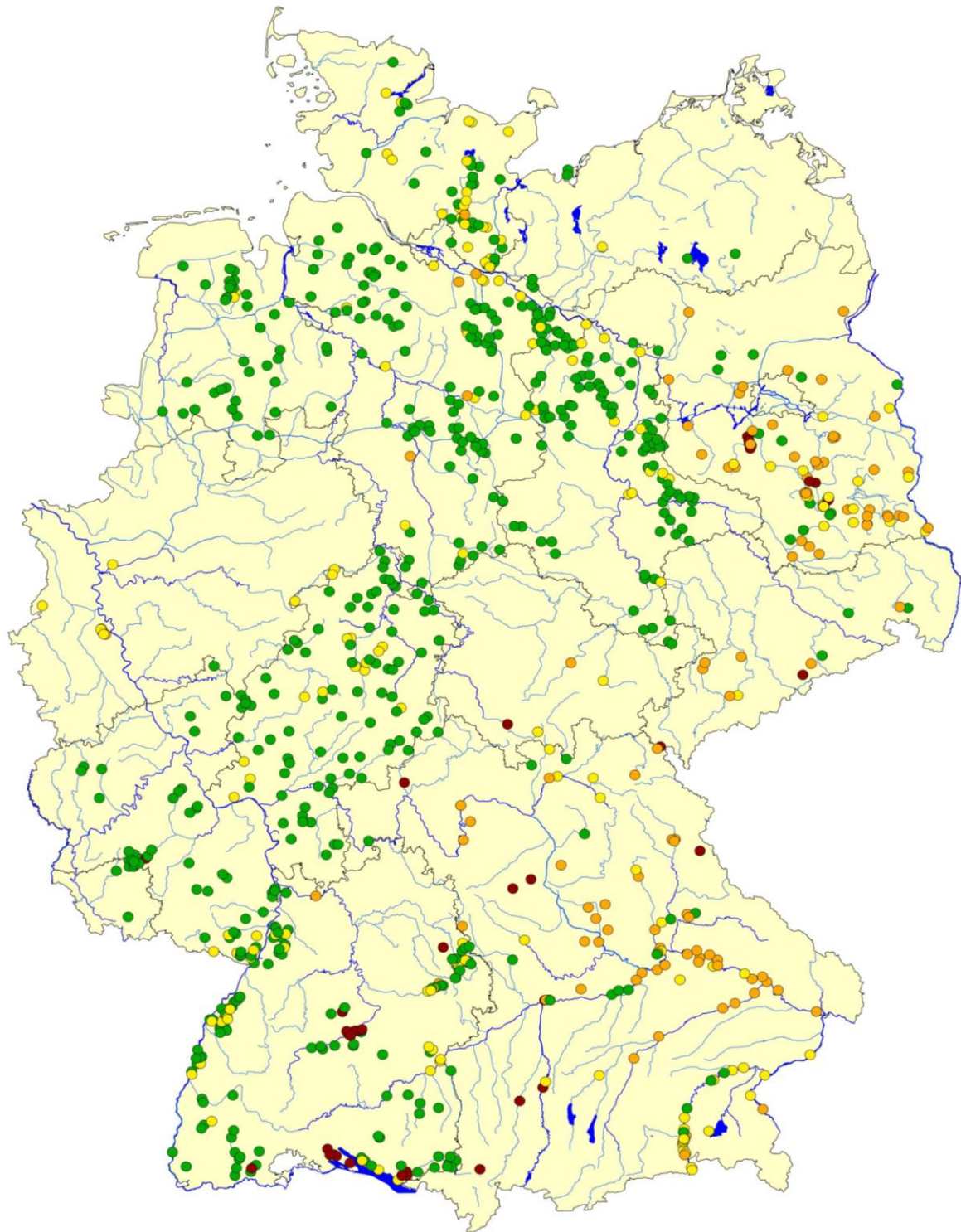


Abbildung 34: Prozentualer Anteil der Naturverjüngung (bis 3m Höhe) in den Traubenkirschen-Vorkommen



Verjüngung kleiner als 1,50m in %

- 0
- 1-20
- 21-50
- >51

Abbildung 35: Prozentualer Anteil der Naturverjüngung bis (1,5m Höhe) in den Vorkommen mit Naturverjüngung



In Abbildung 34 sind alle Vorkommen mit Verjüngung dargestellt, die kleiner als 1,50 m, sind. Rote Punkte kennzeichnen hier also Vorkommen mit Naturverjüngung, die größer als 1,5 m sind. Grün markierte Vorkommen haben einen hohen Anteil auch an kleinen Bäumchen. Dies zeigt, dass sich die Traubenkirsche in einem ständigen Prozess verjüngt. In Nordbayern, Brandenburg und in Teilen von Sachsen und Baden-Württemberg ist die Verjüngung deutlich geringer.

#### 4.7 Eigentumsverhältnisse

Viele der kartierten Vorkommen erstrecken sich über mehrere Eigentumsarten. Bei einem Teil der Vorkommen konnte die Eigentumsart nicht ermittelt werden. Ein wesentlicher Grund dafür ist, dass die Vorkommen in Auegebieten bzw. im Deichvorland liegen, wo eine Eigentumsartbestimmung sehr schwierig war. Schwierig erwies sich ebenfalls die Differenzierung der Privatgrundstücksgrößen. Im Zweifelsfall wurde hier die Angabe „Privatgrundstück  $\leq$  200 ha“ angegeben.

Der Vergleich in Abb. 36 zeigt, dass bundesweit nur sehr wenige Vorkommen dem Bund, oder der Treuhand gehören. Ca. ein Drittel der Traubenkirschenvorkommen sind im Körperschafts- (20 %) und Kleinprivatwald (14 %) zu finden. Der überwiegende Teil der Vorkommen (ca. 34 %) wird von den Landesforstverwaltungen oder –betrieben sowie der Wasserwirtschaft verwaltet.

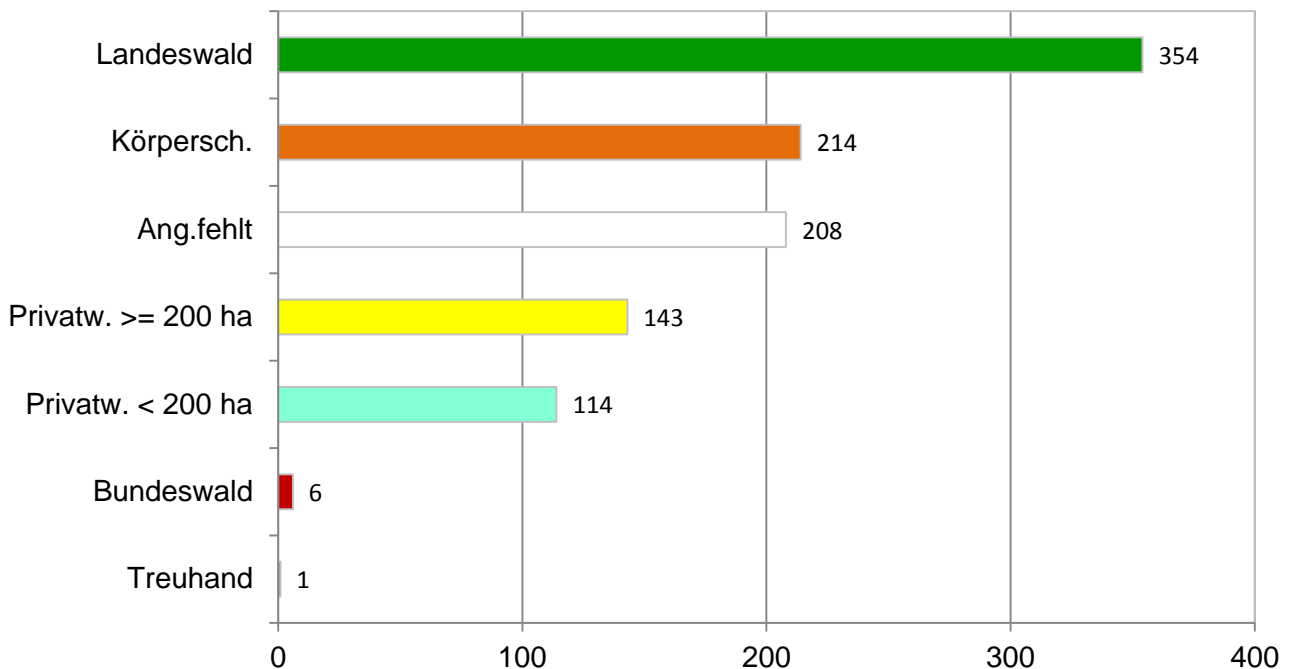


Abbildung 36: Verteilung der Traubenkirschen-Vorkommen auf die Eigentumsarten in Deutschland

Die Verteilung in den Bundesländern zeigt, dass die Zuordnung der Vorkommen in den Bundesländern sehr verschieden ist. Vorkommen im Landesbesitz dominieren in Brandenburg (107) und in Niedersachsen (71). Einen hohen Anteil Traubenkirsche im Körperschaftswald besitzt Baden-Württemberg mit 81 Vorkommen. Die Vorkommen im Kleinprivatwald nehmen über fast alle Bundesländer hinweg einen geringen Anteil ein. Ausnahme ist hier Bayern mit 99 Vorkommen, die sich fast alle in Nordbayern befinden. Vorkommen im Großprivatwald (über 200ha) haben höhere Anteile in Bayern, Sachsen-Anhalt und Niedersachsen. Die Abbildung 37 und 38 geben eine bundesweite Übersicht der Verteilung der Vorkommen auf Eigentumsarten.

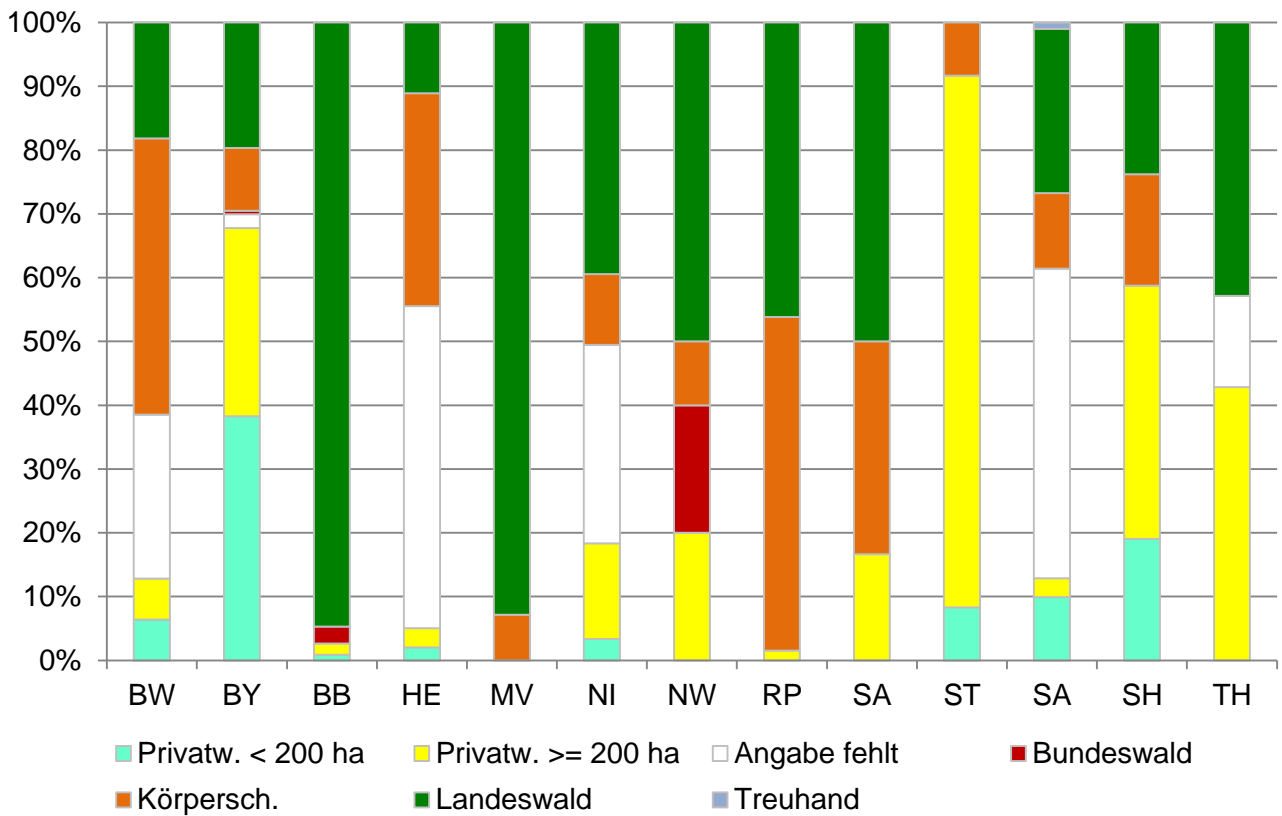


Abbildung 37: Prozentuale Verteilung der Eigentumsarten der Traubenkirschen-Vorkommen in den Bundesländern

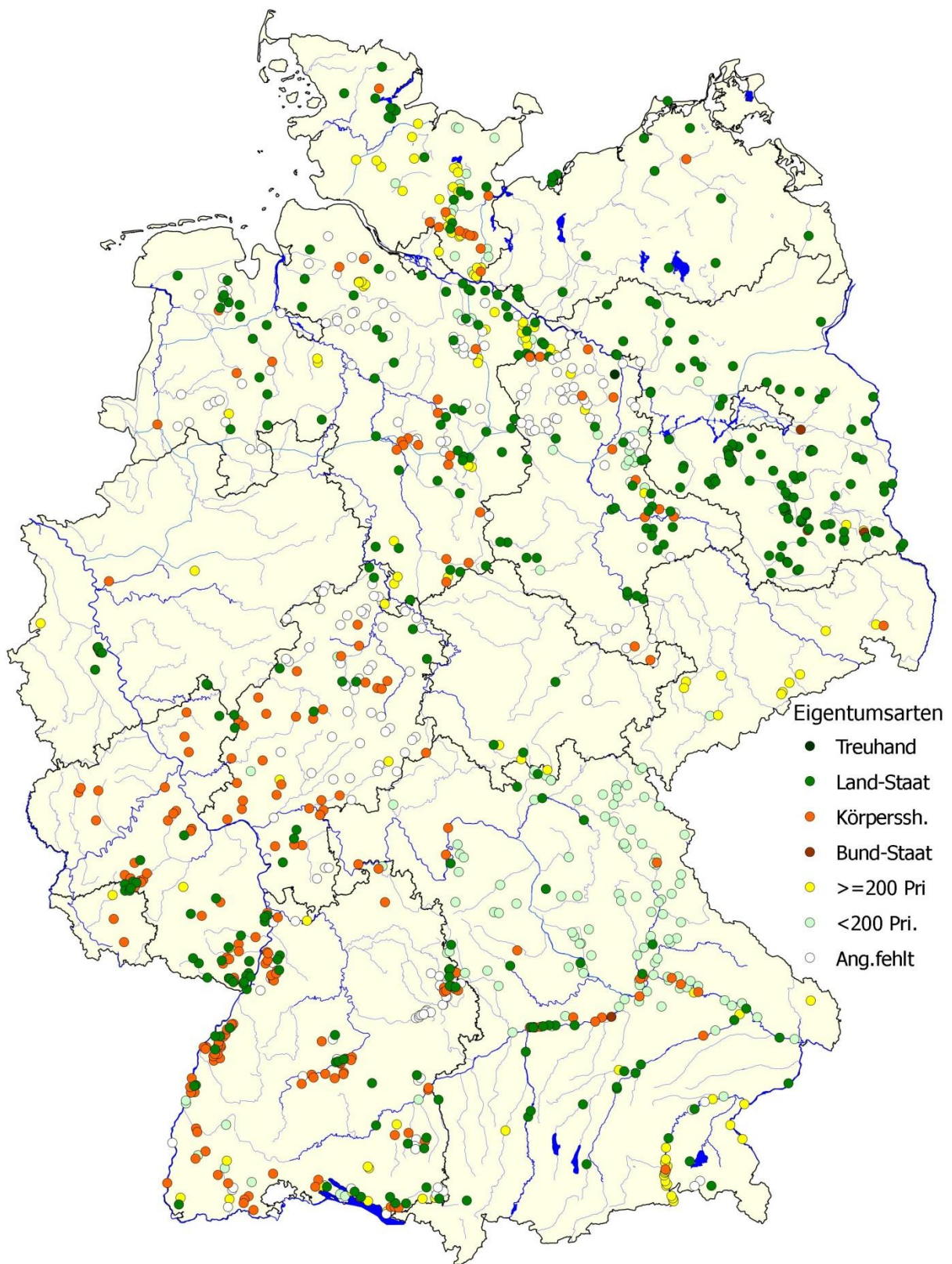


Abbildung 38: Verteilung der Vorkommen auf Eigentumsarten in Deutschland

### 4.8 Schutzstatus und Höhenlage

Der Schutzstatus der Vorkommen wurde durch Verschneidung (GIS) der Koordinaten mit der Schutzgebietskarte ermittelt. Die Daten wurden anschließend in die Datenbank übertragen. Einige Vorkommen erfüllen mehrere Schutzgebietskategorien (siehe auch Hinweise in Abb. 39).

Bei 317 Vorkommen konnte keine Schutzgebietskategorie ermittelt werden. Den größten Anteil bilden Landschaftsschutzgebiete (43 %), FFH-Gebiete (34 %) und Naturparke (27 %). In Biosphärenreservaten konnten nur 38 Vorkommen gefunden werden.

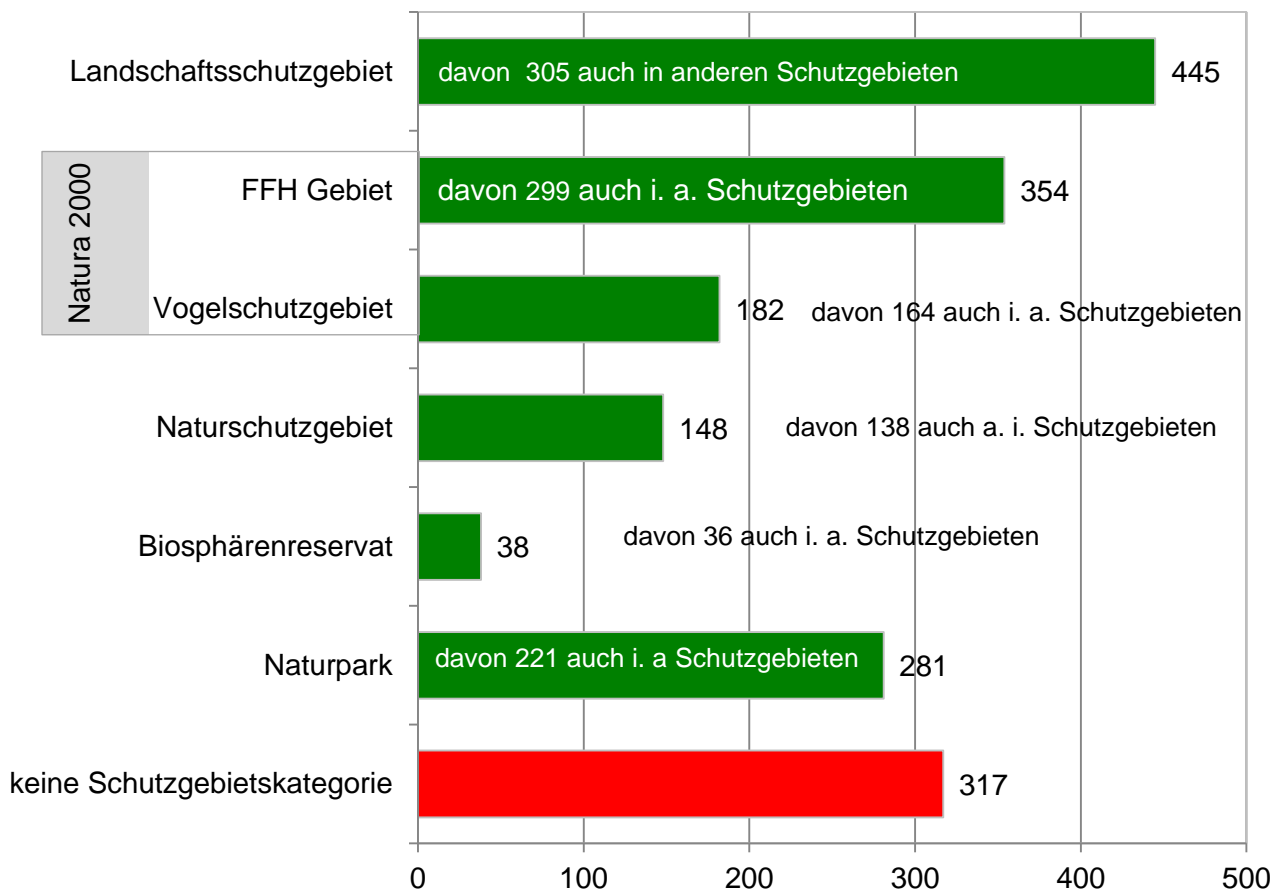


Abbildung 39: Anzahl der kartierten Traubenkirschen-Vorkommen in Deutschland mit Schutzstatus

### Höhenlage der Traubenkirschen-Vorkommen

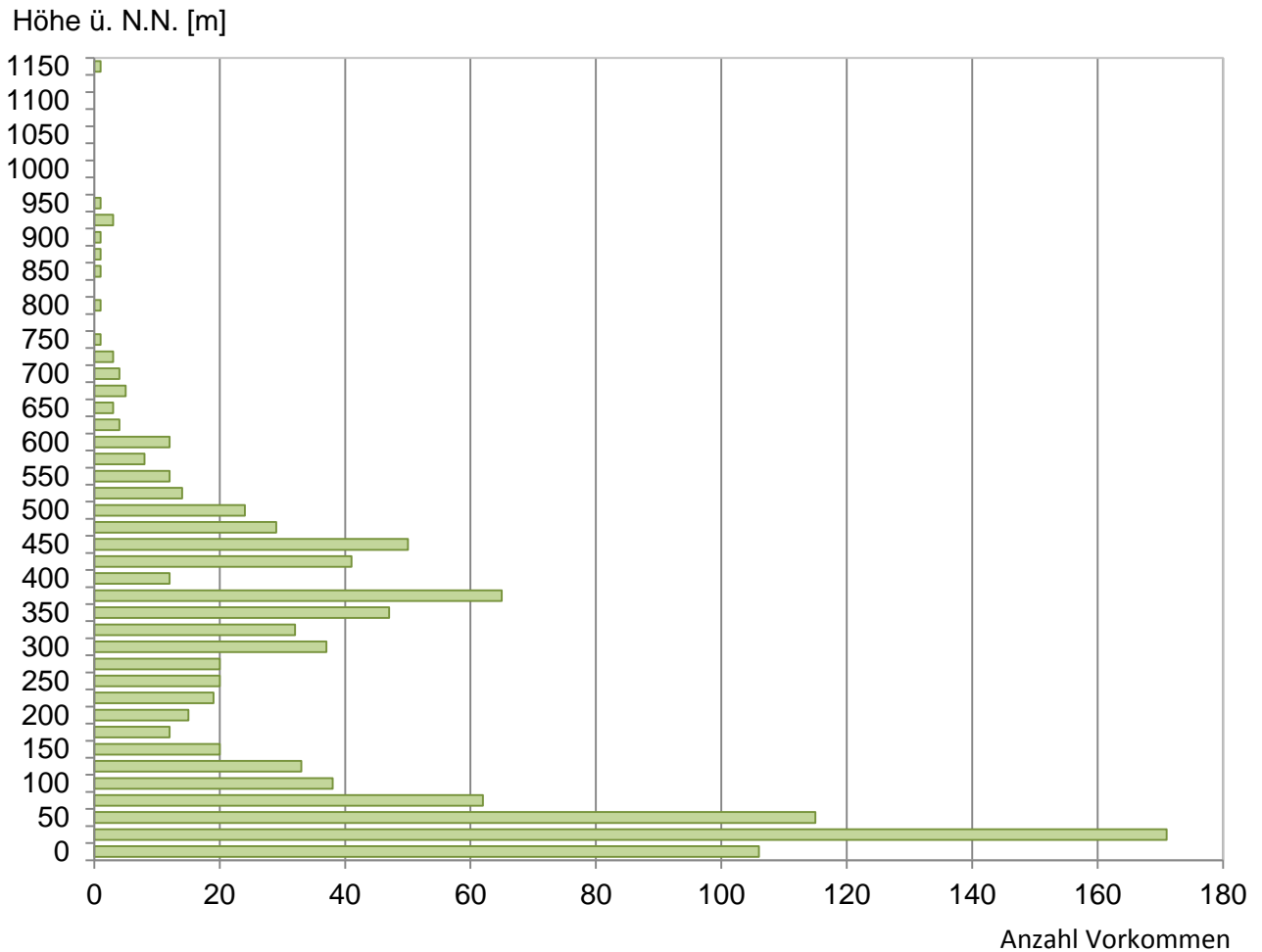


Abbildung 40: Höhenlagen der Vorkommen der Traubenkirsche

Die Koordinaten der kartierten Vorkommen wurden im GIS mit einem bundesweiten Höhenmodell verschnitten. Die Analyse ergab, dass die meisten Vorkommen (52 %) zwischen 0 und 150 Höhenmetern vorkommen. Eine weitere Häufung der Vorkommen ist zwischen 200 m und 500 m (Mittelgebirgslagen) zu erkennen. Darüber tritt die Baumart sehr selten auf (9 %). Über 1.000 m konnten keine Vorkommen während der Kartierung entdeckt werden (Abb. 40). In der Fachliteratur findet man jedoch Hinweise, dass die Traubenkirsche in den Alpen in die submontane Stufe bis maximal 1400 m vordringen kann.

### 4.9 Anteil der Zielbaumart (Mischungsanteil)

Die nachfolgende Grafik (Abb. 40) zeigt Mischungsanteile der Traubenkirsche. Fast alle Genobjekte sind mit weniger als 30 % am Baumbestand beteiligt. Nur wenige Vorkommen v.a. im Norden von Deutschland und in Baden-Württemberg erreichen eine Beteiligung am Bestandaufbau von 30 % bis 79 %. Dies erklärt sich durch die ökologischen Eigenschaften und wegen ihres geringen Höhenwuchses.

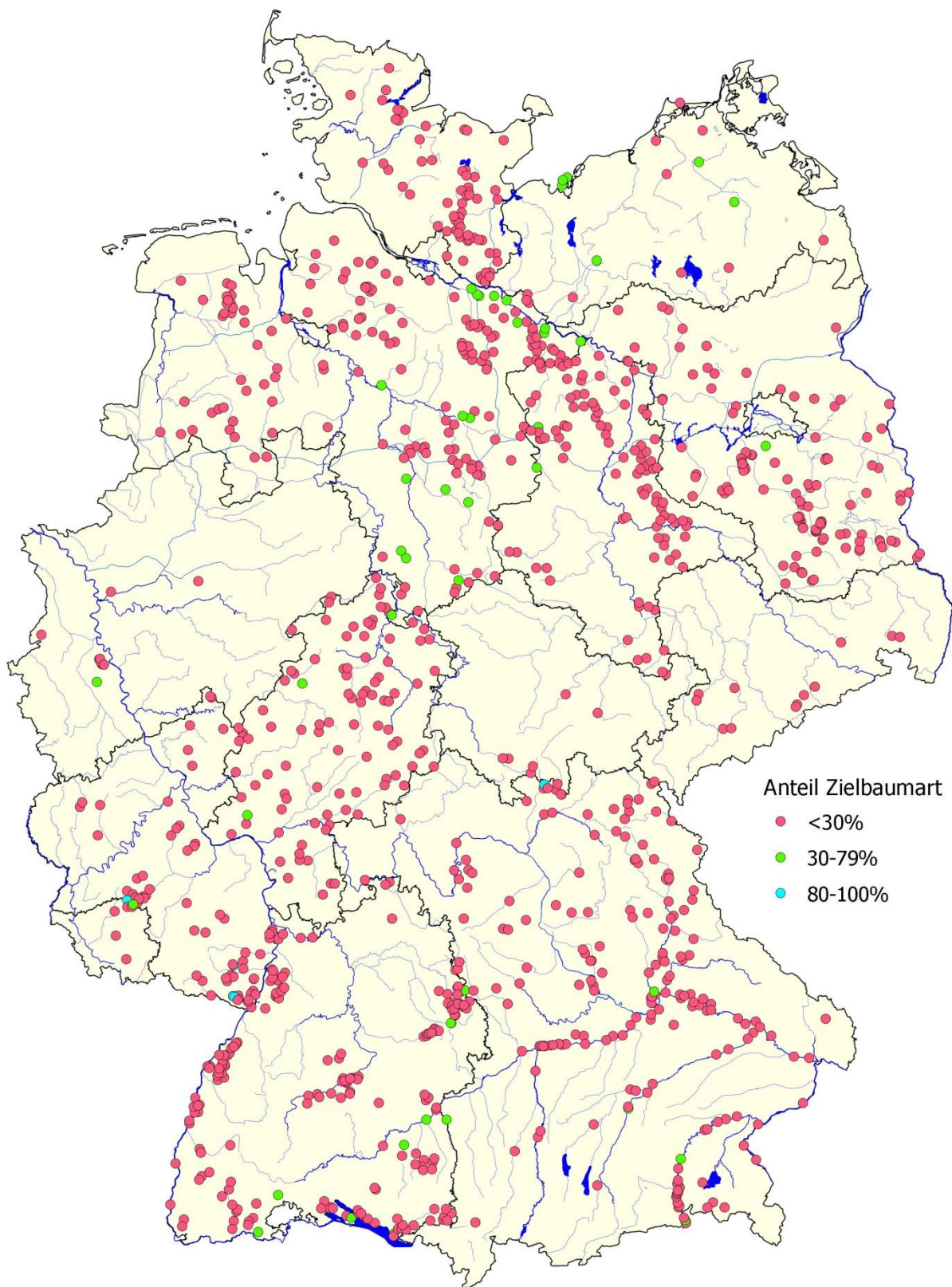


Abbildung 41: Anteil der Traubenkirsche in den kartierten Vorkommen (in Prozent)

#### **4.10 Flächengröße der Vorkommen**

Die Größe der kartierten Vorkommen gibt wichtige Hinweise über ihren Gefährdungszustand der Baumart. Die Verbreitung der Genobjekte gemäß ihrer jeweiligen Fläche (Abb. 42) zeigt, dass große Vorkommen im Norden (Ausnahme Schleswig-Holstein), Nordwesten und Mitteldeutschland zu finden sind. Im Süden, Nordosten und im Osten sind große Vorkommen dagegen sehr selten. Die Genobjekte mit den größten Ausdehnungen befinden sich in Niedersachsen und Hessen, sowie im Norden von Sachsen-Anhalt. Wenige große Genobjekte liegen an der Donau, am Inn sowie der Salzach.

Die hohe Anzahl der großen Vorkommen ist auf das verstreute Vorkommen der Traubenkirschen in Feuchtgebieten und Auwäldern begründet. Existieren an Flüssen noch größere naturnahe Auwälder ist dort meist auch die Traubenkirsche beigemischt. Oft jedoch nicht als Baum sondern meist nur als Strauch. Reinbestände sind sehr selten.

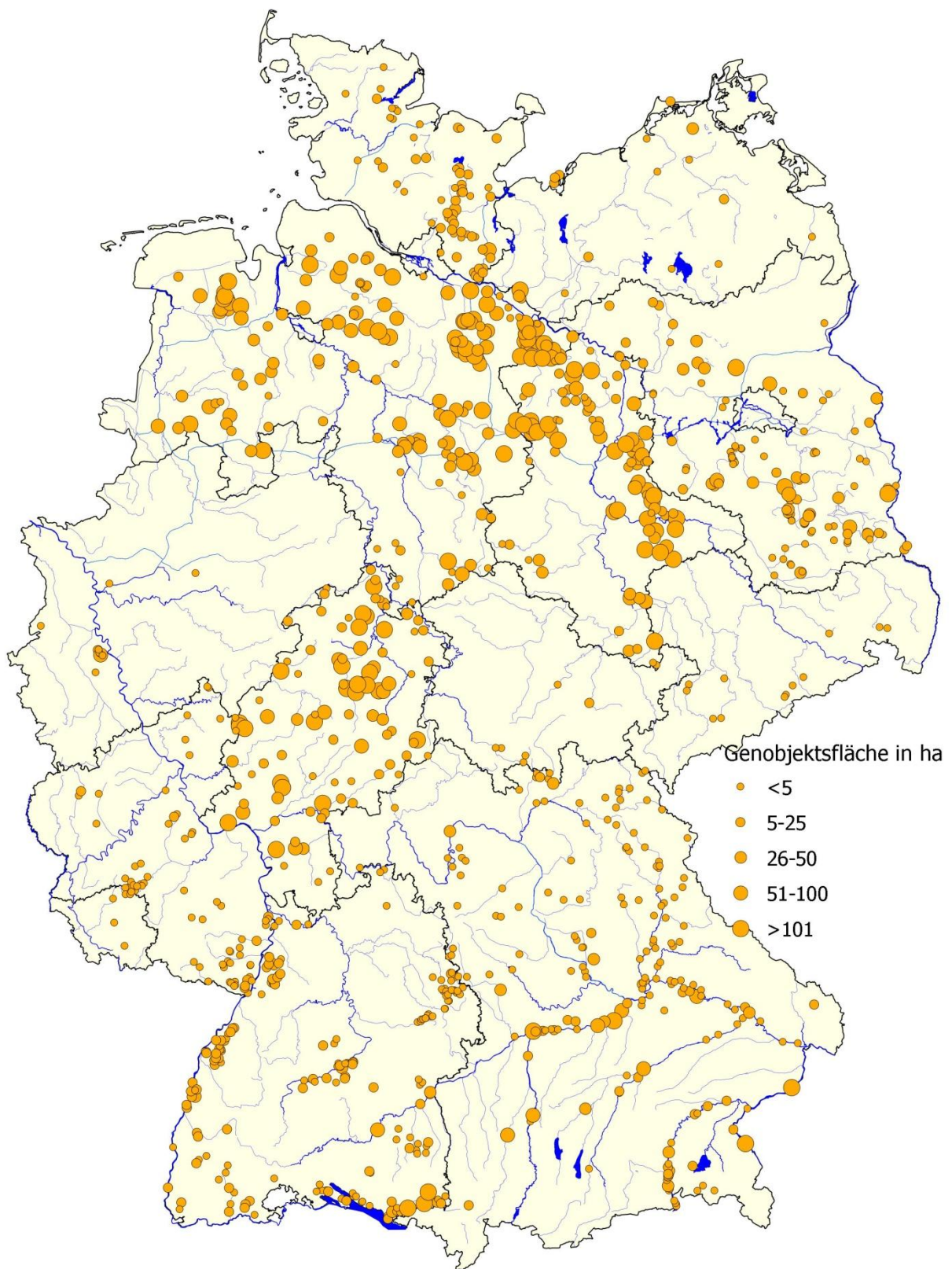


Abbildung 42: Flächenklassen der Traubenkirschen-Vorkommen in ha (Genobjektsflächenklassen)



#### 4.11 Individuen mit großen Durchmessern

Starke Traubenkirschen mit einem Durchmesser größer als 40 cm sind deutschlandweit eine Seltenheit. Nur 22 Genobjekte besitzen Bäume mit diesen großen Durchmessern. Abbildung 43 zeigt die Lage dieser Vorkommen.

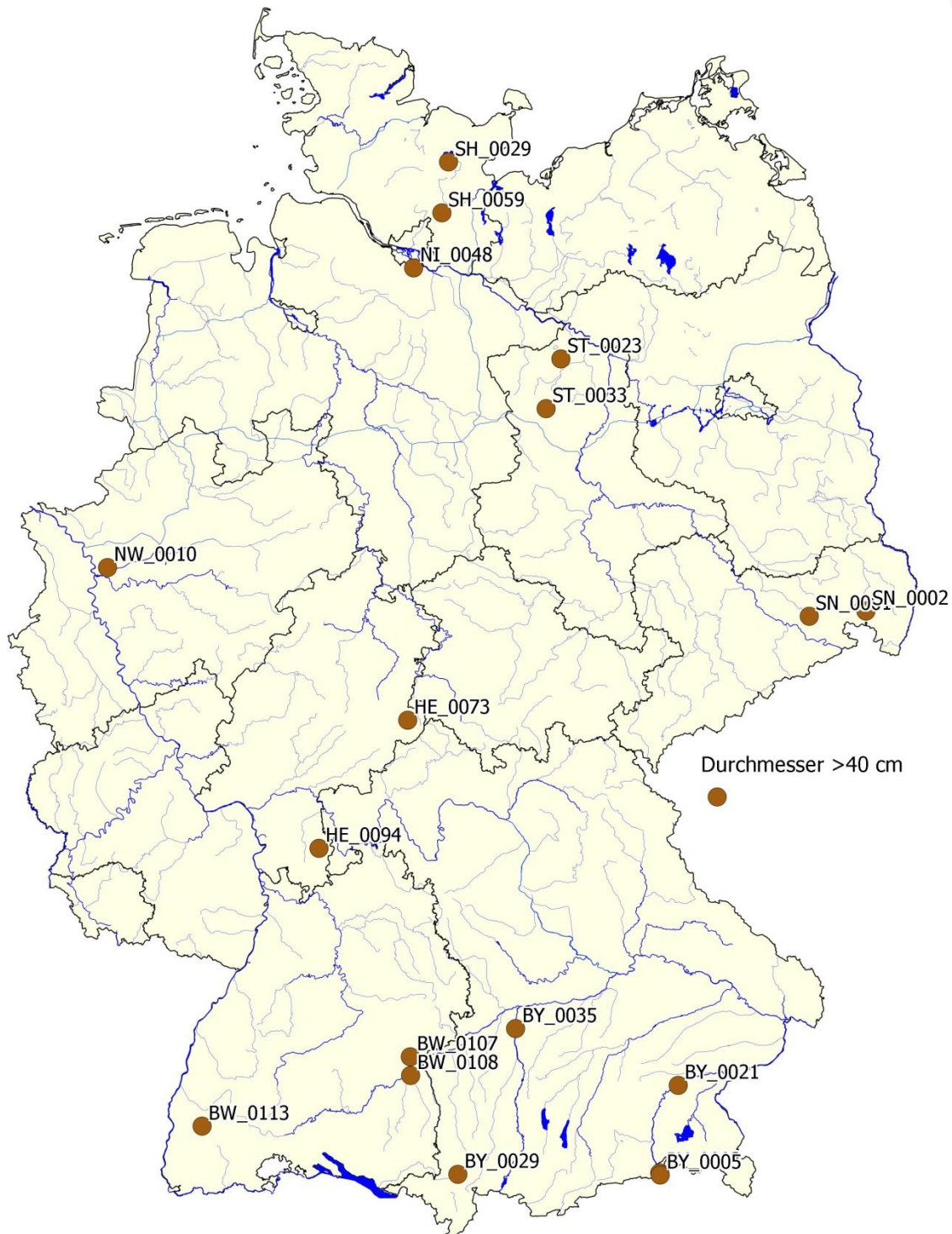


Abbildung 43: Traubenkirschen-Vorkommen mit einem BHD bis 40 cm

#### 4.12 Anteil kreuzbarer Arten

Abbildung 44 zeigt die Vorkommen mit *Prunus serotina*. Der Schwerpunkt liegt in Hessen sowie im Nordwesten von Niedersachsen. In den anderen Bundesländern handelte es sich zumeist um *Prunus padus*. Aufgrund der schwierigen Unterscheidung außerhalb der Blütezeit, kann ihr Vorkommen nicht gänzlich ausgeschlossen werden.

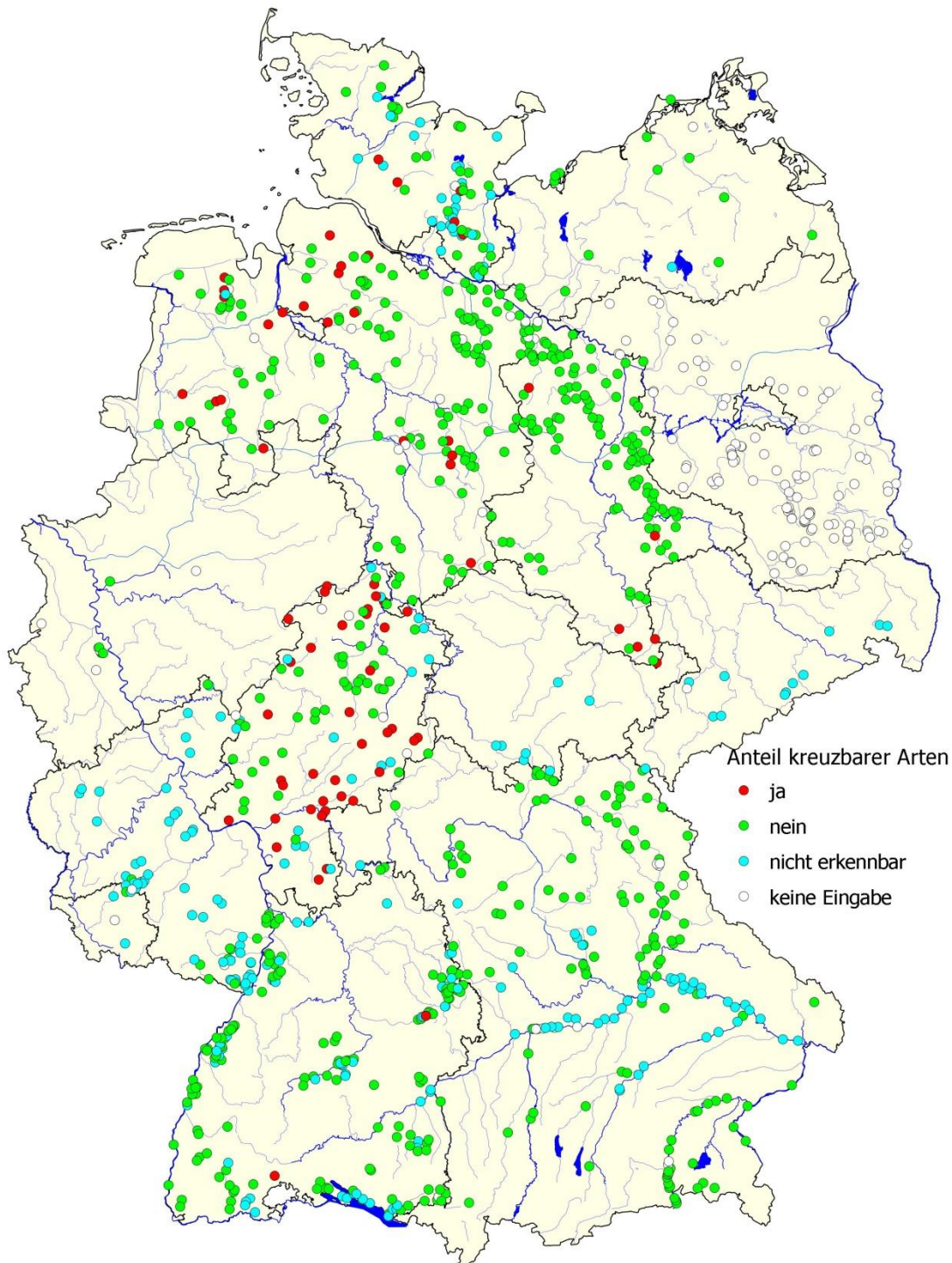


Abbildung 44: Anteil kreuzbarer Arten (v.a. *Prunus serotina*) in Deutschland

Die Spätblühende Traubenkirsche (*Prunus serotina*) wurde bereits 1623 als eine der ersten amerikanischen Baumarten nach Europa gebracht, 1685 wird sie das erste Mal für Deutschland erwähnt. Im späten 19. Jahrhundert setzte man große Hoffnung in diese Baumart. Sie sollte einheimischen Bäumen auf armen Sandböden im Wuchs überlegen sein. Obwohl sich diese Hoffnungen nicht erfüllten, wurde sie in der Folge vielfach zur Festlegung von Dünen, bei der Aufforstung von Heideflächen, als Wind- und Brandschutz und zur Verbesserung der Bodenfruchtbarkeit gepflanzt.

## 4.13 Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen

### 4.13.1 Probenmaterial

Unter der Koordination des Bayerischen Amtes für Forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) in Teisendorf wurden ca. 1200 Proben der Traubenkirsche eingesammelt und zur Mikrosatelliten-Genotypisierung an die Firma Plant Genetic Diagnostics GmbH (PGD) geschickt. Insgesamt wurden 24 Traubenkirschenbestände verteilt über ganz Deutschland im Frühjahr und Sommer 2011 angefahren und Blattproben entnommen. Die Liste der beprobten Vorkommen sowie die Anzahl eingesandten Proben kann Tabelle 4 entnommen werden. Zunächst wurden die Proben bei der Firma PGD als „Herbarium“ getrocknet und bis zur Analyse zwischengelagert.

### 4.13.2 Methodik der DNA-Analyse

Für die Analyse standen (herbar-) getrocknete Blattproben zur Verfügung. Die DNA wurde nach einem modifizierten Protokoll von Dumolin et al. (1995) extrahiert (Lysispuffer: AT-MAB (Alkyltrimethylammoniumbromid)-PVP; Dichlormethan zur Fällung von Verunreinigungen). Die isolierte DNA wurde anschließend bis zur Analysedurchführung bei -20°C gelagert. Die Endkonzentration der DNA-Lösungen für die PCR-Analytik wurde auf 10 ng/µl eingestellt.

Zur genetischen Charakterisierung wurden hochvariable DNA-Marker (Kernmikrosatelliten) verwendet. Die Auftrennung erfolgte mittels vollautomatischer Kapillarelektrophorese und wurde softwaregestützt analysiert. In Tabelle 9 sind die getesteten und anschließend für diese Studie ausgewählten SSR-Marker aufgelistet. Von den elf getesteten und ursprünglich für *Prunus avium* und *P. persica* entwickelten Mikrosatelliten, waren schließlich nur 5 eindeutig verwertbar. Die übrigen Marker zeigten keine Amplifikation bzw. waren nur teilweise auswertbar.

Tabelle 9: Getestete und ausgewählte Mikrosatellitenmarker für die Gewöhnliche Traubenkirsche (*Prunus padus* L.); Literatur: <sup>1</sup>Cipriani et al. (1999), <sup>2</sup>Testolin et al. (2000), <sup>3</sup>Schüler et al. (2003), <sup>4</sup>Dirlwanger et al. (2002)

SSR_Locus	Bemerkungen	Auswahl
<sup>1</sup> UDP96-001	nur teilweise Amplifikation, Peaks nur schwer auswertbar	
<sup>1</sup> UDP96-003	teilweise sehr gute Amplifikation, aber häufiger drei Allele	
<sup>1</sup> UDP96-005	sehr gute Amplifikation, eindeutig auswertbar	<input type="checkbox"/>
<sup>1</sup> UDP96-018	sehr gute Amplifikation, eindeutig auswertbar	<input type="checkbox"/>
<sup>1</sup> UDP97-403	nur teilweise gute Amplifikation, häufig drei Allele	
<sup>2</sup> UDP98-022	sehr gute Amplifikation, eindeutig auswertbar	<input type="checkbox"/>
<sup>3</sup> UDP98-410	nur teilweise Amplifikation, sehr schlecht auswertbar	
<sup>3</sup> UDP98-411	keine Amplifikation	
<sup>3</sup> UDP98-412	sehr gute Amplifikation, eindeutig auswertbar	<input type="checkbox"/>
<sup>4</sup> BPPCT-034	keine Amplifikation	
<sup>4</sup> BPPCT-040	sehr gute Amplifikation, eindeutig auswertbar	<input type="checkbox"/>

Die fünf Mikrosatelliten wurden in je zwei Multiplex-Sets amplifiziert.

**Set 1:** SSR-Loci UDP96-005, UDP98-412 und BPPCT-040; PCR-Reaktionslösung (15 µl Volumen): 1 X PCR-Puffer, 3 mM MgCl<sub>2</sub>, 0,16 mM des jeweiligen Primers, 200 mM dNTPs und 0,15 u DNA-Polymerase; PCR-Zyklen: 4 min. 94°C; 35 X 94°C für 25 s, 60°C für 25 s, 72 °C für 45 s; abschließend 60°C für 45 min.

**Set 2:** SSR-Loci UDP96-018 und UDP98-022; PCR-Reaktionslösung (15 µl Volumen): 1 X PCR-Puffer, 3 mM MgCl<sub>2</sub>, 0,2 mM Primer UDP96-018, 0,08 mM Primer UDP98-022, 200 mM dNTPs und 0,15 u DNA-Polymerase; PCR-Zyklen: 4 min. 94°C; 35 X 94°C für 45 s, 60°C für 45 s, 72 °C für 1 min; abschließend 72°C für 10 min.

Die Auftrennung der Fragmente nach ihren Größen erfolgte über einen MegaBACE-Sequenzierautomaten mit 96 Kapillaren (GE Healthcare, Freiburg) als auch über den ABI3730 mit 48 Kapillaren. Die Fragmentlängen wurden unter Verwendung der Softwareprogramme Fragment-Profiler (GE Health-care, Freiburg) als auch GeneMapper bestimmt.

#### 4.13.3 Parameter zur Beschreibung der genetischen Variation

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

- genetische Vielfalt als durchschnittliche Anzahl der Allele pro Genort; als private Allele (Genvarianten, die nur in dieser Population vorkommen)
- genetische Diversität als mittlere effektive Anzahl von Allelen je Genort ( $N_e$ )
- Heterozygotiegrad als beobachteter prozentualer Anteil heterozygoter (gemischterbiger) Individuen ( $H_b$ ) und unter Hardy-Weinberg-Gleichgewicht erwarteter prozentualer Anteil heterozygoter (gemischterbiger) Individuen ( $H_e$ );
- Fixierungskoeffizient F als Verhältnis zwischen ( $H_b$ ) und ( $H_e$ ). Der F-Wert kann Hinweise auf Inzuchteffekte liefern.

Die genetischen Unterschiede zwischen den Flächen wurden durch den *genetischen Abstand* nach Nei (1972) und nach Gregorius (1974) und die *genetische Differenzierung* zwischen den Beständen mittels des Differenzierungsmaßes  $D_j$  nach Gregorius & Roberds (1986) quantifiziert. Diesen Berechnungen liegen die Verteilungen der Allele in den einzelnen Kollektiven als Allelhäufigkeiten zugrunde.

Für jede Fläche wurde die Anzahl der Klone berechnet. Die Bestimmung eines Klons beruht auf dem Vergleich des Multilocusgenotyps der Individuen einer Fläche. Sind die Allele zweier Individuen an allen Genorten ident, so handelt es sich um einen Klon. Mehrere Individuen eines Klons werden als Ramets bezeichnet. Der Einsatz hochvariabler Genorte ermöglicht, dass die Klone zweifelsfrei bestimmt werden können. Je variabler ein Genort ist, umso unwahrscheinlicher ist es, Individuen zu finden, die zufällig einen identen Multilocusgenotyp haben.

Die statistischen Berechnungen wurden mit den Programmen GenAlEx 6.1 (Peakall & Smouse 2006) und GDA-NT (Degen 2008) durchgeführt.

#### 4.13.4 Ergebnisse

##### 4.13.4.1 Allelhäufigkeiten und Anzahl der Allele

Insgesamt wurden an den fünf untersuchten Genorten 71 Genvarianten (Allele) nachgewiesen. Der Genort UDP96-018 zeigte mit sieben Allelen die geringste Variation. Der Genort UDP98-022 wies mit 22 Allelen die höchste Variation auf.

In der Tabelle 10 sind die gefundenen Fragmentlängen und ihre jeweiligen Häufigkeiten für die verschiedenen Traubenkirschenbestände aufgelistet. An den Genorten UDP96-005, UDP98-022 und UDP98-412 wurden annähernd ähnliche Fragmentlängen von ca. 80 bis 130 Basenpaaren gefunden. An den Genorten BPPCT-040 mit 128 bis 172 Basenpaaren und am Locus UDP96-018 mit 238 bis 250 Basenpaaren wurden deutlich längere Mikrosatellitenfragmente nachgewiesen.

Bei den meisten Genorten konzentrieren sich die Häufigkeiten auf wenige Fragmentlängen. Am Locus UDP96-005 beispielsweise ist das Allel 109 mit einer relativen Häufigkeit von 28 bis 73 % am stärksten vertreten, während die Allele 101 bis 107 und 111 bis 121 mit deutlich geringeren Häufigkeiten zu beobachten sind. Interessant in diesem Zusammenhang ist auch der Locus BPPCT-040. Hier konzentrieren sich die Allelhäufigkeiten sowohl auf mittlere Fragmentlängen (146 bp.) als auch auf den Randbereich der allelischen Variationsbreite (128 bp.)

Die Allelverteilung (Tab. 11) in den Populationen ist unterschiedlich, jedoch lässt sich kein geografischer Trend an bestimmten Genorten erkennen. So kommt z.B. am Genort BPPCT-040 das Allel 146 in der bayerischen Population BY\_Neustadt\_1018 zu 13 % und in BY\_Neuhimmelreich\_0036 zu 12 % vor, jedoch in den anderen bayerischen Populationen mit 30-55 %. Dieser Unterschied der Allelhäufigkeiten innerhalb der Bundesländer ist z.B. auch für Niedersachsen und Sachsen-Anhalt gefunden worden.

Insgesamt sind über alle untersuchten Genorte hinweg zwischen 17 und 31 verschiedene Allele detektiert worden. An den einzelnen Genorten sind durchaus starke Unterschiede feststellbar und ein leicht abnehmender Trend in der Allelzahl von Nord nach Süd lässt sich erkennen. Während im brandenburgischen Bestand BB\_Rathstock\_0320 am Genort UDP98-022 nur drei Allele gezählt worden sind, konnten im bayerischen Bestand 29 bis zu 10 Allele beobachtet werden (Tab. 10).

Tabelle 10: Allelhäufigkeiten an 5 Genorten in den 24 untersuchten Traubenkirschenvorkommen

Genort	Allele	BB_Baruth_0110	BB_Rathstock_0320	BW_Blasien_0221	BW_Litzelstetten_0690	BY_Wackerstein_0557	BY_Neustadt_1018	BY_Kiefersfelden_0003	BY_Illertzell_0033	BY_Obervolkach_0508	BY_Waltenhofen_0029	BY_Neuhimmelreich_0036	BY_Tittmoning_0001	MV_Tessin_0002	NI_Kettenkamp_0146	NI_Brietlingen_0012	NI_Wolfsburg_0029	NW_Hackenbroich_0008	RP_Wörth_0019	SN_Schönberg_0002	SN_Lößnitz_0012	ST_Goseck_0050	ST_Kleinau_0023	SH_Tramm_0022	TH_Ehrenberg_0001		
UDP96-005	101											0,02															
	103											0,02															
	105		0,16	0,02	0,17	0,11	0,45	0,14		0,20	0,31	0,02	0,05	0,14	0,26	0,11	0,14	0,39	0,04	0,10		0,04	0,17	0,22	0,11		
	107	0,05	0,49	0,05	0,13	0,08	0,05	0,01	0,05	0,08			0,04	0,13		0,01	0,07	0,17	0,31	0,19	0,01	0,25	0,08	0,12	0,21		
	109	0,57	0,29	0,72	0,42	0,64	0,47	0,73	0,81	0,55	0,61	0,51	0,68	0,42	0,33	0,41	0,62	0,40	0,60	0,69	0,57	0,71	0,61	0,28	0,49		
	111	0,31	0,06	0,16	0,28	0,17	0,03	0,07	0,14	0,14	0,09	0,42	0,22	0,32	0,39	0,38	0,13	0,05	0,04	0,02	0,42		0,09	0,37	0,17		
	113	0,07		0,05				0,05		0,03		0,01			0,02	0,09	0,05						0,05		0,01		
	121																								0,01		
UDP96-018	238							0,01																			
	240						0,01	0,01							0,01			0,02									
	242	0,10	0,24	0,02		0,11	0,04		0,02		0,01	0,02	0,09	0,01	0,14	0,06	0,14	0,02	0,05	0,08	0,01		0,01	0,32	0,05		
	244	0,36	0,04	0,08	0,53	0,36	0,56	0,46	0,53	0,58	0,42	0,44	0,43	0,42	0,42	0,43	0,22	0,56	0,52	0,30	0,49	0,64	0,23	0,18	0,38		
	246	0,46	0,58	0,82	0,31	0,46	0,35	0,42	0,39	0,16	0,47	0,46	0,36	0,49	0,42	0,45	0,64	0,39	0,42	0,21	0,46	0,36	0,72	0,22	0,35		
	248	0,08	0,14	0,08	0,16	0,07	0,03	0,10	0,06	0,18	0,10	0,08	0,12	0,08	0,02	0,06	0,01		0,01	0,41	0,04		0,04	0,26	0,22		
	250									0,08															0,02		
UDP98-022	79					0,01																	0,30				
	89					0,01	0,01			0,05	0,01				0,01	0,01	0,01	0,02									

Genetische Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland - Los 4/ Gemeine Traubenkirsche

	91	0,31	0,88	0,55	0,75	0,59	0,33	0,73	0,23	0,90	0,39	0,82	0,58	0,60	0,75	0,76	0,74	0,86	0,42	0,49	0,20	0,52	0,46	0,43	0,58
	93	0,11	0,07	0,12	0,01	0,20	0,48	0,09	0,46		0,27	0,12	0,19	0,37	0,17	0,12	0,10		0,10	0,27	0,44	0,09	0,07	0,08	0,11
	95							0,06					0,02	0,03							0,03				
	97											0,02													
	99	0,02							0,02								0,05	0,11						0,15	0,17
	101	0,56				0,02			0,16	0,02	0,06				0,07		0,02		0,02		0,01		0,01	0,05	
	103			0,23		0,06					0,08	0,03				0,02									
	105				0,01												0,03		0,45			0,15			0,01
	107		0,05				0,01										0,03						0,09		0,02
	109			0,08					0,04														0,07		
	111						0,04	0,06		0,05			0,17			0,02		0,01				0,15		0,02	0,03
	113			0,02	0,15								0,03						0,01					0,01	
	115					0,11											0,01								
	117					0,00	0,06		0,03	0,01	0,03											0,32	0,09		
	119							0,04	0,04		0,02									0,24					
	121									0,02							0,01							0,05	
	123								0,01		0,07						0,03			0,01				0,17	0,07
	125								0,01		0,01						0,02							0,04	
	127				0,08						0,01		0,01			0,01									
	131						0,07																		
UDP98-412	91											0,01													
	93											0,02													
	101											0,02		0,02						0,01					
	103	0,01										0,01					0,01								
	105	0,94	0,83	0,69	0,65	0,88	0,98	0,99	0,92	0,85	0,79	0,83	0,88	0,78	0,87	0,91	0,84	0,72	0,80	0,76	0,90	0,87	0,60	0,94	0,85
	107	0,03	0,17	0,14	0,09	0,07	0,02	0,01	0,01	0,12	0,19	0,12	0,01	0,20	0,07	0,09	0,13	0,26	0,17	0,23	0,10	0,00	0,39	0,04	0,10
	111									0,01															
113			0,02	0,00																				0,01	
117																								0,01	



Genetische Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland - Los 4/ Gemeine Traubenkirsche

	119	0,02		0,02	0,26	0,04			0,07	0,02	0,02		0,06		0,05		0,02		0,03			0,13	0,01		0,05	
	121			0,14		0,01							0,04					0,01								
	127																	0,01								
	135														0,01											
<b>BPPCT-040</b>	128	0,20	0,32	0,17	0,42	0,30	0,64	0,36	0,30	0,52	0,17	0,54	0,29	0,17	0,34	0,39	0,60	0,03	0,22	0,09	0,10	0,28	0,42	0,35	0,26	
	132																								0,04	
	134	0,01																0,01								
	138															0,02										
	140		0,18	0,36	0,08	0,03			0,17	0,15		0,04	0,01	0,32	0,02	0,06	0,06	0,67	0,19		0,00	0,03	0,16	0,06	0,04	
	142	0,04			0,01				0,01																	
	144	0,10						0,02				0,03										0,03				
	146	0,59	0,40		0,49	0,45	0,13	0,43	0,41	0,30	0,55	0,12	0,41	0,50	0,10	0,41	0,25	0,23	0,52	0,83	0,89	0,60	0,20	0,49	0,48	
	148		0,10	0,26		0,03	0,01	0,11	0,01					0,10		0,01	0,05			0,08		0,01				
	150					0,01			0,03																0,05	
	152					0,07				0,01		0,01				0,02						0,01				
	154					0,01			0,03		0,03												0,20			
	156						0,07	0,02				0,01	0,02	0,01		0,01	0,02	0,06	0,01					0,04	0,02	
	158					0,02			0,01	0,01		0,01	0,06		0,11				0,01							
	160	0,01				0,02		0,06			0,02	0,13			0,15	0,03			0,05					0,02		
	162	0,02		0,14			0,01			0,01	0,18		0,04		0,28	0,05	0,01									0,15
	164	0,02		0,07		0,01	0,13				0,01		0,01													0,01
	166					0,04			0,02		0,03	0,11	0,05									0,04				
168					0,01																					
170						0,01																				
172													0,01													

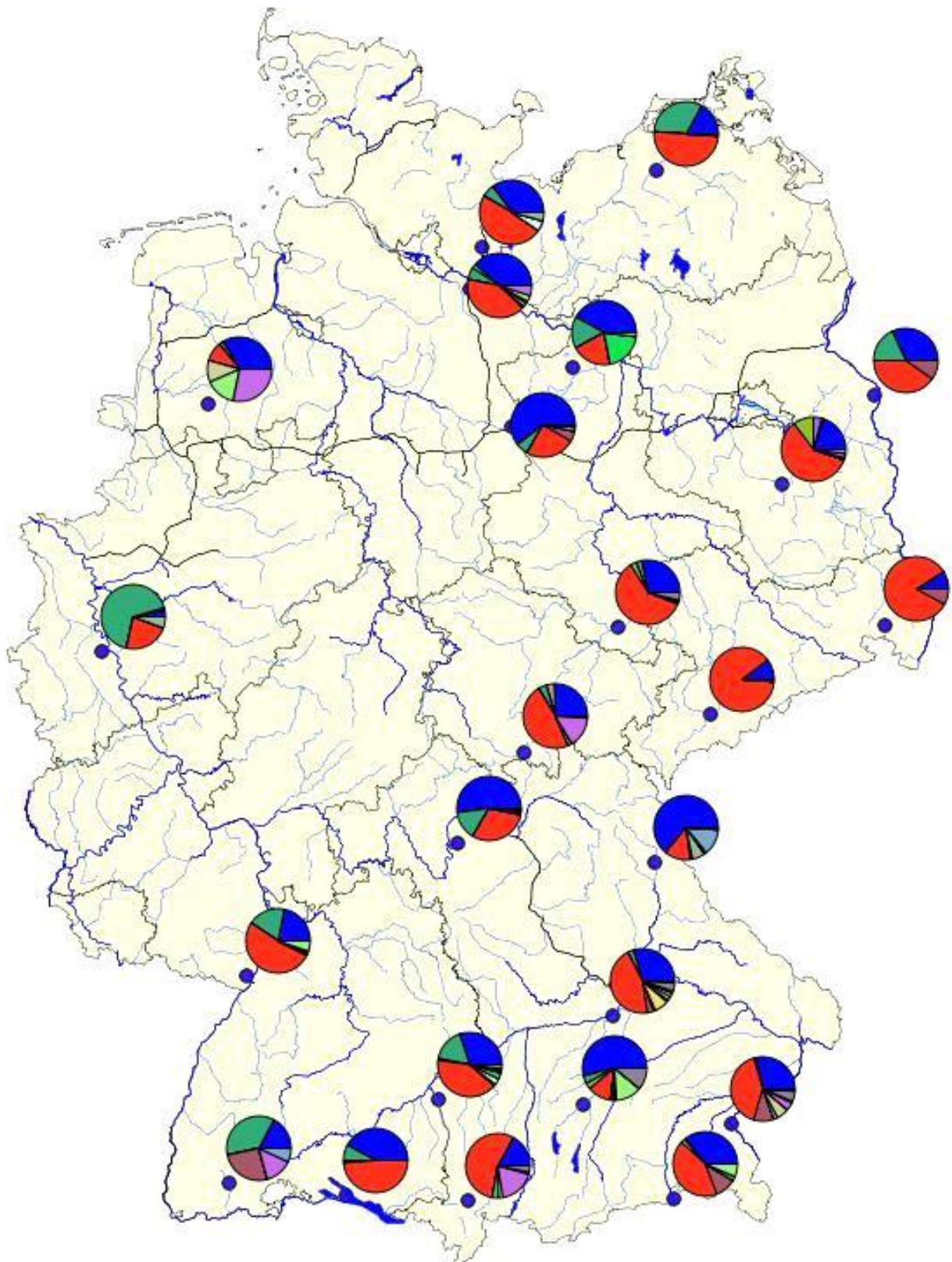


Abbildung 45: Allelhäufigkeit am Genort BPPCT-040 (Traubenkirsche)

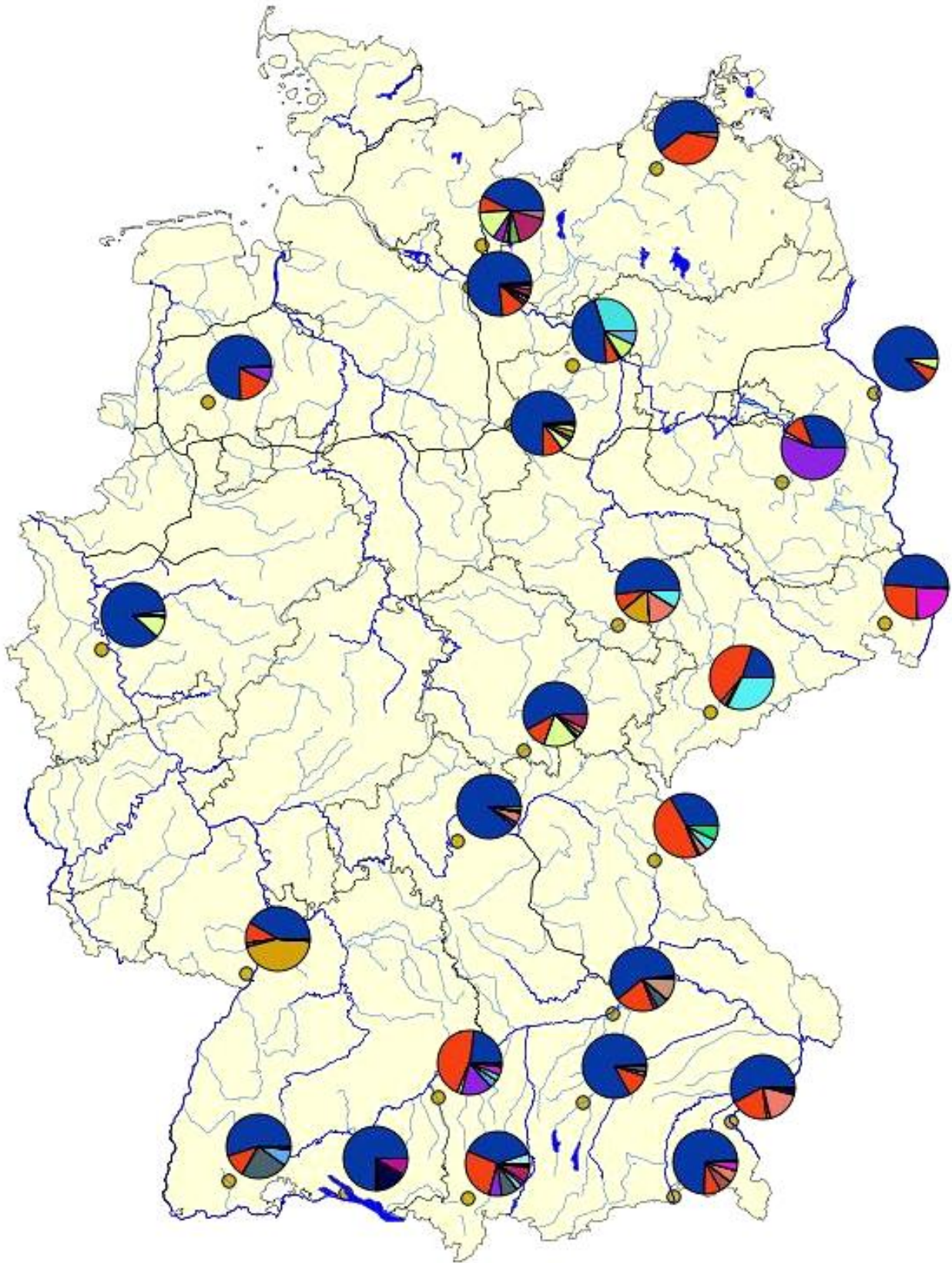


Abbildung 46: Allelhäufigkeit am Genort UDP98-022 (Traubenkirsche)

Tabelle 11: Anzahl der Allele an 5 Genorten in den 24 untersuchten Traubenkirschenvorkommen

SSR-Locus	BB_Baruth_0110	BB_Rathstock_0320	BW_Blasien_0221	BW_Litzelstetten_0690	BY_Wackerstein_0557	BY_Neustadt_1018	BY_Kieffersfelden_0003	BY_Illertzell_0033	BY_Obervolkach_0508	BY_Waltenhofen_0029	BY_Neuhimmelreich_0036	BY_Tittmoning_0001	MV_Tessin_0002	NI_Kettenkamp_0146	NI_Brietlingen_0012	NI_Wolfsburg_0029	NW_Hackenbroich_0008	RP_Wörth_0019	SN_Schönberg_0002	SN_Lößnitz_0012	ST_Goseck_0050	ST_Kleinau_0023	SH_Tramm_0022	TH_Ehrenberg_0001
UDP96-005	4	4	5	4	4	4	5	3	5	3	6	4	4	4	5	5	4	4	4	3	3	5	5	5
UDP96-018	4	4	4	3	4	5	5	4	4	4	4	4	4	5	4	4	4	4	4	4	2	4	5	4
UDP98-022	4	3	5	5	7	6	6	9	5	10	5	6	3	4	9	8	4	5	4	5	5	6	9	7
UDP98-412	4	2	5	3	4	2	2	3	4	3	5	5	3	4	2	4	4	3	3	2	2	3	4	3
BPPCT-040	8	4	5	4	12	7	6	10	6	7	9	10	4	6	9	6	5	6	3	3	7	5	5	7
<b>Gesamt</b>	<b>24</b>	<b>17</b>	<b>24</b>	<b>19</b>	<b>31</b>	<b>24</b>	<b>24</b>	<b>29</b>	<b>24</b>	<b>27</b>	<b>29</b>	<b>29</b>	<b>18</b>	<b>23</b>	<b>29</b>	<b>27</b>	<b>21</b>	<b>22</b>	<b>18</b>	<b>17</b>	<b>19</b>	<b>23</b>	<b>28</b>	<b>26</b>

#### 4.13.4.2 Genetische Variation innerhalb der Traubenkirschenvorkommen

Die Werte der Parameter, die die genetische Variation innerhalb der Vorkommen beschreiben, sind in Tabelle 12 eingetragen.

Die genetische Vielfalt, d.h. die mittlere Anzahl der Genvarianten je Genort, variiert in den Traubenkirschen-Vorkommen zwischen 3,4 (BB\_Rathstock\_0320) und 6,2 (BY\_Wackerstein\_0557). Diese Unterschiede sind als mittelgroß einzuschätzen. In 11 der untersuchten Populationen wurden Allele gefunden, die spezifisch für die jeweilige Population sind und in anderen Populationen nicht vorkommen. Die meisten privaten Allele wurden in der Population BY\_Neuhimmelreich\_0036 mit einem Wert von 1,0 gefunden. Die genetische Diversität bei  $N_e$  liegt in einem Bereich zwischen 1,94 (SN\_Lößnitz\_0012) und 3,09 (SH\_Tramm\_0022) und ist insgesamt als eher gering zu beurteilen. Die Unterschiede in der Diversität zwischen den Vorkommen sind in Abbildung 51 dargestellt, um die Werte der einzelnen Populationen im Vergleich besser ersichtlicher zu machen. Bis auf wenige Ausnahmen ist die Diversität in den Populationen relativ ähnlich. Im unteren Bereich ( $N_e < 2$ ) liegen die Populationen NI\_Wolfsburg\_0029 und SN\_Lößnitz\_0012 und im oberen Bereich (mit  $N_e > 2,5$ ) die Flächen BY\_Waltenhofen\_0029, NI\_Kettenkamp\_0146, ST\_Kleinau\_0023, SH\_Tramm\_0022 und TH\_Ehrenberg\_0001.

Die beobachtete Heterozygotie liegt im mittleren Bereich zwischen 0,307 (SN\_Lößnitz\_0012) und -0,509 (ST\_Goseck\_0050). Bei der erwarteten Heterozygotie sind die Werte deutlich höher und liegen zwischen 0,421 (SN\_Lößnitz\_0012) und 0,595 (SH\_Tramm\_0022).

Die F-Werte sind stark unterschiedlich (Tab. 13, Abb. 48) und reichen von -0,093 (ST\_Goseck\_0050) bis 0,293 (SH\_Tramm\_0022). Eine Abweichung von Null um mehr als 10 % liegt mit Ausnahme von drei Populationen (BB\_Rathstock\_0320, RP\_Wörth\_0019 und ST\_Goseck\_0050) für alle Vorkommen vor. Die positiven F-Werte zeigen einen Homozygotenüberschuß an, was auf Inzucht durch Verwandtenpaarung deuten kann. Jedoch weisen die Werte der einzelnen Genorte unterschiedliche F-Werte auf (Tab. 13), was wiederum eher auf Nullallele bei der Vervielfältigung der Fragmente deutet, als auf Inzucht. Insgesamt zeigen drei Genorte (UDP96-018, UDP98-412, BPPCT-040) geringe Abweichungen von der Gleichverteilung (Hardy-Weinberg-Strukturen) und zwei Genorte (UDP98-005, UDP98-022) eine starke Abweichung.

Tabelle 12: Populationsgenetische Parameter für die 24 Traubenkirschenvorkommen

Population	Anzahl Proben	Vielfalt		Diversität	Heterozygotie		F-Wert
		Anzahl Allele	Anzahl private Allele	$N_e$	$H_b$	$H_e$	
BB_Baruth_0110	50	4,80	-	2,22	0,330	0,501	0,293
BB_Rathstock_0320	48	3,40	-	2,24	0,460	0,486	0,002
BW_Blasien_0221	30	4,80	-	2,37	0,463	0,524	0,138
BW_Litzelstetten_0690	48	3,80	-	2,37	0,445	0,556	0,144
BY_Wackerstein_0557	50	6,20	0,20	2,42	0,366	0,540	0,309
BY_Neustadt_1018	48	4,80	0,40	2,14	0,338	0,474	0,220
BY_Kieffersfelden_0003	48	4,80	0,20	2,04	0,379	0,437	0,129
BY_Illerszell_0033	48	5,80	-	2,37	0,363	0,492	0,256
BY_Obervolkach_0508	48	4,80	0,20	2,07	0,363	0,459	0,205
BY_Waltenhofen_0029	48	5,40	-	2,59	0,484	0,571	0,123
BY_Neuhimmelreich_0036	50	5,80	1,00	2,11	0,345	0,485	0,321
BY_Tittmoning_0001	50	5,80	0,20	2,48	0,396	0,539	0,311
MV_Tessin_0002	48	3,60	-	2,36	0,346	0,549	0,332
NI_Kettenkamp_0146	48	4,60	0,20	2,60	0,353	0,543	0,363
NI_Brietlingen_0012	49	5,80	0,20	2,31	0,396	0,506	0,170
NI_Wolfsburg_0029	48	5,40	-	1,99	0,375	0,477	0,184
NW_Hackenbroich_0008	48	4,20	0,20	2,02	0,344	0,469	0,321
RP_Wörth_0019	48	4,40	-	2,25	0,483	0,534	0,084
SN_Schönberg_0002	50	3,60	-	2,18	0,425	0,494	0,118
SN_Lößnitz_0012	48	3,40	-	1,94	0,307	0,421	0,242
ST_Goseck_0050	50	3,80	-	2,04	0,509	0,469	-0,093
ST_Kleinau_0023	50	4,60	-	2,55	0,504	0,579	0,142
SH_Tramm_0022	48	5,60	0,40	3,09	0,400	0,595	0,293
TH_Ehrenberg_0001	50	5,20	0,20	2,65	0,413	0,583	0,265
<b>Gesamt</b>	<b>1151</b>	<b>4,77</b>	<b>0,14</b>	<b>2,31</b>	<b>0,399</b>	<b>0,512</b>	<b>0,203</b>

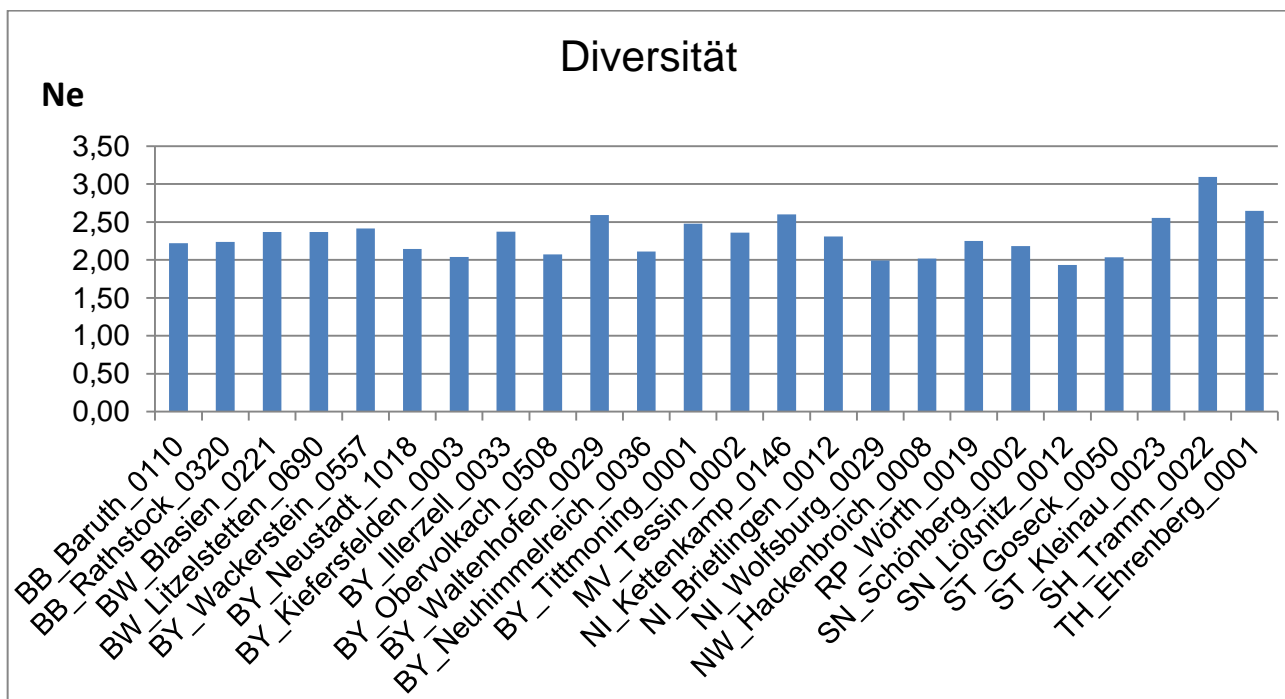


Abbildung 47 Genetische Diversität ( $N_e$ ) in den untersuchten Traubenkirschen-Vorkommen

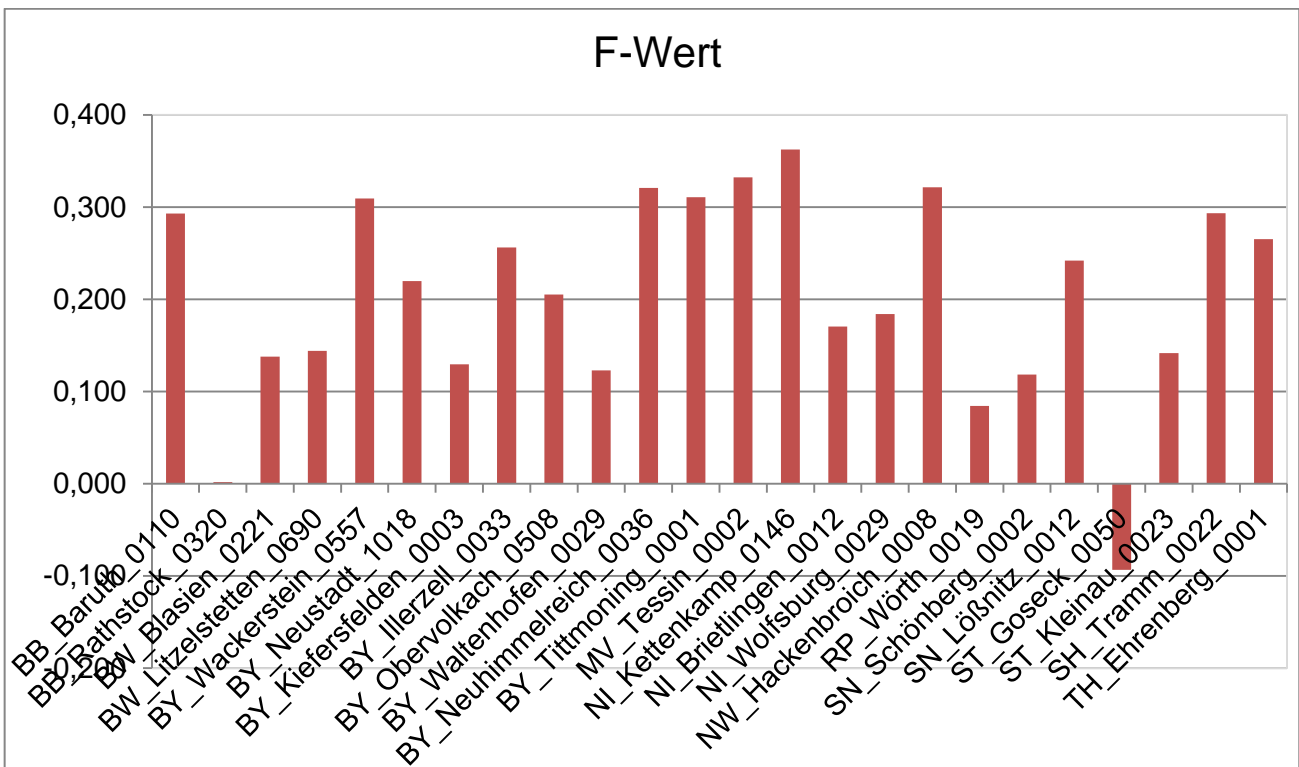


Abbildung 48: Fixierungskoeffizient (F-Wert) in den untersuchten Traubenkirschen-Vorkommen

Tabelle 13: F-Werte für die 5 untersuchten Genorte der Traubenkirsche.

Genort	F-Wert
UDP98-005	0,651
UDP96-018	-0,048
UDP98-022	0,414
UDP98-412	-0,012
BPPCT-040	0,009

#### 4.13.4.3 Genetische Abstände und Differenzierung zwischen den Traubenkirschenpopulationen

Die Werte der genetischen Abstände nach Nei (1972) sind in Tabelle 14 enthalten. Die Werte schwanken stark und liegen zwischen 2% und 46%, sind aber in den meisten Fällen gering bis mittel und ein Indiz für geringe genetische Unterschiede zwischen den Populationen. Der höchste genetische Abstand wurde mit 46 % zwischen den Vorkommen NW\_Hackenbroich\_0008 und SN\_Lößnitz\_0012 gefunden. Demgegenüber ist der Abstand zwischen den drei Vorkommen aus Niedersachsen mit nur 5-10 % deutlich geringer. Ähnlich verhalten sich die acht bayerischen Bestände und zeigen geringe Abstände zueinander (2-19 %).

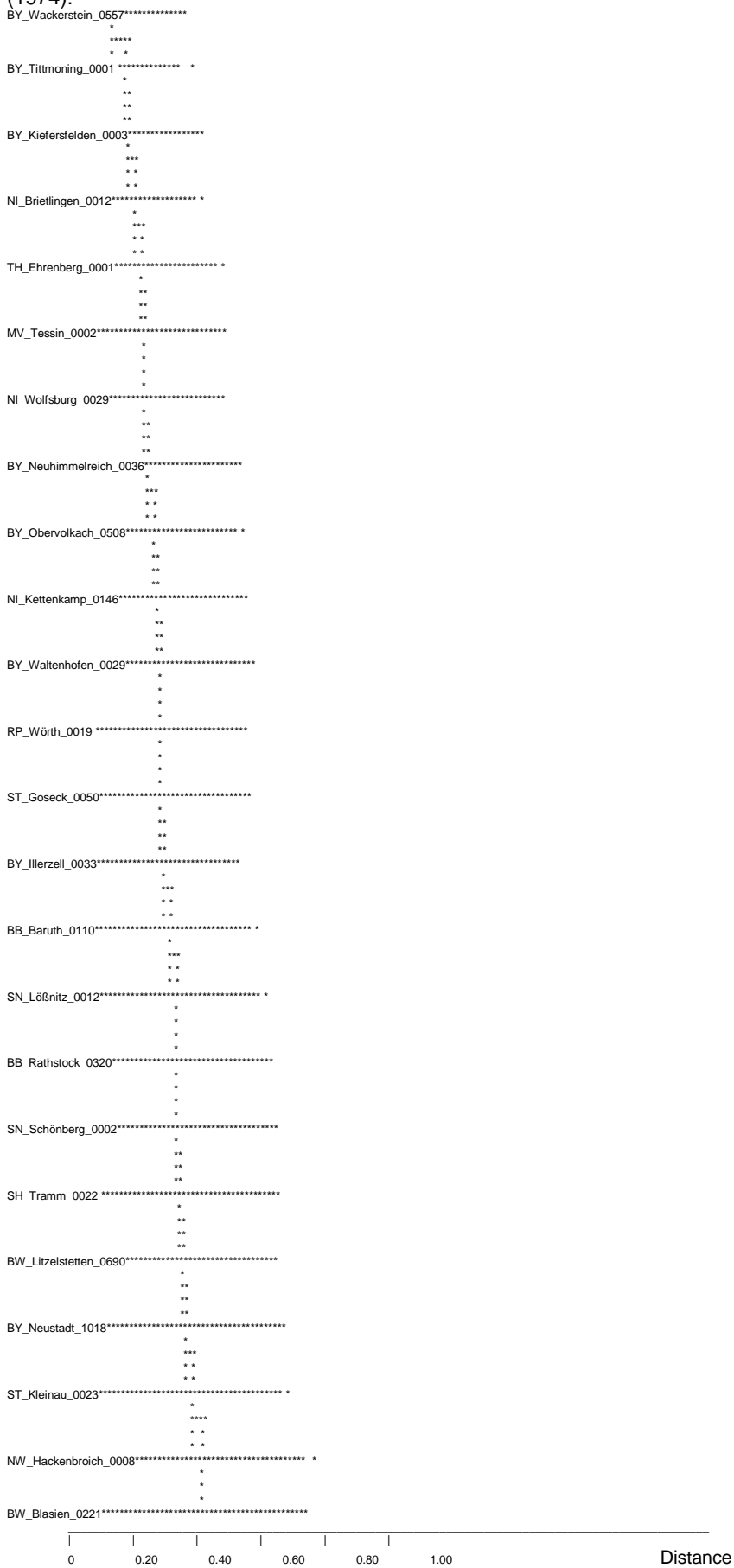
Tabelle 14: Genetischer Abstand (nach Nei 1972) zwischen den untersuchten Traubenkirschen-Vorkommen

	BB_Rathstock_0320	BW_Blasien_0221	BW_Litzelstetten_0690	BY_Wackerstein_0557	BY_Neustadt_1018	BY_Kiefersfelden_0003	BY_Illerszell_0033	BY_Obervolkach_0508	BY_Waltenhofen_0029	BY_Neuhimmelreich_0036	BY_Tittmoning_0001	MV_Tessin_0002	NI_Kettenkamp_0146	NI_Brietlingen_0012	NI_Wolfsburg_0029	NW_Hackenbroich_0008	RP_Wörth_0019	SN_Schönberg_0002	SN_Lößnitz_0012	ST_Goseck_0050	ST_Kleinau_0023	SH_Tramm_0022	TH_Ehrenberg_0001
<b>BB_Baruth_0110</b>	0,29	0,33	0,21	0,11	0,28	0,14	0,11	0,24	0,12	0,22	0,12	0,16	0,22	0,14	0,20	0,40	0,18	0,19	0,13	0,15	0,28	0,16	0,13
<b>BB_Rathstock_0320</b>	0,00	0,23	0,17	0,13	0,32	0,16	0,34	0,18	0,23	0,18	0,18	0,14	0,19	0,13	0,10	0,20	0,20	0,24	0,39	0,22	0,20	0,17	0,12
<b>BW_Blasien_0221</b>		0,00	0,33	0,18	0,37	0,20	0,25	0,31	0,24	0,20	0,20	0,21	0,25	0,22	0,14	0,26	0,28	0,40	0,43	0,31	0,14	0,40	0,24
<b>BW_Litzelstetten_0690</b>			0,00	0,09	0,22	0,08	0,20	0,05	0,14	0,09	0,08	0,10	0,13	0,06	0,11	0,19	0,15	0,19	0,24	0,10	0,22	0,16	0,07
<b>BY_Wackerstein_0557</b>				0,00	0,14	0,02	0,08	0,09	0,05	0,08	0,02	0,06	0,11	0,04	0,05	0,21	0,10	0,12	0,13	0,06	0,14	0,12	0,04
<b>BY_Neustadt_1018</b>					0,00	0,14	0,13	0,17	0,15	0,18	0,15	0,20	0,16	0,16	0,15	0,34	0,24	0,34	0,28	0,19	0,25	0,23	0,18
<b>BY_Kiefersfelden_0003</b>						0,00	0,10	0,05	0,08	0,08	0,02	0,10	0,11	0,05	0,06	0,21	0,12	0,14	0,19	0,06	0,16	0,15	0,05
<b>BY_Illerszell_0033</b>							0,00	0,20	0,09	0,19	0,07	0,12	0,23	0,15	0,17	0,33	0,13	0,17	0,11	0,09	0,22	0,22	0,12
<b>BY_Obervolkach_0508</b>								0,00	0,17	0,07	0,08	0,13	0,11	0,06	0,10	0,15	0,17	0,22	0,33	0,11	0,22	0,17	0,08
<b>BY_Waltenhofen_0029</b>									0,00	0,19	0,07	0,08	0,16	0,10	0,14	0,25	0,12	0,10	0,10	0,09	0,17	0,17	0,07
<b>BY_Neuhimmelreich_0036</b>										0,00	0,08	0,12	0,06	0,04	0,06	0,24	0,21	0,31	0,30	0,17	0,16	0,18	0,11
<b>BY_Tittmoning_0001</b>											0,00	0,08	0,11	0,05	0,08	0,24	0,12	0,13	0,14	0,05	0,19	0,13	0,05
<b>MV_Tessin_0002</b>												0,00	0,13	0,06	0,13	0,13	0,12	0,15	0,12	0,13	0,17	0,15	0,07
<b>NI_Kettenkamp_0146</b>													0,00	0,05	0,10	0,22	0,25	0,35	0,32	0,22	0,23	0,16	0,11
<b>NI_Brietlingen_0012</b>														0,00	0,06	0,19	0,15	0,20	0,18	0,11	0,17	0,10	0,05
<b>NI_Wolfsburg_0029</b>															0,00	0,23	0,16	0,25	0,29	0,14	0,09	0,17	0,09
<b>NW_Hackenbroich_0008</b>																0,00	0,22	0,35	0,46	0,24	0,25	0,33	0,20
<b>RP_Wörth_0019</b>																	0,00	0,16	0,18	0,05	0,21	0,23	0,10
<b>SN_Schönberg_0002</b>																		0,00	0,15	0,13	0,31	0,19	0,10
<b>SN_Lößnitz_0012</b>																			0,00	0,15	0,34	0,22	0,16
<b>ST_Goseck_0050</b>																				0,00	0,23	0,21	0,07
<b>ST_Kleinau_0023</b>																					0,00	0,32	0,19
<b>SH_Tramm_0022</b>																						0,00	0,08



Diese vergleichsweise geringen Werte des genetischen Abstandes nach Nei (1972) wurden durch Berechnungen des genetischen Abstand nach Gregorius (1974) bestätigt. Letzterer wurde in einer Clusteranalyse veranschaulicht. Hier ist keine Gruppierung der Bestände nach geographischen Regionen erkennbar.

Gruppierung der untersuchten Traubenkirschenvorkommen aufgrund des genetischen Abstandes (D) nach Gregorius (1974):



Die in der Abbildung 48 dargestellten Differenzierungswerte  $D_j$  quantifizieren für jeden Bestand den Unterschied (genetischen Abstand) seiner Allelzusammensetzung zu der Allelstruktur des gesamten untersuchten Materials, d.h. der restlichen 23 Bestände zusammengekommen. Der Mittelwert Delta ( $\delta$ ) zeigt die mittlere Differenzierung aller 24 Bestände. Er ist ein Indikator für die genetische Heterogenität der untersuchten Traubenkirschen-Beständen. Die mittlere Differenzierung  $\delta$  ist mit 24,3 % als niedrig einzuschätzen. Insgesamt müssten  $\delta = 24,3$  % der allelischen Varianten zwischen allen Beständen ausgetauscht werden, um identische allelische Profile zu erhalten.

Der Bestand BW\_Blasien\_0221 zeigt den höchsten Differenzierungswert ( $D_j = 35,5$  %), gefolgt von NW\_Hackenbroich\_0008 mit 34,5 % und BY\_Neustadt\_1018 mit 32,1 %. Diese drei Bestände haben die geringste Repräsentativität für das gesamte Untersuchungsmaterial.

Am wenigsten differenziert und damit am repräsentativsten für den Gesamtpool sind die Bestände NI\_Brietlingen\_0012, MV\_Tessin\_0002, BY\_Tittmoning\_0001, BY\_Wackerstein\_0557 und TH\_Ehrenberg\_0001. In Verbindung mit der relativ hohen Diversität ( $N_e$  deutlich über einem Wert von 2) in diesen Vorkommen erscheinen sie für die Generhaltung bei dieser Baumart neben den Vorkommen NI\_Kettenkamp\_0146, BY\_Waltenhofen\_0029, ST\_Kleinau\_0023 und SH\_Tramm\_0022 mit hohen Diversitätswerten sehr gut geeignet.

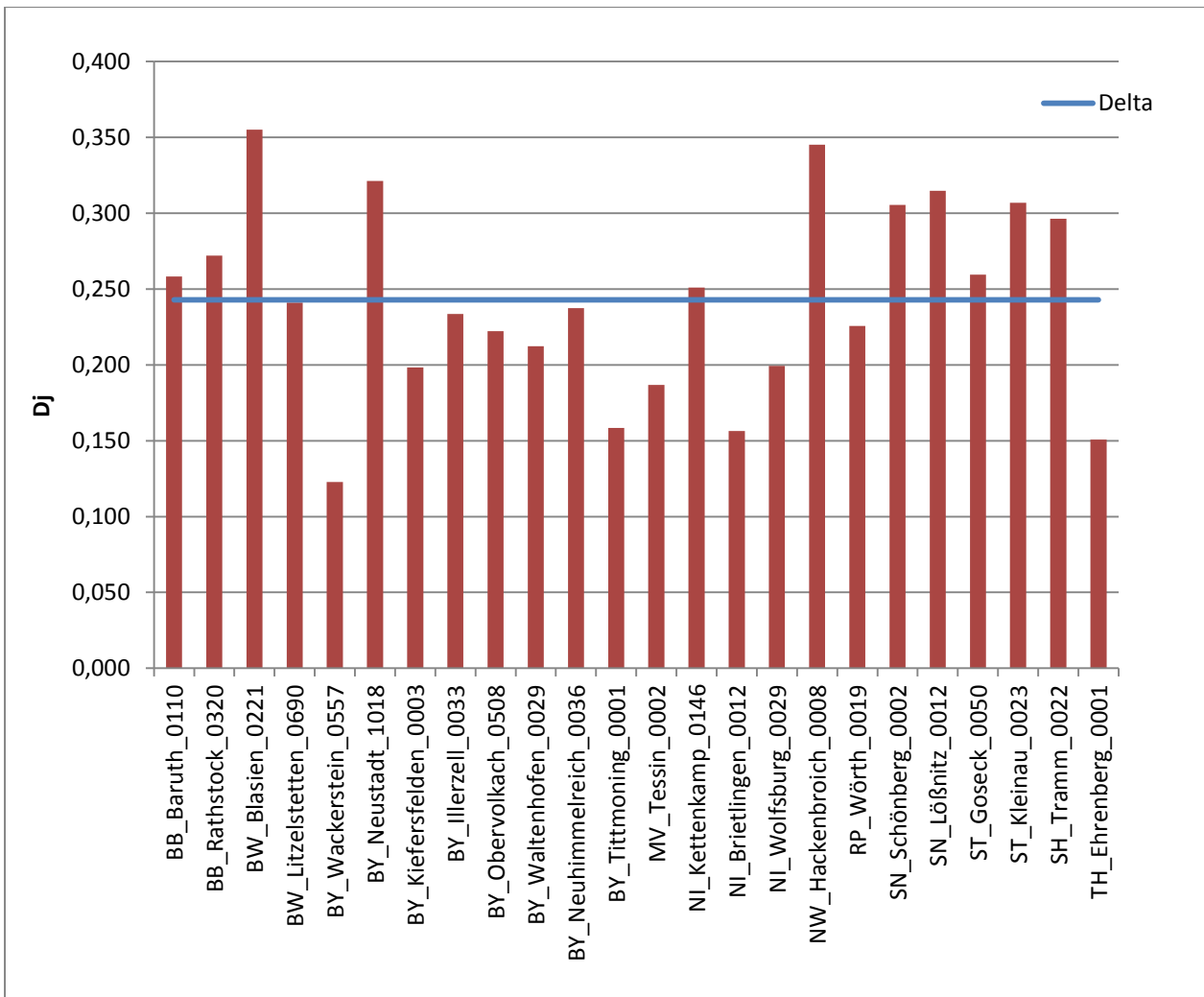


Abbildung 49: Differenzierungswerte ( $D_j$ ) der 24 untersuchten Populationen. Die blaue Linie zeigt die mittlere Differenzierung aller Populationen mit  $\Delta \delta = 24,3\%$  an.

#### 4.13.4.4 Klonale Strukturen innerhalb der Traubenkirschenpopulationen

In Tabelle 15 sind die Parameter zur Beschreibung der klonalen Struktur in den 24 Traubenkirschenpopulationen dargestellt.

Die Anzahl der Klone innerhalb der Bestände schwankt zwischen 1 (BY\_Illertzell\_0033, SH\_Tramm\_0022) und 9 (SN\_Schönberg\_0002) und ist damit als wenig bis mittel einzuschätzen. Die Anzahl der Individuen je Klon liegt zwischen 2 und 7. Der Klon mit den meisten identen Individuen (7 Ramets) wurde im Bestand ST\_Goseck\_0050 gefunden. Die Ausbildung von Klonen kann zu einer erheblichen Reduktion der genetischen Vielfalt führen. Die Anzahl der Genotypen verringerte sich durch das Vorhandensein von Klonen um 175 Genotypen von 1151 möglichen auf tatsächliche 976. Die Anzahl der Genotypen innerhalb der Vorkommen reichte von 27 (ST\_Goseck\_0050) bis 47 (BY\_Wackerstein\_0557, BY\_Illertzell\_0033, BY\_Tittmoning\_0001, SH\_Tramm\_0022). Besonders auffällig sind die niedrigen Werte in der Population ST\_Goseck\_0050, mit 46 % Reduktion der Anzahl der

Genotypen bezogen auf die Anzahl der untersuchten Proben. Im mittleren Bereich liegen die Vorkommen TH\_Ehrenberg\_0001, SN\_Schönberg\_0002, SN\_Lößnitz\_0012, NI\_Wolfsburg\_0029, NW\_Hackenbroich\_0008, BY\_Obervolkach\_0508 und BB\_Baruth\_0110 in denen sich die Anzahl der Genotypen um 20 % - 30 % reduziert. Gering betroffen von klonalen Strukturen sind die Vorkommen BY\_Neustadt\_1018, BY\_Illierzell\_0033, RP\_Wörth\_0019 und SH\_Tramm\_0022 mit 2 % - 5 % Reduktion der Anzahl der Genotypen.

Da jedoch die verwendeten Marker teilweise nicht sehr variabel waren, kann es zufällig vorkommen, dass Individuen denselben Genotyp haben, aber dennoch keine Klone sind. Die „probability of identity“, also die Wahrscheinlichkeit in einer Population zufällig zwei idente Genotypen zu erhalten, liegt bei den untersuchten Genorten zwischen 0,9 % und 0,02 %. Diese Werte gelten als vergleichsweise hoch und könnten eine Überschätzung der Klonstruktur darstellen.

Tabelle 15: Klonale Strukturen innerhalb der untersuchten Traubenkirschenvorkommen

Population	Anzahl Proben	Anzahl Klone	Anzahl Individuen je Klon (von-bis)	Anzahl Genotypen	Anzahl Genotypen bezogen auf die Anzahl der Proben
BB_Baruth_0110	50	6	2-4	39	0,78
BB_Rathstock_0320	48	3	2-3	44	0,92
BW_Blasien_0221	30	4	2	26	0,87
BW_Litzelstetten_0690	48	3	2	45	0,94
BY_Wackerstein_0557	50	3	2	47	0,94
BY_Neustadt_1018	48	2	2	46	0,96
BY_Kiefersfelden_0003	48	4	2-3	42	0,88
BY_Illierzell_0033	48	1	2	47	0,98
BY_Obervolkach_0508	48	8	2-3	36	0,75
BY_Waltenhofen_0029	48	7	2-4	39	0,81
BY_Neuhimmelreich_0036	50	3	2-3	46	0,92
BY_Tittmoning_0001	50	3	2	47	0,94
MV_Tessin_0002	48	8	2-3	39	0,81
NI_Kettenkamp_0146	48	5	2-3	42	0,88
NI_Brietlingen_0012	49	5	2	44	0,90
NI_Wolfsburg_0029	48	7	2-6	37	0,77
NW_Hackenbroich_0008	48	6	2-4	35	0,73
RP_Wörth_0019	48	2	2	46	0,96
SN_Schönberg_0002	50	9	2-3	39	0,78
SN_Lößnitz_0012	48	8	2-6	33	0,69
ST_Goseck_0050	50	8	2-7	27	0,54
ST_Kleinau_0023	50	4	2-3	45	0,90
SH_Tramm_0022	48	1	2	47	0,98
TH_Ehrenberg_0001	50	5	2-5	38	0,76
<b>Gesamt</b>	<b>1151</b>	<b>115</b>	<b>2-7</b>	<b>976</b>	<b>0,85</b>

#### 4.13.5 Schlussfolgerungen

Bezogen auf die einzelnen Populationen liegen die Unterschiede in der genetischen Vielfalt und der genetischen Diversität im mittleren Bereich. Die beobachtete und erwartete Heterozygotie haben vergleichsweise niedrige Werte und schwanken zwischen den Vorkommen gering bis mittelstark. Bis auf eine Ausnahme ist die erwartete Heterozygotie höher als die tatsächlich beobachtete. Die F-Werte sind daher in den meisten Fällen positiv und zeigen in vier Beständen einen hohen Homozygotenüberschuss an.

Der genetische Abstand zwischen den untersuchten Vorkommen ist gering bis groß (2-46 %) und variiert damit stark. Die Vorkommen aus Bayern und Niedersachsen zeigen vergleichsweise geringe genetische Abstände. Jedoch konnte kein geografischer Trend festgestellt werden.

Die Anzahl der Klone innerhalb der Bestände ist als mittel bis stark einzuschätzen. In einer Population (ST\_Goseck\_0050) führte dies zur Verringerung der Genotypen um fast die Hälfte. In diesem Bestand tritt, typisch für starke klonale Strukturen, ein negativer F-Wert auf.

Die Vorkommen NI\_Kettenkamp\_0146, BY\_Waltenhofen\_0029, ST\_Kleinau\_0023, SH\_Tramm\_0022, TH\_Ehrenberg\_0001 fallen durch hohe Diversitätswerte positiv auf. Überdies zeigen die Vorkommen BY\_Waltenhofen\_0029 und ST\_Kleinau\_0023 geringe Abweichungen des F-Wertes von Null. Bei der Differenzierung des Genpools zeigt das Vorkommen TH\_Ehrenberg\_0001 sehr niedrige Werte, die Vorkommen NI\_Kettenkamp\_0146 und BY\_Waltenhofen\_0029 liegen im mittleren Bereich. Die Vorkommen ST\_Kleinau\_0023 und SH\_Tramm\_0022 zeigen von diesen Populationen die geringste Repräsentativität, dennoch erscheinen diese fünf Bestände für die Generhaltung bei dieser Baumart sehr gut geeignet. Der Bestand BY\_Neuhimmelreich\_0036 zeichnet sich aufgrund der vergleichsweise hohen Anzahl von privaten Allelen aus und sollte daher ebenfalls als Generhaltungsbestand ausgewiesen werden.

Der Bestand ST\_Goseck\_0050 ist aufgrund der ausgeprägten Klonstruktur und der geringen Werte bei der genetischen Vielfalt und der genetischen Diversität für die Generhaltung am wenigsten geeignet. Die Populationen BW\_Blasien\_0221 und NW\_Hackenbroich\_0008 erscheinen aufgrund ihrer hohen Differenzierung vom Gesamtgenpool ebenfalls als ungeeignet für die Generhaltung bei der Baumart Traubenkirsche.

## 5 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

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

Die Ergebnisse sind Grundlage für folgende Aufgaben:

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

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

### 5.1 Bewertung nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit

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

Soll eine bestimmte genetische Ressource erhalten werden (die Zustimmung des Waldeigentümers vorausgesetzt), wird sie als Generhaltungsobjekt bezeichnet. In einigen Bundesländern werden derartige Generhaltungsobjekte in den Forsteinrichtungswerken mit entsprechenden Waldfunktionen versehen und sind z. B. Teil der Zertifizierungskriterien für

eine nachhaltige Waldbewirtschaftung. Dabei ist es zunächst unerheblich, ob derartige Generhaltungsobjekte nur in Datenbanken erfasst, beobachtet, aktiv bewirtschaftet, genetisch untersucht, *In-situ* verjüngt oder durch aufwendige *Ex-situ*-Maßnahmen erhalten werden. Ein ausgewiesenes Generhaltungsobjekt ist damit per se erhaltungswürdig, d. h. langfristig muss die Überlebensfähigkeit gesichert sein. Für denjenigen, der mit den Aufgaben der Erhaltung genetischer Ressourcen beauftragt ist, wird sich immer die Frage stellen, ob bzw. mit welchem Aufwand eine Population auch erhaltungsfähig ist. Die Überlebensfähigkeit ist abhängig von der Größe, Abundanz, Altersstruktur, Vitalität, Reproduktion und genetischen Variabilität der Population. Für die Ausweisung von Generhaltungswäldern sind die Bundesländer bzw. die von ihnen beauftragten Forstlichen Institutionen zuständig. Es war daher nicht Ziel des Projektes, Generhaltungsobjekte vorzuschlagen – dennoch können aus Bundessicht prädestinierte Regionen bzw. Vorkommen empfohlen werden. Zur Bewertung der Erhaltungsfähigkeit von Vorkommen wurden die drei Parameter Abundanz, durchschnittliche Vitalität und die Altersstrukturqualität in Zusammenhang gestellt (vgl. Abb. 49).

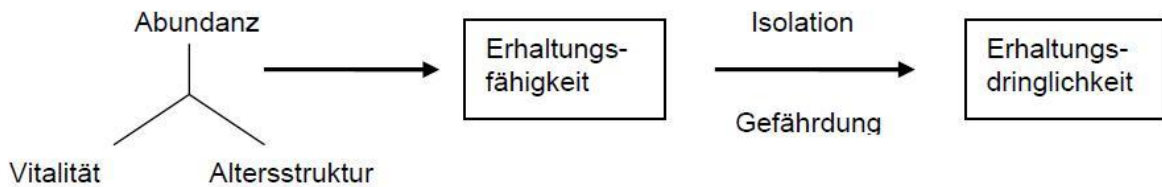


Abbildung 50: Bewertungsparameter zur Bestimmung des Grades der Erhaltungsfähigkeit und der Erhaltungsdringlichkeit (Quelle: LFE).

Die beschriebenen Kriterien sind nach den allgemeinen Merkmalen der Schwarz-Pappel-Vorkommen definiert worden. Der Grad der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit kann zunächst abstrakt aus der Datenanalyse erfolgen, wie sie bereits im Kapitel 3.6.6 erläutert wurde. Wenn einer der drei Parameter die gesetzten Anforderungen (Grenzwerte) nicht erfüllt, wurden die Vorkommen nicht als erhaltungsfähig eingestuft, da die Erhaltung dieser Ressourcen nicht oder nur mit hohem Aufwand gewährleistet werden kann.

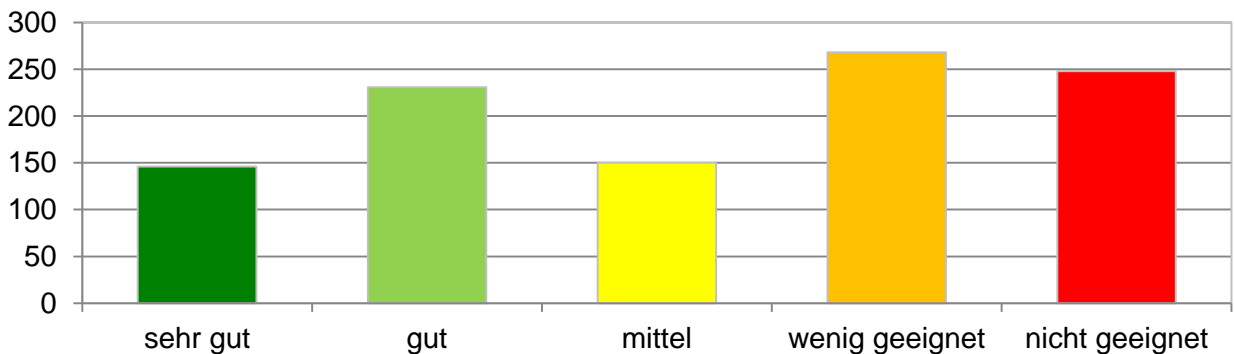


Abbildung 50a: Erhaltungsfähigkeit der Traubenkirschen-Vorkommen nach Stufen



Aus Sicht der Bundesländer können die Anforderungen geändert und andere Prioritäten gesetzt werden, z. B. die aufwändige Erhaltung eines einmaligen aber wenig vitalen und individuenarmen Vorkommens. Die Erhaltung genetischer Ressourcen sollte jedoch auch an der Effizienz sowie dem Erhaltungsaufwand und Nutzen gemessen werden. Diese Entscheidungen müssen dann aufgrund der regionalen Bedingungen durch die vor Ort zuständigen Institutionen erfolgen.

Abbildung 50a zeigt die Anzahl der Vorkommen bzgl. deren Erhaltungsfähigkeit. In den Abbildungen 51 und 52 sind die Erhaltungsfähigkeiten der Genobjekte der einzelnen Bundesländer dargestellt.

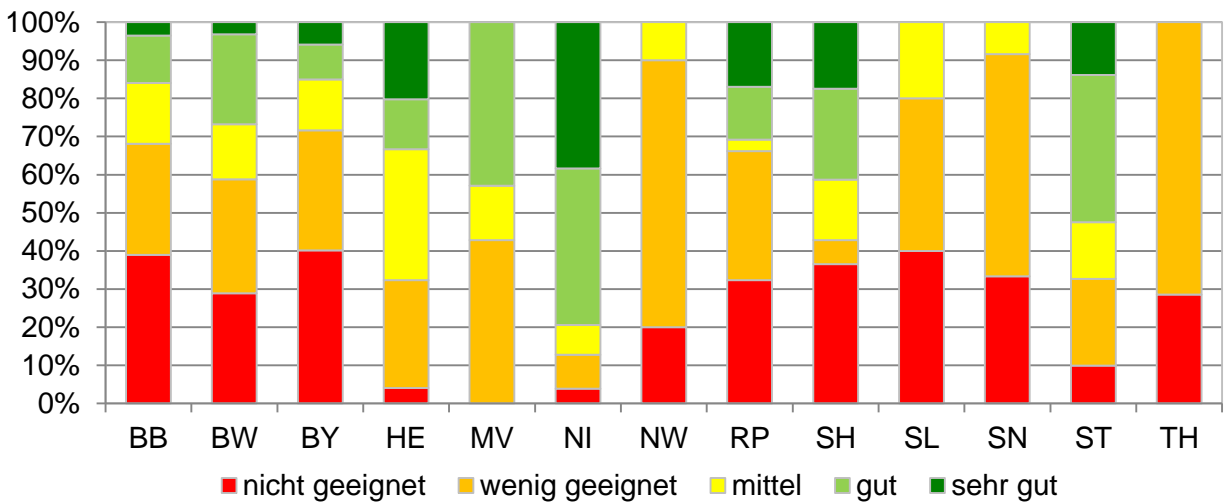


Abbildung 51: *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit der Traubenkirschen-Vorkommen in den Bundesländern (in Prozent)

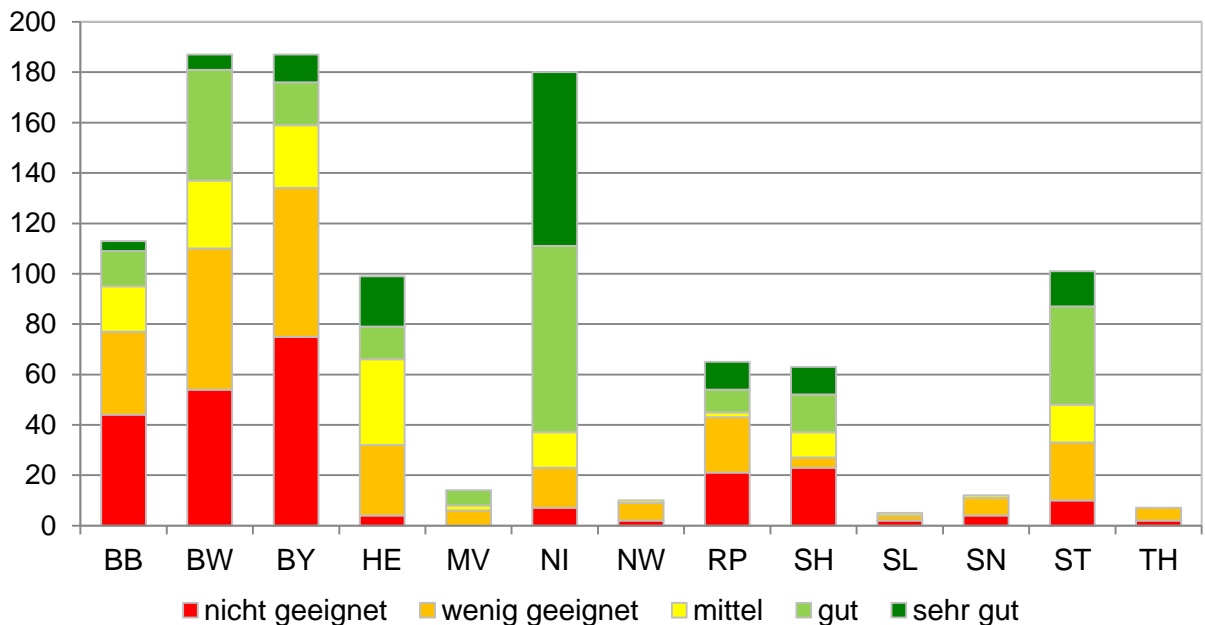


Abbildung 52: *In-Situ*-Erhaltungsfähigkeit der Traubenkirschen-Vorkommen in den Bundesländern (Anzahl)

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

Abbildung 53 gibt einen Überblick über die exakte Lage der Genobjekte unter Berücksichtigung ihrer Erhaltungsfähigkeiten.

Ziel von Generhaltungsmaßnahmen ist es, große, reproduktive Populationen zu erhalten oder zu schaffen. Die genetische Isolation vitaler Vorkommen sollte vermieden werden. Für die Planung von aufwendigen, aktiven – häufig *Ex-situ* – Maßnahmen sollte daher der Grad der Isolation einer Population bestimmt werden. In Betracht kommen vor allem zwei Handlungsalternativen:

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

Beide Handlungsalternativen bedürfen der Kenntnis der tatsächlichen Genzentren der Gemeinen Traubenkirschen. Abbildung 54 und Abbildung 55 zeigen die Verbreitungsschwerpunkte (Kerneldichten) der Traubenkirsche in Deutschland mit und ohne Berücksichtigung der Baumzahl. Sie basieren auf der räumlichen Dichte und Verteilung der Vorkommen. Die ausgeschiedenen Genzentren (Tab. 16) sind in Abbildung 56 dargestellt

Tabelle 16 Genzentren der Traubenkirsche in Deutschland

Genzentrum	Bezeichnung	Teilbereich	Bezeichnung
1	Ostseeküste	1	Vorpommern
2	Weser	2	Ostfriesland
3	Elbe	3a	Wendland-Altmarkt
		3b	Elbe-Havel
4	Rhein	4a	Eifel
		4b	Hunsrück
		4c	Ober rheingraben
5	Donau	5	Bayerische Donau
6	Bodensee	5	Bodensee

Die Darstellung der Kerneldichte der Populationen kann mit und ohne Berücksichtigung der Individuenzahl bzw. Dichte erfolgen. Gewichtete und ungewichtete Darstellung sind für die Analyse der Erhaltungsdringlichkeit und die Planung künftiger Generhaltungsflächen sinnvoll. Bei der Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl bzw. der Dichte werden Populationen insbesondere mit hoher Baumzahl oder hoher Dichte (ausgedrückt als Individuenzahl je Flächeneinheit) bereits mit diesen Werten gewichtet. Stammzahlreiche Populationen in enger Nachbarschaft zu weiteren Vorkommen werden damit hervorgehoben (Abb.54). Die Darstellung der Kerneldichte ohne die Berücksichtigung der Baumzahl oder Dichte geht dagegen von einer gleichwertigen Gewichtung aller Vorkommen (unabhängig von Baumzahl oder Dichte) aus. Damit wird der räumliche Zusammenhang der Vorkommen betont (Vorkommen in enger Nachbarschaft erscheinen dunkler) (Abb.55). Die genannten Abbildungen stellen diese Kerneldichten der Traubenkirschen-Vorkommen dar. Bei der Analyse der Darstellungen zeigen sich mehrere Verbreitungsschwerpunkte der Traubenkirsche in der Bundesrepublik (Tab. 16). Die Genzentren der Bundesrepublik Deutschland liegen v.a. im norddeutschen Tiefland entlang der Elbe. Kleinere Zentren sind im Südwesten (Rheinland-Pfalz) und an der Donau, sowie im Bodenseegebiet erkennbar.

Langfristig sind die genannten Zentren mit ihren Hauptpopulationen zu sichern. Mittelfristig wäre es sinnvoll Lücken zwischen isolierten Teilpopulationen z.B. über Biotop- und Populationsverbände auf standörtlich geeigneten Flächen soweit zu schließen, dass der Genaustausch verbessert wird. Die Baumart ist in ihrem Bestand jedoch nicht gefährdet.

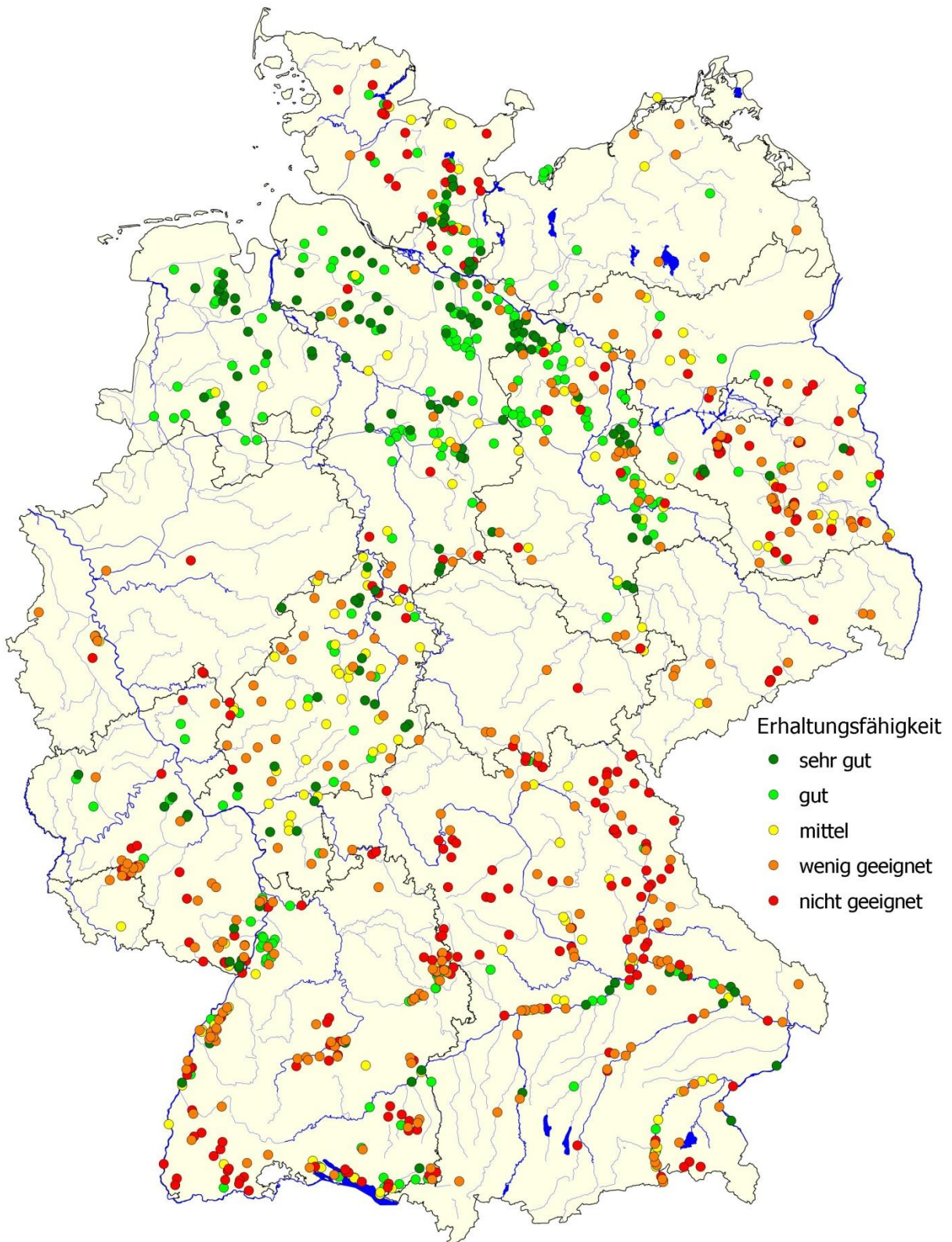


Abbildung 53: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen der Traubenkirsche im Bundesgebiet

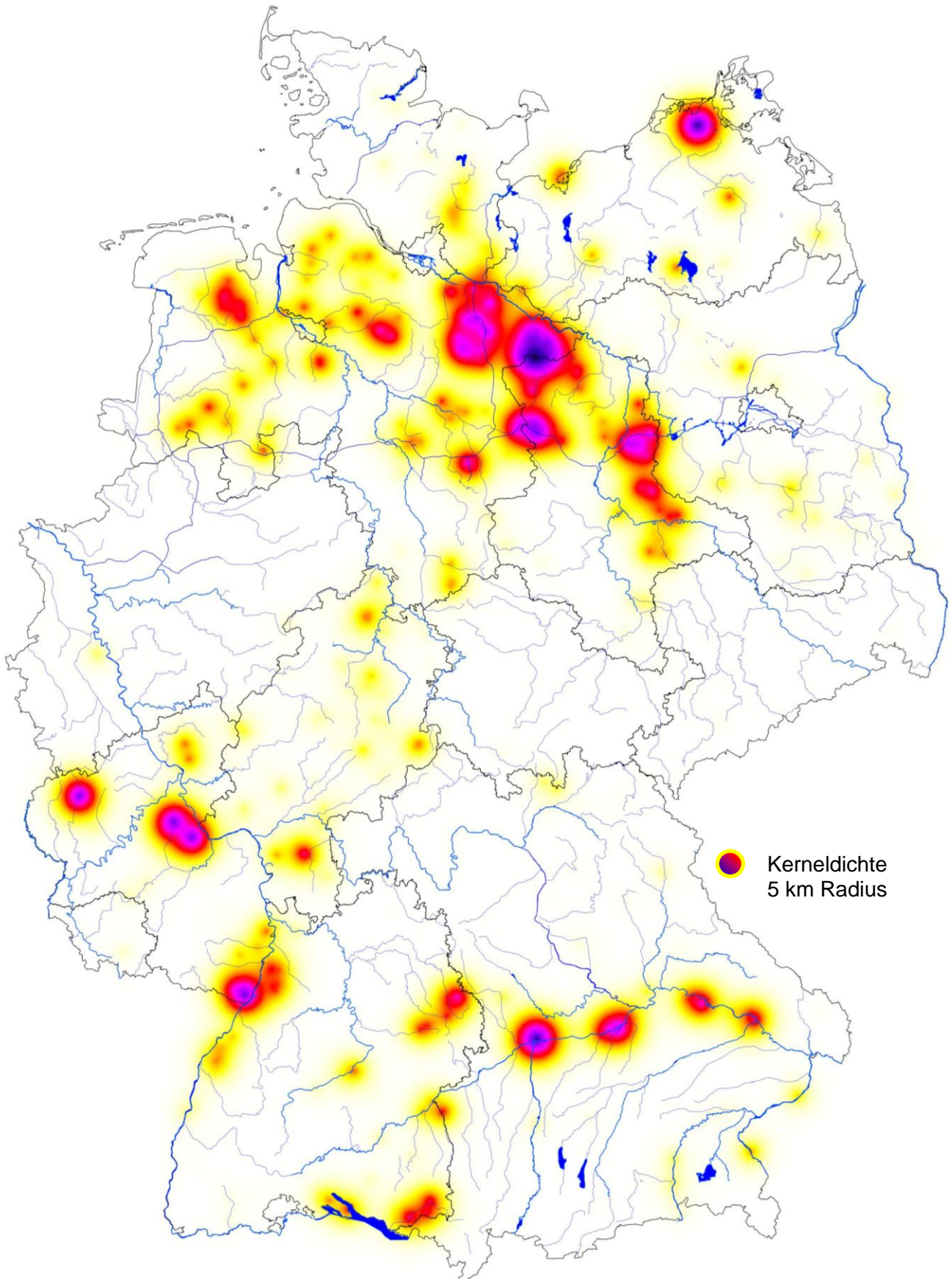


Abbildung 54: Kerneldichtendarstellung der Traubenkirschen-Vorkommen mit einem Radius von 5 km

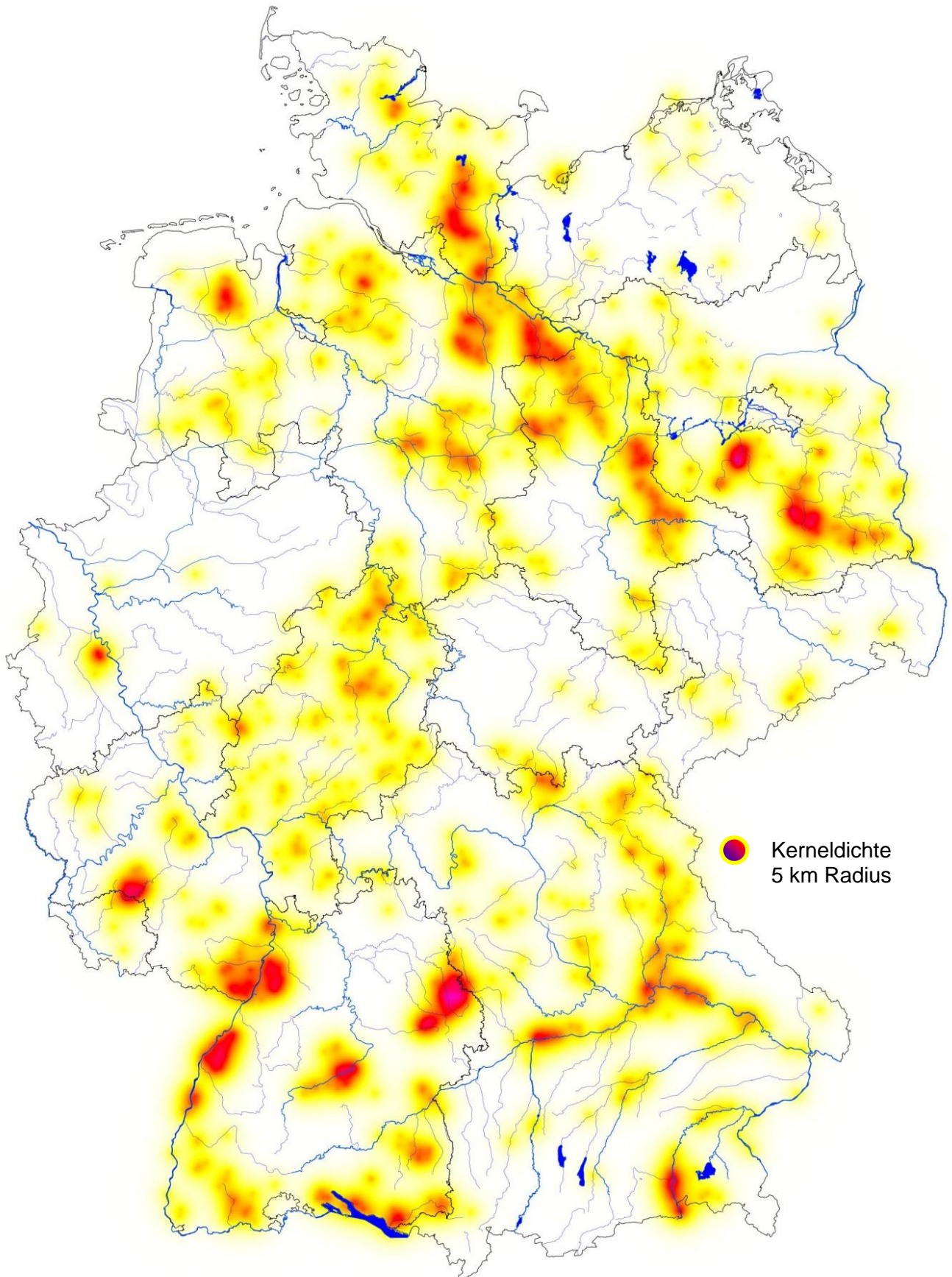


Abbildung 55: Darstellung der Kerneldichte der Traubenkirsche ohne Berücksichtigung der Baumzahl

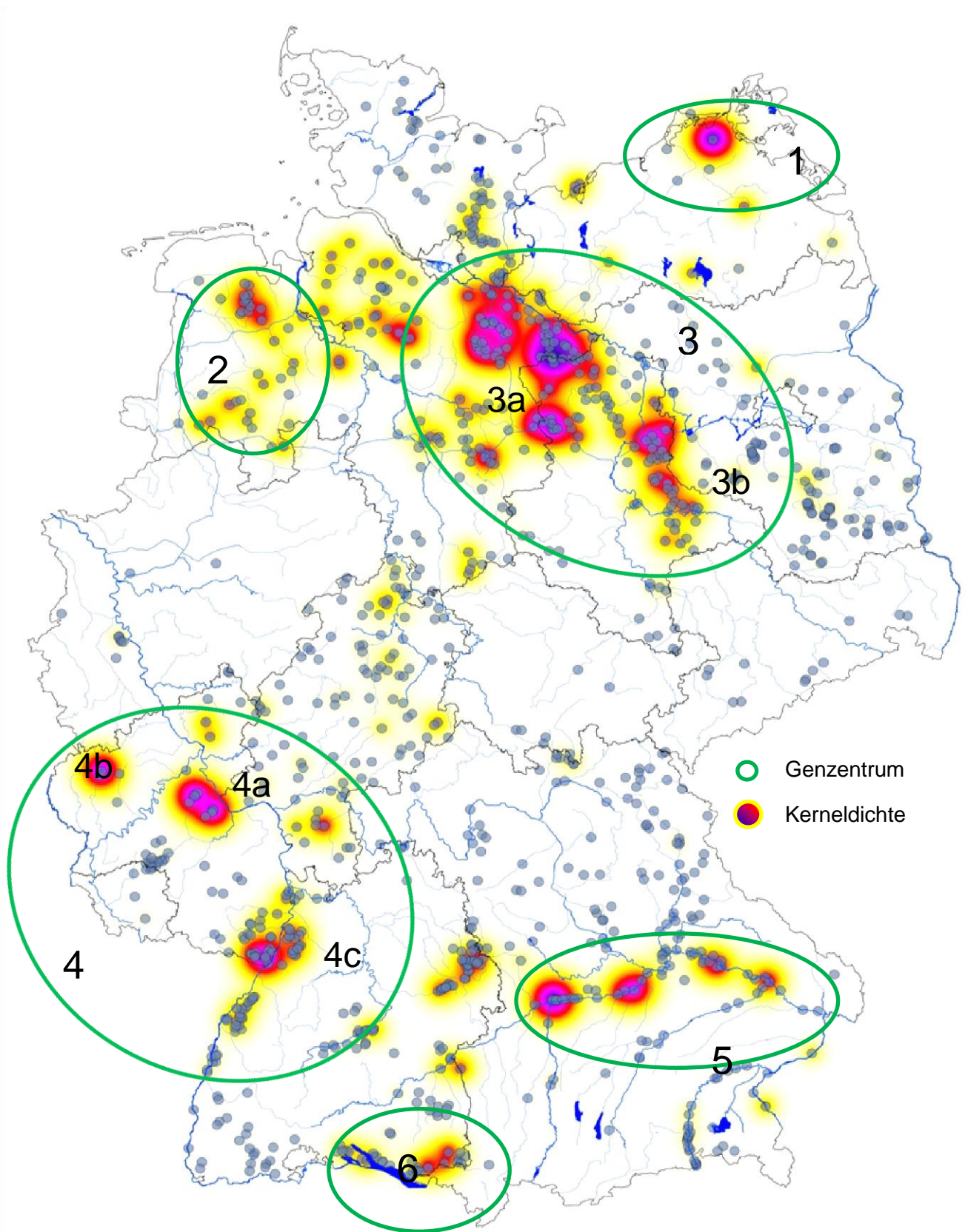


Abbildung 56: Genzentren der Gemeinen Traubenkirsche in der Bundesrepublik Deutschland

## 5.2 Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen

Die Schwerpunkte von Generhaltungsmaßnahmen für die Traubenkirsche sollten auf die Sicherung der großen Vorkommen und der Vernetzung zwischen den gefundenen Genzentren gelegt werden. In den kleineren Vorkommenszentren v. a. im Süden an der Donau, in der Rheinebene und am Bodenseegebiet sollten aktive Maßnahmen zum Erhalt und Genaustausch unterstützt werden.

In Nordhessen mit sehr vielen kleineren Populationen könnten die Vorkommen gezielt gefördert werden. Eine Vernetzung mit dem Verbreitungsschwerpunkt im Norden wäre sinnvoll, um den Genaustausch zu ermöglichen. Entlang der Donau sollten die Teilvorkommen besser miteinander verbunden werden, so dass im Donauegebiet ein zusammenhängendes Zentrum entstehen kann.

Isolierte oder seltene Vorkommen außerhalb der Schwerpunktverbreitung v.a. im Osten, in Nordbayern und in den höheren Lagen der Alpen sind als erhaltungsdringlich einzustufen, sofern sie in ihrer Erhaltungswürdigkeit als mittel bis sehr gut ausgewiesen sind. In den Bundesländern oder Regionen (Sachsen, Thüringen, Nordrhein-Westfalen, Nordbayern, Mecklenburg-Vorpommern, Saarland) mit wenigen Vorkommen und einem hohen Anteil an nicht geeigneten Populationen sind erhaltungswürdige Bestände besonders zu fördern.

Von den 24 genetisch untersuchten Vorkommen sind fünf besonders geeignet und sollten deshalb explizit als Genressource erhalten werden. Hierzu zählen die Vorkommen: Kleinau (Sachsen-Anhalt), Kettenkamp (Niedersachsen), Waltenhofen (Bayern), Tramm (Sachsen), Neuhimmelreich (Bayern) und Ehrenberg (Thüringen). Geeignete Vorkommen v. a. in den Genzentren sollten als Generhaltungsbestände ausgewiesen werden.

Da die Baumart nicht dem Forstvermehrungsgutrecht unterliegt, sollten erhaltungswürdige Vorkommen für die Saatgutbeerntung bereitgestellt werden, um die Verwendung von ungeeigneten Saat- und Pflanzgut vermeiden zu helfen.

## 5.3 Schlussfolgerung mit dem Ziel der Politikberatung

Die Erfassung der Traubenkirsche im Rahmen des Projektes ermöglicht zum ersten Mal einen Gesamtüberblick über die genetischen Ressourcen der Baumart in Deutschland (s. o.). Erfassungsprojekte, die mit einheitlichen Methoden und nach abgestimmten Kriterien durchgeführt werden, erlauben eine weitaus sicherere Bewertung des Gefährdungspotenzials als kleinere Erhebungen (z. B. in Bundesländern oder in Schutzgebieten). Handlungsempfehlungen für effiziente Erhaltungsarbeiten erreichen somit eine neue Qualität, die auch für europaweite Erhaltungsstrategien dringend erforderlich sind und dafür als Grundlage dienen können.

Andere Erhebungen, wie z. B. die Biotopkartierung oder vegetationskundliche Erhebungen, erwiesen sich für die Erhaltung von Genressourcen als zu unspezifisch und zu wenig aussagekräftig, da populationsgenetische Parameter nicht aufgenommen werden.

Die Gemeine Traubenkirsche ist in Deutschland insgesamt nicht in ihrem Bestand gefährdet. Gezielte Strategien zum Erhalt oder zur Förderung der bestehenden Vorkommen



v.a. in den Genzentren sollten jedoch durch die zuständigen Bundesländer aufgestellt werden. Der Schwerpunkt ihrer Verbreitung liegt in Norddeutschland. Weitere Zentren befinden sich in der Rheinebene und an der Donau.

Die vorliegenden Ergebnisse sollten in bestehende oder zukünftige Konzepte zur Erhaltung von Auwäldern und Feuchtbiotopen eingearbeitet und bei der Erstellung von FFH-Managementplänen berücksichtigt werden. Synergien könnten sich z.B. auch bei der Biotopvernetzung ergeben.

Bei der Bewirtschaftung sollte auch ein Augenmerk auf die forstwirtschaftlich nicht bedeutenden Baumarten gelegt werden und die Erhaltung geeigneter Vorkommen gezielt gefördert werden. Besonders im Landes- und Körperschaftswald und bei Maßnahmen der Wasserwirtschaft sollte die Traubenkirsche nachhaltig bewirtschaftet werden.

Im Zusammenhang mit der Erfassung „Gebietsheimischer Gehölze“ sollten für die Saatguternte geeignete Vorkommen ausgewählt und für potentielle Erntefirmen bereitgestellt werden, damit die genetische Vielfalt und Diversität der Traubenkirsche erhalten bleibt und die Verwendung ungeeignetem Vermehrungsgut vermieden werden kann.

## 6 Zusammenfassung

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

Das Projekt war in mehrere Phasen untergliedert. Zunächst wurden Datenquellen nach möglichen Vorkommen recherchiert. Dem folgte eine bundesweite Vor-Ort-Erfassung nach einheitlichen phänotypischen Kriterien. Neben den räumlichen Lageparametern wurden u.a. die Anzahl der Bäume, die Durchmesserstruktur, die Begründungsart und die Vitalität erfasst und Daten in eine Datenbank übertragen. Anschließend wurden umfangreiche Auswertungen und Analysen sowie deren Darstellung mit Geoinformationssystemen durchgeführt. Durch Auswertung von Daten zur Populationsgröße, Vitalität und Altersstruktur wurde die *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit abgeleitet und mit Hilfe einer Kernel-Dichteanalyse die Verbreitungsschwerpunkte (Genzentren) in Deutschland ermittelt.

Die Gemeine Traubenkirsche (*Prunus padus*) gilt in ihrem Bestand in Deutschland als nicht gefährdet. Die Baumart ist aufgrund ihres natürlichen Verbreitungsgebietes in manchen Teilen Deutschlands aber seltener als in anderen Teilen. Insgesamt wurden im Rahmen des Projektes über 3.9 Millionen Traubenkirschen in 1040 Vorkommen erfasst. Die Traubenkirsche ist über ganz Deutschland verteilt. Schwerpunkte der Verbreitung liegen in Auwäldern sowie auf feuchten Standorten mit guter Wasser- sowie Nährstoffversorgung. Genzentren wurden in Norddeutschland, der Rheinebene und an der Donau gefunden.

DNA-Analysen von 24 ausgewählten Populationen, verteilt auf ganz Deutschland, ermöglichten erstmals einen Überblick über die genetische Variabilität und Zusammensetzung der Vorkommen der Traubenkirsche. Der genetische Abstand zwischen den untersuchten Vorkommen ist gering bis groß (2 % - 46 %) und variiert damit stark. Bezogen auf die einzelnen Populationen liegen die Unterschiede in der genetischen Vielfalt und der genetischen Diversität im mittleren Bereich. Die Anzahl identischer Bäume (Klone) innerhalb der Bestände schwankt von mittel bis stark und deutet darauf hin, dass sich die Traubenkirsche auch durch Wurzelbrut verjüngt.

Da die Baumart nicht dem Forstvermehrungsgutrecht unterliegt, sollten geeignete Saatguterntebestände bereitgestellt werden, um die genetische Vielfalt und Diversität zu nachhaltig zu sichern.

## 7 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen

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

In der ersten Projektphase wurden die verfügbaren Datenbanken bei den zuständigen forstlichen Institutionen recherchiert. Die Bereitstellung der Daten bereitete keine Schwierigkei-

ten. Die Datenbanken der Biotopkartierungen, Betriebsinventuren, FFH-Gebiete, Groß-Schutzgebiete, Naturwaldreservate und Bundeswaldinventuren lagen jedoch bei verschiedenen Landesbehörden, so dass die Daten nur mit sehr viel Aufwand besorgt werden konnten. Da die Daten kartografisch ausgewertet wurden, war die Angabe von Koordinaten bzw. die Übersendung von GIS-shapes notwendig. Die Projektbearbeitung erfolgte darüber hinaus z. T. in einer Phase der bundesweiten Umstrukturierung der Forstverwaltungen mit teilweise fehlenden Zuständigkeiten.

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

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

## 8 Literatur

- CIPRIANI, G., LOT, G., HUANG, W.G., MARRAZZO, M.T., PETERLUNGER, E., TESTOLIN, R. (1999) AC/GT and AG/CT microsatellite repeats in peach (*Prunus persica* (L.) Batsch): Isolation, characterisation and cross-species amplification in *Prunus*. *Theor. Appl. Genet.* 99: 65–72
- DEGEN, B. (2008) Computer Program GDA\_NT - Genetic data analysis and numerical tests. Version2, May 2008
- DIRLEWANGER, E., COSSON, P., TAVAUD, M., ARANZANA, M.J., POIZAT, C., ZANETTO, A., ARÚS, P., LAIGRET, F. (2002) Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Theor. Appl. Genet.* 105: 127-138
- DUMOLIN, S., DEMESURE, B., PETIT, R.J. (1995): Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculate oak investigated with an efficient PCR method. *Theor Appl Genet* 91:1253-1256
- GREGORIUS, H.R. & DEGEN, B. (2007): Monitoring genetischer Ressourcen – Prinzipien und Methoden. In: Begemann F.; Schröden S; Wenkel K.-O., Weigel H.-J. (Hrsg.) (2007): Monitoring und Indikatoren der Agrobiodiversität. Tagungsband, Schriftenreihe des Informations- und Koordinationszentrums für Biologische Vielfalt, Bd. 27, Bonn, 39 – 65.
- GREGORIUS, H.R. (1974) Genetischer Abstand zwischen Populationen. I. Zur Konzeption der genetischen Abstandsmessung. *Silvae Genetica* 23: 22-27
- GREGORIUS, H.R., ROBERDS, J.H. (1986) Measurement of genetical differentiation between among subpopulations. *Theoretical and Applied Genetics* 71: 826-834
- NEI, M. (1972) Genetic distance between populations. *Am Nat.* 106: 283-292
- PEAKALL, R., SMOUSE, P.E. (2006) GenA1Ex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol Ecol Notes* 6:288-295
- SCHÜLER, S., TUSCH, A., SCHUSTER, M., ZIEGENHAGEN, B. (2003) Characterization of microsatellites in wild and sweet cherry (*Prunus avium* L.) – markers for individual identification and reproductive processes. *Genome* 46: 95-102
- SCHÜTT, P., LANG, U. (1998): Laubbaumarten der temperierten Klimazonen – *Prunus padus*. In: Schütt, Weisgerber, Schuck, Lang, Roloff (Hsg.) *Enzyklopädie der Holzgewächse*, Ecomed Verlagsgesellschaft, Landsberg; 13. Ergänzungslieferung 9/98.
- SILVERMAN, B. W. (1986). *Density Estimation for Statistics and Data Analysis*. London:Chapman and Hall.
- TESTOLIN, R., MARAZZO, T., CIPRIANI, G., QUARTA, R., VERDE, I., DETTORI, M.T., PANCALDI, M., SANSVINI, S. (2000) Microsatellite DNA in peach (*Prunus persica* L. Batsch) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars. *Genome* 43: 512-520

## **9 Anhang**

- Kartieranleitung mit Erfassungsbogen, Zählhilfe und Vitalitätsstufen
- Anleitung zur Beprobung der Traubenkirsche
- Boxplot-Grafiken (Baumzahl, Flächengröße, Dichte und Vitalität)

# Kartieranleitung

zur

## **Erfassung und Dokumentation von forstgenetischen Ressourcen**

Stand: 11.02.2010

Herausgeber: Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde

## Kartierung forstgenetischer Ressourcen

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

- **Definition „Genobjekt“**

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

- **Abgrenzung eines Genobjektes**

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

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

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

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

- **Erfassung der Parameter**

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

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

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

- **Aufnahmetrupp**

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

- **Datum**

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

- **Bundesland**

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

Kennziffern der Bundesländer

Bundesland	Kennziffer
Baden-Württemberg	BW
Bayern	BY
Berlin	BE
Brandenburg	BB
Hansestadt Bremen	HB
Hansestadt Hamburg	HH
Hessen	HE
Mecklenburg-Vorpommern	MV

Bundesland	Kennziffer
Niedersachsen	NI
Nordrhein-Westfalen	NW
Rheinland-Pfalz	RP
Saarland	SL
Sachsen	SN
Sachsen-Anhalt	ST
Schleswig-Holstein	SH
Thüringen	TH

- **Laufende Nummer des Genobjektes**

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

- **Artbezeichnung/ Artdetermination**

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

- **Etabliertes Generhaltungsobjekt**

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

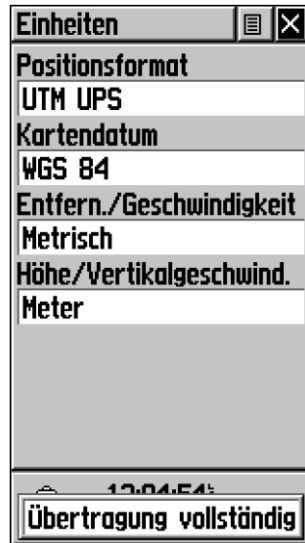
- **Koordinaten**

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

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

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





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

Falls Koordinaten bereits in anderen Bezugssystemen vorliegen, sind diese umzurechnen. Weiterhin ist anzugeben, wie die Koordinaten ermittelt wurden. Zur Auswahl stehen die Optionen „GPS“, „aus Karte entnommen“ oder „aus Unterlagen übernommen“. Zur Erläuterung der Erhebung der Koordinaten steht ein optionales Bemerkungsfeld zur Verfügung.

- **Forstbehörde**

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

- **Reviername/ Reviernummer**

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

- **Landkreis/ Gemeinde**

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

- **Bundeswuchsgebiet/ Bundeswuchsbezirk**

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

- **Eigentumsart**

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

- **Angaben zum Genobjekt**

- **Gesamtfläche**

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

- **Anzahl**

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

- **Isoenzym-/ DNA-Untersuchungen**

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

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

- **Bestandesbeschreibung**

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

- **Durchmesserstruktur**

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

- **Begründungsart**

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

- **Verjüngung**

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

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

- **Altbäume**

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

- **Anteil der Zielbaumart**

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

- 80 – 100 %
- 30 – 79 %
- < 30 %

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

- **Mischbaumarten**

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

- **Vitalität**

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

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

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

- **Anteil der kreuzbaren Arten**

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

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

- **Beschreibung**

An dieser Stelle erfolgt eine textliche Beschreibung des Genobjektes. Alle Angaben, die nicht verschlüsselt werden konnten, dem Kartierer aber wichtig erscheinen, können hier textlich erfasst werden. Als Beispiel wäre der auffällige Befall durch Schaderreger, Gefährdung der Verjüngung durch Wild oder zu starker Überschirmung, Inanspruchnahme durch Bauvorhaben oder andere zu nennen. Weiterhin kann eine Maßnahmenempfehlung für die weitere Behandlung des Genobjektes gegeben werden.

- **Weitere Parameter**

- **Bearbeitungsstand**

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

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

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

- **EDV**

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

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

- **Schutzstatus**

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

- **Kartenausschnitt**

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

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

## Anlage 2

Erfassung forstgenetischer Ressourcen

Bearbeiter: F. Becker, LFE

Winteransprache



gilt nicht für junge Exemplare!



## Vitalitätstufen

**0**  
**vital**

Netzartige,  
gleichmäßige, dichte  
Verzweigung.

Sommeransprache



gilt nicht für junge Exemplare!



**1**  
**geschwächt**

Spieß- oder  
flaschenbürstenartige  
oder längliche  
Kronenstrukturen

**2**  
**merklich  
geschädigt**

Pinselartige  
Kronenstrukturen, in  
der Regel  
Kronenabwölbung

**3**  
**stark geschädigt,  
absterbend**

Absterben von  
Hauptästen,  
skelettartiger Habitus

**4**  
**abgestorben**

entnommen aus: Roloff, A. 2001: Baumkronen.

Stand: 11.02.2010

Anlage3\_ZaehhilfeVital\_2010\_02\_11.xls

**Bestandesnummer:** \_\_\_\_\_

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

## Genetische Untersuchungen an Grünerle, Grauerle und der Gewöhnlichen Traubenkirsche

**Genmarker:** Grün-Erle / Grau-Erle - Isoenzyme  
Traubenkirsche - Mikrosatellitenmarker

**Durchführende Institution:** Grün-Erle / Grau-Erle - ASP Teisendorf  
Traubenkirsche - Hoeltken (vTi Grosshansdorf)

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

**Probenmaterial:** Grün-Erle / Grau-Erle – Knospen in Winterruhe  
Traubenkirsche Knospen oder Blätter

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

### Beprobungsmuster:

#### *Grün-Erle/Grau-Erle:*

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

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

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



### *Traubenkirsche:*

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

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

### **Verpackung der Proben:**

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

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

### **Versand**

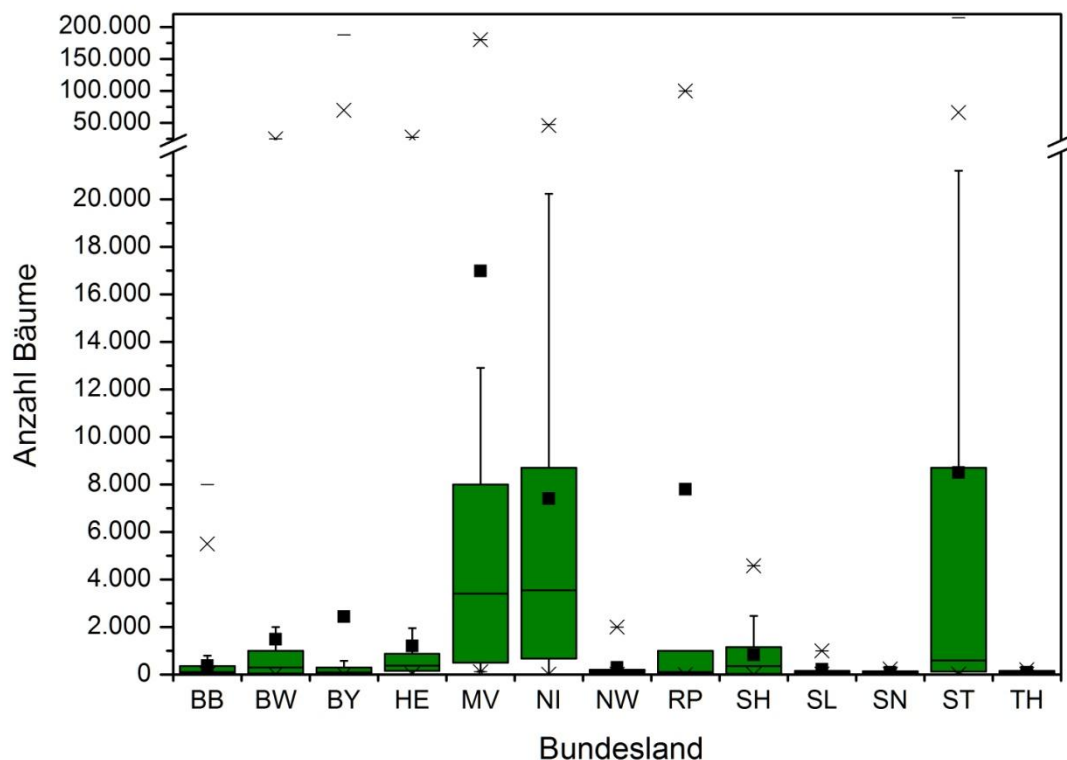
Grün-Erle/Grau-Erle: Proben versenden an:

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

Traubenkirsche: Proben versenden an:

Dr. Aki Höltken  
Sieker Landstraße 2  
22927 Großhansdorf

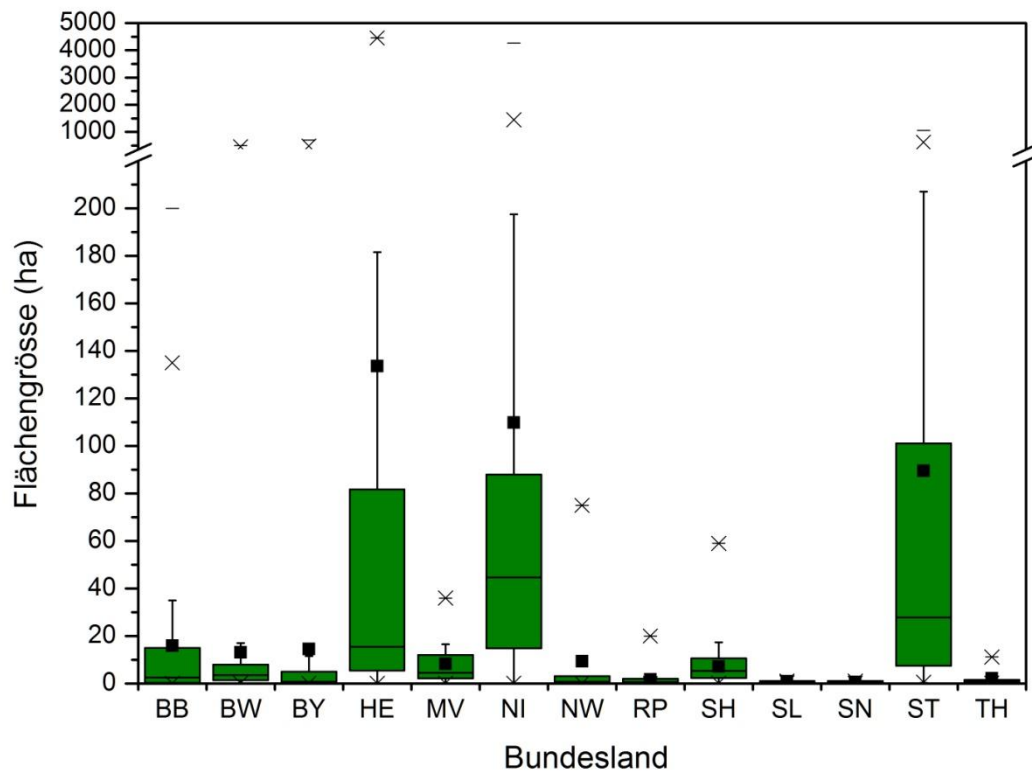
BoxPlot-Grafiken:



Anzahl der kartierten Traubenkirschen-Baumzahlen nach Bundesländern

	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW
Mittelwert	380,2	1.483,1	2.435,0	1.209,1	16.990,8	7.400,2	306,1
Median	100,0	300,0	85,0	380,0	3.400,0	3.550,0	127,5
25%Quartil	35,0	50,0	29,5	155,0	662,3	677,5	87,3
75%Quartil	350,0	1.000,0	300,0	865,0	7.850,0	8.700,0	187,0
Minimum	5,0	6,0	1,0	12,0	118,0	8,0	6,0
Maximum	8.000,0	25.000,0	187.700,0	27.585,0	180.000,0	47.480,0	2.000,0

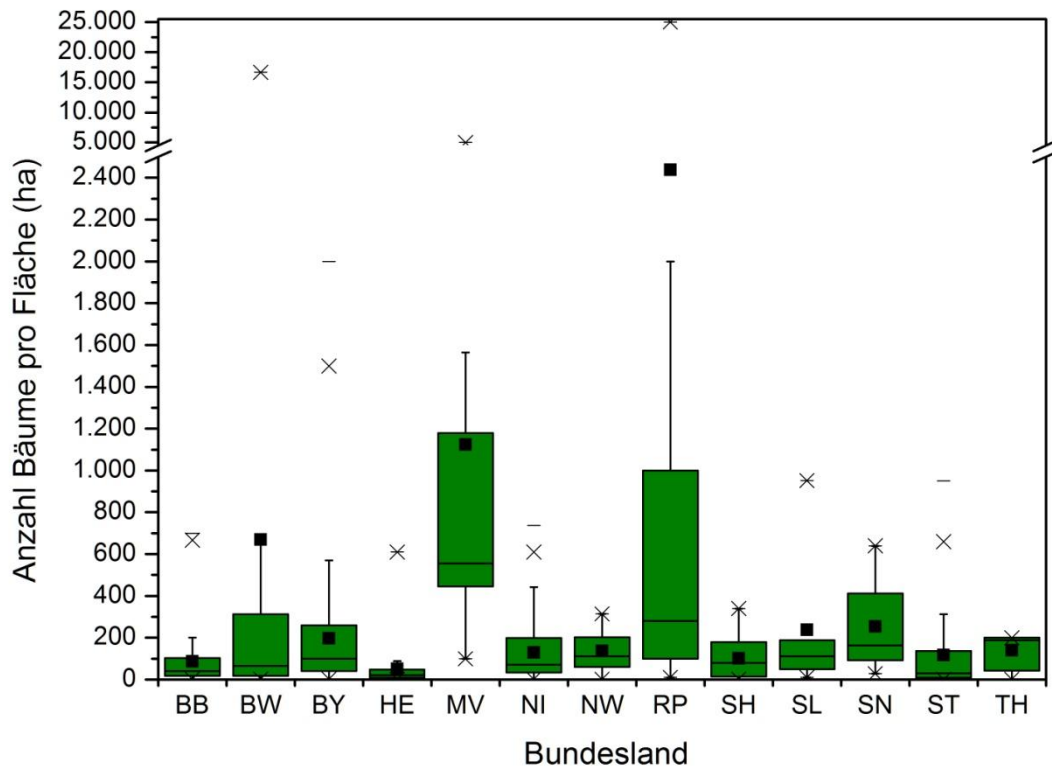
	RP	SH	SL	SN	ST	TH
Mittelwert	7.797,1	834,7	226,7	96,8	8.496,3	89,3
Median	100,0	357,0	75,0	97,0	600,0	75,0
25%Quartil	40,0	29,0	50,0	44,5	120,0	42,5
75%Quartil	1.000,0	1.129,5	137,5	135,5	8.700,0	125,0
Minimum	1,0	7,0	10,0	7,0	25,0	15,0
Maximum	100.000,0	4.581,0	1.000,0	236,0	214.500,0	200,0



Flächengröße der kartierten Traubenkirschen-Vorkommen nach Bundesländern

	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW
Mittelwert	16,0	13,2	14,6	133,5	8,4	109,8	9,3
Median	2,5	3,5	0,8	15,5	4,5	44,8	0,7
25%Quartil	0,3	1,5	0,2	5,8	2,2	15,2	0,4
75%Quartil	15,0	8,0	5,0	79,2	11,5	87,8	2,9
Minimum	0,1	0,1	0,1	0,0	0,1	0,1	0,1
Maximum	200,0	500,0	703,2	4.456,5	36,0	4.260,2	75,0

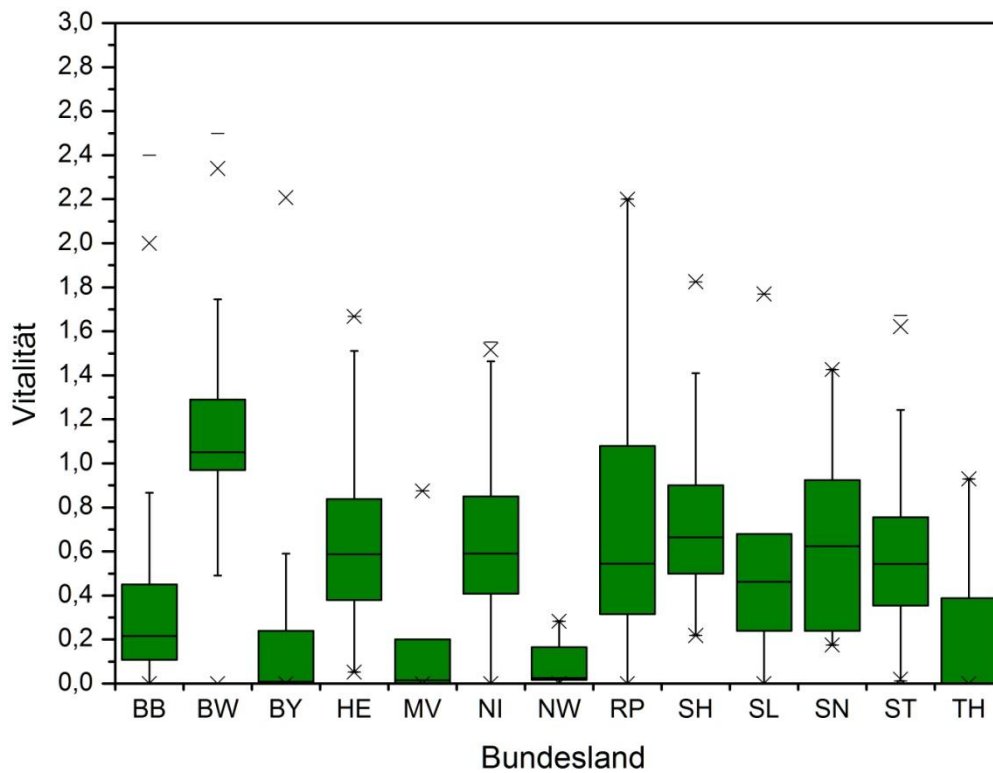
	RP	SH	SL	SN	ST	TH
Mittelwert	1,7	7,2	0,9	0,5	89,5	2,2
Median	0,6	5,3	1,0	0,3	27,8	1,0
25%Quartil	0,3	2,3	0,9	0,2	7,5	0,5
75%Quartil	1,8	10,5	1,0	1,0	101,1	1,3
Minimum	0,0	0,1	0,4	0,1	0,3	0,1
Maximum	20,0	59,0	1,1	1,0	1.052,5	11,2



Traubenkirschen-Baumzahlen pro Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern

	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW
Mittelwert	87,7	669,6	197,4	51,0	1.124,9	130,1	136,2
Median	40,0	66,7	100,0	20,7	556,3	71,2	112,0
25%Quartil	16,7	18,5	40,0	8,2	446,1	33,2	60,9
75%Quartil	103,3	306,3	260,0	47,3	1.153,8	199,6	199,4
Minimum	0,9	1,0	2,0	0,6	100,0	1,0	1,8
Maximum	700,0	16.666,7	2.000,0	610,3	5.000,0	736,7	314,0

	RP	SH	SL	SN	ST	TH
Mittelwert	2.438,3	101,7	237,5	253,9	117,4	140,3
Median	280,0	80,0	112,5	162,8	30,0	187,5
25%Quartil	100,0	14,8	62,5	101,0	8,7	96,7
75%Quartil	1.000,0	174,6	171,9	351,3	137,3	200,0
Minimum	10,0	2,3	10,0	28,0	0,8	1,3
Maximum	25.000,0	340,0	952,4	640,0	949,7	200,0



Verteilung der mittleren Vorkommensvitalität der Traubenkirschen-Vorkommen in den Bundesländern

	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW
Mittelwert	0,3	1,1	0,3	0,6	0,2	0,6	0,1
Median	0,2	1,1	0,0	0,6	0,0	0,6	0,0
25%Quartil	0,1	1,0	0,0	0,4	0,0	0,4	0,0
75%Quartil	0,5	1,3	0,2	0,8	0,2	0,8	0,1
Minimum	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0
Maximum	2,4	2,5	3,0	1,7	0,9	1,6	0,3

	RP	SH	SL	SN	ST	TH
Mittelwert	0,7	0,7	0,6	0,6	0,6	0,2
Median	0,5	0,7	0,5	0,6	0,5	0,0
25%Quartil	0,3	0,5	0,3	0,3	0,4	0,0
75%Quartil	1,1	0,9	0,7	0,9	0,8	0,2
Minimum	0,0	0,2	0,0	0,2	0,0	0,0
Maximum	2,2	1,8	1,8	1,4	1,7	0,9