

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

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

**Untersuchungen zum Speierling**



**Endbericht**

08. März 2013



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

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

## Untersuchungen zum Speierling

Berichtszeitraum: November 2009 – Oktober 2012

Laufzeit: 13. Oktober 2009 – 13. Oktober 2012

## Endbericht

Endversion, 08. März 2013

Auftraggeber:



Bundesanstalt für  
Landwirtschaft und Ernährung

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

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

Auftragnehmer:



**FORSTBÜRO OSTBAYERN**

*Sachverständigenbüro für Wald- und Forstwirtschaft*

Forstbüro Ostbayern  
Deschermühlweg 19  
93453 Neukirchen b. Hl. Blut

Tel.: 09947 1729

Fax: 09947 2550

Email: [forstbuero-ostbayern@t-online.de](mailto:forstbuero-ostbayern@t-online.de)

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

## **Bearbeiter:**

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

## Inhalt

<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>1</b>
1.1	Ökologie und Verbreitung	1
<b>2</b>	<b>Ziele und Aufgabenstellung des Projektes</b>	<b>4</b>
2.1	Ablauf und Planung des Projektes	4
2.1.1	Weiterentwicklung der Datenbank	6
2.1.2	Erfassung von Vorkommen	6
2.1.3	Schematische Übersicht des Projektverlaufes	6
2.2	Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde	8
<b>3</b>	<b>Material und Methoden</b>	<b>9</b>
3.1	Projektmanagement	9
3.2	Datenrecherche	11
3.3	Auswertung der Quellenabfrage	11
3.4	Kartierung	12
3.5	Datenbank und GIS-Anwendungen	14
3.6	Auswertung der Datenbank	16
3.6.1	Bundeswuchsgebiete	16
3.6.2	Potentielle natürliche Vegetation	16
3.6.3	Schutzstatus	16
3.6.4	Abundanz	17
3.6.5	Altersstruktur	17
3.6.6	Naturverjüngung	18
3.6.7	Vitalität	18
3.6.8	Demografische Strukturen	18
3.6.9	Ermittlung der Erhaltungsfähigkeit nach phänotypischen Kriterien	19
3.6.10	Dichteanalysen	20
3.7	Auswahl von Genobjekten für die genetischen Analysen	20
3.8	Beprobung ausgewählter Genobjekte	20
3.9	Genetische Untersuchungen	21
3.9.1	Untersuchungsmaterial	21
3.9.2	Genetische Untersuchungsmethode	21
3.9.3	Populationsgenetische Auswertungsmethode	21
3.10	Statistische Auswertungen	22
<b>4</b>	<b>Darstellung der wichtigsten Ergebnisse</b>	<b>24</b>
4.1	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen	24
4.1.1	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in Deutschland und in den Bundesländern	24
4.1.2	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten	29
4.1.3	Potentielle natürliche Vegetation	32
4.2	Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl	33
4.2.1	Abundanz	36
4.3	Durchmesserstruktur und Altersstruktur	37
4.3.1	Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen	37
4.3.2	Altersstrukturqualitätsklassen	40
4.4	Vitalitätsstufen	41
4.5	Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen	45
4.6	Naturverjüngung	46
4.7	Eigentumsverhältnisse	47

4.8	Schutzstatus	49
4.9	Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen	51
4.9.1	Typisierbarkeit der Mikrosatelliten	53
4.9.2	Variation allgemein und innerhalb der Vorkommen	53
4.9.3	Differenzierung zwischen Vorkommen	61
4.9.4	Berechnung von $D_j$ mit Gewichtung nach Größe der Deme (Stichprobenumfang)	62
4.9.5	Zusammenfassung von Vorkommen	64
4.9.6	Schlussfolgerungen für die Erhaltung	66
<b>5</b>	<b>Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse</b>	<b>68</b>
5.1	Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit	68
5.2	Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen	76
5.3	Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung	77
<b>6</b>	<b>Zusammenfassung</b>	<b>79</b>
<b>7</b>	<b>Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den erreichten Zielen</b>	<b>81</b>
<b>8</b>	<b>Literatur</b>	<b>82</b>
<b>9</b>	<b>Anhang</b>	

## Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1-1: Verbreitungskarte des Speierlings ( <i>Sorbus domestica</i> ) nach EUFORGEN 2009, ( <a href="http://www.euforgen.org">http://www.euforgen.org</a> , Datenstand: 25.07.2008).....	2
Abbildung 2-1: Geplanter Zeitplan der einzelnen Projektschritte. ....	7
Abbildung 3-1: Schematische Darstellung der Projektstruktur (Quelle: LFE).....	9
Abbildung 3-2: Kartierperiode mit Anzahl der untersuchten Vorkommen / Tag. ....	13
Abbildung 3-3: Eingabemaske zur Erfassung der erhobenen Daten (Erfassungsbogen).....	14
Abbildung 3-4: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Abundanzklassen in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".....	15
Abbildung 3-5: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Altersstrukturklassen in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb". ....	15
Abbildung 3-6: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Erhaltungsfähigkeit in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb". ....	15
Abbildung 3-7: Beispiele für drei Alterspyramiden. ....	19
Abbildung 3-8: Darstellung eines BoxPlot (auch Box-Whisker-Plot) mit Benennung der Kennwerte. ....	23
Abbildung 4-1: Lage der kartierten Bestände mit Größenklassen der kartierten Baumzahlen.....	25
Abbildung 4-2: Anzahl der kartierten Bestände nach Bundesländern.....	26
Abbildung 4-3: Anzahl der kartierten Bäume nach Bundesländern.....	26
Abbildung 4-4: Anzahl der kartierten Bestände bezogen auf die Fläche (in 1.000 km <sup>2</sup> ) der Bundesländer. ....	27
Abbildung 4-5: Anzahl der kartierten Bäume bezogen auf die Fläche (in 1.000 km <sup>2</sup> ) der Bundesländer. ....	27
Abbildung 4-6: Anzahl kartierter Vorkommen und Baumzahlen bezogen auf die Landesfläche (in 1.000 km <sup>2</sup> ) der Bundesländer. ....	28
Abbildung 4-7: Anzahl der kartierten Bestände und Anzahl der kartierten Bäume nach Wuchsgebieten.....	30
Abbildung 4-8: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen. ....	32
Abbildung 4-9: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen. ....	33
Abbildung 4-10: Anzahl der kartierten Baumzahlen je Vorkommen nach Bundesland. ....	34
Abbildung 4-11: Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern. ....	34
Abbildung 4-12: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen bezogen auf eine Fläche von 1 ha.....	35
Abbildung 4-13: Baumzahlen pro Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern. ....	35
Abbildung 4-14: Lage und Größenklassen (Baumzahlen pro Hektar Bestandesfläche) der kartierten Vorkommen. ....	36
Abbildung 4-15: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen in Deutschland. ....	38
Abbildung 4-16: Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet. ....	38
Abbildung 4-17: Altersstrukturen der kartierten Vorkommen und ihre Anzahl in Deutschland.....	39
Abbildung 4-18: Prozentuale Verteilung der drei Durchmesserstufen in den Bundesländern und in Deutschland.....	39
Abbildung 4-19: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Qualitätsklassen der Altersstrukturen in Deutschland.....	40

Abbildung 4-20: Prozentuale Verteilung der Altersstrukturklassen in den Bundesländern und in Deutschland.....	41
Abbildung 4-21: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Vitalitätsstufen in Deutschland.....	42
Abbildung 4-22: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen in den Bundesländern und in Deutschland.....	42
Abbildung 4-23: Verteilung der mittleren Vorkommensvitalität in den Bundesländern.....	43
Abbildung 4-24: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen.....	44
Abbildung 4-25: Vitalitätsanteile in den Durchmesserstufen.....	45
Abbildung 4-26: Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen.....	45
Abbildung 4-27: Anteile der Vorkommen mit Naturverjüngung.....	46
Abbildung 4-28: Übersicht der Vorkommen mit oder ohne Naturverjüngung.....	47
Abbildung 4-29: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen innerhalb Deutschlands.....	48
Abbildung 4-30: Prozentuale Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern und in Deutschland.....	48
Abbildung 4-31: Anzahl der kartierten Vorkommen in Deutschland mit Schutzstatus.....	50
Abbildung 4-32: Anzahl der kartierten Bestände mit verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern.....	50
Abbildung 4-33: Prozentuale Verteilung der verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern.....	51
Abbildung 4-34: Lage der ausgewählten und beprobten Bestände innerhalb Deutschland...	52
Abbildung 4-35: Allelfrequenzen am Genort ch01h01.....	54
Abbildung 4-36: Allelfrequenzen am Genort ch01h10.....	55
Abbildung 4-37: Allelfrequenzen am Genort ch02c09.....	56
Abbildung 4-38: Allelfrequenzen am Genort ch02d08.....	57
Abbildung 4-39: Allelfrequenzen am Genort ms14h03.....	58
Abbildung 4-40: Allelfrequenzen am Genort mss16.....	59
Abbildung 4-41: Differenzierung der 16 Speierlings-Populationen über alle Genloci sowie an 2 ausgewählten Genloci.....	63
Abbildung 4-42: Dendrogramm der 16 Speierlingsvorkommen auf Basis der allelischen Abstände an 6 Genorten.....	64
Abbildung 4-43: Die Zusammenfassung von 10 baden-württembergischen Vorkommen zu größeren Auswertungskollektiven.....	65
Abbildung 4-44: Dendrogramm von 8 Vorkommen bzw. Vorkommens-Gruppen des Speierlings.....	66
Abbildung 5-1: Bewertungsparameter zur Bestimmung des Grades der Erhaltungsfähigkeit und der Erhaltensdringlichkeit (Quelle: LFE).....	69
Abbildung 5-2: Stufen der Erhaltungsfähigkeit mit den Anteilen der Vorkommen im Bundesgebiet.....	70
Abbildung 5-3: In-situ-Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen in den Bundesländern.....	70
Abbildung 5-4: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen im Bundesgebiet.....	71
Abbildung 5-5: Darstellung der Kerneldichte des Speierlings mit Berücksichtigung der Baumzahl.....	73
Abbildung 5-6: Darstellung der Kerneldichte des Speierlings ohne Berücksichtigung der Baumzahl.....	74
Abbildung 5-7: Darstellung der Kerneldichte des Speierlings bezogen auf die Baumzahlen pro Hektar Vorkommensfläche.....	75

## Tabellenverzeichnis

Tabelle 2-1: Übersicht der Arbeitsschritte im Projektverlauf. ....	7
Tabelle 3-1: Abstimmungsgespräche zur Sichtung vorhandener Daten der zu untersuchenden Baumarten in den Bundesländern. ....	10
Tabelle 3-2: Übersicht der verwendeten Abundanzklassen und zugeordneten Individuenzahlen.....	17
Tabelle 3-3: Einteilung und Bewertung der Qualitätsklassen der Altersstrukturen anhand der Durchmesserstufen. ....	17
Tabelle 3-4: Einteilung und Beschreibung der Vitalitätsstufen. ....	18
Tabelle 3-5: Gesamtbewertung der Vorkommen. ....	19
Tabelle 3-6: Darstellung zur Klassifizierung in Erhaltungsfähigkeit aus Abundanz, Altersstrukturqualitätsklasse (AQK) und durchschnittlicher Vitalität. ....	19
Tabelle 3-7: Charakteristika der untersuchten Kern-Mikrosatelliten-Genorte mit den in dieser Untersuchung beobachteten Fragmentlängenbereichen bei <i>Sorbus domestica</i> . ....	21
Tabelle 3-8: In Graphiken und Tabellen verwendete Kürzel für die Bundesländer (BL) und die Bundesrepublik Deutschland, sowie die für Berechnungen verwendeten Landesflächen. ....	23
Tabelle 4-1: Anzahl der kartierten Vorkommen*, Baumzahlen in den kartierten Vorkommen und Flächengröße der kartierten Vorkommen, sowie abgeleitete Parameter (Anzahl Bäume / ha Fläche, Anzahl Vorkommen / 1.000 km <sup>2</sup> Landesfläche, Baumzahlen / 1.000 km <sup>2</sup> Landesfläche). ....	29
Tabelle 4-2: Anzahl der kartierten Bestände und Anzahl der kartierten Bäume in den Wuchsgebieten Deutschlands. ....	31
Tabelle 4-3: Verteilung der Vorkommen in den Abundanzstufen. ....	37
Tabelle 4-4: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen (<7 cm, 7-20 cm, >20 cm) in den kartierten Vorkommen. ....	38
Tabelle 4-5: Absolute und relative Angaben für die Qualitätsklassen der Altersstrukturen der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern und in Deutschland. ....	41
Tabelle 4-6: Vitalitätsstufen der kartierten Vorkommen. ....	43
Tabelle 4-7: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen.....	49
Tabelle 4-8: Überblick über die genetisch untersuchten Speierlings-Vorkommen. ....	53
Tabelle 4-9: Anzahl der beobachteten Allele und ihre Diversität an 6 Mikrosatelliten-Genorten des Speierlings in ausgewählten Vorkommen.....	60
Tabelle 4-10: Anzahl der privaten Allele an 6 Mikrosatelliten-Genorten in 16 Vorkommen des Speierlings.....	60
Tabelle 4-11: Paarweise genetische Abstände der 16 Speierlings-Vorkommen. ....	61
Tabelle 4-12: Allelische Differenzierung $D_j$ und Subpopulationsdifferenzierung $\delta$ für 16 Speierlings-Vorkommen und 6 Genloci. ....	62
Tabelle 4-13: Zusammensetzung und Stichprobenumfang der neu gebildeten Auswertungs-kollektive aus 10 baden-württembergischen Vorkommen. ...	64
Tabelle 5-1: Absolute Zahlen der Stufen der Erhaltungsfähigkeit nach Ländern. ....	69
Tabelle 5-2: Anteile der Stufen der Erhaltungsfähigkeit nach Ländern. ....	70
Tabelle 5-3: Genzentren mit hoher Baumzahl und großflächigem Zusammenhang. ....	72



# 1 Einleitung

Das Jahr 2010 wurde von den Vereinten Nationen zum Internationalen Jahr der Biodiversität und das Jahr 2011 wurde mit der Resolution 61/193 zum Internationalen Jahr der Wälder erklärt. Die Jahre 2011 bis 2020 sind als internationale UN-Dekade Biologische Vielfalt ausgerufen worden. Waldökosysteme sind für die biologische Vielfalt von besonderer Bedeutung unter anderem als Lebensgrundlage für zahlreiche Arten, als Kohlendioxid-Senke, als Speicher für Niederschlagswasser oder für die Bereitstellung des nachwachsenden Rohstoffes Holz und wichtiger Sozialleistungen. Die Erfüllung dieser Funktionen bedarf eines stabilen, funktionsfähigen und somit artenreichen Ökosystems. Die nachhaltige Forstwirtschaft ist auf struktur- und artenreiche Lebensräume, auf eine große genetische Vielfalt der Waldbäume und Waldökosysteme angewiesen, da nur so die notwendige Stabilität und die Funktionen der Wälder auch in Zukunft erhalten und gesichert werden können. Eine möglichst große genetische Vielfalt wird den heutigen Ansprüchen und Bedürfnissen künftiger Generationen unter sich ändernden Umweltbedingungen am ehesten gerecht.

Die – aus forstlicher Sicht – Nebenbaumarten tragen in besonderem Maße zu dieser Vielfalt bei und besetzen ökologische Nischen. Auf diese Weise leisten sie ihren Beitrag zur Stabilität der Waldökosysteme. Andererseits sind häufig diese seltenen Baumarten gefährdet durch Bestockungswandel, Verlust von Lebensräumen oder Änderung der Bewirtschaftungsform. Das Wissen über diese Baumarten ist unvollständig. Vorliegende Arbeiten beschäftigen sich oft nur mit regionalen Vorkommen der Arten, eine bundesweite Erfassung nach einheitlichen Kriterien und die Zusammenstellung des Kenntnisstandes fehlen.

Aus diesem Grunde hat die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Auftrag des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) das Vorhaben "*Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener Baumarten in Deutschland*" initiiert und finanziell gefördert. Dieses Projekt soll einen Beitrag leisten, genetische Ressourcen von Gehölzen zu erhalten und zu fördern.

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

Im vorliegenden Bericht sind die Untersuchungen zum *Speierling* dargestellt.

## 1.1 Ökologie und Verbreitung

Der Speierling (*Sorbus domestica*) ist ein Wildobstbaum aus der Familie der Rosengewächse. Er ist eine mittel- bis südosteuropäische Baumart mit einigen kleinen Vorkommen am Schwarzen Meer und in Nordafrika (Abbildung 1-1). Die deutschen Vorkommen sind nach WILDE (1936) während der Steppenperiode, vor etwa 9.000 bis 8.000 v. Chr., als xerothermes Florenelement aus Südwestfrankreich durch das Rhonetal oder über den Jura eingewandert.

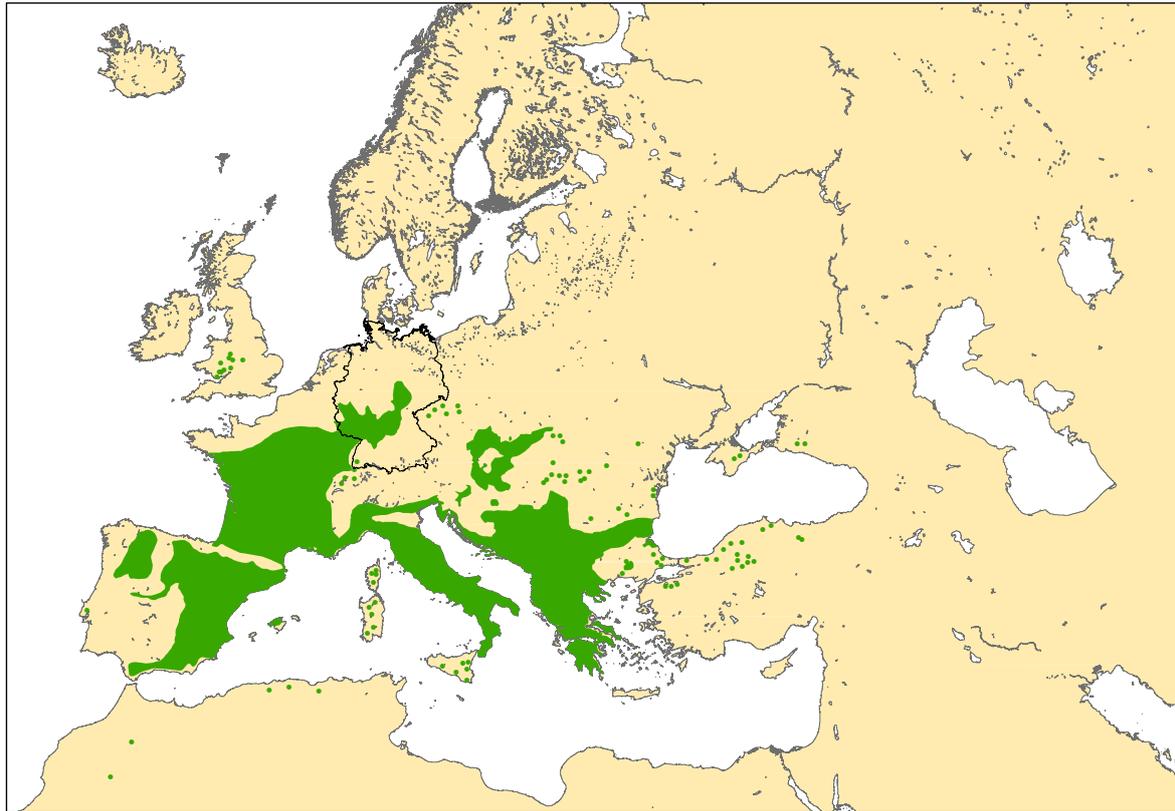


Abbildung 1-1: Verbreitungskarte des Speierlings (*Sorbus domestica*) nach EUFORGEN 2009, (<http://www.euforgen.org>, Datenstand: 25.07.2008).

Der Speierling gehört in Deutschland zu den seltensten Bäumen. Heute gibt es schätzungsweise bundesweit nur noch ca. 5.000 Altspeierlinge. Die Hauptverbreitungsgebiete in Deutschland liegen im Südwesten, im Rhein-, Neckar-, Mosel- und Nahetal, im Taunus und in Unterfranken. Speierlingsbäume stehen im ganzen Verbreitungsgebiet einzeln, selten in kleinen Gruppen, wenn sie sich aus Wurzelbrut durchsetzen konnten. Speierlinge vermehren sich in der Natur nur sehr selten generativ durch Samen.

Seit 1980 werden Speierlinge in ausreichendem Maße in den Versuchsanstalten und einigen Baumschulen erfolgreich aus Samen nachgezogen. Für die Arterhaltung eignet sich besonders die in Unter- und Mittelfranken noch mancherorts betriebene Mittelwaldbewirtschaftung. Als konkurrenzschwache Baumart hat der Speierling im Hochwald ohne gezielte Pflege keine Überlebenschance.

Seine unpaarig gefiederten Blätter gleichen denen der Vogelbeere (*Sorbus aucuparia*); die Knospen sind braun bis grünbraun, unbehaart und klebrig, die der Vogelbeere braunschwarz und filzig.

Der sommergrüne Laubbaum wird im Freiland als sogenannter "Feldspeierling" ca. 15 m hoch, in den Wäldern erreicht er als sogenannter "Waldspeierling" bis zu 30 m Höhe. Bei der Kartierung wurden nur Waldspeierlinge berücksichtigt. Ein Großteil der Speierlinge steht in Obst- und Weinanbaugebieten. Sie werden dort zur Most- und Schnapsherstellung gehalten.

Alte Speierlinge können Brusthöhendurchmesser von 100 cm und mehr erreichen und in Deutschland bis 300 Jahre alt werden. Mit einem Trockengewicht von 0,88 g / cm<sup>3</sup> ist es das schwerste europäische Laubholz. Das Holz mit seinem rötlich weißen Splint und oft tief rot-

braunen Kern ähnelt dem der Elsbeere; das wertvolle Holz wird meist zu Furnieren verarbeitet.

## 2 Ziele und Aufgabenstellung des Projektes

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

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

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

Die Grundlagenerhebungen sollen als Entscheidungshilfe für Fachbehörden im Bereich Forstwirtschaft, Natur- und Umweltschutz zur langfristigen Sicherung der Biodiversität dienen.

### 2.1 Ablauf und Planung des Projektes

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

Die vier Lose untergliedern sich wie folgt:

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

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

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

Im Projektzeitraum vorgesehen war die Datenrecherche bekannter Vorkommen der Baumarten und deren Plausibilisierung, die Weiterentwicklung von aus den vorangegangenen Schwarzpappel- und Ulmen-Vorhaben vorhandenen Erfassungsbögen, die Abstimmung von Kartierpraktiken, die Kartierung ausgewählter Bestände, die Weiterentwicklung der vorhandenen Datenbank, die Eingabe der erhobenen Ergebnisse in die Datenbank, die Auswahl und Beprobung geeigneter Bestände, die genetische Analyse der beprobten Bestände, sowie die Auswertungen und Visualisierungen der Ergebnisse.

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

Das Vorhaben "*Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener Baumarten in Deutschland*" wurde in verschiedenen parallel und / oder zeitlich und inhaltlich aufeinander folgenden Projektschritten bearbeitet, die im Folgenden aufgeführt sind:

- Datenrecherche
- Erhebung von Informationen über bereits bekannte Vorkommen aus den Quellen der Forstlichen Landesanstalten und Erhebungen sonstiger staatlicher und privater Institutionen
- Weiterentwicklung von Kartieranleitung, Erfassungsbögen und Datenbank
- Einweisung, Schulung und Betreuung der Kartierer
- Terrestrische Erfassung und Charakterisierung der Vorkommen nach Erhaltungswürdigkeit und -dringlichkeit
- Eingabe der Kartiererergebnisse in die Datenbank und Auswertung der Ergebnisse

---

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

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

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

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

- Auswahl und Beprobung von Vorkommen für genetische Analysen
- Genetische Analytik und Auswertung der Ergebnisse
- Zusammenfassende Bewertung aller Informationen zu Vorkommen und zur Gefährdung der Baumart in Deutschland
- Erstellung der Zwischenberichte und des Endberichtes
- Abstimmungen mit AG, Gesamtkoordination und Projektpartnern

### 2.1.1 Weiterentwicklung der Datenbank

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

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

Alle Kartierer wurden in die Benutzung der Datenbank eingewiesen.

### 2.1.2 Erfassung von Vorkommen

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

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

Die Arbeiten zur phänotypischen Charakterisierung der Baumarten hatten zum Ziel, die Erhaltungswürdigkeit, die Erhaltungsdringlichkeit und die *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit zu identifizieren. Wenn nicht bereits durch die vorherige Datenrecherche bekannt, umfassten die zu erhebenden Angaben u.a.:

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

### 2.1.3 Schematische Übersicht des Projektverlaufes

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

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

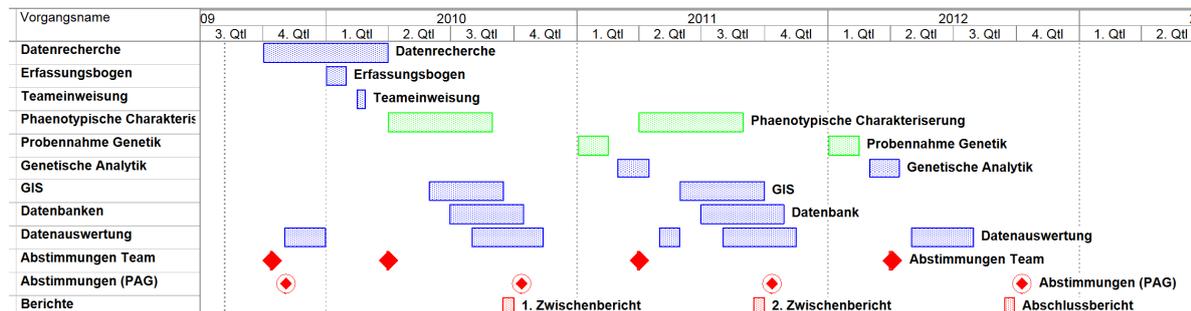


Abbildung 2-1: Geplanter Zeitplan der einzelnen Projektschritte.

Tabelle 2-1: Übersicht der Arbeitsschritte im Projektverlauf.

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

Folgende Büros wurden in das Projekt mit eingebunden:

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

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

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

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

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

Für den Speierling sind an der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt (NW-FVA) Mikrosatelliten-Marker und Messmethoden vorhanden, sodass routinemäßige Analysen der Proben durchgeführt werden konnten.

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

Die Struktur der verwendeten Datenbank<sup>5</sup> wurde ebenfalls aus den beiden Vorgängerprojekten übernommen und vom AG zur Verfügung gestellt. Notwendige Anpassungen an neue Baumarten und geänderte Erfassungsbögen wurden zu Projektbeginn durch die IDaMa GmbH durchgeführt. Innerhalb des Projektverlaufes wurden mehrere Weiterentwicklungen vorgenommen.

---

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

## 3 Material und Methoden

### 3.1 Projektmanagement

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

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

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

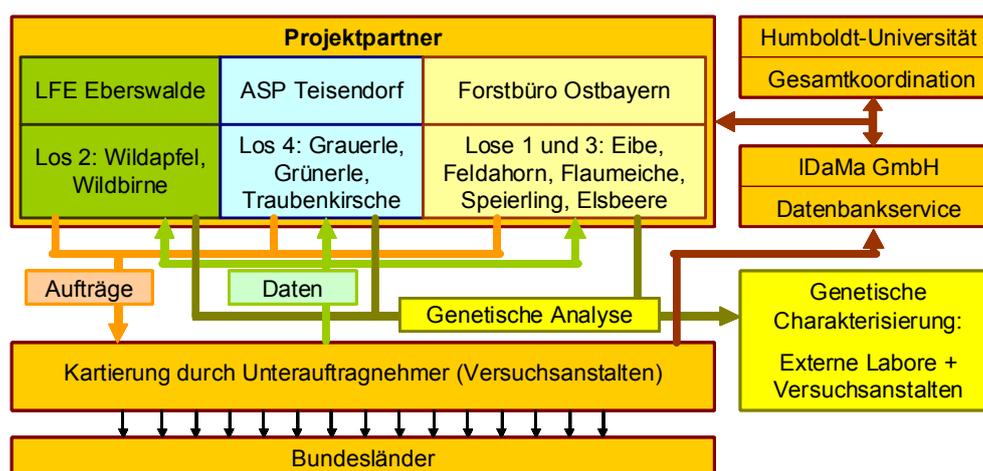


Abbildung 3-1: Schematische Darstellung der Projektstruktur (Quelle: LFE).

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

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

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

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

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

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

Zur Gewährleistung einer bundesweit einheitlichen Aufnahme der zu erhebenden Daten wurde mit Projektbeginn eine Kartiererschulung durch die LFE durchgeführt. An der Kartiererschulung am 06/07.05.2010 im Landeskompetenzzentrum Forst in Eberswalde nahmen alle Kartierer sowie Sachbearbeiter aus den Bundesländern teil. Thema der Schulung war die Erfassung der Baumarten nach ihren phänotypischen Merkmalen, die Aufnahme in den Erfassungsbogen und der Umgang mit der Datenbank. Die praktische Schulung erfolgte an einem Gen-Objekt der Gemeinen Traubenkirsche in der Nähe von Eberswalde.

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

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

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

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

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

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

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

### 3.2 Datenrecherche

Ein Großteil der Datensätze zu Baum-Vorkommen wurde von den forstlichen Landesanstalten in unterschiedlicher Qualität und Umfang zur Verfügung gestellt. Zur Datenübergabe wurden mit einzelnen Bundesländern gesonderte Datennutzungsvereinbarungen abgeschlossen.

Zusätzlich zu den bei den forstlichen Landesanstalten vorhandenen Daten wurden weitere Quellen auf Hinweise von Baum-Vorkommen recherchiert. Unter anderem wurden je nach Bundesland staatliche Forstbetriebe (Forstamtsumfragen, Forsteinrichtung, Betriebsinventur), Naturschutzbehörden (Biotopkartierung, Großschutzgebiete, FFH-Gebiete), Umweltbehörden, Naturschutzverbände, Bundeswaldinventur, Bundesforsten, Forstsaatgutstellen sowie Privatwaldbesitzer (Forstbetriebsgemeinschaften, Privatwaldbesitzerverbände) abgefragt, aber auch Botanische Vereine, wie CambiaRare e.V. für die Eibenfreunde e.V., die sehr umfangreiches Material zur Verfügung stellten.

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

### 3.3 Auswertung der Quellenabfrage

Die ermittelten Daten wurden zentral gesammelt und die Eignung der potentiellen Vorkommen als Gen-Objekt wurde im Sinne der Kriterien der Kartieranleitung überprüft.

Hierzu wurden in einem ersten Schritt alle georeferenziert vorliegenden Daten in ein einheitliches Datum, bzw. Koordinatenbezugssystem (KBS) umgewandelt. Alle Projektpartner einigten sich auf das KBS "WGS84 / UTM Zone 32N" (EPSG: 32632). Bei Daten, die nur aus Kartenwerken bestanden, wurde versucht möglichst genau geographische Koordinaten abzuleiten.

Eines der Hauptkriterien zur Definition eines geschlossenen Genobjektes ist die Ausdehnung, bzw. die Entfernung von maximal 1.000 m der Individuen voneinander. Durch Bildung entsprechender *Buffer* konnten einzelne Koordinaten zu größeren oder kleineren Vorkommen zusammengefasst werden und für die Kartiererteams der einzelnen Bundesländer aufbereitet werden. Soweit es aufgrund der vorliegenden Daten möglich war, erfolgte eine kartenmäßige Darstellung der potentiellen Genobjekte.

Als Vorkommen wurden nur Bestände ausgewiesen, die folgende Definitionskriterien erfüllten:

- Ein Vorkommen grenzt sich vom nächsten der gleichen Art durch einen Mindestabstand von 1.000 m ab.
- Wurde ein Vorkommen durch die Grenze eines Bundeslandes geteilt, so wurden zwei, nach Bundesländern getrennte Objekte, ausgeschieden und entsprechend kartiert.
- Weitere Grenzen, wie z.B. Schutzgebiets- oder Gemeinde- bzw. Forstamtsgrenzen führten nicht zur weiteren Aufgliederung.
- Die zahlenmäßige Untergrenze der zu erfassenden Bestände liegt bei einem Individuum.
- Mehrere, einzeln verteilte Individuen in einem größeren zusammenhängenden Waldkomplex wurden als ein Vorkommen kartiert.

### 3.4 Kartierung

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

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

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

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

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

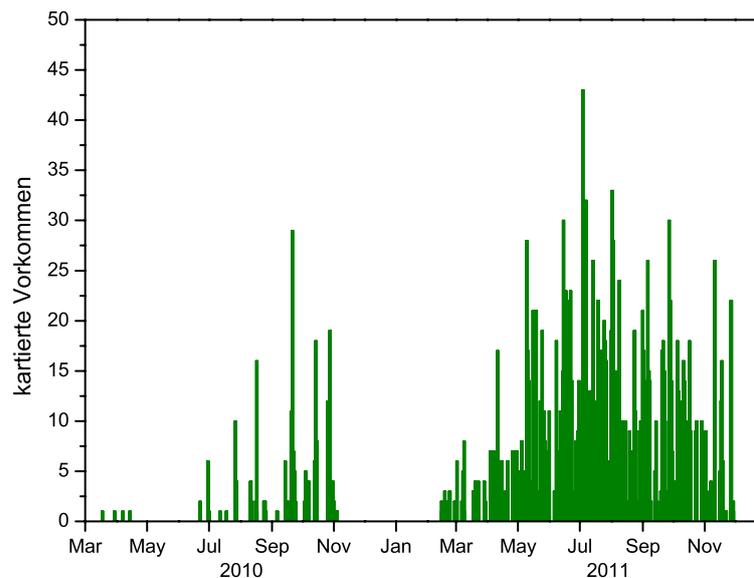


Abbildung 3-2: Kartierperiode mit Anzahl der untersuchten Vorkommen / Tag.  
Die dargestellten Daten beziehen sich auf Kartierarbeiten des Forstbüro Ostbayern und aller beauftragten Kartierer zu allen Baumarten der Lose 1 und 3.

Im einzelnen wurden nachfolgende Daten laut Kartieranleitung, in der aktuellen Version vom 11.02.2010, zu jedem Vorkommen erhoben:

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

Weitere Angabe zu Weiterverarbeitung / Auswertung sind:

- Bearbeitungsstand
- EDV
- Schutzstatus
- Kartenausschnitt

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

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

### 3.5 Datenbank und GIS-Anwendungen

Die Dokumentation der Daten erfolgte über Microsoft® Office Access Anwendungen, die im Rahmen der Vorgänger-Vorhaben zur Untersuchung der Schwarzpappel und der Ulmenarten von Jürgen Kayser, IDaMa GmbH Freiburg, entwickelt wurden.

Neben der Datenbank zur Speicherung der erhobenen Daten (fgrXX\_d.mdb) lagen zwei Access-Routinen mit Eingabemasken vor. Eine Routine (fgr2003.mdb) diente der Eingabe der Felddaten und der Plausibilisierung der eingegebenen Daten. Die Eingabemaske für die Felddaten war mit der Kartieranleitung und dem Erfassungsbogen abgestimmt (Abbildung 3-1).

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

Alle Kartierer erhielten die Eingabemasken und die Datenbank und wurden in der Verwendung und Anwendung geschult. In regelmäßigen Abständen wurden die Datenbanken an die Zentralstelle (IDaMa GmbH) geschickt, zur Überprüfung und Einspielung der einzelnen Teildatenbanken (fgrXX\_d.mdb) in die Gesamt-Datenbank (fgr\_stamm\_d.mdb). Um Verwechslungen oder Datenverlust bei der zentralen Verarbeitung der Daten vorzubeugen, waren die Datenbanken (fgrXX\_d.mdb) personenbezogen gekennzeichnet.

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

Die zweite Access-Routine (fgr\_auswertung.mdb) diente der Auswertung der Daten. Über Eingabemasken konnten Parameter für die Abundanzklassen (Abbildung 3-4), die Alters-

strukturklassen (Abbildung 3-5) und die Erhaltungsfähigkeit (Abbildung 3-6) eingetragen und die Ergebnisse tabellarisch ausgegeben werden.

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

Art:	Klasse:	von:	bis:	verwenden	Bemerkung:
Taxus baccata	0	0	4	<input checked="" type="checkbox"/>	kein Genobjekt Taxus baccata
Taxus baccata	1	5	10	<input checked="" type="checkbox"/>	
Taxus baccata	2	11	20	<input checked="" type="checkbox"/>	
Taxus baccata	3	21	50	<input checked="" type="checkbox"/>	
Taxus baccata	4	51	100	<input checked="" type="checkbox"/>	
Taxus baccata	5	101	200	<input checked="" type="checkbox"/>	
Taxus baccata	6	201	500	<input checked="" type="checkbox"/>	
Taxus baccata	7	501	1000	<input checked="" type="checkbox"/>	
Taxus baccata	8	1001	3000	<input checked="" type="checkbox"/>	
Taxus baccata	9	3001	10000	<input checked="" type="checkbox"/>	
Taxus baccata	10	10001	9999999	<input checked="" type="checkbox"/>	

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

technische Hinweise zur Aktualisierung der Auswertungsparameter:

- 1) Button Abundanzklassen und aktualisieren Tab. GENOBJEKT\_DURCH\_VITALITAET - Temp ausführen
- 2) Button Abundanzklassen und aktualisieren Tab. GENOBJEKT\_Spalte AG (Datei) - Aktualisierung der Tab. GENOBJEKT\_DURCH\_VITALITAET - Temp ausführen
- 3) Button Aktualisierung der AltersstrukturQualitätsklassen je Baumart (aktualisiert wird die Spalte AG\_F in Tab. Genobjekt, Referenztab. =ALTERSTRUKTURQUALITÄTSKASSE)
- 4) Button Vitalität und Erhaltungswürdigkeit setzen (akt. werden die Spalten Vitalität und ERW\_F in Tab. Genobjekt, Referenztab. =ERW\_F (AGGENOBJEKT))

die fachliche Dokumentation bitte dem Abschaltbericht Schwarzpapier Kapitel 3.6 oder dem Abschaltbericht Seite 3.6 entnehmen

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

ERW_F_Kurz	Erhaltungswürdigkeit	Sort	Bemerk.	Abundanzklasse Min.	Altersstrukturklasse Min.	Vitaltaet Minimal	Vitaltaet Maximal
1	sehr gt.	sehr gut	10	7	1	0	1
2	gut	gut	20	6	2	1	1,4999
3	geschw.	geschwächt	30	5	3	1,5	1,9999
4	bedroht	bedroht	40	0	5	2	2,2999
5	absterb.	absterbend	50	0	9	2,3	3
9	k.E.	.	90	keine Eingab.		0	

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

Die kartographische Darstellung der erzielten Ergebnisse erfolgte mit den GIS-Programmen Quantum GIS<sup>6</sup> und ESRI ArcGIS<sup>7</sup>. 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.

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

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

### **3.6 Auswertung der Datenbank**

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

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

#### **3.6.1 Bundeswuchsgebiete**

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

- Wuchsgebiete 2011 (Version vom 20.03.2012)

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

#### **3.6.2 Potentielle natürliche Vegetation**

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

- PNV500 Deutschland (Version vom 23.03.2011)

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

#### **3.6.3 Schutzstatus**

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

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

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

### 3.6.4 Abundanz

Die Abundanz ist ein Maß der Individuendichte der Populationen und gibt die Gesamtzahl von Individuen pro Vorkommen an.

Die Festlegung der Kriterien zur Berechnung der Abundanz erfolgte über eine Eingabemaske der MS-Access Routine "fgr\_auswertung.mdb" (vgl. auch Abbildung 3-4). Die einzelnen Vorkommen wurden nach ihrer Gesamtbaumzahl den in Tabelle 3-2 dargestellten zehn Abundanzklassen zugeordnet. Die berechneten Werte wurden direkt in die Spalte *Abundanz\_Klasse* der Datenbank "fgr\_stamm\_d.mdb" eingetragen.

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

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

### 3.6.5 Altersstruktur

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

Zur Beschreibung und Bewertung der Altersstruktur wurde eine fünfstufige Einordnung von "Qualitätsklassen" (1 sehr gut, 2 gut, 3 mittel, 4 schlecht, 5 sehr schlecht) erstellt, die durch zu definierende Anteile der Durchmesserstufen in den einzelnen Vorkommen berechnet werden (Tabelle 3-3). Der für die Einstufung entscheidende Faktor ist der Anteil der Bäume > 20 cm BHD. Für eine Einstufung in die oberen drei Klassen ist ein Anteil von 20 %, 10 % bzw. 1 % in der BHD-Klasse > 20 cm festgelegt. Für die Einstufung in die verbleibenden beiden unteren Klassen sind bei den Baumarten dann die Anteile in den BHD-Stufen < 20 cm verantwortlich.

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

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

Die Festlegung der Kriterien zur Berechnung der Qualitätsklassen (prozentuale Anteile der Durchmesserstufen) erfolgte über eine Eingabemaske der MS-Access Routine "fgr\_auswertung.mdb" (vgl. auch Abbildung 3-5). Die berechneten Qualitätsklassen wurden direkt in die Spalte AQS\_F (als Zahl), bzw. in die Spalte AQS (als Beschreibung) der Datenbank "fgr\_stamm\_d.mdb" eingetragen.

### 3.6.6 Naturverjüngung

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

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

### 3.6.7 Vitalität

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

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

Tabelle 3-4: Einteilung und Beschreibung der Vitalitätsstufen.

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

### 3.6.8 Demografische Strukturen

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



wählt. Die berechneten Ergebnisse wurden direkt in die Spalte *ERW* der Datenbank "fgr\_stamm\_d.mdb" eingetragen. Tabelle 3-6 zeigt in der Übersicht die Klassifizierung der Erhaltungsfähigkeit.

### 3.6.10 Dichteanalysen

Zur Visualisierung von Konzentrationen oder Isolationen von Vorkommen wurden Dichteanalysen<sup>8</sup> durchgeführt und als Dichteoberflächen oder auch Kernel-Dichten (Kernel Density Maps) veranschaulicht. Als Radius wurde in allen Fällen 15 km eingestellt.

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

## 3.7 Auswahl von Genobjekten für die genetischen Analysen

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

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

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

## 3.8 Beprobung ausgewählter Genobjekte

Die Probennahme der ausgewählten Genobjekte wurde zentral von Mitarbeitern des Forstbüros Ostbayern in allen Bundesländern zwischen Mai 2011 und Oktober 2011 durchgeführt.

Die Beprobung wurde möglichst rasterförmig über das gesamte Vorkommen durchgeführt. Jeder einzelne beprobte Baum wurde per GPS eingemessen und durch digitale Photoaufnahmen dokumentiert. Entnommen wurden 3 bis 5 grüne, ausgefärbte und gesunde Blätter von, je nach Gegebenheiten und Möglichkeiten, bis zu 30 Individuen je Vorkommen. In seltenen Ausnahmefällen, d.h. wenn Blätter durch Einsatz von Leitern und Teleskopstangen nicht erreichbar waren, wurden Kambium-Proben entnommen.

Entnommene Proben wurden für jeden Baum getrennt in Briefumschläge gegeben und beschriftet. Bei großer Nässe wurden die Proben noch im Gelände zwischen Zeitungspapier kurz getrocknet. Alle Proben eines Standortes wurden gemeinsam in einen Plastikbeutel ge-

---

<sup>8</sup> ESRI® ArcGIS Desktop 10 SR3 mit Toolbox "Spatial Analyst"

geben und beschriftet. Bis zum Versand an das Labor wurden die Proben im Kühlschrank, im ungefrorenen Zustand, aufbewahrt.

### 3.9 Genetische Untersuchungen

#### 3.9.1 Untersuchungsmaterial

Als Untersuchungsmaterial wurden grüne Blätter, ausnahmsweise auch Kambium, in den Vegetationszeiten 2011 und 2012 geworben. Zu jedem beprobten Individuum wurden geografische Koordinaten erfasst, ggf. wurde der Baum auch markiert bzw. auf bestehenden Nummerierungen zurück gegriffen, so dass jeder genetisch untersuchte Baum im Gelände wieder auffindbar ist.

#### 3.9.2 Genetische Untersuchungsmethode

Zunächst wurde die DNA nach einem Standardprotokoll aus gefriergetrocknetem Blattmaterial extrahiert. Im Anschluss daran wurden die Polymerase-Kettenreaktionen (PCRs) etabliert. Verwendet wurden dazu Primer, die ursprünglich für verwandte Baumarten aus der Familie der Rosengewächse (*Rosaceae*) entwickelt worden waren. Von neun getesteten Primerpaaren wurden schließlich fünf Primerpaare der Gattung *Malus* (GIANFRANCESCHI et al. 1998; LIEBHARD et al. 2002) und ein Primerpaar der Gattung *Sorbus* (ODDOU-MURATORIO et al. 2001) für weitere Analysen ausgewählt (Tabelle 3-7). Auch in einer Arbeit von KAMM et al. (2009) waren diese Primer für genetische Untersuchungen an Speierling verwendet worden. Die PCR-Produkte wurden in zwei Multiplex-PCRs amplifiziert und die Fragmentlängen anschließend mittels eines Kapillarsequenzierers (CEQ 8000 Series Genetic Analysis System, Beckman Coulter) analysiert.

Tabelle 3-7: Charakteristika der untersuchten Kern-Mikrosatelliten-Genorte mit den in dieser Untersuchung beobachteten Fragmentlängenbereichen bei *Sorbus domestica*.

PCR	Genort	Primer-Sequenz [5'-3']	Fragmentlängenbereich [bp]	Literatur
MP1	CH01h10	F: TGCAAAGAAGGTAGATATATGCCA R: AGGAGGGATTGTTTGTGCAC	82 - 138	GIANFRANCESCHI et al. 1998
	MSS16	F: CTCCCCTTGTGTGATGCC R: TTGCCCTCAAAGAATGCC	142 - 156	ODDOU-MURATORIO et al. 2001
	CH02c09	F: TTATGTACCAACTTTGCTAACCTC R: AGAAGCAGCAGAGGAGGATG	227 - 261	LIEBHARD et al. 2002
MP2	CH01h01	F: GAAAGACTTGCACTGGGAGC R: GGAGTGGGTTTGAGAAGGTT	90 - 172	GIANFRANCESCHI et al. 1998
	MS14H03	F: CGCTCACCTCGTAGACGT R: ATGCAATGGCTAAGCATA	108 - 190	LIEBHARD et al. 2002
	CH02d08	F: TCCAAAATGGCGTACCTCTC R: GCAGACACTCACTACTATCTCTC	203 - 271	LIEBHARD et al. 2002

Abkürzungen: MP: Multiplex-PCR, F: Forward-Primer, R: Reverse-Primer

#### 3.9.3 Populationsgenetische Auswertungsmethode

Der Schwerpunkt der Auswertungen bezieht sich auf allelische Häufigkeiten und Verteilungen. Dabei werden sowohl Einzellocus-Betrachtungen als auch Multilocus-Betrachtungen über alle 6 Genorte hinweg angestellt.

Für die Beschreibung der Variation innerhalb von Stichproben bzw. Populationen (allg.: Demen) werden die Anzahl beobachteter Allele sowie die effektive Anzahl von Allelen beschrieben. Bei der effektiven Anzahl (Diversität) wird die jeweilige Häufigkeit berücksichtigt, sie wird für einen beliebigen Genort dargestellt als

$$v = \left( \sum_{k=1}^n p_k^2 \right)^{-1}$$

wobei  $p_k$  die relative Häufigkeit des k-ten Allels von insgesamt  $n$  Allelen ist. Das verwendete Diversitäts-Konzept folgt GREGORIUS (1978, 1987).

Bei der Multilocus-Betrachtung ergibt sich die mittlere Diversität  $\bar{v}$  als harmonisches Mittel der Einzellocus-Diversitäten und die hypothetische gametische Multilocus-Diversität  $v_{gam}$  als Produkt aller Einzellocus-Diversitäten.  $v_{gam}$  ist ein Maß für die genetische Variabilität, die einer Population bei der Bildung von Eizellen und Pollen theoretisch zur Verfügung steht.

**Genetischer Abstand und Differenzierung:** Als Maß für die genetische Unterschiedlichkeit zweier Deme wird der genetische Abstand  $d_o$  verwendet. Er ist die Summe der Häufigkeitsunterschiede aller genetischen Varianten (Allele) an einem Genort zwischen zwei Demen. Er kann für einzelne Genorte oder als durchschnittlicher Abstand für mehrere Genorte angegeben werden. Mit dem genetischen Abstand  $d_o$  werden auch weitere populationsgenetische Kenngrößen berechnet, so die genetische Differenzierung  $D_j$  (der genetische Abstand zwischen einer Population und dem aus allen anderen Populationen gebildeten Kollektiv) und die Subpopulationsdifferenzierung  $\delta$  (mittlere genetische Differenzierung aller Populationen). Bei der Differenzierung stellt sich die Frage, wie die Häufigkeiten im jeweiligen Komplement ermittelt werden: entweder werden die einzelnen Populationen gleich gewichtet oder die Gewichtung erfolgt gemäß ihrer Populationsgröße (größere "Teilpopulationen" tragen stärker zur Ausprägung des Gesamtkollektivs bei als kleinere). Da bei der vorliegenden Speierlingsbeprobung davon ausgegangen wird, dass die unterschiedliche Stichprobenzahl mit unterschiedlichen Populationsgrößen einhergeht, wird hier bei der Differenzierungsberechnung eine Gewichtung nach der Stichprobengröße vorgenommen.

In einem UPGMA-Dendrogramm (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) werden die Vorkommen auf Basis ihrer paarweisen genetischen Abstände gruppiert. Für die Auswertung und die Berechnung der genannten Maße wurde die Software GSED v. 3.0 (GILLET 2010) verwendet.

### 3.10 Statistische Auswertungen

Zur Veranschaulichung und Beschreibung bestimmter Sachverhalte wurden Daten nach statistischen Verfahren ausgewertet. Da die Datensätze eine sehr große Spannweite aufzeigen, ist die Verwendung und die Aussagefähigkeit von "arithmetischen Mittelwerten" nicht in allen Fällen zielführend. In den vorliegenden Untersuchungen wurde deshalb der "Median" (Zentralwert; 0,5-Quantil) verwendet. Graphisch wurden die Ergebnisse als BoxPlot oder Box-Whisker-Plot dargestellt. Eine Erklärung des Aufbaus mit Nennung der Kennwerte ist in Abbildung 3-8 gegeben.

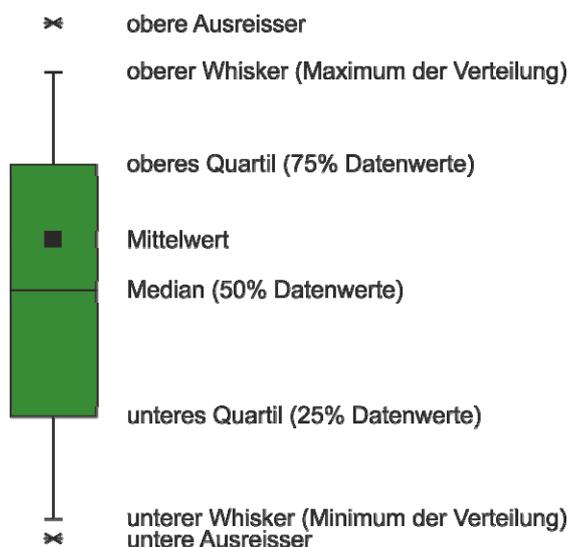


Abbildung 3-8: Darstellung eines BoxPlot (auch Box-Whisker-Plot) mit Benennung der Kennwerte. Zusätzlich ist der Mittelwert des Datensatzes angegeben.

Für die Vergleichbarkeit der Erhebungen zwischen den Bundesländern ist ein Bezug zur Landesfläche notwendig. In der Tabelle 3-8 sind die im Bericht verwendeten Abkürzungen für die Bundesländer und die für Berechnungen verwendeten Flächengrößen angegeben.

Tabelle 3-8: 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
BW	= Baden-Württemberg	35.752
BY	= Bayern	70.550
HE	= Hessen	21.115
MV	= Mecklenburg-Vorpommern	23.189
NI	= Niedersachsen	47.635
NW	= Nordrhein-Westfalen	34.088
RP	= Rheinland-Pfalz	19.854
SH	= Schleswig-Holstein	15.799
SL	= Saarland	2.569
SN	= Sachsen	18.420
ST	= Sachsen-Anhalt	20.449
TH	= Thüringen	16.172
DE	= Deutschland	355.073

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

## 4 Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

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

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

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

Die genetische Charakterisierung soll einen Überblick über die genetische Variabilität des Speierlings in Deutschland ermöglichen. Daraus sollen Hinweise für Maßnahmen zur Erhaltung dieser bedrohten Baumart abgeleitet werden.

### 4.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen

Insgesamt wurden 291 Speierlingsvorkommen mit insgesamt 4.889 Bäumen aufgenommen. Die Hauptvorkommen liegen in den klimatisch begünstigten Gebieten, im Taubertal und Oberrheingebiet (BW), in Unter- und Mittelfranken (BY) Sonderhausen / Kyffhäuser (TH), Naumburg / Saale (ST), Eschweiler Tal (NW), Mittelrheingebiet, Moseltal Münsterer Wald (RP) und östlich Merzig (SL).

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

In Niedersachsen und Hessen gibt es vermutlich keine Speierlinge mehr aus natürlicher Verbreitung. 1975 wurde im Forstamt Bovenden bei Göttingen der erste Speierlingsbestand mit 250 Pflanzen angelegt (KAUSCH-BLECKEN VON SCHMELING 1992).

Die meisten hessischen Speierlingsbäume sind ebenfalls angepflanzt. Im Raum Wiesbaden-Hochstadt-Friedberg werden sie noch heute für die Obstgewinnung gehalten und gefördert. In den dortigen Obstanbaugebieten befinden sich ca. 300 Altspeierlinge. In Hessen wurden keine Waldspeierlinge kartiert.

Etwa die Hälfte aller aufgenommenen Speierlinge mit insgesamt 1.487 Individuen, verteilt auf 113 Vorkommen, liegt in Baden-Württemberg. In Bayern liegen mit 122 kartierten Vorkommen die meisten Bestände mit 1.055 aufgenommen Bäumen. Dies entspricht etwa 1/5 aller aufgenommen Bäume in Deutschland.

In Thüringen wurden 10 Vorkommen mit 1.203 Individuen kartiert, davon sind ca. 1.100 aus Pflanzung in den 90er Jahren hervorgegangen. Am Rande des Nationalparks Hainich westlich Mülverstedt wurde eine Versuchsfläche mit 800 Speierlingen angelegt. Etwa 100 Speierlinge wurden in Thüringen als natürliches Vorkommen kartiert.

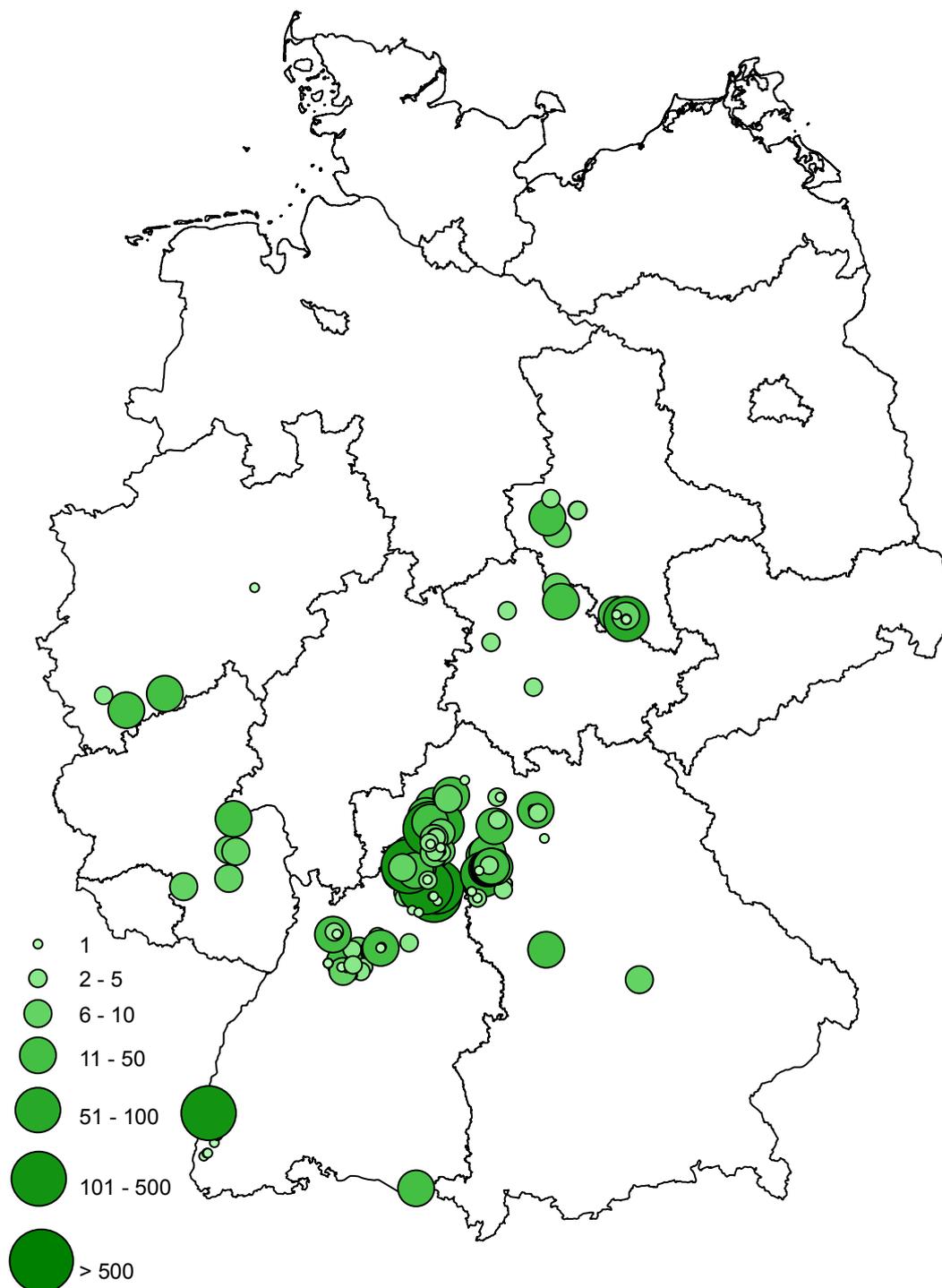


Abbildung 4-1: Lage der kartierten Bestände mit Größenklassen der kartierten Baumzahlen.

In Sachsen-Anhalt wurden 20 Vorkommen mit 161 und in Nordrhein-Westfalen sieben Vorkommen mit 82 Speierlingen, davon 25 aus Pflanzung, kartiert. Im Saarland wurde eine Versuchsfläche mit 500 Speierlingen angelegt, bei den anderen 20 aufgenommenen Speierlingen handelt es sich ebenfalls um Anpflanzungen.

Im Forstort Hakel, östlich von Halberstadt, stehen die nördlichsten Speierlinge des gesamten natürlichen Verbreitungsgebietes. Die nördlicher gelegenen Vorkommen sind alle künstlich begründet.

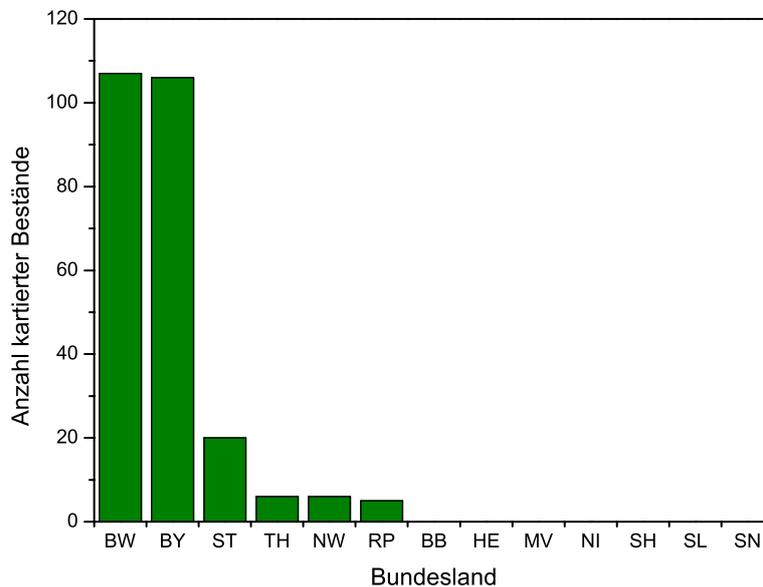


Abbildung 4-2: Anzahl der kartierten Bestände nach Bundesländern.

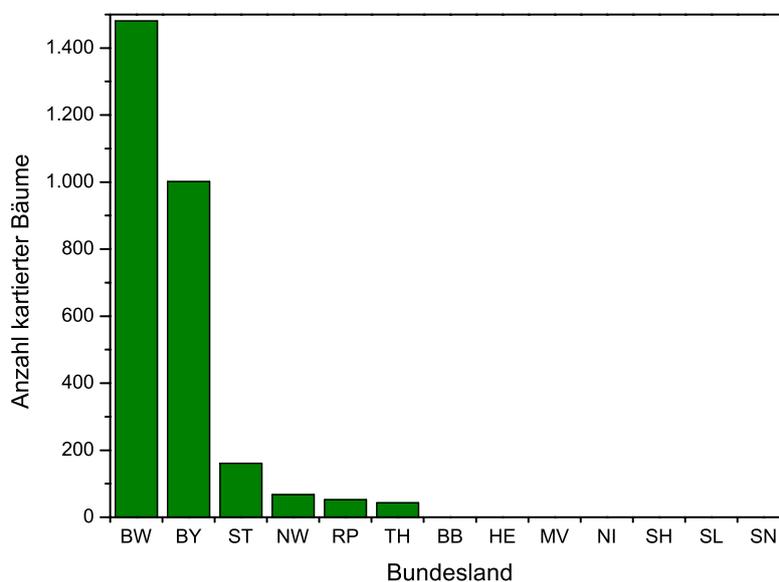


Abbildung 4-3: Anzahl der kartierten Bäume nach Bundesländern.

In Niedersachsen werden 230 Speierlinge als Versuchsfläche im Alter zwischen 20 und 32 Jahren (Reinhausen StW 100, Grünenplan PW 100, Münden StW 50) aus Pflanzung angegeben, in Mecklenburg-Vorpommern wurden 2011 im Forstrevier Cölping/Neubrandenburg einige Speierlinge gepflanzt.

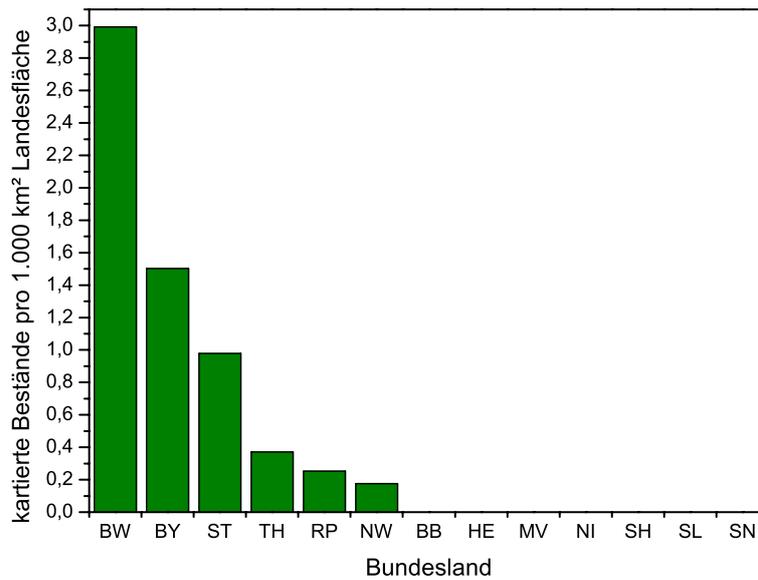


Abbildung 4-4: Anzahl der kartierten Bestände bezogen auf die Fläche (in 1.000 km<sup>2</sup>) der Bundesländer.

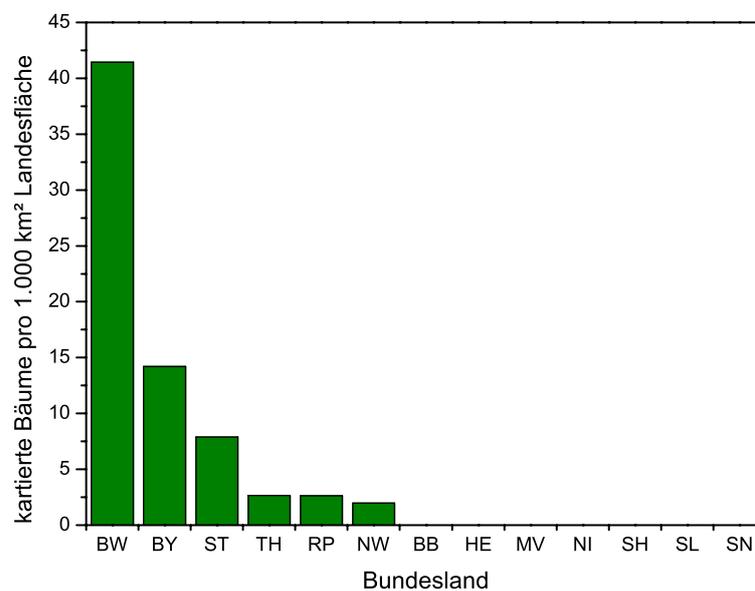


Abbildung 4-5: Anzahl der kartierten Bäume bezogen auf die Fläche (in 1.000 km<sup>2</sup>) der Bundesländer.

In Brandenburg, Schleswig-Holstein und Sachsen wurden keine Speierlinge kartiert.

Die genaue Lage der Vorkommen ist in der Abbildung 4-1 dargestellt. Dabei ist die Größe der einzelnen Vorkommen hinsichtlich der Baumzahl (Abundanz) die Grundlage für die punktuelle Klassifizierung der Vorkommen. Deutlich wird, dass die stammzahlreichsten **natürlichen** Vorkommen in den Bundesländern Baden-Württemberg und Bayern liegen, kleinere

Vorkommen finden sich in Sachsen-Anhalt, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz und Thüringen.

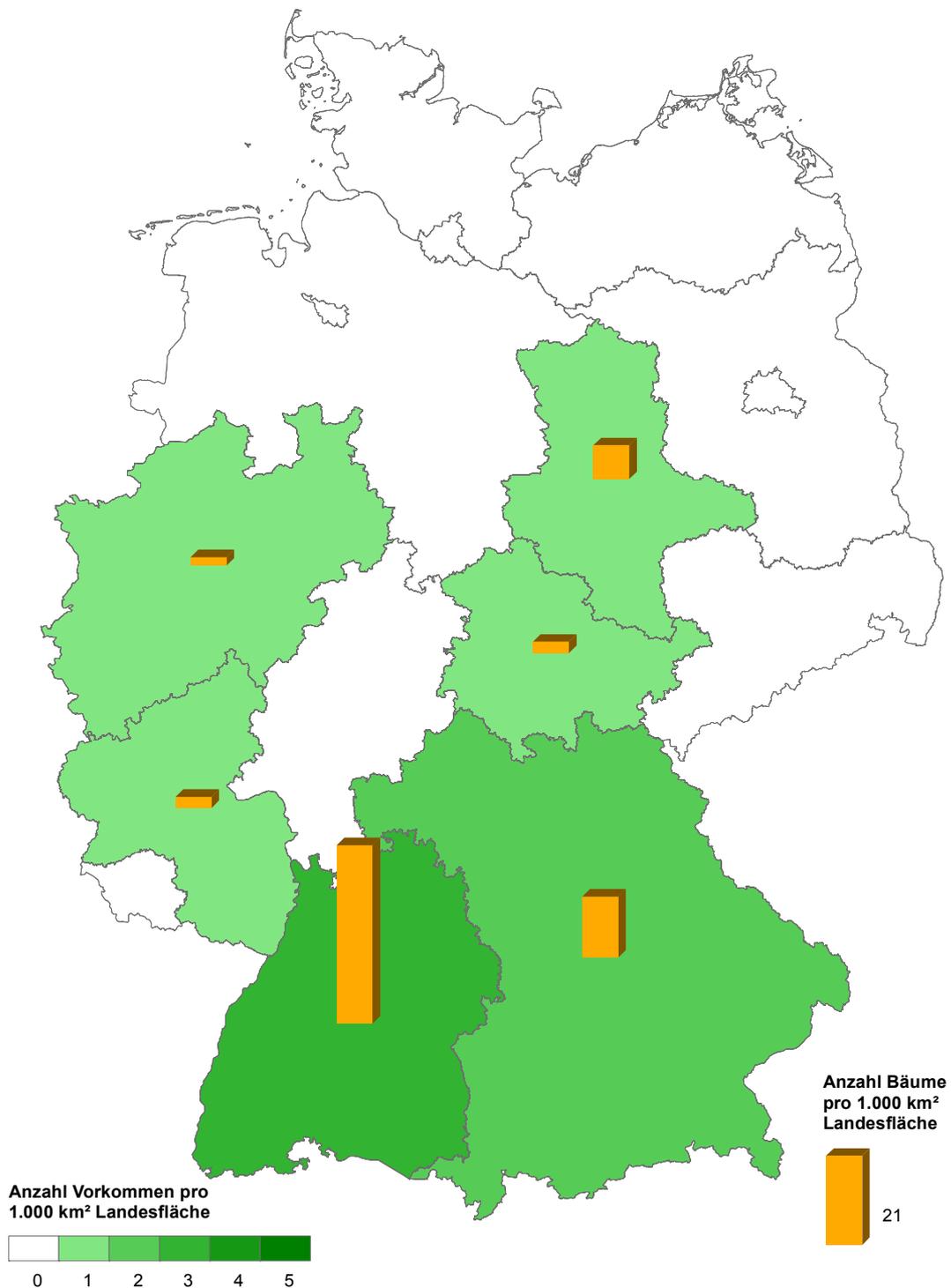


Abbildung 4-6: Anzahl kartierter Vorkommen und Baumzahlen bezogen auf die Landesfläche (in 1.000 km²) der Bundesländer.

Die höchste Anzahl aufgenommenen Vorkommen bezogen auf die Landesfläche liegt in Baden-Württemberg vor, gefolgt von Bayern, Sachsen-Anhalt, Rheinland-Pfalz und Thüringen.

Mit 41 bzw. 14 Bäumen/1.000 km<sup>2</sup> bestehen mit Abstand die höchsten Dichten an Speierlingen in Baden-Württemberg bzw. Bayern (Abbildung 4-4 und Abbildung 4-5). Bei dieser Erfassung wurden die durch Pflanzung begründeten, stammzahlreichen Bestände in Thüringen und im Saarland nicht berücksichtigt.

*Tabelle 4-1: Anzahl der kartierten Vorkommen\*, Baumzahlen in den kartierten Vorkommen und Flächengröße der kartierten Vorkommen, sowie abgeleitete Parameter (Anzahl Bäume / ha Fläche, Anzahl Vorkommen / 1.000 km<sup>2</sup> Landesfläche, Baumzahlen / 1.000 km<sup>2</sup> Landesfläche).*

BL	Anzahl Vorkommen	Anzahl Bäume	Gesamtfläche aller Vorkommen	Anzahl Bäume / ha Fläche	Anzahl Vorkommen / 1.000 km <sup>2</sup> Landesfläche	Anzahl Bäume / 1.000 km <sup>2</sup> Landesfläche
BB	0					
BW	107	1.481	7.240,1	0,2	3,0	41,4
BY	106	1.001	2.744,6	0,4	1,5	14,2
HE	0					
MV	0					
NI	0					
NW	6	67	18,6	3,6	0,2	2,0
RP	5	52	100,5	0,5	0,3	2,6
SH	0					
SL	0					
SN	0					
ST	20	161	458,5	0,4	1,0	7,9
TH	6	43	23,4	1,8	0,4	2,7
DE	250	2.805	10.585,7	0,3	0,7	7,9

\* in der Tabelle sind nur Speierlinge aus angenommener natürlicher Verbreitung aufgenommen

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

Die Hauptvorkommen des Speierlings liegen in den klimatisch begünstigten Gebieten im nördlichen Baden-Württemberg, v. a. in Gäulandschaften und Keupergebieten, in den Wuchsgebieten Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene, im Neckarland, auf der Fränkischen Platte und im Thüringer Becken und Trias-Hügelland.

Die meisten natürlichen Vorkommen (86) mit 1.338 Speierlingen kommen im WG 62 Fränkische Platte, gefolgt vom WG 61 Fränkischer Keuper und Albvorland mit 74 Beständen und 485 Speierlingen und WG 75 Neckarland mit 50 Beständen und 353 Speierlingen vor. Im WG 65 Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene wurden zwar nur 16 Bestände, aber insgesamt 334 Speierlinge kartiert. Im WG 35 Nordthüringisches Trias-Hügelland wurden 17 Bestände mit 168 Bäumen aufgenommen. Bei den zahlreich kartierten Speierlingen in den anderen Wuchsgebieten handelt es sich überwiegend um Pflanzungen.

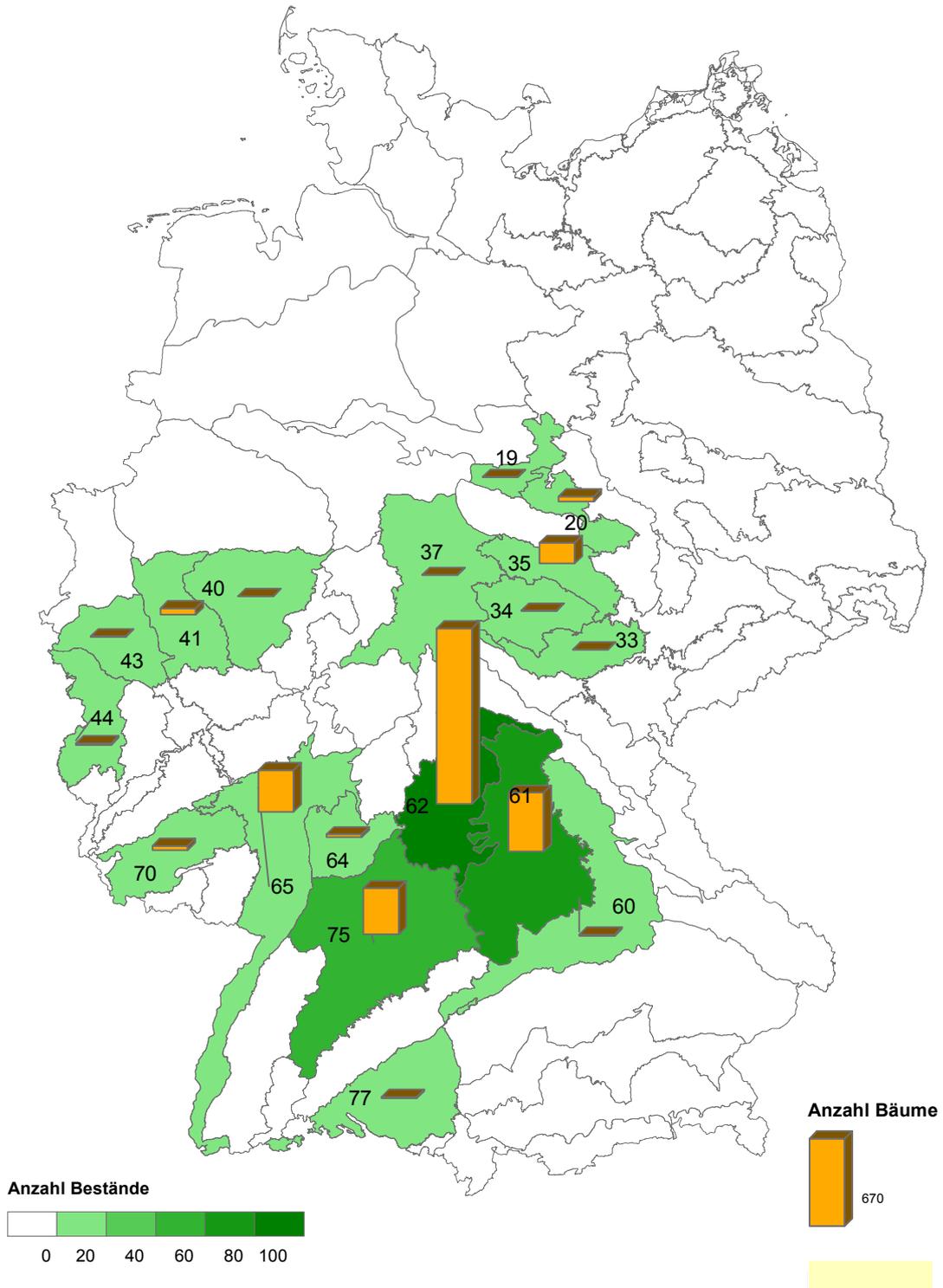


Abbildung 4-7: Anzahl der kartierten Bestände und Anzahl der kartierten Bäume nach Wuchsgebieten.

Tabelle 4-2: Anzahl der kartierten Bestände und Anzahl der kartierten Bäume in den Wuchsgebieten Deutschlands.

Nr	Wuchsgebiet	Bestände	Baumzahl
1	Schleswig-Holstein Nordwest	0	0
2	Jungmoränenlandschaft Schleswig-Holstein Ost / Nordwest-Mecklenburg	0	0
3	Schleswig-Holstein Südwest	0	0
4	Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland	0	0
5	Ostholsteinisch-Westmecklenburger Jungmoränenland	0	0
6	(Mittel-) Mecklenburger Jungmoränenland	0	0
7	Ostmecklenburg-Vorpommersches Jungmoränenland	0	0
8	Ostvorpommersches Küstenland	0	0
9	Nordostbrandenburger Jungmoränenland (Mittelbrandenburger Jungmoränenland)	0	0
10	Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nordbrandenburger Jungmoränenland)	0	0
11	Ostniedersächsisch-Altmärkisches Altmoränenland (Westprignitz-Altmärkisches Altmoränenland)	0	0
12	Südost-Holsteinisch-Südwestmecklenburger Altmoränenland	0	0
13	Ostniedersächsisches Tiefland	0	0
14	Niedersächsischer Küstenraum	0	0
15	Mittelwestniedersächsisches Tiefland	0	0
16	Westfälische Bucht	0	0
17	Weserbergland	0	0
18	Nordwestdeutsche Berglandschwelle	0	0
19	Nordwestliches Harzvorland	1	2
20	Nordöstliche Harzvorländer	6	37
21	Sachsen-Anhaltinische Löß-Ebene	0	0
22	Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland	0	0
23	Hoher Fläming	0	0
24	Mittelbrandenburger Talsand- und Moränenland	0	0
25	Düben-Niederlausitzer Altmoränenland	0	0
26	Lausitzer Löß-Hügelland	0	0
27	Zittauer Gebirge	0	0
28	Oberlausitzer Bergland	0	0
29	Elbsandsteingebirge	0	0
30	Westlausitzer Platte und Elbtalzone	0	0
31	Sächsisch-Thüringisches Löß-Hügelland	0	0
32	Leipziger Sandlöß-Ebene	0	0
33	Osthüringisches Trias-Hügelland	1	2
34	Thüringer Becken	1	3
35	Nordthüringisches Trias-Hügelland	16	158
36	Harz	0	0
37	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	1	2
38	Nordwesthessisches Bergland	0	0
39	Nördliches hessisches Schiefergebirge	0	0
40	Sauerland	1	1
41	Bergisches Land	3	50
42	Niederrheinisches Tiefland	0	0
43	Niederrheinische Bucht	1	5
44	Nordwesteifel	1	11
45	Osteifel	0	0
46	Mittelrheintal	0	0
47	Westerwald	0	0
48	Taunus	0	0
49	Wetterau und Gießener Becken	0	0
50	Vogelsberg und östlich angrenzende Sandsteingebiete	0	0
51	Rhön	0	0
52	Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland	0	0
53	Thüringer Gebirge	0	0
54	Vogtland	0	0
55	Erzgebirgsvorland	0	0
56	Erzgebirge	0	0
57	Frankenwald, Fichtelgebirge und Steinwald	0	0

Nr	Wuchsgebiet	Bestände	Baumzahl
58	Oberpfälzer Wald	0	0
59	Oberpfälzer Becken- und Hügelland	0	0
60	Frankenalb und Oberpfälzer Jura	1	10
61	Fränkischer Keuper und Albvorland	64	450
62	Fränkische Platte	86	1.338
63	Spessart	0	0
64	Odenwald	3	23
65	Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene	9	317
66	Hunsrück	0	0
67	Moseltal	0	0
68	Gutland	0	0
69	Saarländisch-Pfälzisches Muschelkalkgebiet	0	0
70	Saar-Nahe Bergland	4	32
71	Westricher Moorniederung	0	0
72	Pfälzerwald	0	0
73	Schwarzwald	0	0
74	Baar-Wutach	0	0
75	Neckarland	50	353
76	Schwäbische Alb	0	0
77	Südwestdeutsches Alpenvorland	1	11
78	Tertiäres Hügelland	0	0
79	Bayerischer Wald	0	0
80	Schwäbisch-Bayerische Schotterplatten- und Altmoränenlandschaft	0	0
81	Schwäbisch-Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge	0	0
82	Bayerische Alpen	0	0

#### 4.1.3 Potentielle natürliche Vegetation

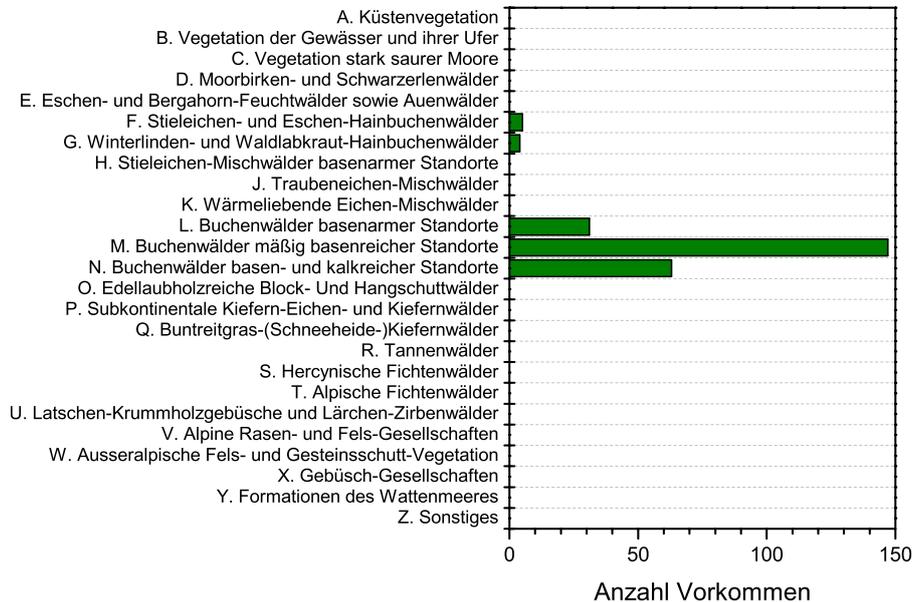


Abbildung 4-8: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen.

Die Speierlingsvorkommen liegen fast ausschließlich in trockenen Buchenwaldgesellschaften und Eichen-Hainbuchen-Wäldern und innerhalb derer überwiegend auf basen- und kalkreichen Standorten in den Keuper- und Gäulandschaften (Abbildung 4-8).

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

Speierlinge kommen selten bestandesbildend vor. Selbst in den als Mittelwald bewirtschafteten Wäldern finden sich Speierlinge meist einzeln oder in kleinen Gruppen. Aus diesem Grund wurden auch einzelne Speierlinge als Genobjekt aufgenommen (insgesamt 105 in vorliegender Untersuchung; vgl. Abbildung 4-9). Wo es sinnvoll erschien, wurden in einem geschlossenen Waldgebiet mehrere Speierlinge als ein Vorkommen erfasst, jedoch jeder einzelne Baum gesondert aufgenommen und mit GPS eingemessen. Die meisten Vorkommen haben daher nur eine geringe Baumzahl. Aufgrund der Seltenheit des Speierlings können dort auch gut veranlagte Einzelbäume hinsichtlich ihrer Erhaltungswürdigkeit hoch eingestuft werden.

Vorkommen mit bis zu 5 Bäumen wurden 61 Stück, mit bis zu 10 Bäumen wurden 30 Stück untersucht. Bestände zwischen 11 und 50 Bäumen sind in den Untersuchungen mit 44 Stück vorhanden. Über 50 Bäume kommen nur in ganz wenigen Beständen in Unterfranken und im Taubertal vor, die übrigen baumzahlreichen, meist jungen Bestände, sind alle aus Pflanzung hervorgegangen (Abbildung 4-9).

Die Speierlingsvorkommen besitzen bundesweit eine Durchschnittsgröße von rund 42 ha sowie eine durchschnittliche Baumzahl von rund 4 Stück. Die anpflanzungsbereinigt flächenmäßig größten Vorkommen mit rund 68 ha bzw. 26 ha liegen in Baden-Württemberg bzw. in Bayern mit durchschnittlich 5 bzw. 3 Bäumen je Vorkommen (Abbildung 4-10 und Abbildung 4-11).

Bei der Betrachtung der kartierten Bäume bezogen auf 1 ha Bestandesfläche ist die Klasse in einer Größenordnung zwischen 5 und 10 Bäumen am häufigsten vertreten (Abbildung 4-12). Dies war aufgrund der geringen Vorkommenshäufigkeit nicht anders zu erwarten.

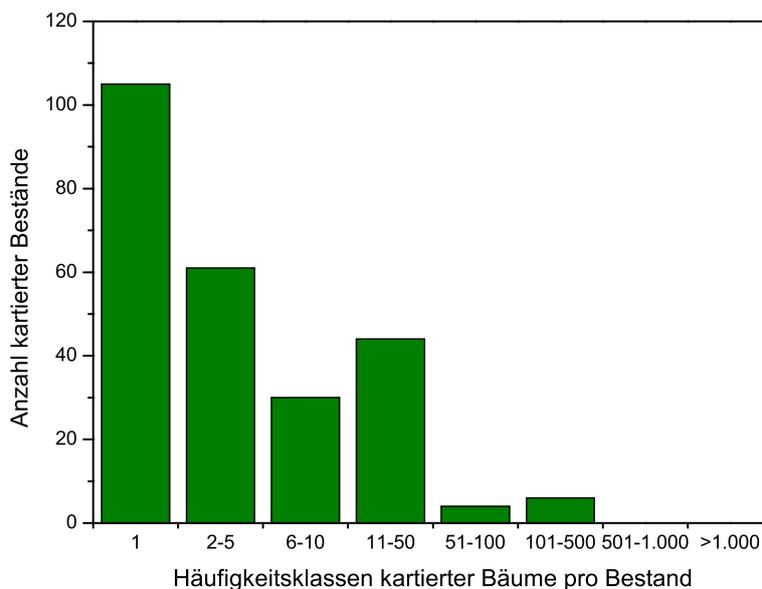


Abbildung 4-9: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen.

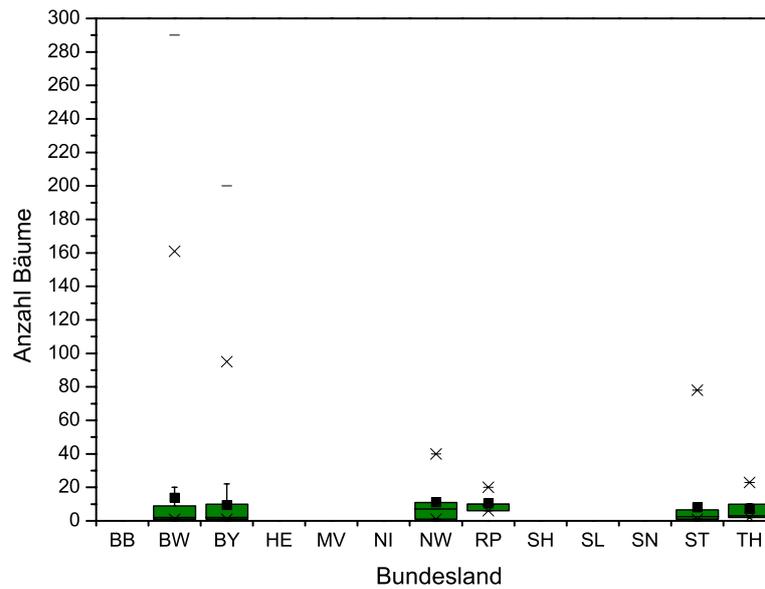


Abbildung 4-10: Anzahl der kartierten Baumzahlen je Vorkommen nach Bundesland.  
(BoxPlot mit Darstellung von Mittelwert (\*), Median (—), Quartile (□), Whisker (┌) und Ausreißern (x)).

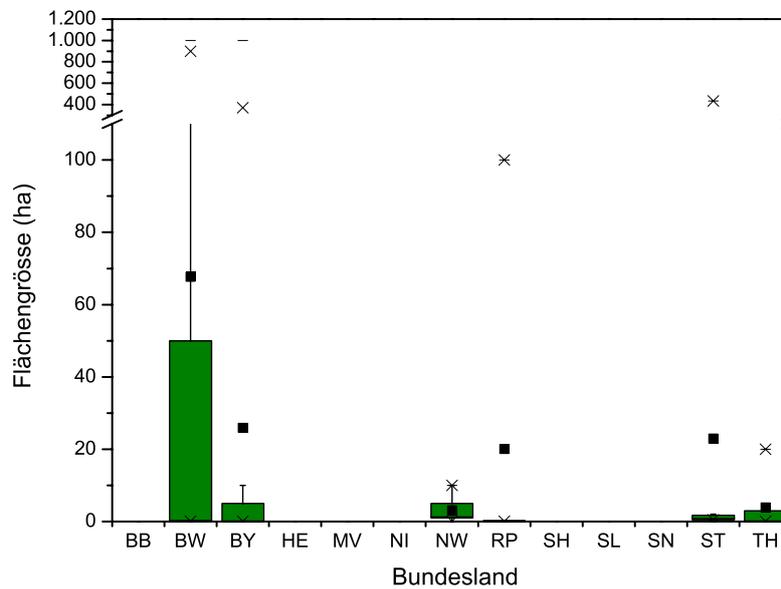


Abbildung 4-11: Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern.  
(BoxPlot mit Darstellung von Mittelwert (\*), Median (—), Quartile (□), Whisker (┌) und Ausreißern (x)).

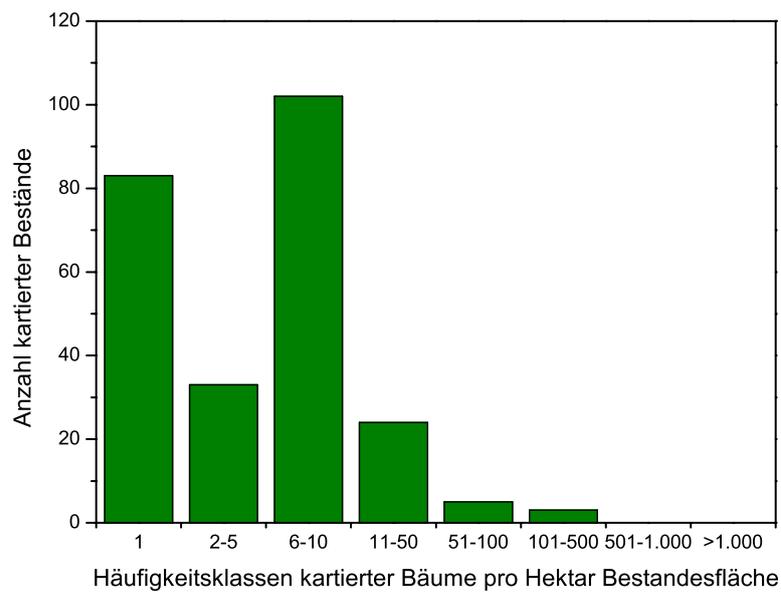


Abbildung 4-12: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen bezogen auf eine Fläche von 1 ha.

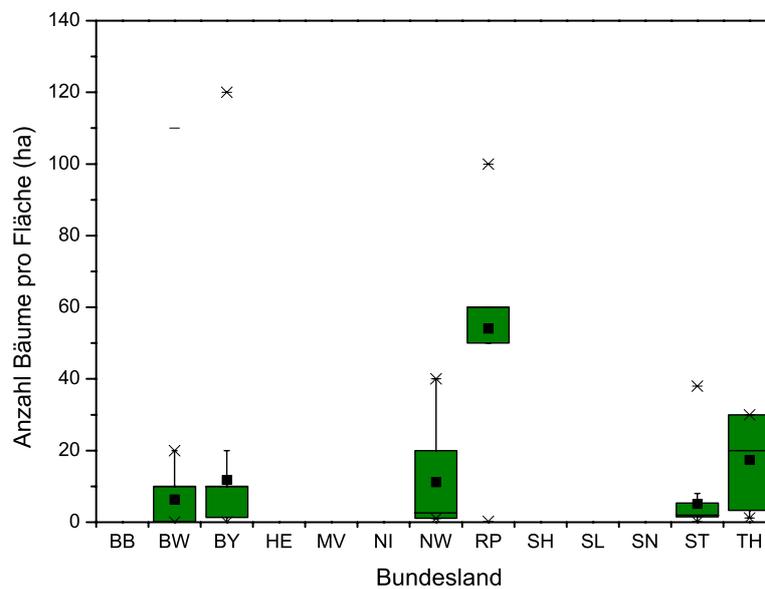


Abbildung 4-13: Baumzahlen pro Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern. (BoxPlot mit Darstellung von Median (—), Quartile (□), Whisker (┌) und Ausreißern (x)).

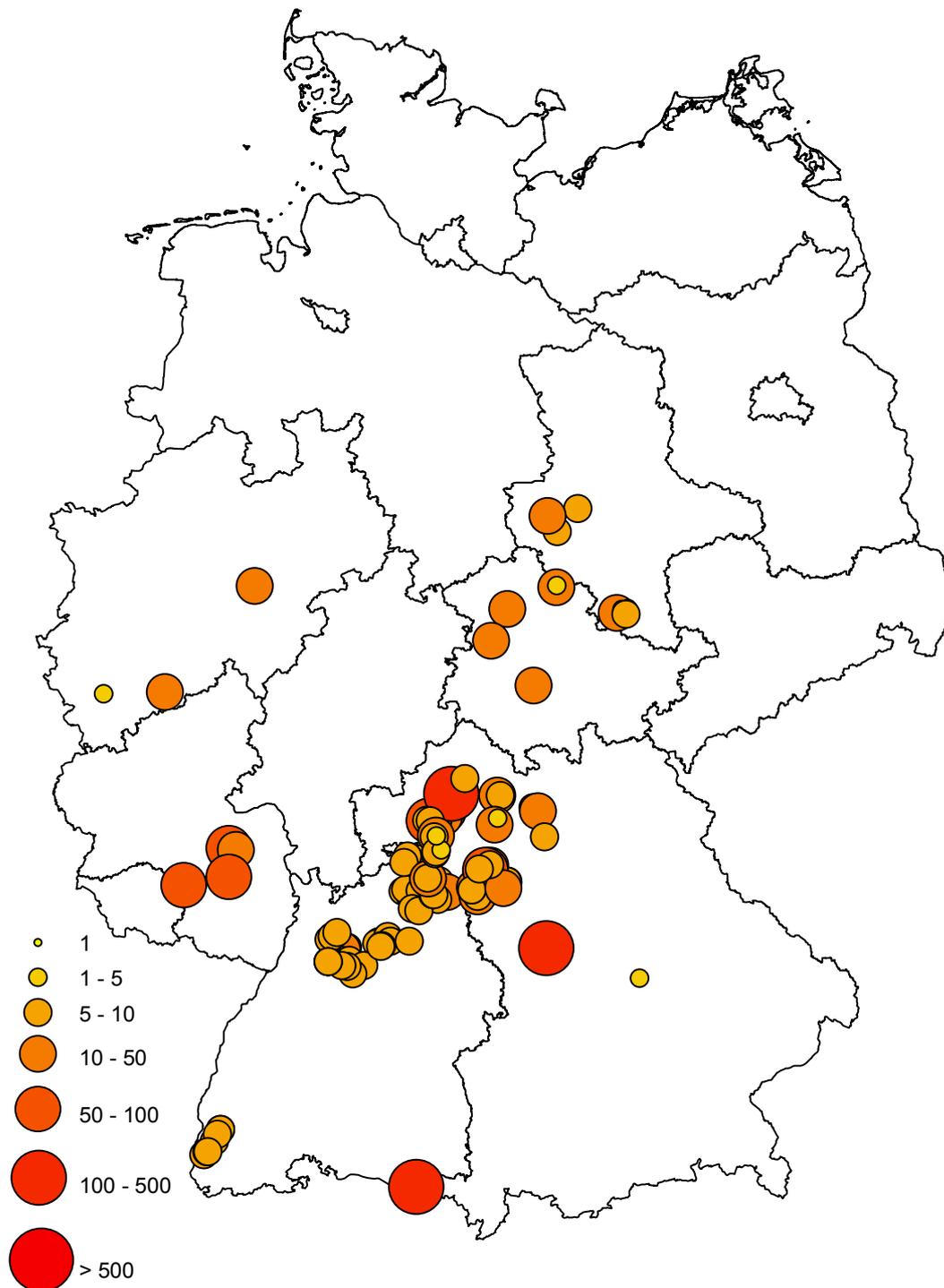


Abbildung 4-14: Lage und Größenklassen (Baumzahlen pro Hektar Bestandesfläche) der kartierten Vorkommen.

#### 4.2.1 Abundanz

Für sich anschließende Auswertungen ist die Einteilung der Baumzahlen nach Abundanzklassen notwendig.

Wie aus Tabelle 4-3 ersichtlich ist, besitzt ein Großteil der Vorkommen nur eine geringe Abundanz. Etwa zwei Drittel der Bestände (62%) weisen 1 bis 4 Individuen auf (Klasse 0), in 40 Beständen konnten 5 bis 10 (Klasse 1) und in 30 Beständen 11 bis 20 Speierlinge (Klasse 2) gefunden werden. Nur in insgesamt 14 Beständen finden sich 21 bis 50 Speierlinge. Über 50 Bäume kommen nur in zehn Beständen vor.

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

Klasse	Individuenzahl	Anzahl	Anzahl (%)
0	1-4	156	62,4
1	5-10	40	16,0
2	11-20	30	12,0
3	21-50	14	5,6
4	51-100	4	1,6
5	101-200	5	2,0
6	201-500	1	0,4
7	501-1.000	0	
8	1.001-3.000	0	
9	3.001-10.000	0	
10	>10.001	0	
	Gesamtzahl	250	

### 4.3 Durchmesserstruktur und Altersstruktur

Die Altersstruktur ist ein entscheidendes Kriterium, um die zukünftige *In-situ*-Überlebensfähigkeit eines Vorkommens einzuschätzen. Da das genaue Alter der Bäume nur mit sehr hohem Aufwand und Schädigung der Pflanzen ermittelt werden kann, soll die Altersstruktur durch drei Durchmesserstufen veranschaulicht werden. Über die Durchmesserstufe wird eine pyramidale Altersstrukturklasse abgeleitet. Dabei sind die Bäume der Stufe < 7 cm niedrigeren und die der Stufe > 20 cm höheren Alters. Je größer die Abweichung von einer idealen pyramidalen Verteilung ist, desto ungünstiger wurde diese bewertet.

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

Die meisten Speierlinge (67 %) in Deutschland sind zwischen 15 und 25 m hoch, liegen in der Durchmesserstufe > 20 cm und sind meist älter als 100 Jahre (Abbildung 4-16). 22 % der Speierlinge weisen einen Durchmesser zwischen 7 und 20 cm auf und nur 11 % liegen unter 7 cm. Ein Großteil der Bestände ist überaltert und weist keine Naturverjüngung auf. Neben einigen Altbäumen konnte Verjüngung, hervorgegangen aus Wurzelbrut, festgestellt werden. Die Verjüngungsfähigkeit ist somit gering (Abbildung 4-15).

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

Abbildung 4-17 verdeutlicht graphisch sechs verschiedene Populationsstrukturen. Die jeweiligen Prozentangaben beziehen sich auf die bundesweit vorhandenen Durchmesseranteile (Balkendiagramm links). Zu jeder demographischen Struktur ist die dazugehörige absolute und relative Vorkommenszahl in einem Balkendiagramm angegeben. Es soll veranschaulicht werden, welche unterschiedlichen Bestandesstrukturen deutschlandweit vorhanden sind.

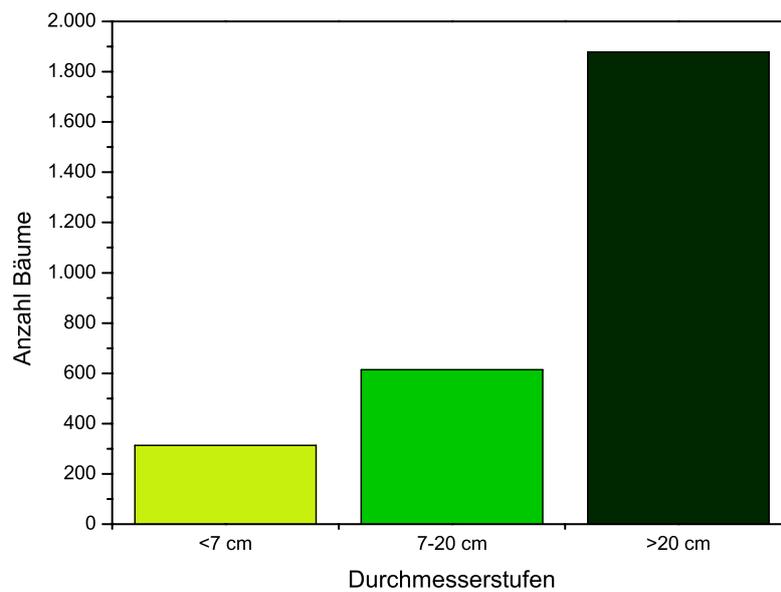


Abbildung 4-15: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen in Deutschland.

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

BL	Durchmesserstufen (absolute Angaben)				Durchmesserstufen (relative Angaben in Prozent)		
	<7 cm	7-20 cm	>20 cm	Σ	<7 cm	7-20 cm	>20 cm
BB	0	0	0	0			
BW	148	230	1.103	1.481	10,0	15,5	74,5
BY	39	250	712	1.001	3,9	24,9	71,2
HE	0	0	0	0			
MV	0	0	0	0			
NI	0	0	0	0			
NW	46	12	9	67	68,4	18,6	13,0
RP	9	30	13	52	17,3	57,7	25,0
SH	0	0	0	0			
SL	0	0	0	0			
SN	0	0	0	0			
ST	49	85	27	161	30,3	52,9	16,8
TH	22	7	14	43	51,3	16,0	32,7
DE	313	614	1.878	2.805	11,2	21,9	67,0



Abbildung 4-16: Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet.

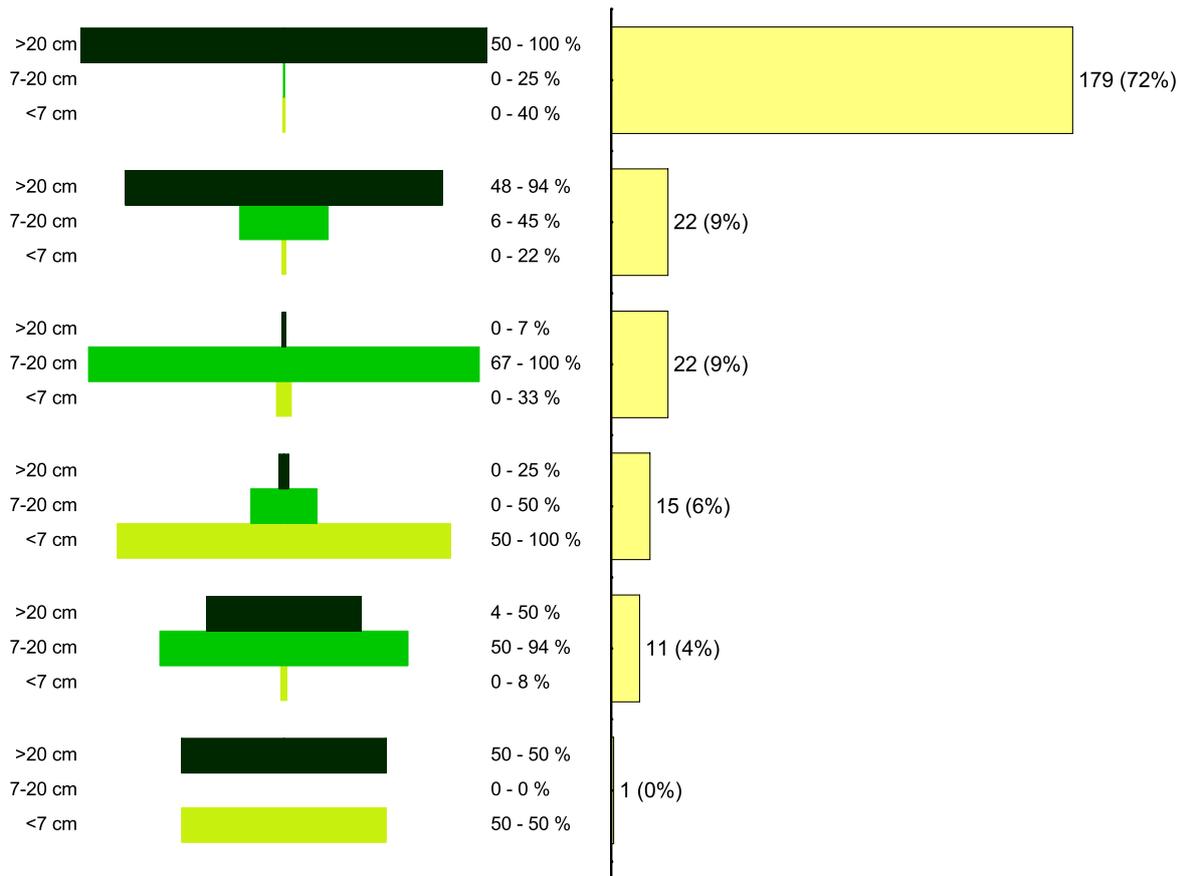


Abbildung 4-17: Altersstrukturen der kartierten Vorkommen und ihre Anzahl in Deutschland.

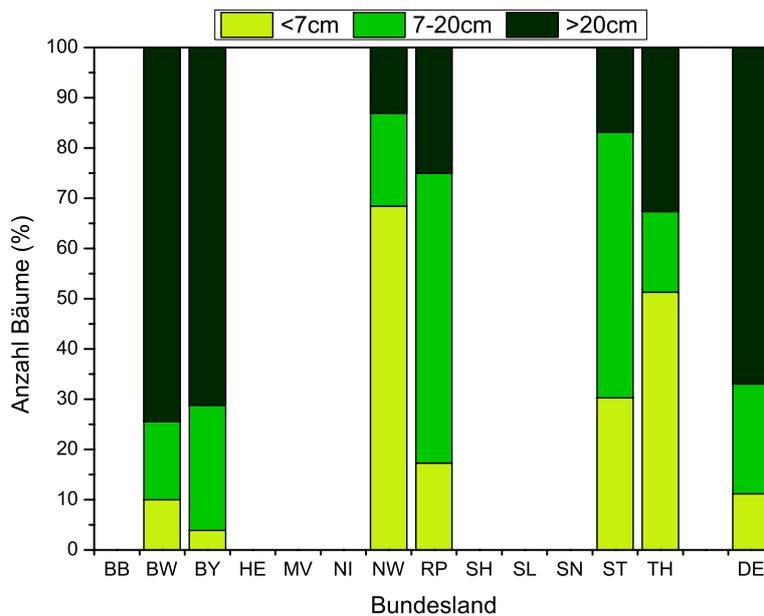


Abbildung 4-18: Prozentuale Verteilung der drei Durchmesserstufen in den Bundesländern und in Deutschland.

Die Struktur der Speierlingsbestände ist sehr unterschiedlich und weicht bis auf wenige Fälle von einer idealen Pyramidenstruktur ab.

Über zwei Drittel der kartierten Speierlinge liegen in der Durchmesserstufe > 20 cm mit nur geringen Anteilen der Durchmesserstufe 7 - 20 cm bzw. < 7 cm. Auffallend hoch ist der Anteil der Bestände in der jüngeren Durchmesserstufe < 7 cm mit insgesamt 15 Beständen bzw. 6 %. In je 22 Beständen (9 %) überwiegt die Durchmesserstufe 7 – 20 cm bzw. > 20 cm mit nur geringem Anteil der kleinsten Durchmesserstufe < 7.

Der Anteil der mittelalten und alten Speierlingsbestände liegt in nahezu allen Bundesländern sehr hoch. Lediglich in Nordrhein-Westfalen, Thüringen und Sachsen-Anhalt sind jüngere Bestände mit knapp 70 % bzw. 50 % und 30 % vertreten (Abbildung 4-18).

### 4.3.2 Altersstrukturqualitätsklassen

Nahezu alle Speierlingsbestände weisen eine starke einseitige, instabile Altersverteilung auf. Nach den definierten **Altersstrukturqualitätsklassen** werden rund 85 % der Vorkommen hinsichtlich ihrer natürlichen Verjüngung (**Überlebensfähigkeit der Population**) der **Altersstrukturqualitätsklasse** "sehr schlecht" bzw. "schlecht" zugeordnet. Nur 33 (= 13 %) Populationen bewegen sich im Mittelfeld und lediglich 2 bzw. 3 Bestände werden als "sehr gut" bzw. "gut", also überlebensfähig, eingestuft (siehe Abbildung 4-19).

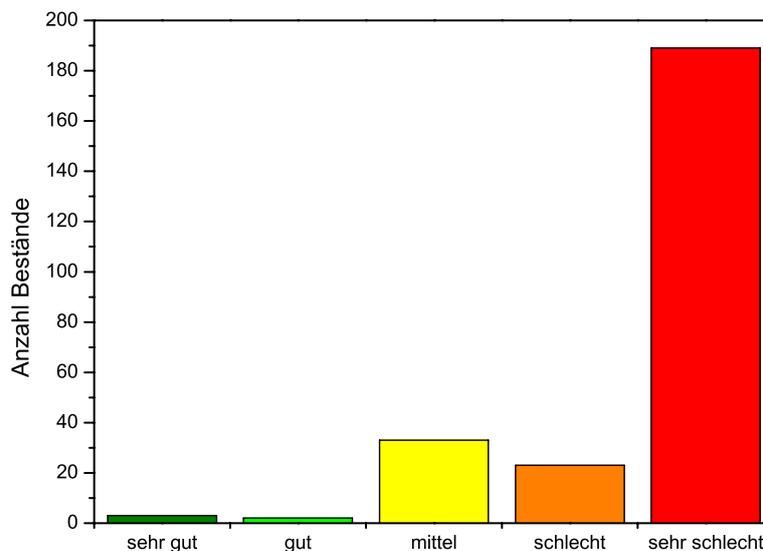


Abbildung 4-19: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Qualitätsklassen der Altersstrukturen in Deutschland.

Ungünstige Altersstrukturen der aufgenommenen Bestände liegen in allen Bundesländern vor. Dies ist nicht verwunderlich, da die Genobjekt-Aufnahme der Speierlinge oftmals einzelstammweise erfolgt ist und es sich überwiegend um ältere Exemplare handelt. Naturverjüngung bzw. Stockausschlag oder Wurzelbrut ist in den seltensten Fällen vorhanden (Abbildung 4-20). Der größte Anteil ältere Speierlinge befindet sich in den Bundesländern Baden-Württemberg, Bayern und Thüringen.

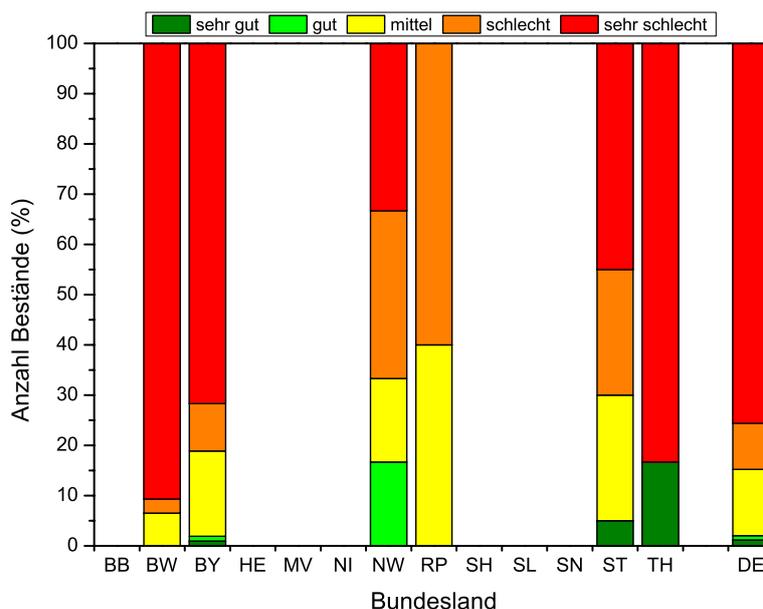


Abbildung 4-20: Prozentuale Verteilung der Altersstrukturklassen in den Bundesländern und in Deutschland.

Tabelle 4-5: Absolute und relative Angaben für die Qualitätsklassen der Altersstrukturen der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern und in Deutschland.

BL	Qualitätsklassen (Absolute Angaben)						Qualitätsklassen (relative Angaben in Prozent)				
	1	2	3	4	5	Σ	1	2	3	4	5
BB	0	0	0	0	0	0					
BW	0	0	7	3	97	107	0,0	0,0	6,5	2,8	90,7
BY	1	1	18	10	76	106	0,9	0,9	17,0	9,4	71,7
HE	0	0	0	0	0	0					
MV	0	0	0	0	0	0					
NI	0	0	0	0	0	0					
NW	0	1	1	2	2	6	0,0	16,7	16,7	33,3	33,3
RP	0	0	2	3	0	5	0,0	0,0	40,0	60,0	0,0
SH	0	0	0	0	0	0					
SL	0	0	0	0	0	0					
SN	0	0	0	0	0	0					
ST	1	0	5	5	9	20	5,0	0,0	25,0	25,0	45,0
TH	1	0	0	0	5	6	16,7	0,0	0,0	0,0	83,3
DE	3	2	33	23	189	250	1,2	0,8	13,2	9,2	75,6

#### 4.4 Vitalitätsstufen

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

Zur Bonitierung der Vitalität der Bäume wurden die Klassen 0 (vital), 1 (geschwächt), 2 (merklich geschwächt) und 3 (absterbend) vergeben (Abbildung 4-21). Für jede der drei

Durchmesserstufen wurde der Gesundheitszustand der Population prozentual in vier Vitalitätsstufen eingeschätzt.

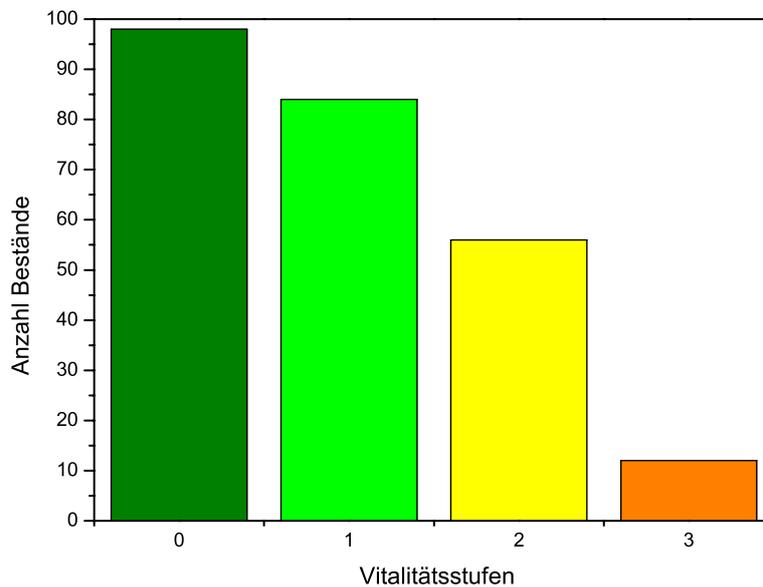


Abbildung 4-21: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Vitalitätsstufen in Deutschland.

Knapp 73 % der kartierten Vorkommen gehören der Vitalitätsstufe 0 bzw. 1 an. Rund 22 % fallen in die Vitalitätsstufe 3 und etwa 5 % in die schlechteste Stufe 4 (Abbildung 4-22). In den letzten beiden Stufen sind rückgängige Bäume oder von anderen dominanten Baumarten unterdrückte oder bedrängte Bäume enthalten. Der überwiegende Teil der älteren Speierlinge ist vital. In Sachsen-Anhalt und in Baden-Württemberg ist der Anteil der weniger vitalen Speierlingsvorkommen am höchsten.

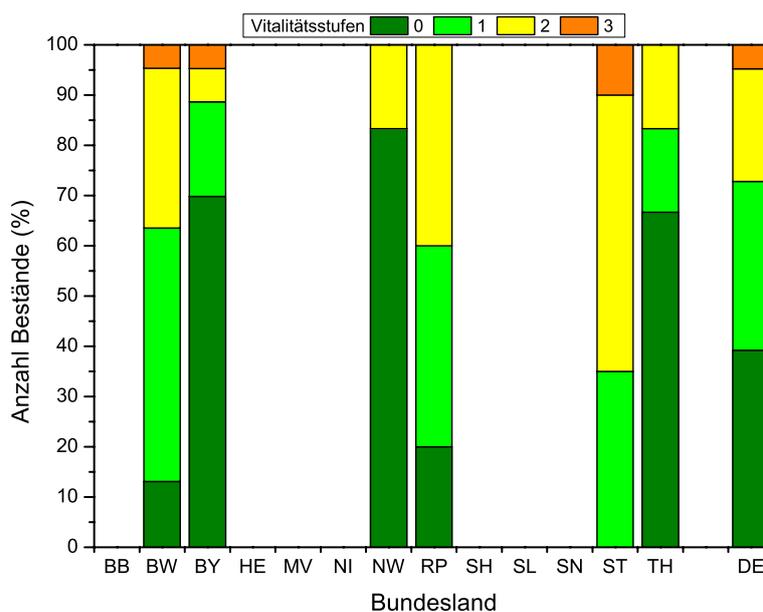


Abbildung 4-22: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen in den Bundesländern und in Deutschland.

Tabelle 4-6: Vitalitätsstufen der kartierten Vorkommen.

BL	Vitalitätsstufen (absolute Angaben)					Vitalitätsstufen (relative Angaben in Prozent)			
	0	1	2	3	∑	0	1	2	3
BB	0	0	0	0	0				
BW	14	54	34	5	107	13,1	50,5	31,8	4,7
BY	74	20	7	5	106	69,8	18,9	6,6	4,7
HE	0	0	0	0	0				
MV	0	0	0	0	0				
NI	0	0	0	0	0				
NW	5	0	1	0	6	83,3	0,0	16,7	0,0
RP	1	2	2	0	5	20,0	40,0	40,0	0,0
SH	0	0	0	0	0				
SL	0	0	0	0	0				
SN	0	0	0	0	0				
ST	0	7	11	2	20	0,0	35,0	55,0	10,0
TH	4	1	1	0	6	66,7	16,7	16,7	0,0
DE	98	84	56	12	250	39,2	33,6	22,4	4,8

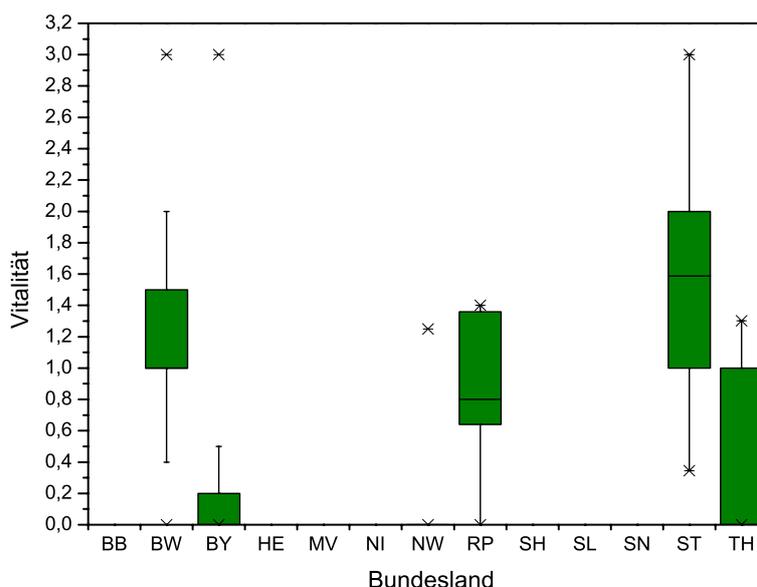


Abbildung 4-23: Verteilung der mittleren Vorkommensvitalität in den Bundesländern.  
(BoxPlot mit Darstellung von Median (—), Quartile (□), Whisker (┌) und Ausreißern (x)).

Die beste Vitalität weisen die bayerischen Vorkommen auf mit einer mittleren Vorkommensvitalität von 0 bis 0,2 (Abbildung 4-23). Die Vorkommen sind relativ homogen mit geringer Streuung. In guten Vitalitätsbereichen liegen die Vorkommen in Thüringen, Rheinland-Pfalz und Baden-Württemberg mit einem Medianwert von 0,4 bis 1,1, allerdings mit einer größeren Streuung als die bayerischen Vorkommen. Die geringste mittlere Vitalität haben die Vorkommen in Sachsen-Anhalt mit durchschnittlich 1,6. Bei insgesamt sechs Beständen in Nordrhein-Westfalen liegen 5 in der Vitalitätsstufe 0, einer in der Vitalitätsstufe 2.

Wie aus der Abbildung 4-24 ersichtlich ist, liegen die meisten vitalen Vorkommen in den Keuperlandschaften Mittel- und Unterfrankens sowie im Bereich des Neckar- und Taubertales. Einzelne vitale Vorkommen liegen verstreut in den oben genannten Bundesländern.

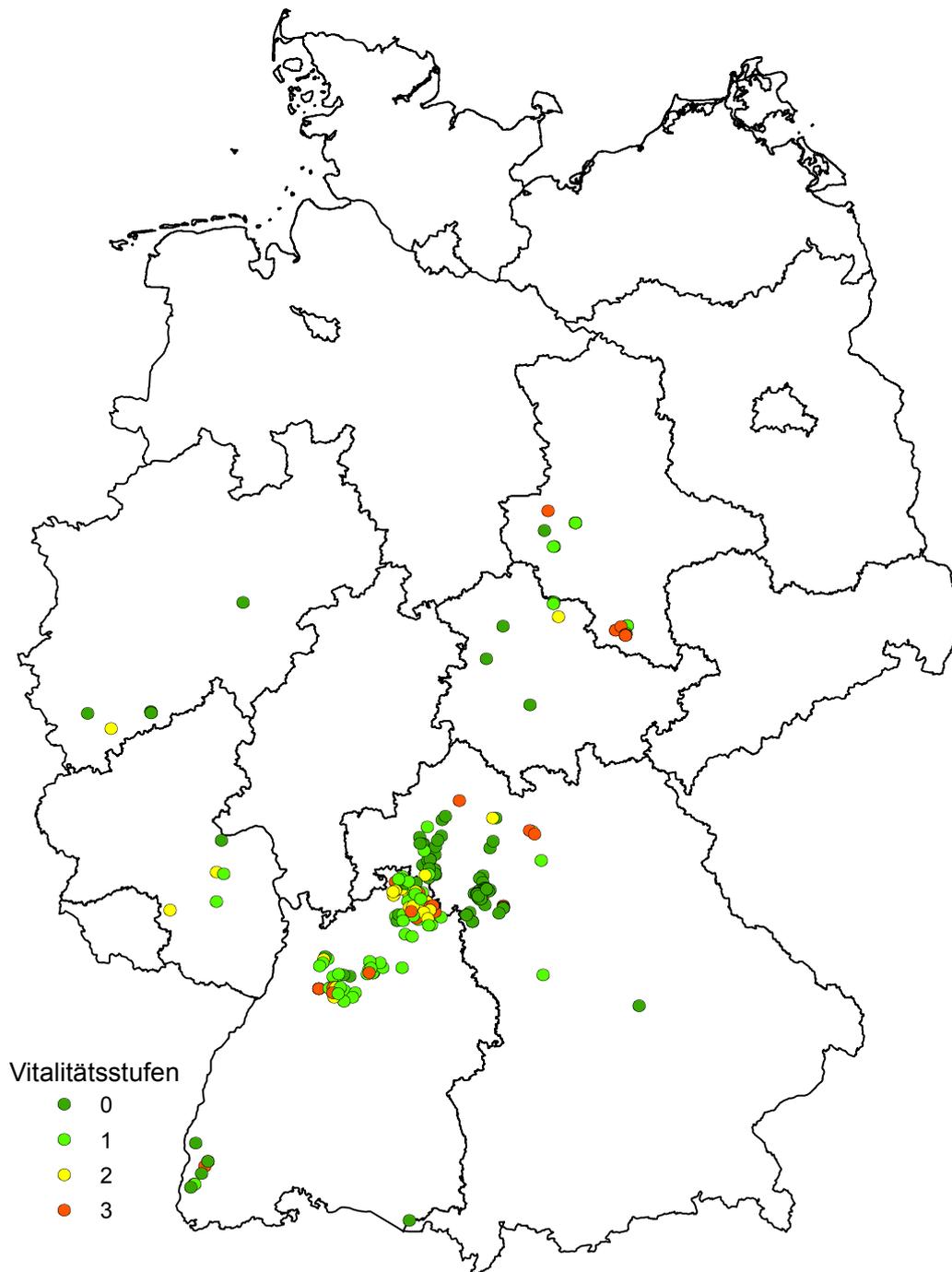


Abbildung 4-24: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen.

## 4.5 Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen

In den folgenden Diagrammen werden einerseits die Verteilung der Vitalitätsstufen in den drei Durchmesserstufen und andererseits die Anteile der Durchmesserstufen in den vier Vitalitätsstufen dargestellt.

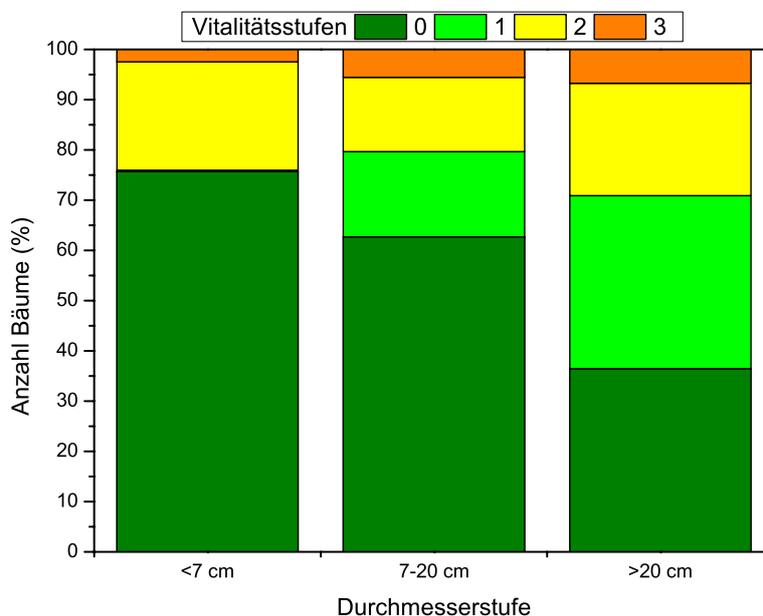


Abbildung 4-25: Vitalitätsanteile in den Durchmesserstufen.

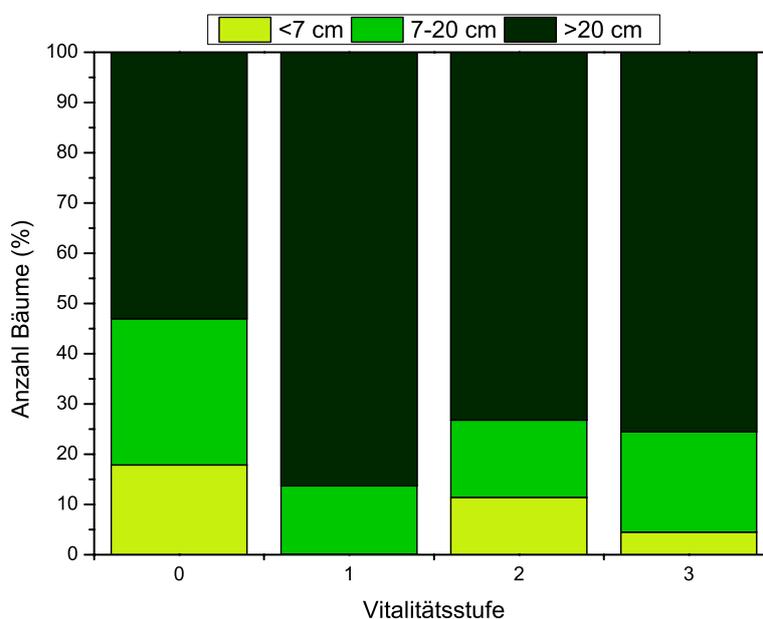


Abbildung 4-26: Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen.

75 % der Bäume in der Durchmesserstufe <7 cm wurden in die Vitalitätsstufe 0 "sehr gut" eingestuft. Je größer die Durchmesserstufe bzw. je älter die Speierlinge sind, desto geringfügig höher sind die Anteile der Vitalitätsstufen 2 und 3 (Abbildung 4-25).

Der Anteil der älteren Speierlinge ist in der Vitalitätsstufe 1 am stärksten vertreten, gefolgt von der Vitalitätsstufe 2 und 3. Auffallend ist der relativ hohe Anteil der Durchmesserstufe < 7 cm in der Vitalitätsstufe 2 und 3 (Abbildung 4-26). Offensichtlich werden jüngere Bäume durch Nachbarbäume bedrängt und aufgrund fehlenden Lichtgenusses in ihrer Vitalität geschwächt.

## 4.6 Naturverjüngung

Bei der Kartierung wurde die aktuelle Naturverjüngung, soweit vorhanden, mit erfasst. Anpflanzungen gelten nicht als Naturverjüngung. Vergleicht man die Naturverjüngungsanteile auf der Ebene der Bundesländer, so erkennt man, dass überall die Zahl der Vorkommen ohne Naturverjüngung überwiegt.

In Nordrhein-Westfalen liegt der Anteil der Vorkommen mit Naturverjüngung bei knapp 50 %, gefolgt von Thüringen mit 30 %, Baden-Württemberg mit 20 % und Sachsen-Anhalt mit 15 %. In Bayern oder Rheinland-Pfalz sind alle Vorkommen ohne oder nur ein geringer Anteil mit Naturverjüngung ausgestattet (Abbildung 4-27).

Die Werte verdeutlichen das geringe Verjüngungspotential des Speierlings. Die natürliche Vermehrung durch Samen ist problematisch. Zum einen keimen die Samen nur schlecht und zum andern werden sie vom Wild gerne gefressen. Die Vermehrung erfolgt meist über Wurzelbrut oder durch Nachzucht in Pflanzschulen.

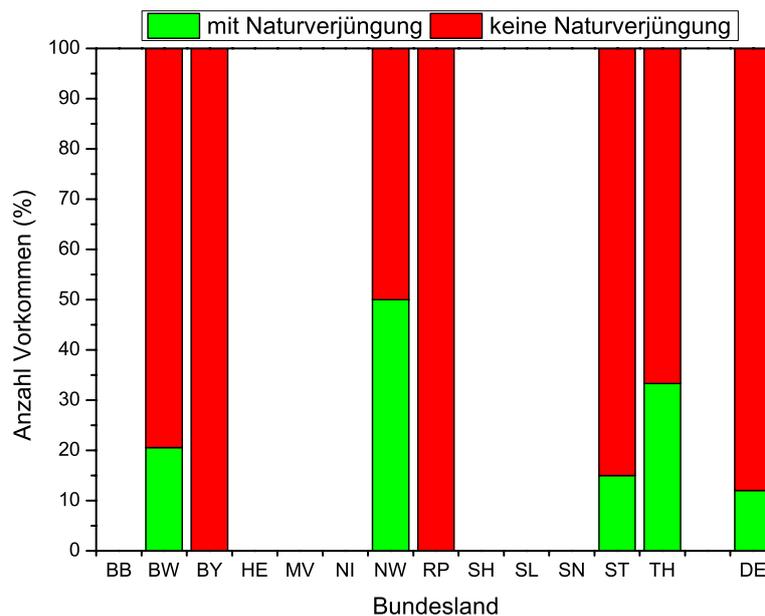


Abbildung 4-27: Anteile der Vorkommen mit Naturverjüngung.

Die meisten Vorkommen mit Naturverjüngung liegen in Baden-Württemberg und nur wenige in Rheinland-Pfalz, in Thüringen und Sachsen-Anhalt (Abbildung 4-28).

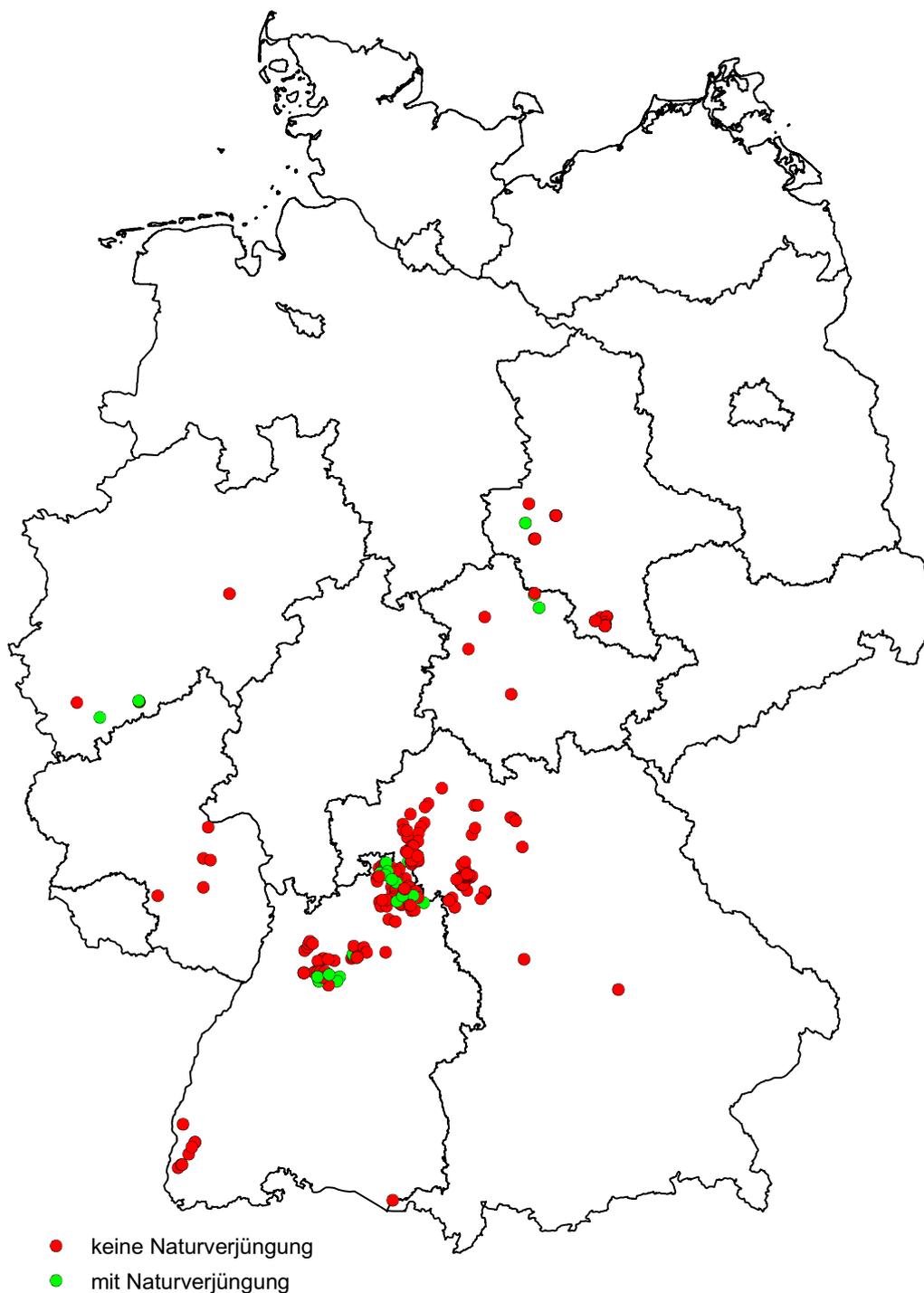


Abbildung 4-28: Übersicht der Vorkommen mit oder ohne Naturverjüngung.

## 4.7 Eigentumsverhältnisse

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

Vorkommens lag. Bei einem kleinen Teil der Vorkommen konnte die Eigentumsart nicht ermittelt werden.

Die meisten Vorkommen liegen im Körperschaftswald, gefolgt von Staatswald, Groß- und Kleinprivatwald. Wenige Flächen liegen im Bundeswald (Abbildung 4-29).

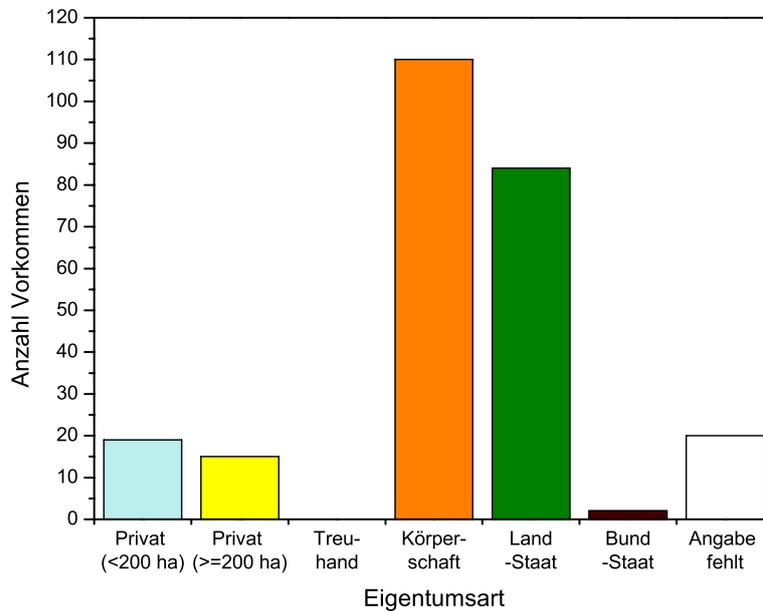


Abbildung 4-29: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen innerhalb Deutschlands.

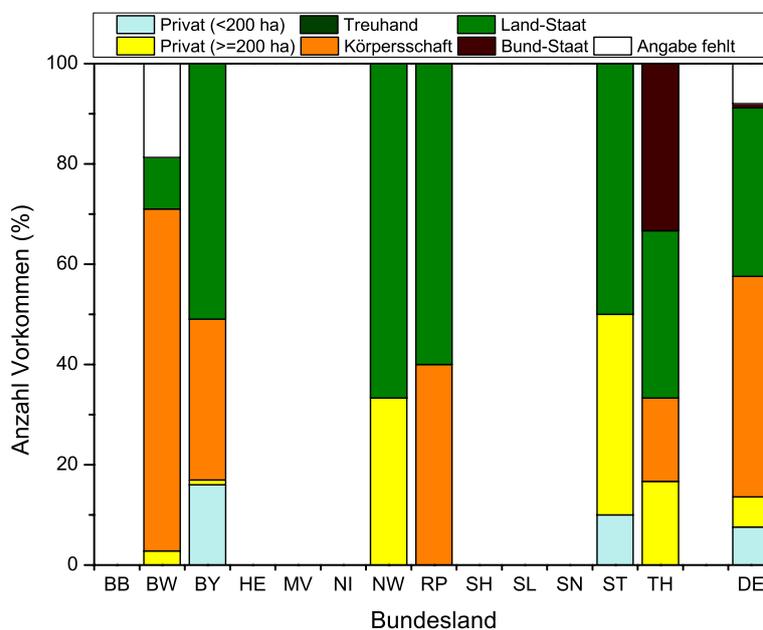


Abbildung 4-30: Prozentuale Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern und in Deutschland.

Tabelle 4-7: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen.

BL	Eigentumsart (absolute Angaben)							Eigentumsart (relative Angaben in Prozent)							
	Privat <200	Privat >=200	Treuhand	Körperschaft	Land-Staat	Bund-Staat	keine Angabe	Σ	Privat <200	Privat >=200	Treuhand	Körperschaft	Land-Staat	Bund-Staat	keine Angabe
BB	0	0	0	0	0	0	0	0							
BW	0	3	0	73	11	0	20	107	0,0	2,8	0,0	68,2	10,3	0,0	18,7
BY	17	1	0	34	54	0	0	106	16,0	0,9	0,0	32,1	50,9	0,0	0,0
HE	0	0	0	0	0	0	0	0							
MV	0	0	0	0	0	0	0	0							
NI	0	0	0	0	0	0	0	0							
NW	0	2	0	0	4	0	0	6	0,0	33,3	0,0	0,0	66,7	0,0	0,0
RP	0	0	0	2	3	0	0	5	0,0	0,0	0,0	40,0	60,0	0,0	0,0
SH	0	0	0	0	0	0	0	0							
SL	0	0	0	0	0	0	0	0							
SN	0	0	0	0	0	0	0	0							
ST	2	8	0	0	10	0	0	20	10,0	40,0	0,0	0,0	50,0	0,0	0,0
TH	0	1	0	1	2	2	0	6	0,0	16,7	0,0	16,7	33,3	33,3	0,0
DE	19	15	0	110	84	2	20	250	7,6	6,0	0,0	44,0	33,6	0,8	8,0

Sehr differenzierter sieht die Verteilung der Eigentumsarten in den einzelnen Bundesländern aus. Während in Baden-Württemberg, Bayern und Rheinland-Pfalz die Vorkommen fast ausschließlich im öffentlichen Wald (Staats- und Körperschaftswald) liegen, verteilen sich die Vorkommen in den Bundesländern Nordrhein-Westfalen und Sachsen-Anhalt etwa zu gleichen Teilen auf Staats- und Großprivatwald. Die 6 Vorkommen in Thüringen verteilen sich etwa gleich auf Bundeswald, Landeswald, Körperschaftswald und Großprivatwald (Abbildung 4-30).

Bundesweit nimmt der Körperschaftswald mit 44 % den größten Anteil ein, gefolgt vom Landeswald mit rund 34 %, dem Kleinprivatwald mit rund 8 % und dem Großprivatwald von 6 %. Die restlichen Vorkommen teilen sich auf Bundeswald (rund 1 %) und oben angeführte Waldkategorien auf, für die keine Angaben vorliegen.

## 4.8 Schutzstatus

Knapp 70 % (174 von 250 Bestände) der untersuchten Speierlings-Vorkommen liegen in Schutzgebieten (Abbildung 4-31). Fast die Hälfte aller Vorkommen (49 %, 123 Bestände) befindet sich in Natura 2000 Gebieten - 52 Bestände in Flora-Fauna-Habitaten, 17 Bestände in Vogelschutzgebieten und bei 54 Beständen ist die Fläche sowohl als FFH als auch als SPA ausgewiesen. Ein einziges unbedeutendes Vorkommen, zugleich Natura 2000 Gebiet, liegt im thüringischen Nationalpark Hainich. In Biosphärenreservaten bestehen keine der untersuchten Speierlinge. Naturschutzgebiete, die zugleich Natura 2000 Status besitzen, existieren insgesamt 20, die relevante Speierlings-Vorkommen aufweisen.

In insgesamt 125 Landschaftsschutzgebieten und 115 Naturparken wurden Speierlinge untersucht, von denen 43 und 8 außerhalb von Natura 2000 Gebieten liegen. 76 Speierlings-Vorkommen (30 %) unterliegen keinem Schutzstatus.

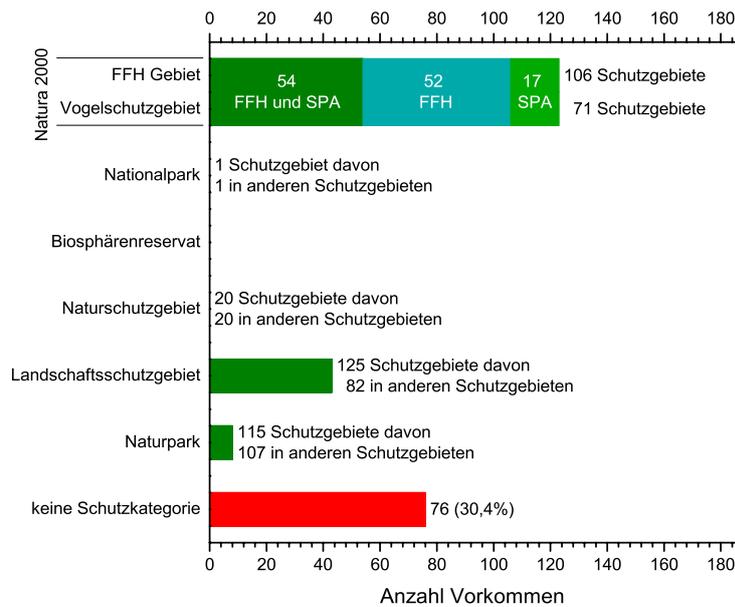


Abbildung 4-31: Anzahl der kartierten Vorkommen in Deutschland mit Schutzstatus.

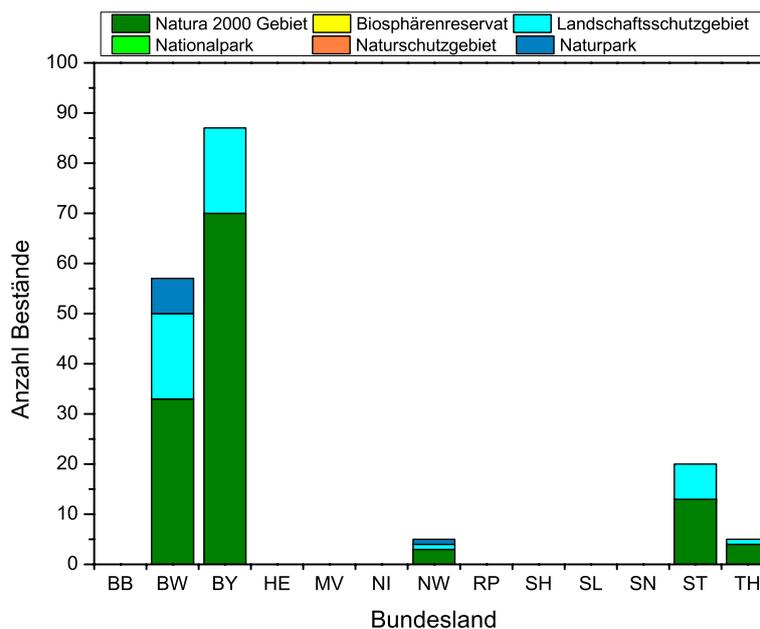


Abbildung 4-32: Anzahl der kartierten Bestände mit verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern. Dargestellt ist der höhere Schutzstatus in der Reihung: Natura 2000 Gebiet (FFH oder SPA) - Nationalpark - Biosphärenreservat - Naturschutzgebiet - Landschaftsschutzgebiet - Naturpark.

In Bayern, mit insgesamt 106 Speierlings-Vorkommen, befinden sich 82 % der Bestände (87) in Schutzgebieten - in Baden-Württemberg, mit einer vergleichbaren Anzahl von 107 Speierlings-Vorkommen sind nur 53 % der Bestände (57) geschützt (vgl. Abbildung 4-32 und Abbildung 4-33). In Bayern haben 70 Bestände Natura 2000 Status, in Baden-Württemberg 33 Bestände. Darüber hinaus bestehen in beiden Bundesländern 17 Vorkommen in Land-

schaftsschutzgebieten und in Baden-Württemberg des weiteren 7 Vorkommen in Naturparks.

In Nordrhein-Westfalen sind 5 der 6 Vorkommen geschützt (3 Natura 2000, 1 LSG, 1 Naturpark). In Thüringen liegen 4 der 6 Vorkommen in Natura 2000 Gebieten und ein Vorkommen in einem Landschaftsschutzgebiet. In Sachsen-Anhalt befinden sich alle 20 untersuchten Vorkommen in einem Schutzgebiet, 13 in Natura 2000 Gebieten und 7 in Landschaftsschutzgebieten. Von den 5 untersuchten Vorkommen in Rheinland-Pfalz ist kein Bestand durch einen entsprechenden Status geschützt.

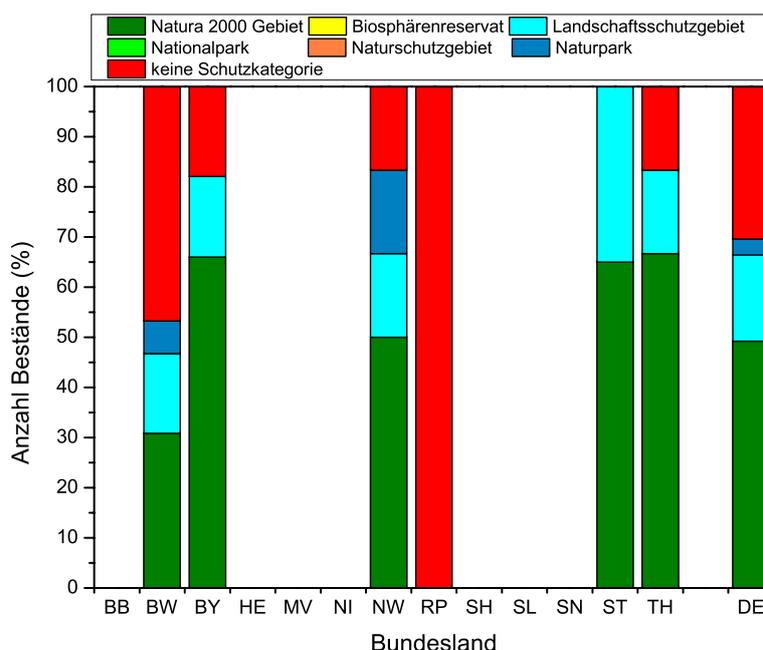


Abbildung 4-33: Prozentuale Verteilung der verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern. Dargestellt ist der höhere Schutzstatus in der Reihung: Natura 2000 Gebiet (FFH oder SPA) - Nationalpark - Biosphärenreservat - Naturschutzgebiet - Landschaftsschutzgebiet - Naturpark.

## 4.9 Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen

Im Rahmen des Projekts wurden 16 Speierlings-Vorkommen für genetische Untersuchungen ausgewählt (Abbildung 4-34). Die Auswahl erfolgte nach den Kriterien Populationsgröße bzw. -zusammenhang, einheitliche Wuchsbedingungen und möglichst geringer anthropogener Einfluss. Die genetische Charakterisierung soll einen Überblick über die genetische Variabilität des Speierlings in Deutschland ermöglichen. Daraus sollen Hinweise für Maßnahmen zur Erhaltung dieser bedrohten Baumart abgeleitet werden. Als genetische Marker wurden Kern-Mikrosatelliten verwendet.

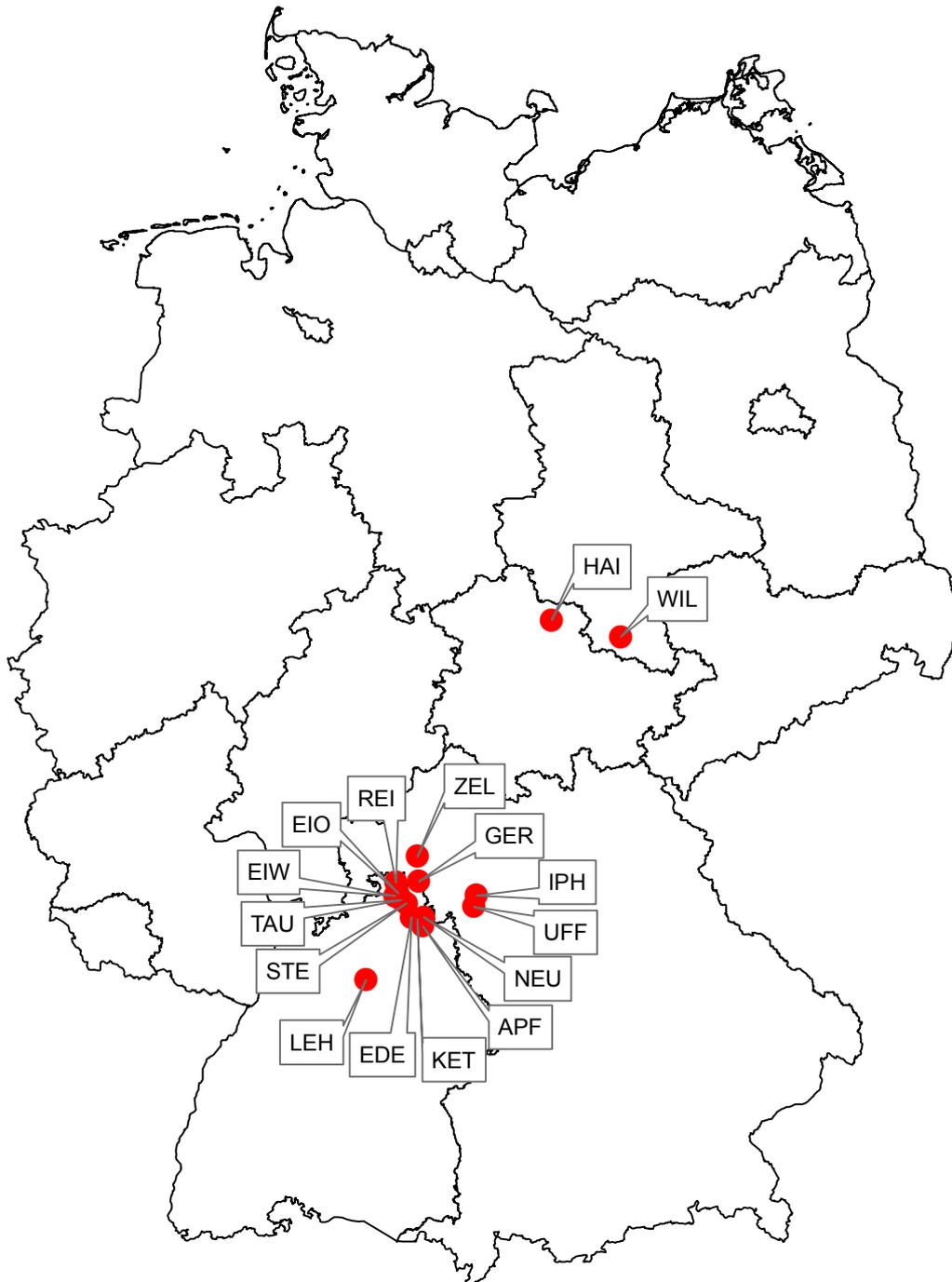


Abbildung 4-34: Lage der ausgewählten und beprobten Bestände innerhalb Deutschland.

Insgesamt wurden 263 Proben von Individuen aus 16 Vorkommen aus den Bundesländern Baden-Württemberg, Bayern, Sachsen-Anhalt und Thüringen untersucht (Tabelle 4-8).

Tabelle 4-8: Überblick über die genetisch untersuchten Speierlings-Vorkommen.

Bundesland	GO-Nr.	Kürzel	Ort / Region	(n)
Baden-Württemberg	77	KET	Ketterwald	6
	76, 510, 511	APF	Apfelbach	10
	78	NEU	Neuses	13
	83	EDE	Edelfingen West	13
	82	EIO	Eiersheim Ost	14
	84	EIW	Eiersheim West	14
	81, 522, 523	LEH	Lehensteinsfeld	11
	75	STE	Steinbacher Höhe	8
	85	TAU	Tauberbischofsheim West	12
	80	GER	Gerchsheim Nord	9
	79	REI	Reicholzheim Klosterhöhe	6
Bayern	1011	ZEL	Zellingen	30
	3	IPH	Iphofen	31
	22, 25, 26, 37-66	UFF	Uffenheim	30
Sachsen-Anhalt	5, 8, 9, 10, 13, 15	WIL	Wilsdorf	31
Thüringen	10	HAI	Hainleite	25
gesamt				263

(n) = Probenumfang

#### 4.9.1 Typisierbarkeit der Mikrosatelliten

Die Analyse der Kern-Mikrosatelliten konnte an 262 Proben durchgeführt werden. Alle sechs Marker wiesen Unterschiede zwischen den Fragmentlängen in Zwei-Basen-Abständen auf, so dass die Fragmentlängen gegebenenfalls gerundet werden konnten. Eine Analyse der Probe ZEL-023 war nicht möglich, da auch bei Wiederholungen der Analyse keines der sechs Primerpaare Ergebnisse lieferte. Hier ist anzunehmen, dass es sich um eine andere Art handelt. Weiterhin waren bei 13 weiteren Proben einzelne Genorte (ein bis zwei Genorte pro Probe, in einem Fall bei UFF-004 auch 3 Genorte) nicht bestimmbar.

#### 4.9.2 Variation allgemein und innerhalb der Vorkommen

An den einzelnen Genloci wurden zwischen 5 und 16 Varianten (Allele) gefunden. Die Häufigkeitsverteilungen der Allele an den einzelnen Genorten über alle Vorkommen hinweg finden sich grafisch illustriert im Anhang. Die allelischen Verteilungen innerhalb der 16 Vorkommen finden sich in Tabellenform ebenfalls im Anhang.

Eine stärker zusammenfassende Darstellung der allelischen Strukturen findet sich in (Tabelle 4-9). Neben der absoluten Anzahl  $n$  von Allelen wird deren effektive Anzahl (Diversität  $\nu$ ) für jeden Genort angegeben und für jedes Vorkommen sowie für die Gesamtheit aller Vorkommen dargestellt. Bei der Multilocus-Betrachtung werden die mittlere Diversität  $\bar{\nu}$  und die hypothetische gametische Multilocus-Diversität  $\nu_{gam}$  angegeben.

Obwohl diese Maße stark von den unterschiedlichen Stichprobengrößen beeinflusst sind, erkennt man doch Unterschiede hinsichtlich der genetischen Variabilität der einzelnen Vorkommen. So weist das thüringische Vorkommen HAI trotz relativ hohem Stichprobenumfang von 25 nur geringe Diversitätsmaße auf und wird bei der mittleren Diversität nur noch von dem extrem kleinen Vorkommen KET (6 Individuen) unterschritten. Gleiches gilt für die absolute Anzahl von gefundenen Allelen. Dagegen sind andere Vorkommen trotz relativ geringen Untersuchungszahlen deutlich vielfältiger ausgestattet, so z. B. der Diversitäts-Spitzenreiter EIW mit nur 14 Bäumen.

ch01h01

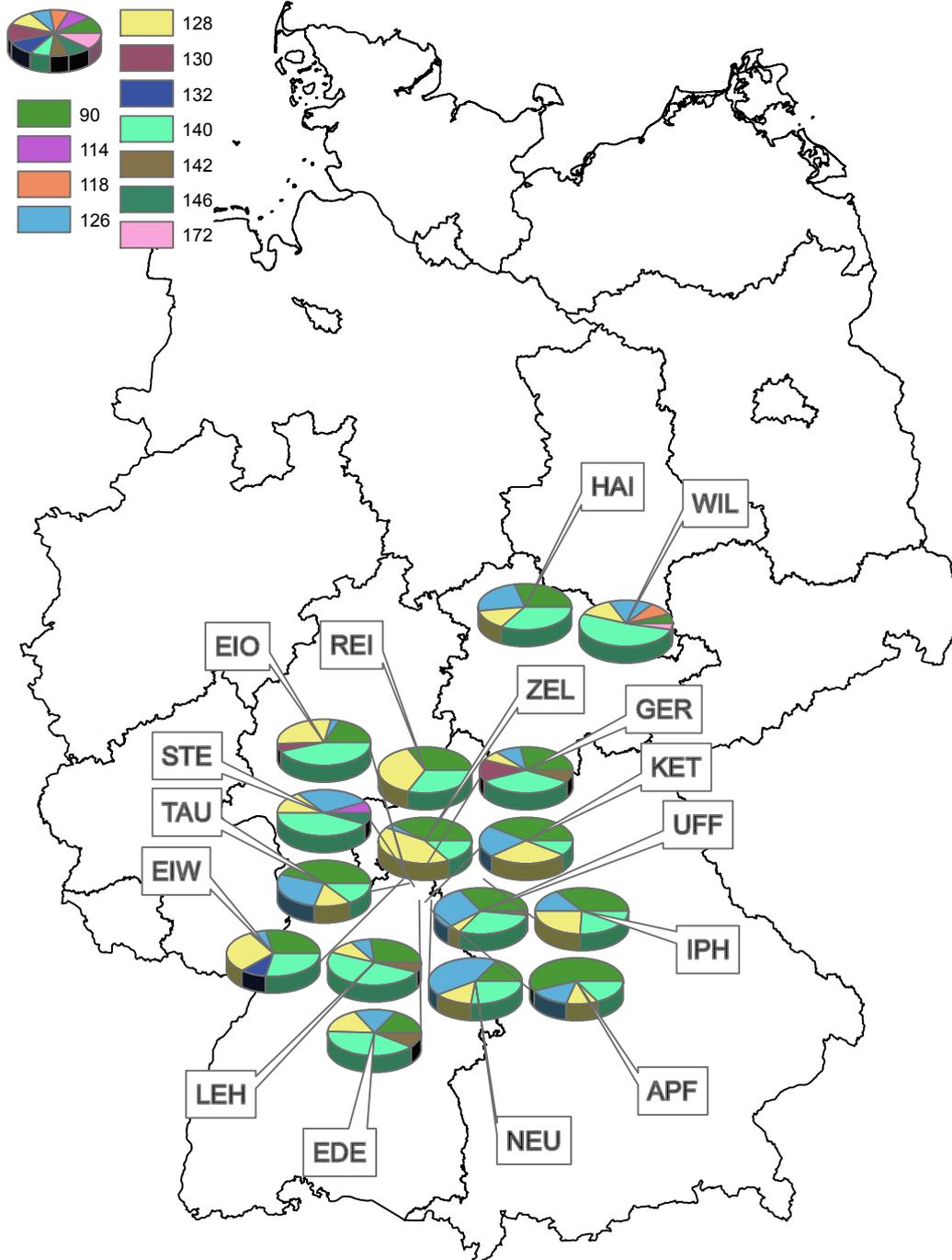


Abbildung 4-35: Allelfrequenzen am Genort ch01h01.

Die höchsten Allelfrequenzen (6) beim Genort ch01h01 (Abbildung 4-35) treten bei den Vorkommen Wilsdorf und Gerchsheim auf. Die zweithöchsten Werte mit 5 Allelfrequenzen weisen die nah beieinander liegenden Vorkommen Edelfingen, Eiersheim Ost, Eiersheim West und Lehrensteinsfeld auf. Die übrigen Vorkommen weisen 4 gleiche Allelsequenzen, das Vorkommen Reicholzheim nur drei auf.

## ch01h10

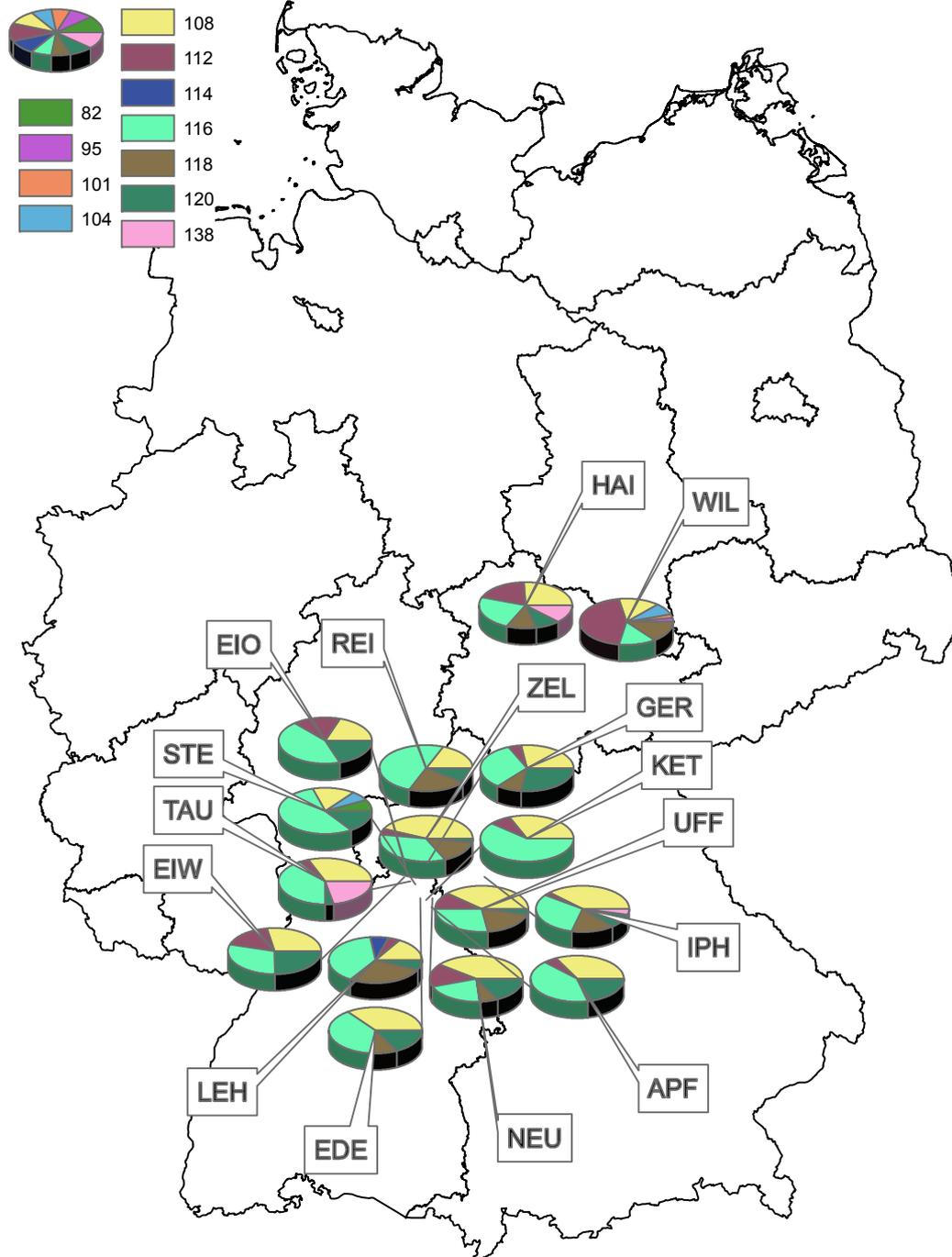


Abbildung 4-36: Allelfrequenzen am Genort ch01h10.

Das Vorkommen Steinbacher Höhe weist beim Genort ch01h10 (Abbildung 4-36) mit Abstand die höchsten Allelhäufigkeiten auf, gefolgt von Wilsdorf und Iphofen. Ähnlich strukturiert sind die Eiersheimer Vorkommen EIO und EIW.

ch02c09

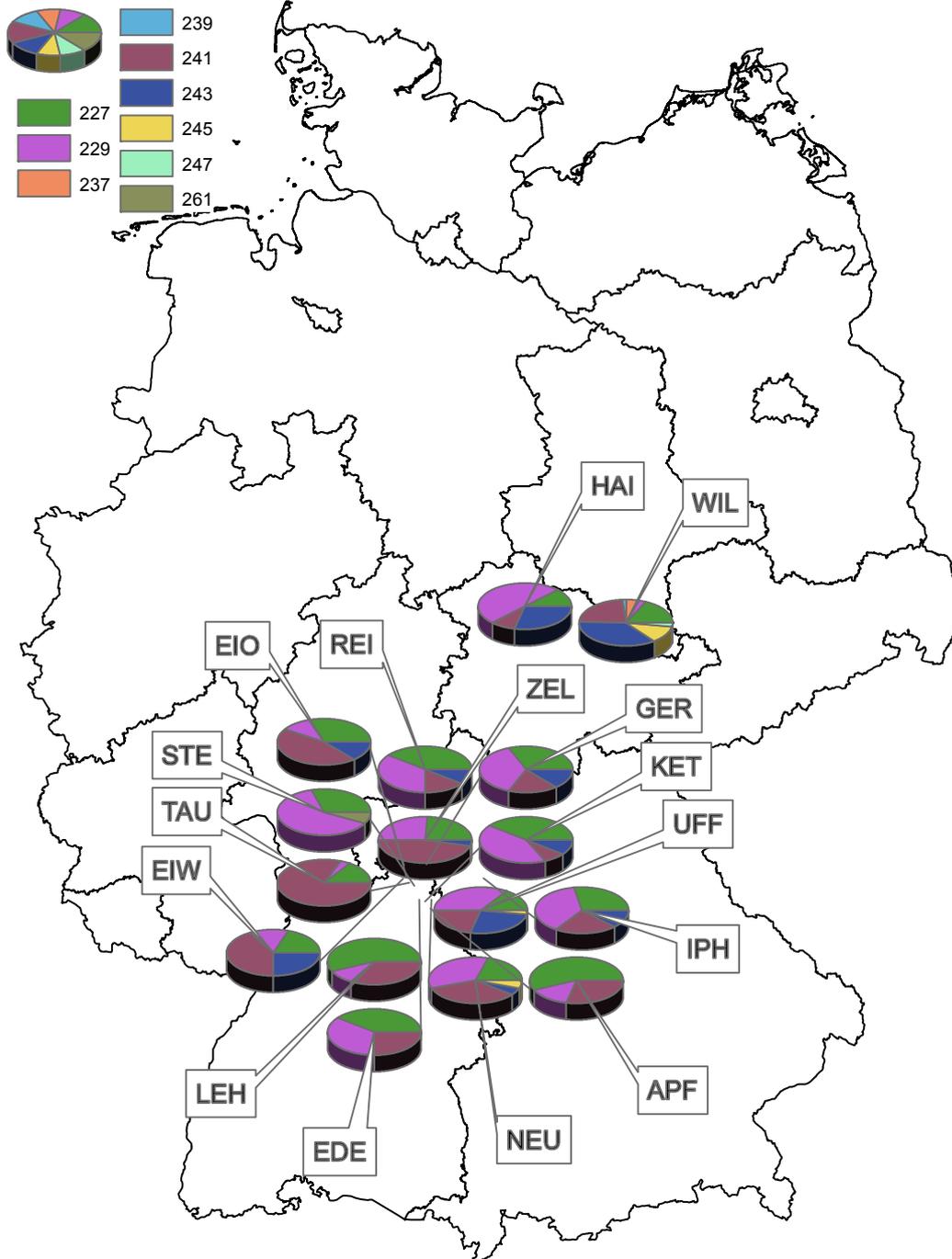


Abbildung 4-37: Allelfrequenzen am Genort ch02c09.

Mit acht verschiedenen Allelfrequenzen am Genort ch02c09 (Abbildung 4-37) hebt sich das Vorkommen Wilsdorf von allen anderen Vorkommen deutlich ab. Uffenheim und Neuses weisen immerhin noch 5 Allelsequenzen auf, während die anderen Vorkommen nur drei bzw. 4 Allelfrequenzen besitzen.

## ch02d08

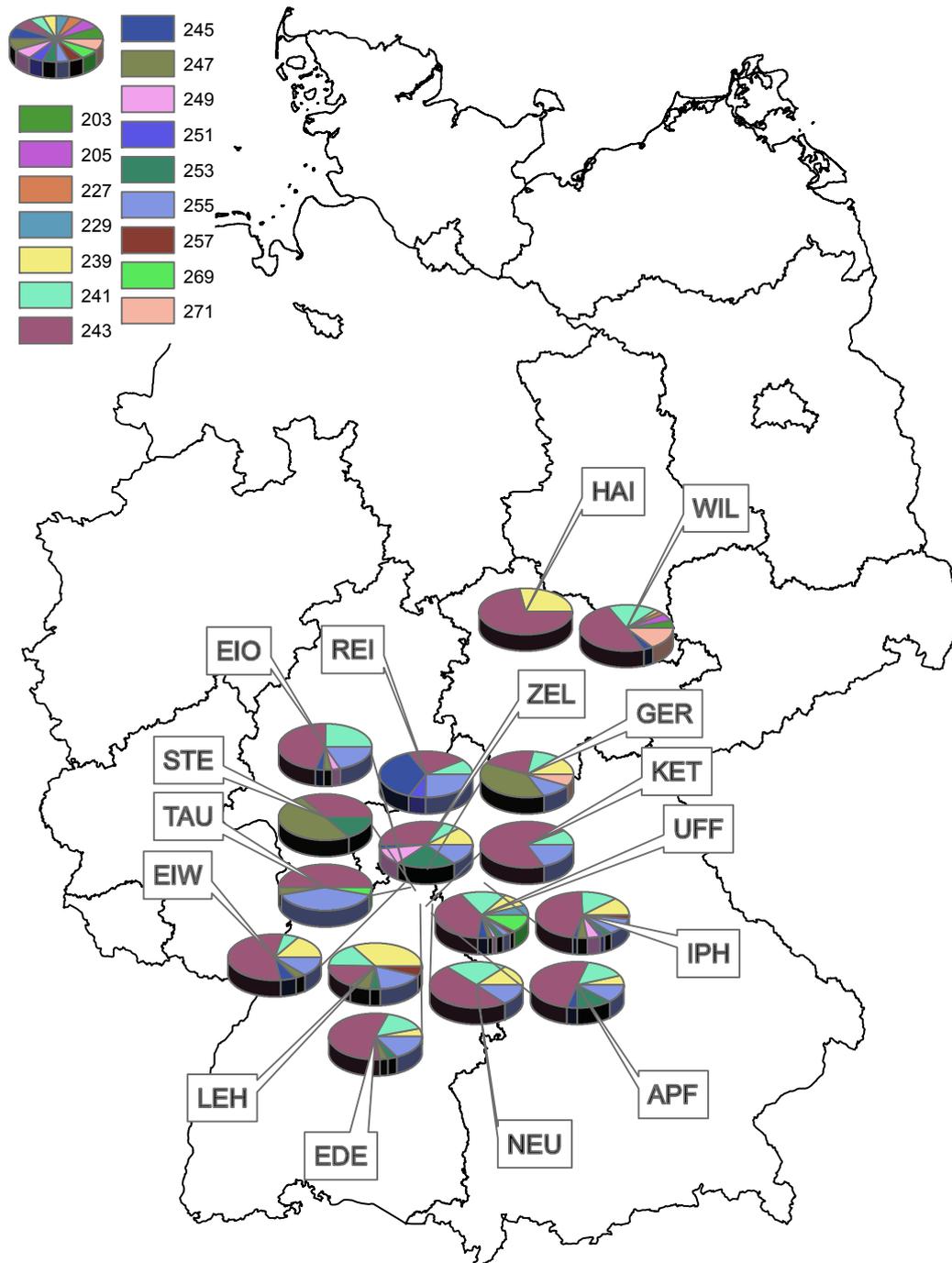


Abbildung 4-38: Allelfrequenzen am Genort ch02d08.

Beim Genort ch02d08 (Abbildung 4-38) nehmen die bayerischen Vorkommen Zellingen, Iphofen, Uffenheim, allen voran das Vorkommen Uffenheim mit 11 Allelfrequenzen, den Spitzenplatz ein. Ähnliche Werte weist das Vorkommen Wildsorf in Sachsen-Anhalt mit immerhin 8 Allelsequenzen auf. Die geringsten Häufigkeiten treten bei dem Vorkommen Ketterwald und Steinbacher Höhe auf.

ms14h03

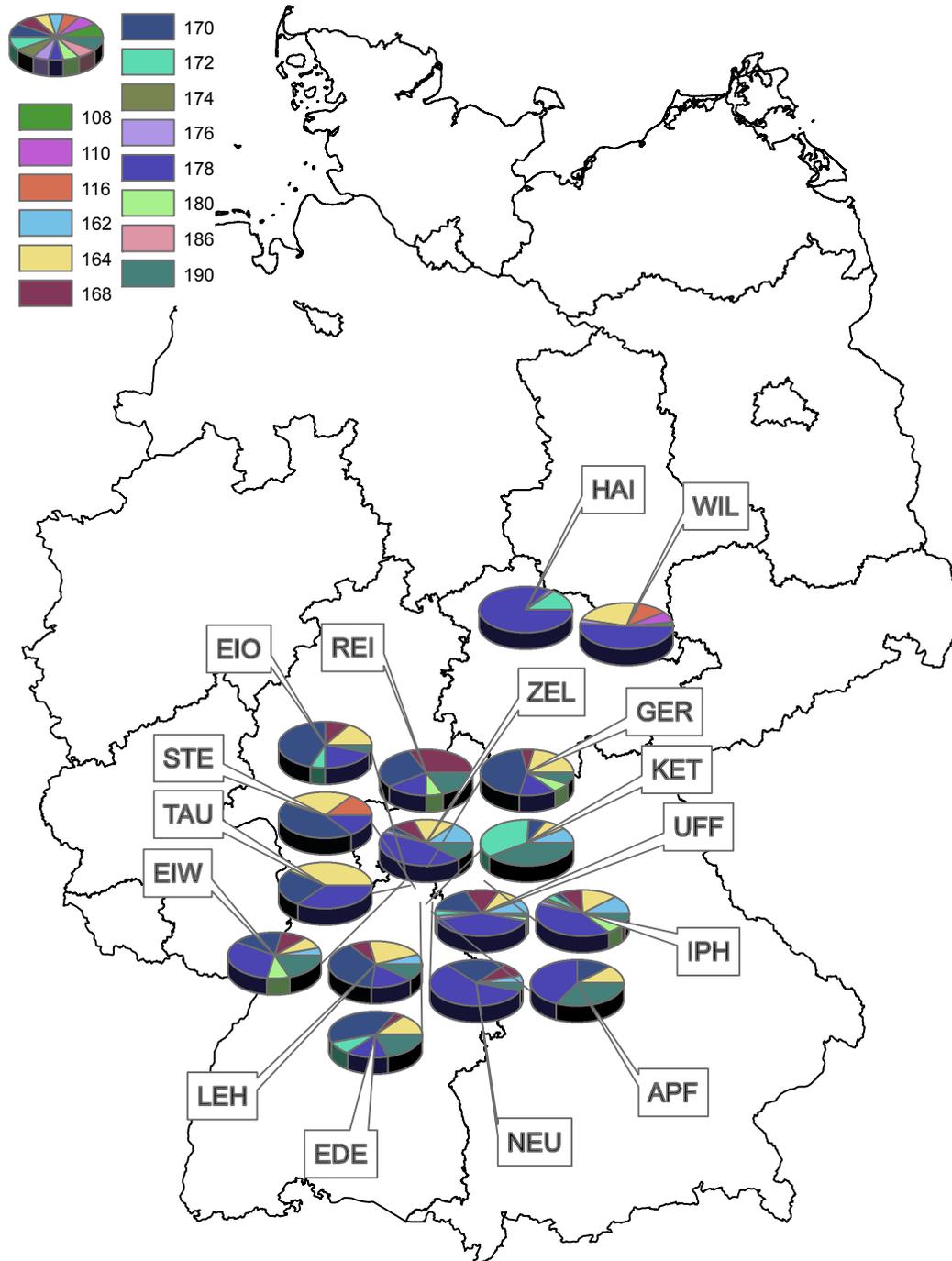


Abbildung 4-39: Allelfrequenzen am Genort ms14h03.

Beim Genort ms14h03 (Abbildung 4-39) nehmen die bayerischen Vorkommen Zellingen, Iphofen, Uffenheim, allen voran das Vorkommen Iphofen mit 11 Allelfrequenzen, den Spitzenplatz ein. Ähnliche Werte weist das Vorkommen Wilsdorf in Sachsen-Anhalt auf. Die geringsten Häufigkeiten treten bei dem Vorkommen Tauberbischofsheim auf.

mss16

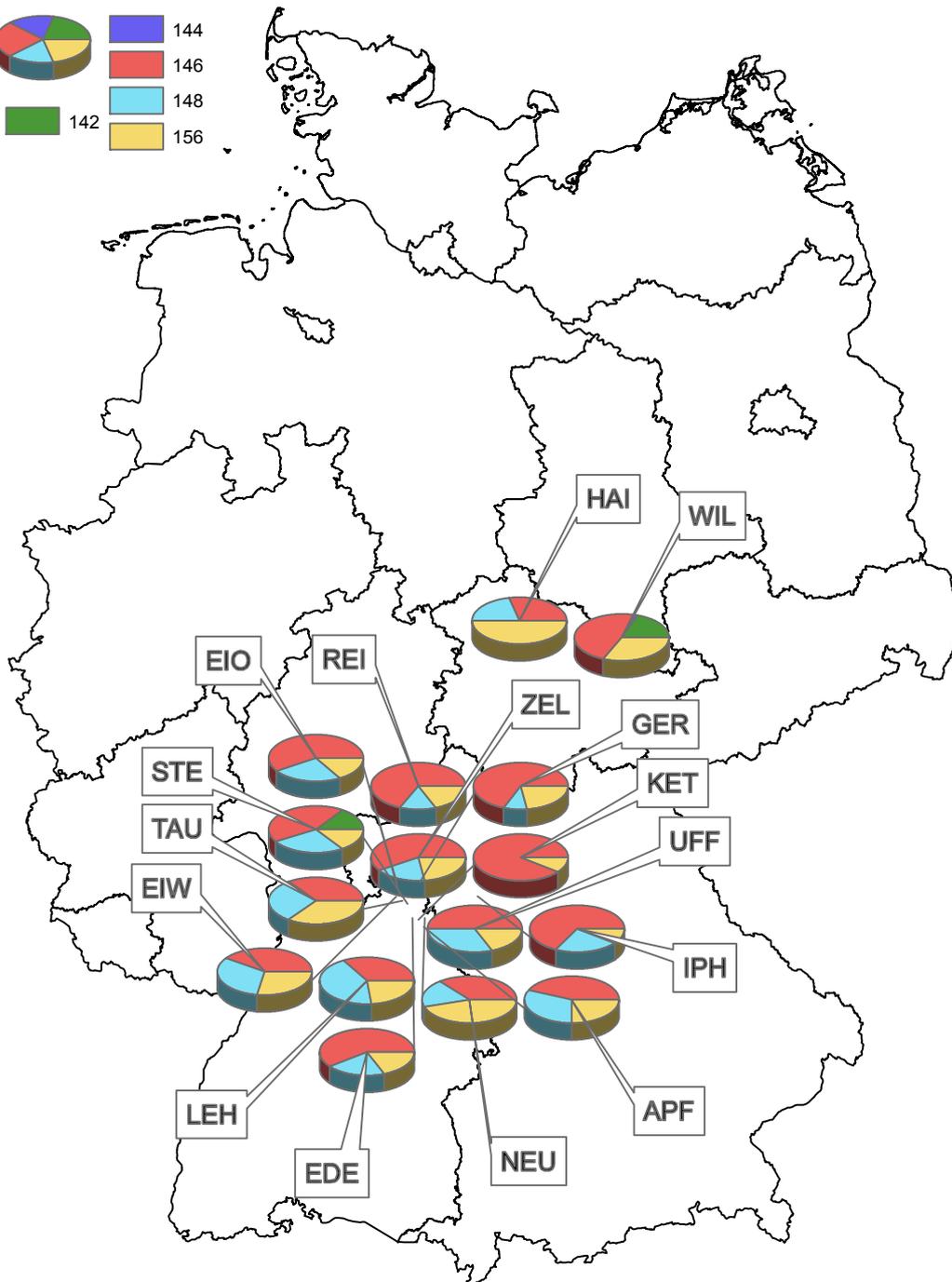
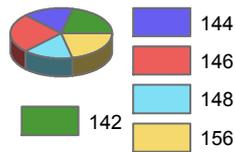


Abbildung 4-40: Allelfrequenzen am Genort mss16.

Am Genort mss16 (Abbildung 4-40) treten die höchsten Allelfrequenzen bei den Vorkommen Wildsdorf und Steinbacher Höhe auf, die geringsten bei dem Vorkommen Ketterwald. Ähnliche Werte weisen die Vorkommen Eiersheim Ost, Eiersheim West und Lehrensteinsfeld sowie Gerchsheim und Reicholzheim auf.

Tabelle 4-9: Anzahl der beobachteten Allele und ihre Diversität an 6 Mikrosatelliten-Genorten des Speierlings in ausgewählten Vorkommen.

Vork.	(n)	ch01h10		mss16		ch02c09		ch01h01		ms14h03		ch02d08		alle Loci		
		n	v	n	v	n	v	n	v	n	v	n	v	n	$\bar{v}$	$V_{gam}$
KET	6	3	2,18	2	1,18	4	2,77	4	3,13	5	3,27	3	1,67	21	2,08	122
APF	10	4	3,08	3	2,82	3	2,41	4	2,70	4	3,17	6	3,23	24	2,87	578
NEU	13	5	3,63	3	2,60	5	3,25	4	3,35	5	2,41	4	2,86	26	2,96	711
EDE	13	4	3,28	3	2,32	3	2,88	5	3,71	6	4,12	6	2,60	27	3,03	874
EIO	14	4	3,41	3	2,33	4	2,93	5	3,02	6	3,73	6	3,19	28	3,03	835
EIW	14	4	3,88	3	2,88	4	3,56	5	4,13	7	5,30	6	2,70	29	3,56	2.356
LEH	11	6	3,78	3	2,85	3	2,28	5	2,92	6	4,25	7	4,65	30	3,25	1.416
STE	8	5	2,67	4	3,12	3	2,03	5	3,20	4	3,12	3	2,51	24	2,70	425
TAU	12	5	3,35	3	2,91	3	1,40	4	3,16	3	2,80	4	2,34	22	2,44	284
GER	9	5	4,05	3	1,98	4	3,52	6	3,86	6	3,52	6	4,15	30	3,29	1.590
REI	6	4	2,88	3	2,00	4	3,13	3	3,00	5	4,24	5	4,00	24	3,02	916
ZEL	30	5	2,84	3	2,40	4	2,92	4	2,75	7	3,69	7	4,65	30	3,06	936
IPH	30	6	3,53	3	2,01	4	3,53	4	3,58	11	4,35	10	3,89	38	3,28	1.515
UFF	30	5	3,43	3	2,58	5	3,67	5	3,35	9	3,98	11	4,69	38	3,50	2.023
WIL	31	7	3,73	4	2,74	8	4,13	6	3,02	7	2,85	8	3,12	40	3,20	1.134
HAI	25	6	5,34	3	2,63	4	2,78	4	3,54	3	1,33	2	1,68	22	2,35	309
alle	262	11	4,27	5	2,74	9	4,02	11	4,03	14	4,42	16	3,91	66	3,80	3.276

## Abkürzungen

(n): Anzahl untersuchter Bäume

n: absolute Anzahl der Allele

v: effektive Anzahl der Allele (Diversität)

 $\bar{v}$ : mittlere Diversität über alle Loci $V_{gam}$ : hypothetische gametische Multilocus-Diversität

Der Stichprobenumfang kann für einzelne Loci etwas geringer sein als die Anzahl der untersuchten Bäume. Auffallende Werte sind hervorgehoben und im Text angesprochen.

Mit 40 Allelen über alle Genorte weist das Vorkommen Wilsdorf aus Sachsen-Anhalt die höchste Anzahl auf, bei den Diversitätsmaßen liegt es aber nur auf Rang 6 hinter anderen Vorkommen mit teilweise nur halb so vielen Bäumen (EIW, LEH, GER). Offensichtlich gibt es in WIL besonders viele seltene Allele. Dies wird durch Tabelle 4-10 bestätigt, in der die Anzahlen der "privaten" Allele dargestellt sind. Private Allele sind solche, die nur in einer von allen untersuchten Populationen vorkommen, für diese also "exklusiv" sind.

Tabelle 4-10: Anzahl der privaten Allele an 6 Mikrosatelliten-Genorten in 16 Vorkommen des Speierlings.

Land	Vorkommen	(n)	ch01h10	mss16	ch02c09	ch01h01	ms14h03	ch02d08	alle Genorte
BW	KET	6							0
	APF	10							0
	NEU	13							0
	EDE	13							0
	EIO	14							0
	EIW	14				1			1
	LEH	11		1					1
	STE	8		1		1	2		4
	TAU	12							0
	GER	9							0
REI	6							0	
BY	ZEL	30							0
	IPH	30					2		2
	UFF	30						1	1
ST	WIL	31	2	1	3	2	2	3	13
TH	HAI	25							0
Summe private Allele			4	1	4	5	4	4	22
Summe Allele insges.			11	5	9	11	14	16	66

Von den insgesamt 66 Allelen kommen 22 nur in jeweils einer einzigen Population vor. 13 dieser 22 exklusiven Allele befinden sich im sachsen-anhaltischen Vorkommen Wilsdorf. Dies begründet eine Sonderstellung dieses Vorkommens hinsichtlich der Erhaltung der genetischen Ressourcen dieser Baumart. Eine weitere Sonderstellung scheint das baden-württembergische Vorkommen Steinbacher Höhe einzunehmen. Mit immerhin 4 privaten Allelen kommt es hier an Rang 2, was angesichts des sehr geringen Stichprobenumfangs von 8 Bäumen besonders bemerkenswert ist. Hinzu kommt, dass es in STE weitere 3 Allelvarianten gibt, die außer hier nur noch in einer weiteren Population, nämlich wiederum WIL, vorkommen. Dieser hohe Anteil an exklusiven und "fast exklusiven" Allelen stellt eine genetische Besonderheit dar, die bei Erhaltungsmaßnahmen berücksichtigt werden sollte.

### 4.9.3 Differenzierung zwischen Vorkommen

Die Abstandsmatrix der paarweisen genetischen (allelischen) Abstände der 16 Vorkommen über alle 6 Genorte ist in Tabelle 4-11 dargestellt. Es fallen die insgesamt sehr hohen Werte auf, bereits der niedrigste ist mit 0,1846 schon sehr hoch, die Spitzenwerte liegen bereits über 0,5. Allerdings dürften hier auch beträchtliche Stichprobeneffekte vorliegen, denn die größten Werte (>0,5) treten immer unter Beteiligung der kleinsten Stichproben auf (KET, LEH, STE und REI mit 6, 11, 7 und 6 Proben).

Tabelle 4-11: Paarweise genetische Abstände der 16 Speierlings-Vorkommen.

	HAI	WIL	UFF	IPH	ZEL	REI	GER	TAU	STE	LEH	EIW	EIO	EDE	NEU	APF	KET
HAI	0	0.3975	0.3175	0.3719	0.4407	0.4983	0.4485	0.4333	0.5176	0.5003	0.3474	0.4700	0.4023	0.2987	0.4367	0.4802
WIL		0	0.3833	0.4397	0.4853	0.5725	0.4774	0.4811	0.5165	0.5127	0.4273	0.4262	0.4531	0.3882	0.4681	0.5927
UFF			0	0.1846	0.2830	0.3559	0.3181	0.3782	0.4502	0.3684	0.2744	0.3381	0.2769	0.2606	0.3031	0.4372
IPH				0	0.1896	0.3024	0.2772	0.3676	0.4613	0.3541	0.2619	0.2817	0.2320	0.2705	0.2637	0.3530
ZEL					0	0.3434	0.3515	0.3408	0.5078	0.3636	0.2972	0.3202	0.3143	0.3088	0.2655	0.3884
REI						0	0.3056	0.4792	0.4653	0.3561	0.3393	0.3095	0.2842	0.4081	0.3722	0.3611
GER							0	0.4537	0.3565	0.2938	0.3049	0.2870	0.2304	0.3376	0.3593	0.4398
TAU								0	0.4891	0.4148	0.3363	0.3690	0.3729	0.3360	0.2931	0.4792
STE									0	0.4403	0.4866	0.3854	0.3473	0.4661	0.4437	0.5169
LEH										0	0.3463	0.2949	0.2804	0.3934	0.3311	0.5316
EIW											0	0.2381	0.2730	0.2527	0.2452	0.4167
EIO												0	0.2111	0.3132	0.3036	0.4147
EDE													0	0.2596	0.2335	0.3355
NEU														0	0.2987	0.4679
APF															0	0.3389
KET																0

Werden die Abstände nicht zwischen einzelnen Populationen berechnet, sondern zwischen einer Populationen und ihrem Komplement, d.h. einem aus allen anderen Populationen gebildeten Kollektiv, so erhält man die genetische Differenzierung  $D_j$ . Weist eine Population eine hohen  $D_j$ -Wert auf, so unterscheidet sie sich stark von der Gesamtheit aller Populationen, ist also wenig repräsentativ für das Gesamtkollektiv. Andererseits weisen repräsentative Populationen nur eine geringe Differenzierung auf. Als Vergleichsmaßstab bietet sich die durchschnittliche Differenzierung aller Populationen (Subpopulationsdifferenzierung  $\delta$ ) an.

Tabelle 4-12 enthält die Differenzierungswerte  $D_j$  für alle Vorkommen und Genorte sowie für alle Genorte gemeinsam. An der Subpopulationsdifferenzierung  $\delta$  erkennt man auch die unterschiedlichen Beiträge der einzelnen Genorte für die durchschnittliche Differenzierung über alle Loci. Hier spiegeln sich die unterschiedlich variablen Ausstattungen der Genorte wieder.

Tabelle 4-12: Allelische Differenzierung  $D_j$  und Subpopulationsdifferenzierung  $\delta$  für 16 Speierlings-Vorkommen und 6 Genloci.

Vork.	(n)	ch01h10	mss16	ch02c09	ch01h01	ms14h03	ch02d08	alle Loci
KET	6	0.297	0.423	0.320	0.283	0.698	0.363	0.397
APF	10	0.242	0.084	0.312	0.277	0.285	0.185	0.231
NEU	13	0.178	0.223	0.195	0.270	0.304	0.216	0.231
EDE	13	0.176	0.116	0.240	0.204	0.404	0.199	0.223
EIO	14	0.317	0.142	0.249	0.284	0.362	0.229	0.264
EIW	14	0.229	0.108	0.204	0.173	0.296	0.213	0.204
LEH	11	0.355	0.198	0.375	0.224	0.328	0.449	0.322
STE	8	0.414	0.199	0.492	0.395	0.560	0.561	0.437
TAU	12	0.280	0.163	0.560	0.271	0.325	0.401	0.333
GER	9	0.194	0.169	0.151	0.226	0.402	0.416	0.260
REI	6	0.329	0.167	0.234	0.210	0.519	0.543	0.334
ZEL	30	0.228	0.073	0.188	0.399	0.237	0.348	0.246
IPH	30	0.192	0.223	0.123	0.159	0.210	0.107	0.169
UFF	30	0.188	0.122	0.260	0.190	0.167	0.275	0.200
WIL	31	0.451	0.290	0.457	0.375	0.444	0.375	0.398
HAI	25	0.206	0.277	0.419	0.119	0.604	0.489	0.352
$\delta$		0.259	0.184	0.291	0.251	0.346	0.313	0.274

#### 4.9.4 Berechnung von $D_j$ mit Gewichtung nach Größe der Deme (Stichprobenumfang)

Die Differenzierung kann auch grafisch sehr anschaulich in Form sogenannter Differenzierungsschnecken dargestellt werden. In Abbildung 4-41 sind exemplarisch die Differenzierungen der beiden Genorte mit dem niedrigsten (mss16) bzw. höchsten (ms14h03) Beitrag zur Differenzierung sowie alle 6 Genorte gemeinsam dargestellt. Der Radius jedes Segments stellt das Ausmaß der Differenzierung von allen anderen Populationen dar, der Öffnungswinkel repräsentiert die Populationsgröße (Stichprobengröße). Der blaue Kreis repräsentiert die durchschnittliche Differenzierung  $\delta$ . Die Populationen sind im Uhrzeigersinn nach abnehmender Differenzierung angeordnet. Die einzelnen Abbildungen sind im gleichen Maßstab dargestellt.

Man muss bei diesen Abbildungen einen sehr wahrscheinlich stichprobenbedingten Effekt bei den sehr kleinen Populationen, z. B. Nr. 1 (KET) mit n=6 bedenken. Andererseits spiegelt sich auch hier bei der Gesamtbetrachtung über alle Loci die besondere Situation der Vorkommen STE (Nr. 8) und WIL (Nr. 15) wider. Die bayerischen Vorkommen IPH (Nr. 13) und UFF (Nr. 14) sind am geringsten von der Gesamtheit aller Vorkommen differenziert und repräsentieren damit am besten den gesamten Genpool der untersuchten Speierlinge. Dies macht sie für Erhaltungszwecke besonders interessant, da man mit ihnen am besten den typischen bzw. durchschnittlichen Speierling erhalten könnte.

Nach der Betrachtung der paarweisen Abstände und der Differenzierung vom Komplement bleibt noch die Frage nach einer hierarchischen Gliederung der Vorkommen nach genetischer Ähnlichkeit. Dazu wird aus den genetischen Abständen ein UPGMA-Dendrogramm erstellt. Es ist für alle 16 Vorkommen in Abbildung 4-42 dargestellt.

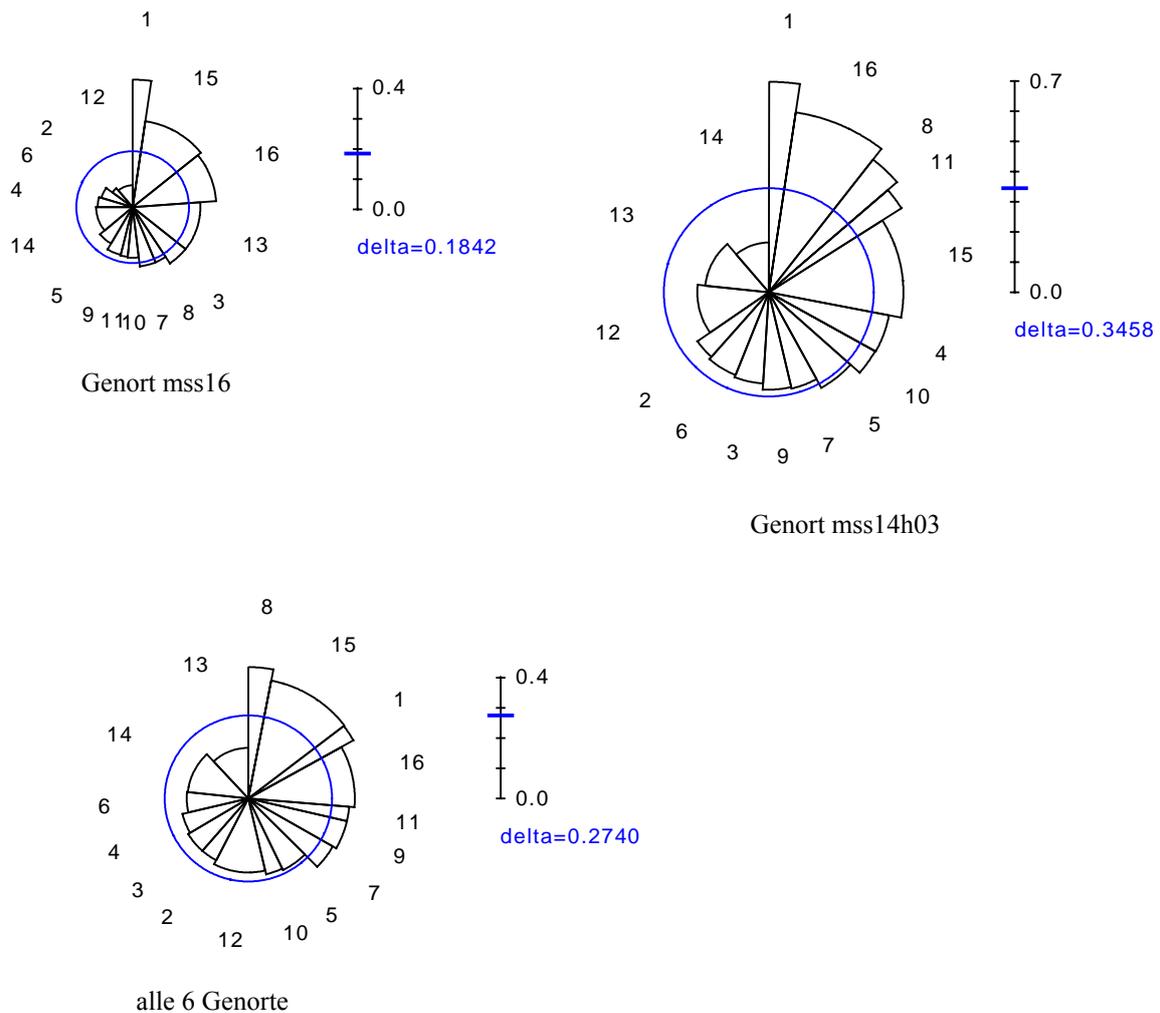


Abbildung 4-41: Differenzierung der 16 Speierlings-Populationen über alle Genloci sowie an 2 ausgewählten Genloci.

Die drei bayerischen Vorkommen IPH, UFF und ZEL bilden hier ein gemeinsame Gruppe. Auch die Sonderstellungen der Vorkommen 15 (WIL) und 8 (STE) zeigen sich hier. Mit dem sachsen-anhaltinischen Vorkommen WIL fällt hier das thüringische Vorkommen HAI in einer Gruppe, allerdings schon mit beträchtlichem genetischem Abstand, zusammen. Bei den verbleibenden Vorkommen aus Baden-Württemberg ist kein klares Bild zu erkennen. Die geografische Nähe spiegelt sich hier nicht in genetischer Nähe wider. Die beiden benachbarten Vorkommen EIO und EIW kommen z.B. erst auf einer höheren Hierarchieebene zusammen. EIO hat eine größere Ähnlichkeit zu den deutlich entfernten Vorkommen GER und LEH und EIW wiederum ist den bayerischen Vorkommen ähnlicher als seinem Nachbarn EIW. Hier liegt der Verdacht nahe, dass bei den baden-württembergischen Vorkommen, die allesamt geringe Stichprobengrößen aufweisen, um Artefakte handeln könnte.

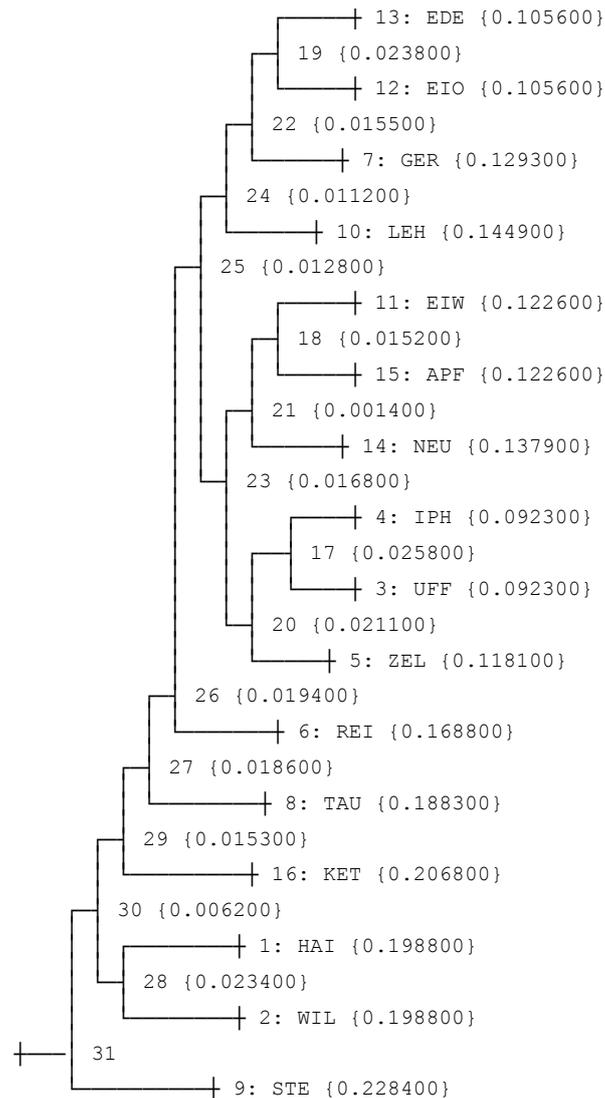


Abbildung 4-42: Dendrogramm der 16 Speierlingsvorkommen auf Basis der allelischen Abstände an 6 Genorten.

#### 4.9.5 Zusammenfassung von Vorkommen

Bei der Betrachtung der 16 Vorkommen wurde bereits mehrfach das Problem der geringen Stichprobengröße der baden-württembergischen Vorkommen angesprochen und die Grenzen der Interpretation diskutiert.

Tabelle 4-13: Zusammensetzung und Stichprobenumfang der neu gebildeten Auswertungs-kollektive aus 10 baden-württembergischen Vorkommen.

neu	Enthaltene Vorkommen	(n)
WEH	EIO, GER, REI	29
MGH	KET, APF, NEU, EDE	42
TBB	EIW, STE, TAU	34
BWN	WEH, TBB (EIO, GER, REI, KET, APF, NEU, EDE)	63

Deshalb werden einige der benachbarten baden-württembergischen Vorkommen zu größeren Auswertungseinheiten zusammengefasst (s. Tabelle 4-13 und Abbildung 4-43).

Die Zusammenfassung orientiert sich dabei an der Stichprobengröße sowie der geografischen Lage. Daher wurde das Vorkommen LEH trotz der kleinen Stichprobe von  $n=11$  nicht mit anderen Vorkommen zusammengefasst. Von den 3 neu gebildeten Kollektiven WEH (Wertheim), MGH (Bad Mergentheim) und TBB (Tauberbischofsheim) liegen WEH und MGH sehr nah beieinander und werden deshalb in einem weiteren Aggregationschritt zu einem Vorkommen BWN (Baden-Württemberg Nord) zusammengefasst. Abbildung 4-43 illustriert diese Zusammenfassungen.

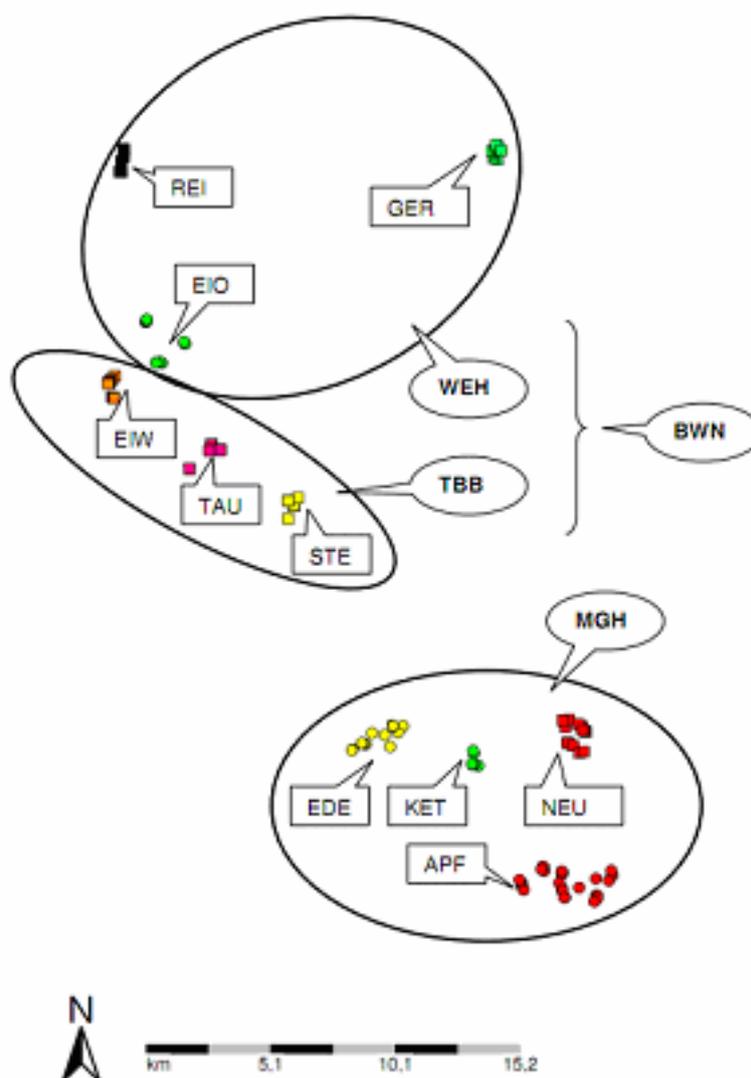


Abbildung 4-43: Die Zusammenfassung von 10 baden-württembergischen Vorkommen zu größeren Auswertungskollektiven.

Diese Zusammenfassung hat keinen Einfluss auf die allelischen Strukturen insgesamt und auch nur unwesentlich auf die Betrachtung der privaten Allelen. Möglicherweise werden einige private Allele zusätzlich auftreten, es wird sich aber vermutlich nichts an der Sonderstellung der Vorkommen WIL und STE ändern.

Am interessantesten dürften aber die Dendrogramme sein, die sich nach der Zusammenfassung ergeben. Abbildung 4-44 zeigt das UPGMA-Dendrogramm nach Zusammenfassung der 10 benachbarten BW-Vorkommen zu drei Gruppen.

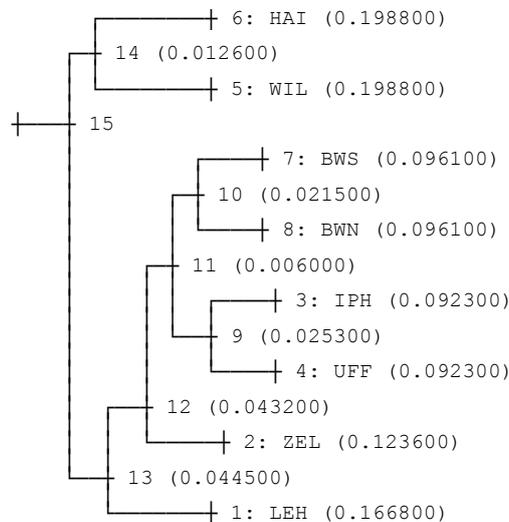


Abbildung 4-44: Dendrogramm von 8 Vorkommen bzw. Vorkommens-Gruppen des Speierlings.

Mit dieser Gruppierung verliert sich zwangsläufig die relativ starke Differenzierung der kleinen Einzelvorkommen und das Dendrogramm der genetischen Abstände spiegelt in etwa die geografische Anordnung wider: BWS und BWN clustern nun sehr eng, sogar enger als die 3 bayerischen Vorkommen. Dies ist angesichts der geringen geografischen Entfernung der beiden Vorkommensgruppen auch nicht sehr verwunderlich. Es passt nunmehr auch gut ins Bild, dass das bayerische Vorkommen ZEL nicht mehr gemeinsam mit den beiden anderen Vorkommen clustert, sondern auch zusammen mit den baden-württembergischen Vorkommensgruppen. ZEL liegt näher an den nördlichen baden-württembergischen Vorkommen als an den anderen beiden bayerischen Vorkommen. Ebenfalls der geografischen Entfernung entspricht die separate Gruppierung des Vorkommens LEH sowie der sachsen-anhaltinischen und thüringischen Vorkommen WIL und HAI.

Auch wenn die Abstände zwischen den Gruppierungen insgesamt sehr gering sind, so scheint sich hier doch ein Trend zu einer geografisch-genetischen Differenzierung zu bestätigen.

#### 4.9.6 Schlussfolgerungen für die Erhaltung

Bei den untersuchten Vorkommen lässt sich eine geografisch-genetische Differenzierung erkennen. Am geringsten von der Gesamtheit aller Vorkommen differenziert und damit am repräsentativsten für das Gesamtvorkommen des Speierlings sind die Vorkommen im geografischen Zentrum der untersuchten Vorkommen, dies sind die bayerischen Vorkommen IPH und UFF (und evtl. noch BW-Vorkommensgruppen). Das sehr zentral liegende Vorkommen STE fiel mit seiner im Verhältnis zum Stichprobenumfang besonderen genetischen Ausstattung auf und verdient nähere Betrachtung. Deutlich abgesetzt sind die weiter entfernten Vorkommen, sowohl das südlicher liegende LEH, insbesondere aber die nördlicher liegenden Vorkommen in Sachsen-Anhalt und Thüringen.

Hier verdient WIL auf Grund seiner hohen Anzahl an besonderen Allelvarianten einen besonderen Schutzstatus. Nimmt man die Anzahl der Allelvarianten als wesentliches Kriterium, so gebührt dieser Population der erste Rang bzgl. der Erhaltungswürdigkeit.

## 5 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

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

Die durchgeführten Analysen von DNS-Markern an ausgewählten Beständen geben Hinweise zur genetischen Variation des Speierlings in Deutschland.

Die Ergebnisse sind Grundlage für folgende Verwertungsaufgaben:

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

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

### 5.1 Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit

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

Soll eine bestimmte genetische Ressource erhalten werden (die Zustimmung des Waldeigentümers vorausgesetzt), wird sie zum Generhaltungsobjekt. In einigen Bundesländern werden derartige Generhaltungsobjekte in den Forsteinrichtungswerken mit entsprechenden Waldfunktionen versehen und sind z. B. Teil der Zertifizierungskriterien für eine nachhaltige Waldbewirtschaftung. Dabei ist es zunächst unerheblich, ob derartige Generhaltungsobjekte

nur in Datenbanken erfasst, beobachtet, aktiv bewirtschaftet, genetisch untersucht, *in situ* verjüngt oder durch aufwendige *ex-situ*-Maßnahmen erhalten werden.

Ein ausgewiesenes Generhaltungsobjekt ist damit *per se* erhaltungswürdig, d. h. langfristig muss die Überlebensfähigkeit gesichert sein. Für denjenigen, der mit den Aufgaben der Erhaltung genetischer Ressourcen beauftragt ist, wird sich immer die Frage stellen, ob bzw. mit welchem Aufwand eine Population auch erhaltungsfähig ist. Die Überlebensfähigkeit ist abhängig von der Größe, Abundanz, Altersstruktur, Vitalität, Reproduktion und genetischen Variabilität der Population. Für die Ausweisung von Generhaltungswäldern sind die Bundesländer bzw. die von ihnen beauftragten Forstlichen Versuchsanstalten zuständig. Es war daher nicht Ziel des Projektes, Generhaltungsobjekte vorzuschlagen – dennoch können aus Bundesdssicht prädestinierte Regionen bzw. Vorkommen empfohlen werden. Zur Bewertung der Erhaltungsfähigkeit von Vorkommen wurden die drei Parameter Abundanz, durchschnittliche Vitalität und die Altersstrukturqualität in Zusammenhang gestellt (vgl. Abbildung 5-1).



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

Die beschriebenen Kriterien sind nach den allgemeinen Merkmalen der kartierten Vorkommen definiert worden. Der Grad der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit kann zunächst abstrakt aus der Datenanalyse erfolgen, wie sie bereits im Kapitel 3.6.9 "Ermittlung der Erhaltungsfähigkeit nach phänotypischen Kriterien" erläutert wurde. Wenn einer der drei Parameter die gesetzten Anforderungen (Grenzwerte) nicht erfüllt, wurden die Erhaltungsfähigkeit nicht als sehr gut oder gut eingestuft, da die Erhaltung dieser Ressource nicht oder nur mit mehr oder weniger hohem Aufwand gewährleistet werden kann. Aus Sicht der Bundesländer können die Anforderungen geändert und andere Prioritäten gesetzt werden, z.B. die aufwendige Erhaltung eines einmaligen aber wenig vitalen und individuenarmen Vorkommens. Die Erhaltung genetischer Ressourcen sollte jedoch auch an der Effizienz sowie dem Erhaltungsaufwand und Nutzen gemessen werden. Diese Entscheidungen müssen dann aufgrund der regionalen Bedingungen durch die vor Ort zuständigen Versuchsanstalten erfolgen.

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

Klasse	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SH	SL	SN	ST	TH	DE
sehr gut	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
gut	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
geschwächt	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
bedroht	0	101	101	0	0	0	6	5	0	0	0	19	6	238
absterbend	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Summe	0	103	101	0	0	0	6	5	0	0	0	19	6	240
nicht bewertbar	0	4	5	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	10

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

Klasse	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SH	SL	SN	ST	TH	DE
sehr gut		0,0	0,0				0,0	0,0				0,0	0,0	0,0
gut		0,0	0,0				0,0	0,0				0,0	0,0	0,0
geschwächt		1,0	0,0				0,0	0,0				0,0	0,0	0,4
bedroht		98,1	100,0				100,0	100,0				100,0	100,0	99,2
absterbend		1,0	0,0				0,0	0,0				0,0	0,0	0,4
Summe		100	100				100	100				100	100	100

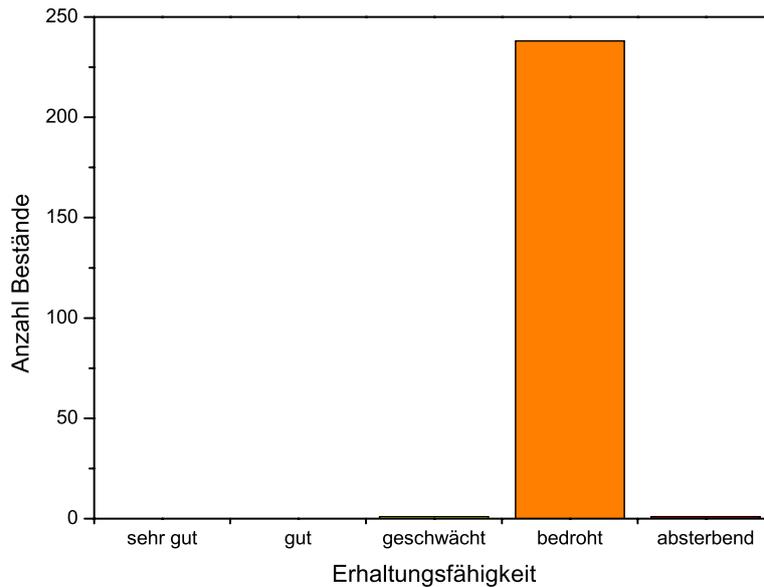


Abbildung 5-2: Stufen der Erhaltungsfähigkeit mit den Anteilen der Vorkommen im Bundesgebiet.

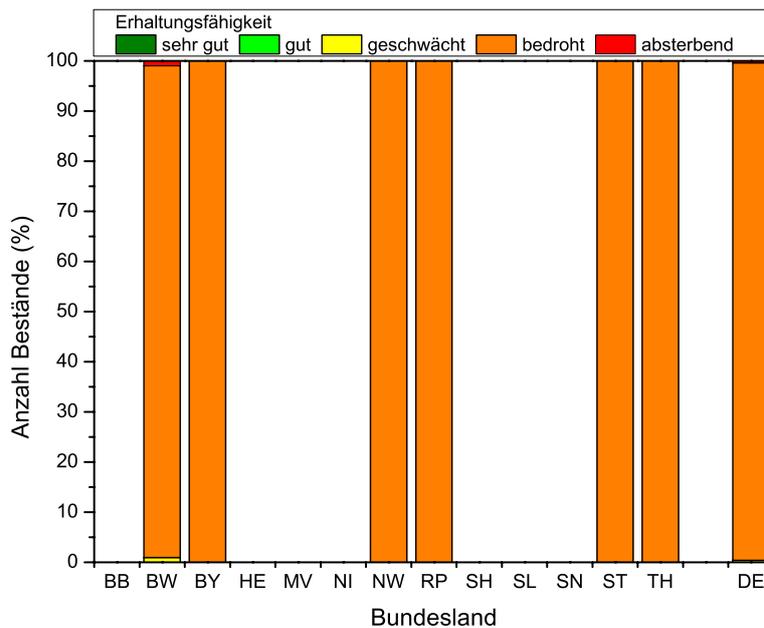


Abbildung 5-3: In-situ-Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen in den Bundesländern.

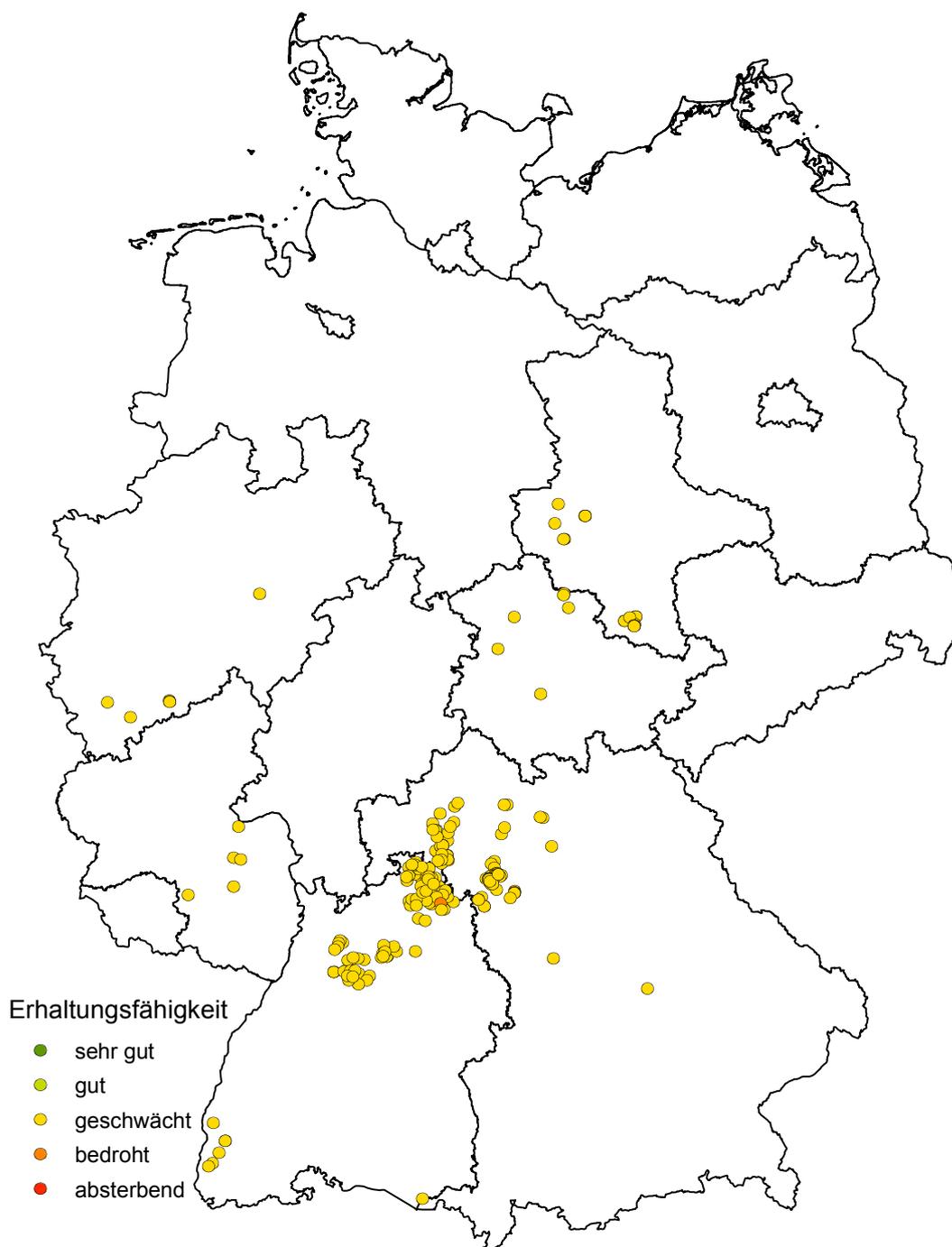


Abbildung 5-4: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen im Bundesgebiet.

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

Nahezu alle Vorkommen (98,1 %) wurden in die Stufe "bedroht" eingeordnet. Sehr gut oder gut bewertete Vorkommen kommen überhaupt nicht vor. Lediglich 0,4 % der erfassten Vorkommen fallen in die Kategorie "geschwächt". 0,4 % der Vorkommen wurden als "absterbend" beurteilt. Diese Zahlen belegen die Notwendigkeit von Maßnahmen zur Förderung des Speierlings *in situ* bzw. der Etablierung von *Ex-situ*-Genobjekten.

In sämtlichen Bundesländern, in denen natürliche Vorkommen aufgenommen wurden, ist die Baumart Speierling bedroht.

Abbildung 5-4 zeigt die Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der erfassten Vorkommen. Die Vorkommen konzentrieren sich vor allem auf die Wuchsgebiete 61 "Fränkischer Keuper und Albvorland", 62 "Fränkische Platte" und 75 "Neckarland". Die Vorkommen in anderen Wuchsgebieten sind wie in den Hauptverbreitungsgebieten in den Kategorien bedroht oder geschwächt aufgenommen.

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

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

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

Beide Handlungsalternativen bedürfen der Kenntnis der Genzentren des Speierlings.

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

Nummer	Bezeichnung des Genzentrums	Nummer	Teilbereich
1	Westdeutsches Genzentrum	1	Saar-Nahe-Mosel
2	Mitteldeutsches Genzentrum	2a	Wilsdorf/Hainleite
		2b	Werra-Hainich
3	Süddeutsches Genzentrum	3a	Unterfranken
		3b	Neckar-, Taubertal
		3c	Oberrrheingebiet

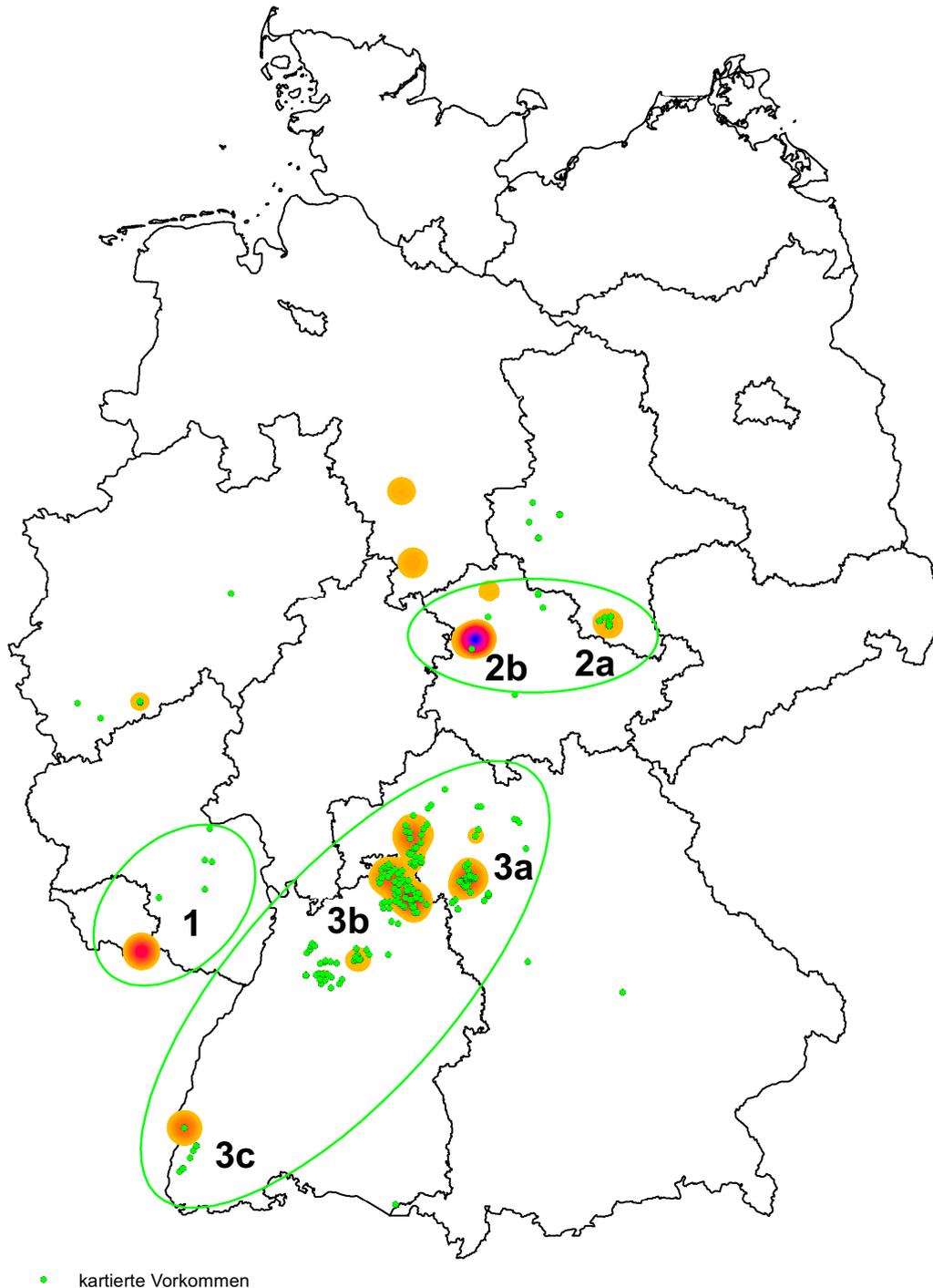


Abbildung 5-5: Darstellung der Kerneldichte des Speierlings mit Berücksichtigung der Baumzahl.

Die Abbildung 5-5, Abbildung 5-6 und Abbildung 5-7 zeigen die Verbreitungsschwerpunkte des Speierlings in Deutschland, basierend auf der räumlichen Dichte und Verteilung der Vorkommen. Die Darstellung der Kerneldichte der Populationen kann mit und ohne Berücksichtigung von Individuenzahl bzw. Dichte erfolgen. Gewichtete und ungewichtete Darstellung sind für die Analyse der Erhaltungsdringlichkeit und die Planung künftiger Generhaltungsflächen sinnvoll. Bei der Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl bzw. der Dichte werden Populationen insbesondere mit hoher Baumzahl oder hoher Dichte (ausgedrückt als Individuenzahl je Flächeneinheit) bereits mit diesen Werten gewichtet.

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

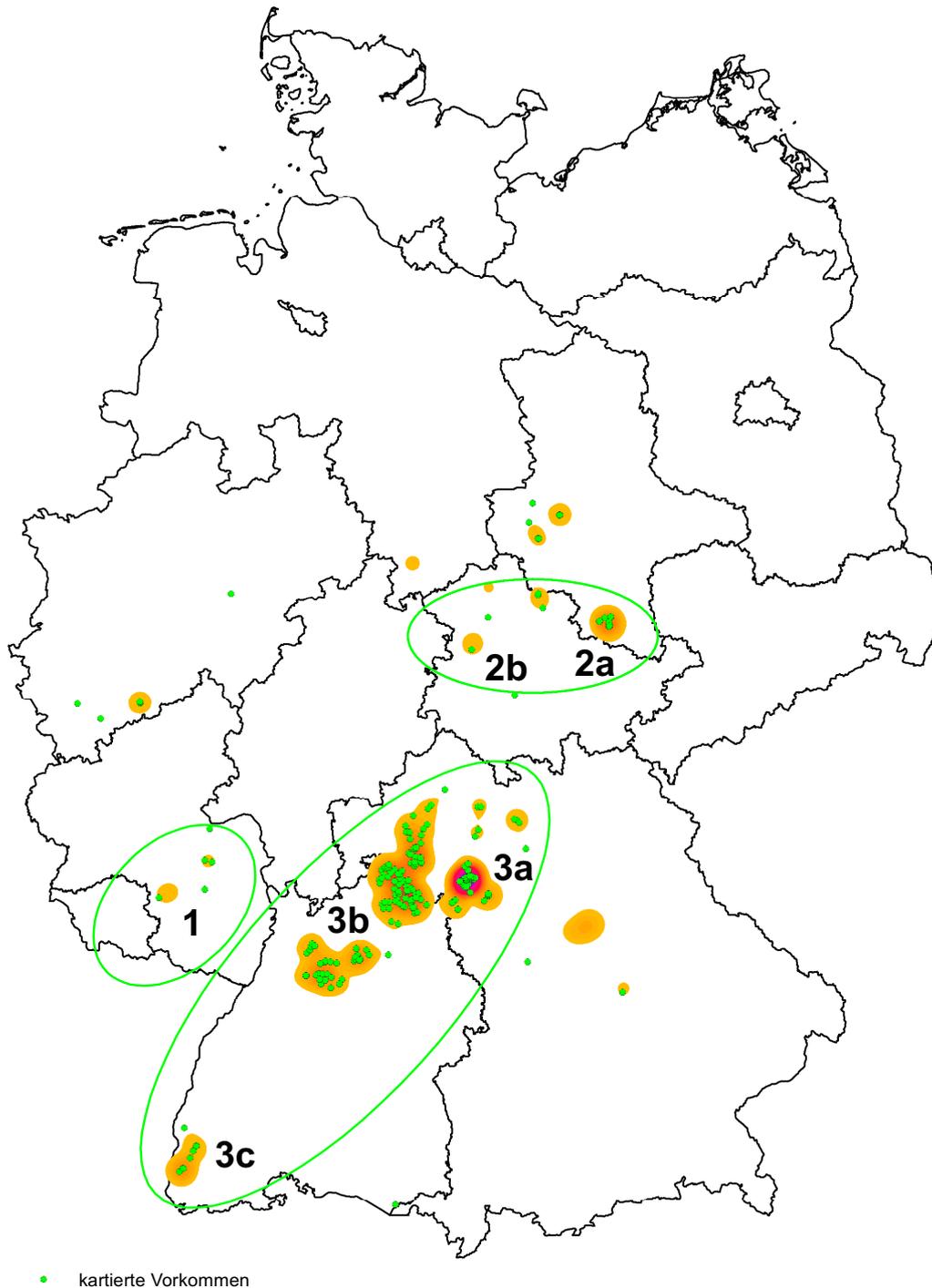


Abbildung 5-6: Darstellung der Kerneldichte des Speierlings ohne Berücksichtigung der Baumzahl.

Die genannten Abbildungen stellen diese Kerneldichten der Speierlings-Vorkommen dar. Bei der Analyse der Darstellungen zeigen sich mehrere Verbreitungsschwerpunkte des Speier-

lings in der Bundesrepublik. In Tabelle 5-3 sind diese Genzentren des Speierlings in der Bundesrepublik aufgeführt.

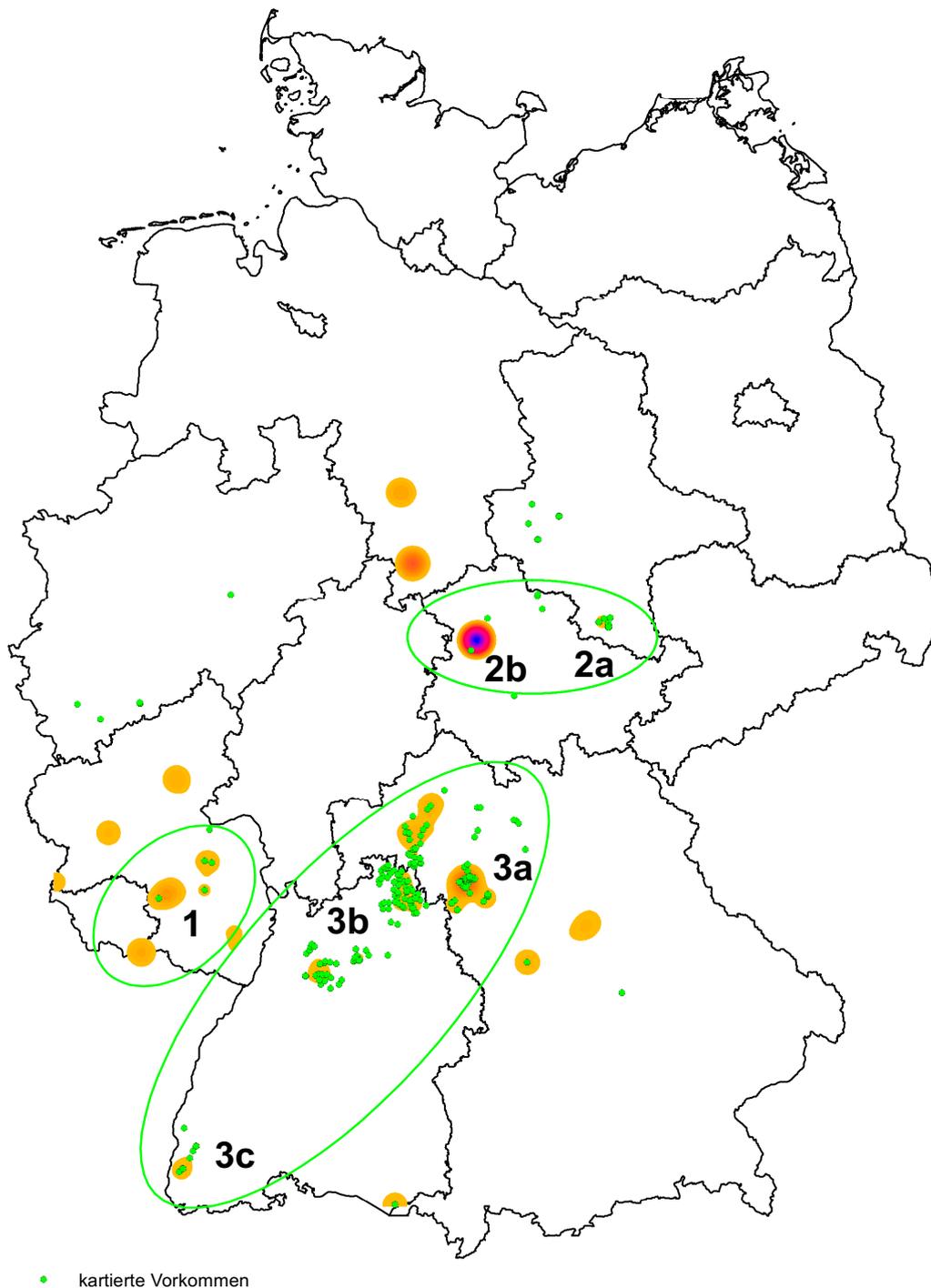


Abbildung 5-7: Darstellung der Kerneldichte des Speierlings bezogen auf die Baumzahlen pro Hektar Vorkommensfläche.

Zunächst fallen drei Genzentren Westdeutschland, Mitteldeutschland und Süddeutschland auf. Diese Genzentren lassen sich dabei in mehrere Teilbereiche unterteilen.

Bedeutende Populationen in Westdeutschland sind die Saar-Nahe-Mosel-Vorkommen. Die mitteldeutschen Genzentren liegen vor allem im Nordthüringischen Trias-Hügelland im Teilbereich Wilsdorf/Hainleite und im Werra-Hainich-Gebiet. Die süddeutschen Vorkommen umfassen zum einen Mainfranken im Bereich der Fränkischen Platte den Teilbereich Unterfranken und des nördlichen Baden-Württembergs den Teilbereich Neckar-, Taubertal sowie den südwestlichen Bereich Baden-Württembergs den Teilbereich Oberrheingebiet. Die Genzentren liegen meist in klimatisch begünstigten Lagen.

Besonders fällt an der Verteilung der Kerneldichten auf, dass relativ viele isolierte Populationen vorkommen. Gerade bei einer Baumart wie dem Speierling, der durch Insekten bestäubt wird und dessen Früchte relativ schwer sind, kann es leicht zur genetischen Isolation von Populationen kommen. Die vorgefundene hohe genetische Diversität der Vorkommen deutet diese Isolation bereits an.

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

Bezogen auf die Bundesrepublik sollten

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

## **5.2 Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen**

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

Wie aus Abbildung 5-4 ersichtlich ist, liegen die am ehesten erhaltungsfähigen Vorkommen in Süddeutschland in den Teilbereichen Fränkische Platte und Neckarland.

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

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

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

Als Folge der relativen Seltenheit des Speierlings kommt er im Rasternetz der Waldzustandserhebung (level 1) nur in geringen Anteilen vor. Deshalb sollten die Generhaltungsmaßnahmen von einem Monitoring begleitet werden. Dieses Monitoring sollte insbesondere die Parameter Vitalität (Kronenverlichtung, Vergilbungen, Feinreisiganteil, biotische Schaderreger) und die Verjüngungsintensität (Fruchtifikation, Aufkommen von Naturverjüngung, Schäden an der Verjüngung) umfassen. Daneben sollten in weiteren Zeitabständen genetische

Parameter, insbesondere die Diversität und das Vorkommen klonaler Strukturen in ausgewählten Beständen erfasst werden, um die Effektivität der Generhaltungsmaßnahmen beurteilen zu können. Die Monitoringflächen sollten in den Verbreitungsschwerpunkten / Genzentren des Speierlings liegen.

### 5.3 Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung

Die Erfassung des Speierlings im Rahmen des Projektes ermöglicht zum ersten Mal einen Gesamtüberblick über die genetischen Ressourcen der Baumart in Deutschland (s. o.). Erfassungsprojekte, die mit einheitlichen Methoden und nach abgestimmten Kriterien durchgeführt werden, erlauben eine weitaus sicherere Bewertung des Gefährdungspotenzials als Kartierarbeiten in kleineren Einheiten (z. B. Bundesländer, Schutzgebiete). Handlungsempfehlungen für effiziente Erhaltungsarbeiten erreichen somit eine neue Qualität, die auch für europaweite Erhaltungsstrategien dringend erforderlich sind.

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

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

Die Maßnahmen zum Erhalt des Speierlings sollten sich deshalb zum einen vor allem auf den Erhalt des Speierlings in den bestehenden Vorkommen konzentrieren. Nur bei etwa 10 % der Vorkommen wurde Naturverjüngung erfasst. Durch Förderung des Speierlings in Durchforstung und Pflege sollte die Naturverjüngung eingeleitet und gefördert werden. Die Anpassung der Wildbestände spielt dabei eine bedeutende Rolle.

Erfreulicherweise werden von einigen Waldbesitzern Reste historischer Waldbewirtschaftungsformen wie die Mittelwaldwirtschaft beibehalten. Auf diesen Flächen kann der Speierling gezielt gefördert werden. Es sollte jedoch darauf geachtet werden, ausreichend Kernwüchse des Speierlings in die Folgegeneration zu übernehmen. Ebenso bietet sich ein Erhalt des Speierlings in ausgewiesenen Natura-2000-Gebieten innerhalb von Eichen-Lebensraumtypen an.

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

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

Begleitet werden sollten die Maßnahmen von weiteren genetischen Untersuchungen. Diese sollten vor allem das Vorkommen von Klonen beobachten, um eine ausreichende generative Verjüngung des Speierlings zu gewährleisten.

## 6 Zusammenfassung

Der Speierling (*Sorbus domestica* L.) gilt in seinem Bestand bundesweit als gefährdet. Diese Einschätzung beruht vor allem auf der regional beschränkten Verbreitung des Speierlings und seinem Vorkommen in geringen bis mäßigen Anteilen in Eichenwaldgesellschaften, die im Zuge der naturnahen Waldbewirtschaftung häufig von der Buche abgelöst werden. Dagegen fehlten vor Beginn des von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung in Auftrag gegebenen Projektes bundesweit genaue Angaben zur Lage und Populationsgröße von Vorkommen sowie über deren Vitalitätszustand, Altersstruktur und genetischer Diversität.

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

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

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

Insgesamt wurden im Rahmen des Projekts 4.889 Bäume in 291 Vorkommen erfasst. Davon wurden 250 Vorkommen als natürliche Vorkommen mit 2.805 Individuen angesprochen.

Den Verbreitungsschwerpunkt bilden klimatisch begünstigte Lagen in den Wuchsgebieten "Fränkischer Keuper und Albvorland", "Fränkische Platte" und im "Neckarland". Deutschlandweit kommen die stammzahlreichsten Vorkommen in den Wuchsgebieten "Fränkische Platte" mit über 1.300 Bäumen, "Fränkischer Keuper und Alb-Vorland" mit etwa 450 Bäumen, "Neckarland" mit über 350 Bäumen und "Nordthüringisches Trias-Hügelland" mit über 150 Bäumen vor. Die durchschnittliche Flächengröße eines Vorkommens liegt bei rund 42 ha, die durchschnittliche Individuenzahl bei 4 Individuen je Vorkommen.

Bei den untersuchten Vorkommen lässt sich eine geografisch-genetische Differenzierung erkennen. Am geringsten von der Gesamtheit aller Vorkommen differenziert und damit am repräsentativsten für das Gesamtvorkommen des Speierlings sind die Vorkommen im geografischen Zentrum der untersuchten Vorkommen; dies sind die bayerischen Vorkommen Iphofen

und Uffenheim (und evtl. noch die baden-württembergischen-Vorkommensgruppen). Das sehr zentral liegende Vorkommen Steinbacher Höhe fiel mit seiner im Verhältnis zum Stichprobenumfang besonderen genetischen Ausstattung auf und verdient nähere Betrachtung. Deutlich abgesetzt sind die weiter entfernten Vorkommen, sowohl das südlicher liegende Lehrensteinsfeld, insbesondere aber die nördlicher liegenden Vorkommen in Sachsen-Anhalt und Thüringen.

Hier verdient das Vorkommen in Wilsdorf in Sachsen-Anhalt auf Grund seiner hohen Anzahl an besonderen Allelvarianten einen besonderen Schutzstatus. Nimmt man die Anzahl der Allelvarianten als wesentliches Kriterium, so gebührt dieser Population der erste Rang bzgl. der Erhaltungswürdigkeit.

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

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

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

## 7 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den erreichten Zielen

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

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

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

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

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

## 8 Literatur

- BERICHTE DER BAYERISCHEN BOTANISCHEN GESELLSCHAFT (2005): Sonderband – Beiträge zur Gattung *Sorbus* in Bayern, Selbstverlag der Gesellschaft.
- BOHN U., LOHMEYER W. (1978): Über Neufunde des Speierlings (*Sorbus domestica*) in Nordrhein-Westfalen. *Natur und Landschaft* 53, H 1 s. 14 – 16
- BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ (BfN) (2010-2012): Schutzgebiete Deutschlands. Geoinformationen FFH Gebiete (07.10.2011), Vogelschutzgebiete (07.10.2011), Nationalparke (29.09.2011), Biosphärenreservate (30.09.2011), Naturschutzgebiete (21.10.2011), Landschaftsschutzgebiete (26.01.2012), Naturparke (26.01.2012).
- BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ (BfN) (2011): Potentielle natürliche Vegetation Deutschlands. Geoinformationen PNV500 (23.03.2011).
- BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ (BfN) (2006): Floraweb. Datenbank Gefäßpflanzen (FlorKart). Datenstand 12/2006. <http://www.floraweb.de>.
- EUROPEAN FOREST GENETIC RESEARCH PROGRAM (2008): Distribution map of *Sorbus domestica*. <http://www.euforgen.org>.
- FÖRDERKREIS SPEIERLING (2011): Mündl. u. schriftl. Mitteilungen von Speierlingsvorkommen in Unter- und Mittelfranken. Dr. L. Albrecht AELF Uffenheim.
- GIANFRANCESCHI L., SEGLIAS N., TARCHINI R., KOMJANC M., GESSLER C. (1998): Simple sequence repeats for the genetic analysis of apple. *Theor Appl Genet* 96: 1069-1076.
- GILLET E. (2010): GSED – "Genetic Structures from Electrophoresis Data". <http://www.uni-goettingen.de/de/95607.html>.
- GREGORIUS H.R. & DEGEN B. (2007): Monitoring genetischer Ressourcen – Prinzipien und Methoden. In: Begemann F. Schröder S., Wenkel K.-O., Weigel H.-J. (Hrsg.) (2007): Monitoring und Indikatoren der Agrobiodiversität. Tagungsband, Schriftenreihe des Informations- und Koordinationszentrums für Biologische Vielfalt, Bd. 27, Bonn, 39 – 65.
- GREGORIUS H.R. (1978): The concept of genetic diversity and its formal relationship to heterozygosity and genetic distance. *Math. Biosciences* 41: 253-271.
- GREGORIUS H.R. (1987): The relationship between the concepts of genetic diversity and differentiation. *Theor. Appl. Genet.* 74: 397-401.
- HOFMANN W. (1962): Der Speierling in Franken. *Forstwissenschaftl. Centralblatt* S. 148 -155.
- JOHANN HEINRICH VON THÜNEN-INSTITUT (vti) (2012): Bundeswuchsgebiete. Geoinformationen <https://gdi.vti.bund.de/geonetwork/srv/de> (10.05.2012).
- KAMM U., ROTACH P., GUGERLI F., SIROKY M., EDWARDS P., HOLDEREGGER R. (2009): Frequent long-distance gene flow in a rare temperate forest tree (*Sorbus domestica*) at the landscape scale. *Heredity* 103: 476-482.
- KAUSCH-BLECKEN VON SCHMELING W.(1992): Der Speierling, Göttingen.
- LIEBHARD R., GIANFRANCESCHI L., KOLLER B., RYDER C.D., TARCHINI R., VAN DE WEG E. et al. (2002): Development and characterisation of 140 new microsatellites in apple (*Malus x domestica* Borkh.). *Mol Breeding* 20: 217-241.
- MITTEILUNGEN AUS DER STAATSFORSTVERWALTUNG BAYERN (1982): Das Wildobst, insbesondere der Speierling (*Sorbus domestica* L.) als forstbotanische Besonderheit. Bayerisches Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und forsten. H. 42. München S. 105 ff.
- ODDOU-MURATORIO S., ALIGON C., DECROOQ S., PLOMION C., LAMANT T., MUSH D.B. (2001): Microsatellite primers for *Sorbus torminalis* and related species. *Mol Ecol Notes* 1: 297-299.
- SHELLER H. u.a. (1979): Der Speierling (*Sorbus domestica* L.) und seine Verbreitung im Frankfurter Raum. *Mitt. Dtsch. Dendrol. Ges.* H. 71 S. 5 – 65.
- SCHUTZGEMEINSCHAFT DEUTSCHER WALD (1992): Der Speierling. Nr. 5.

STIFTUNG LANDESBANK BADEN-WÜRTTEMBERG (2006): Heft 14 Der Speierling. Ein seltener Baum in Wald und Flur.

UNITED NATIONS (1992): Convention on Biological Diversity. <http://www.cbd.int/doc/legal/cbd-en.pdf>. In Krafttretung 29. Dezember 1993.

WILDE J. (1936): Kulturgeschichte der rheinpfälzischen Baumwelt und ihrer Naturdenkmäler, Kaiserslautern, S. 282.



## 9 Anhang Inhalt

### Abbildungsverzeichnis

Abbildung 9-1: Häufigkeitsverteilung der Allele am Genort ch01h10 (11 Allele).....	3
Abbildung 9-2: Häufigkeitsverteilung der Allele am Genort mss16 (5 Allele). ....	3
Abbildung 9-3: Häufigkeitsverteilung der Allele am Genort ch02c09 (9 Allele). ....	3
Abbildung 9-4: Häufigkeitsverteilung der Allele am Genort ch01h01 (11 Allele).....	3
Abbildung 9-5: Häufigkeitsverteilung der Allele am Genort ms14h03 (14 Allele).....	4
Abbildung 9-6: Häufigkeitsverteilung der Allele am Genort ch02d08 (16 Allele).....	4
Abbildung 9-7: Differenzierung von 16 Vorkommen am Genort ch01h10.....	4
Abbildung 9-8: Differenzierung von 16 Vorkommen am Genort mss16. ....	4
Abbildung 9-9: Differenzierung von 16 Vorkommen am Genort ch02c09. ....	4
Abbildung 9-10: Differenzierung von 16 Vorkommen am Genort ch01h01.....	4
Abbildung 9-11: Differenzierung von 16 Vorkommen am Genort mss14h03. ....	5
Abbildung 9-12: Differenzierung von 16 Vorkommen am Genort ch02d08.....	5

### Tabellenverzeichnis

Tabelle 9-1: Allelfrequenzen am Genort ch01h10 in 16 Vorkommen.....	1
Tabelle 9-2: Allelfrequenzen am Genort mss16 in 16 Vorkommen. ....	1
Tabelle 9-3: Allelfrequenzen am Genort ch02c09 in 16 Vorkommen.....	1
Tabelle 9-4: Allelfrequenzen am Genort ch01h01 in 16 Vorkommen.....	2
Tabelle 9-5: Allelfrequenzen am Genort ms14h03 in 16 Vorkommen.....	2
Tabelle 9-6: Allelfrequenzen am Genort ch02d08 in 16 Vorkommen.....	2
Tabelle 9-7: Anleitung zur Beprobung des Speierlings. ....	6

### Kartieranleitung mit Erfassungsbogen und Zählhilfe zur Vitalitätsbestimmung



Tabelle 9-1: Allelfrequenzen am Genort ch01h10 in 16 Vorkommen.

Land	Vork.	n	82	95	101	104	108	112	114	116	118	120	138
BW	KET	6					33%	8%		58%			
	APF	10					35%	5%		40%		20%	
	NEU	13					42%	12%		23%	8%	15%	
	EDE	13					38%			35%	12%	15%	
	EIO	14					18%	21%		43%		18%	
	EIW	14					29%	18%		29%		25%	
	LEH	11					14%	5%	9%	36%	32%	5%	
	STE	8	6%			6%	19%			56%		13%	
	TAU	12					33%	4%		38%		4%	21%
	GER	9					28%	6%		28%	11%	28%	
BY	REI	6					17%			50%	25%	8%	
	ZEL	29					45%	3%		36%	14%	2%	
	IPH	31					40%	2%		27%	19%	8%	3%
ST	UFF	29					41%	9%		28%	19%	3%	
	WIL	30		2%	2%	7%	18%	43%		17%	12%		
TH	HAI	25					26%	20%		20%	14%	10%	10%
	Summe	260	0%	0%	0%	1%	32%	12%	0%	31%	12%	9%	2%

Tabelle 9-2: Allelfrequenzen am Genort mss16 in 16 Vorkommen.

Land	Vork.	n	142	144	146	148	156
BW	KET	6				92%	8%
	APF	10				45%	25%
	NEU	13				38%	46%
	EDE	12				58%	17%
	EIO	14				57%	14%
	EIW	14				43%	29%
	LEH	11				36%	23%
	STE	8	13%			44%	13%
	TAU	12				38%	38%
	GER	9				67%	22%
BY	REI	6				67%	17%
	ZEL	29				57%	22%
	IPH	31				65%	8%
ST	UFF	29				50%	17%
	WIL	31	18%	2%		47%	34%
TH	HAI	25				30%	50%
	Summe	260	3%	0%		50%	25%

Tabelle 9-3: Allelfrequenzen am Genort ch02c09 in 16 Vorkommen.

Land	Vork.	n	227	229	237	239	241	243	245	247	261
BW	KET	6	42%	42%			8%	8%			
	APF	10	55%	15%			30%				
	NEU	13	19%	35%			38%	4%	4%		
	EDE	12	42%	33%			25%				
	EIO	14	32%	11%			46%	11%			
	EIW	14	18%	18%			39%	25%			
	LEH	11	55%	9%			36%				
	STE	8	31%	63%							6%
	TAU	12	13%	4%			83%				
	GER	9	33%	33%			22%	11%			
BY	REI	6	42%	33%			17%	8%			
	ZEL	29	24%	26%			47%	3%			
	IPH	31	29%	34%			27%	10%			
ST	UFF	30	13%	37%			20%	28%	2%		

ST	WIL	31	16%	3%	6%	2%	23%	39%	10%	2%	
TH	HAI	25	10%	50%			10%	30%			
	Summe	261	25%	27%	1%	0%	30%	15%	2%	0%	0%

Tabelle 9-4: Allelfrequenzen am Genort ch01h01 in 16 Vorkommen.

Land	Vork.	n	90	114	118	126	128	130	132	140	142	146	172
BW	KET	6	42%			17%	33%			8%			
	APF	10	55%			15%	15%			15%			
	NEU	13	15%			42%	15%			27%			
	EDE	13	15%			19%	15%			42%	8%		
	EIO	14	18%			4%	29%	4%		46%			
	EIW	14	29%			7%	25%		11%	29%			
	LEH	11	27%			9%	9%			50%	5%		
	STE	8		6%		31%	13%			44%		6%	
	TAU	12	46%			25%	17%			13%			
	GER	9	28%			11%	6%	11%		39%	6%		
	REI	6	33%				33%			33%			
BY	ZEL	29	40%			3%	43%			14%			
	IPH	31	37%			13%	24%			26%			
	UFF	30	35%			25%	5%			33%	2%		
ST	WIL	30	5%		8%	20%	12%			52%			3%
TH	HAI	25	30%			22%	12%			36%			
	Summe	261	28%	0%	1%	17%	19%	1%	1%	32%	1%	0%	0%

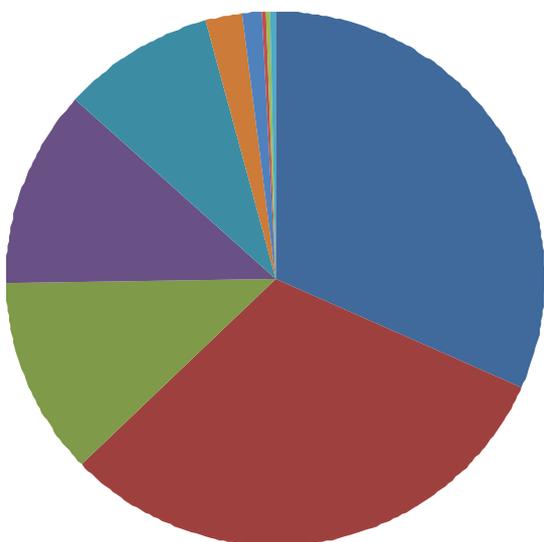
Tabelle 9-5: Allelfrequenzen am Genort ms14h03 in 16 Vorkommen.

Land	Vork.	n	108	110	116	162	164	168	170	172	174	176	178	180	186	190
BW	KET	6				8%	8%		8%	33%						42%
	APF	10					10%		15%				40%			35%
	NEU	13				4%		8%	27%				58%			4%
	EDE	13					12%	4%	38%	8%			19%			19%
	EIO	14					14%	11%	43%	7%			21%			4%
	EIW	14				4%	7%	11%	21%				29%	11%		18%
	LEH	11				5%	23%	9%	36%				18%			9%
	STE	8		13%			31%		44%				13%			
	TAU	12					42%		21%				38%			
	GER	9					22%	6%	44%				17%	6%		6%
	REI	6						33%	25%				17%	8%		17%
BY	ZEL	29				12%	19%	9%	3%			2%	45%			10%
	IPH	31				10%	16%	10%	3%	3%	2%	2%	42%	6%	2%	5%
	UFF	29				7%	10%	16%	16%	3%		2%	43%	2%		2%
ST	WIL	30	2%	6%	11%	2%	26%					2%	52%			
TH	HAI	21								12%		2%	86%			
	Summe	257	0%	1%	2%	4%	15%	7%	16%	3%	0%	1%	40%	2%	0%	8%

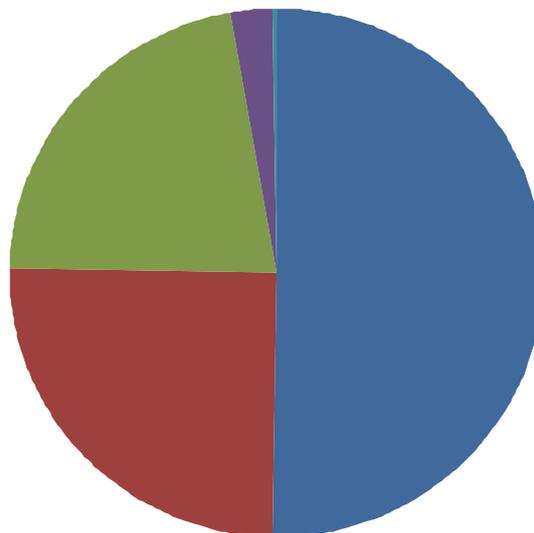
Tabelle 9-6: Allelfrequenzen am Genort ch02d08 in 16 Vorkommen.

Land	Vork.	n	203	205	227	229	239	241	243	245	247	249	251	253	255	257	269	271
BW	KET	6						8%	75%						17%			
	APF	10					5%	15%	50%	5%				15%	10%			
	NEU	13					12%	27%	50%						12%			
	EDE	13					4%	15%	58%		4%			4%	15%			
	EIO	14						25%	46%	4%	4%	4%			18%			
	EIW	14					14%	7%	57%	7%	4%				11%			
	LEH	11					36%	14%	14%		9%			5%	18%	5%		
	STE	7							36%		50%			14%				
	TAU	12							50%		4%				42%		4%	
	GER	9					11%	11%	22%		39%				11%			6%

	REI	6						8%	25%	33%			8%		25%			
BY	ZEL	29						10%	7%	33%	2%		10%		26%	12%		
	IPH	31						10%	16%	45%	2%	5%	6%	2%	3%	10%	2%	
	UFF	29					5%	9%	21%	38%	5%	2%	2%		3%	3%	2%	10%
ST	WIL	27	4%	4%	2%		2%	22%	50%	4%								13%
TH	HAI	25						28%		72%								
	Summe	256	0%	0%	0%	1%	10%	13%	46%	3%	5%	2%	0%	5%	10%	1%	1%	2%



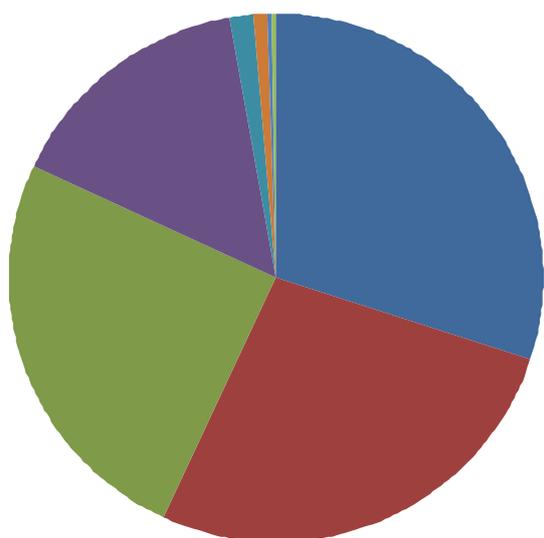
■ 108 ■ 116 ■ 112 ■ 118 ■ 120 ■ 138  
 ■ 104 ■ 114 ■ 82 ■ 95 ■ 101



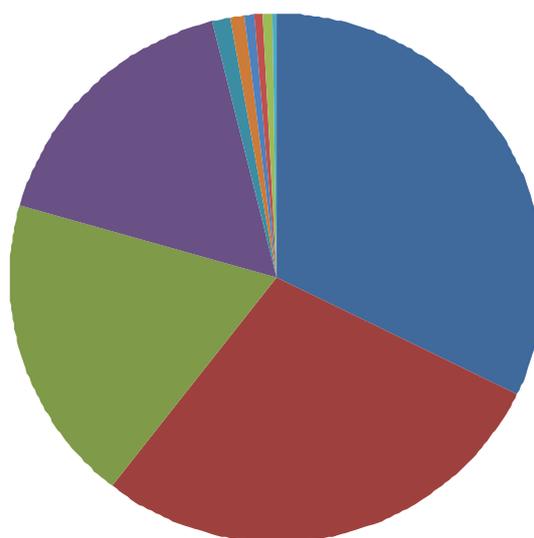
■ 146 ■ 156 ■ 148 ■ 142 ■ 144

Abbildung 9-1: Häufigkeitsverteilung der Allele am Genort ch01h10 (11 Allele).

Abbildung 9-2: Häufigkeitsverteilung der Allele am Genort mss16 (5 Allele).



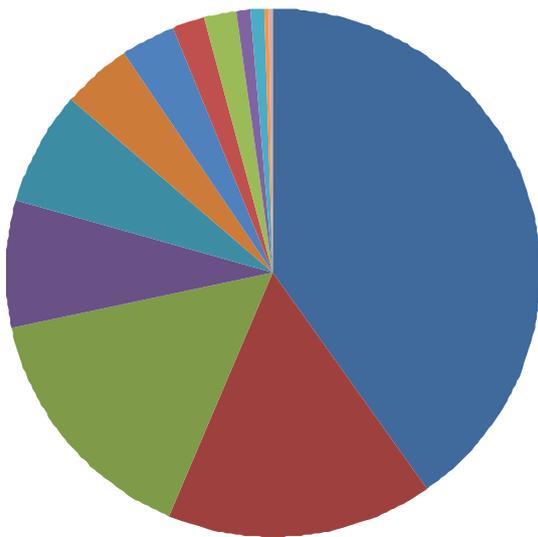
■ 241 ■ 229 ■ 227 ■ 243 ■ 245  
 ■ 237 ■ 239 ■ 247 ■ 261



■ 140 ■ 90 ■ 128 ■ 126 ■ 118 ■ 142  
 ■ 130 ■ 132 ■ 172 ■ 114 ■ 146

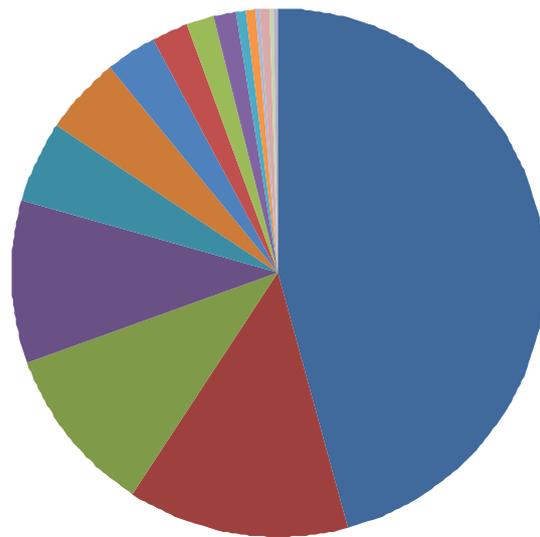
Abbildung 9-3: Häufigkeitsverteilung der Allele am Genort ch02c09 (9 Allele).

Abbildung 9-4: Häufigkeitsverteilung der Allele am Genort ch01h01 (11 Allele).



■ 178 ■ 170 ■ 164 ■ 190 ■ 168 ■ 162 ■ 172  
 ■ 180 ■ 116 ■ 176 ■ 110 ■ 108 ■ 174 ■ 186

Abbildung 9-5: Häufigkeitsverteilung der Allele am Genort ms14h03 (14 Allele).



■ 243 ■ 241 ■ 255 ■ 239 ■ 253 ■ 247 ■ 245 ■ 249  
 ■ 271 ■ 269 ■ 229 ■ 257 ■ 203 ■ 205 ■ 251 ■ 227

Abbildung 9-6: Häufigkeitsverteilung der Allele am Genort ch02d08 (16 Allele).

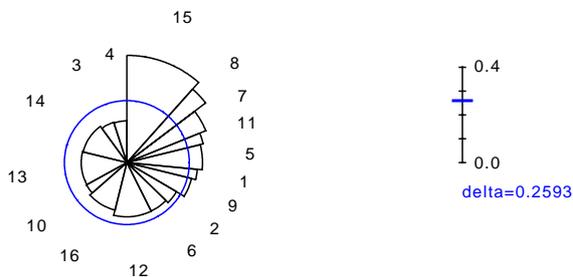


Abbildung 9-7: Differenzierung von 16 Vorkommen am Genort ch01h10.

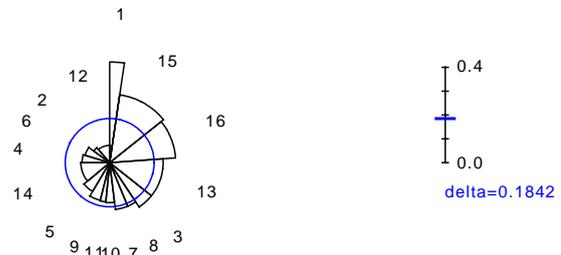


Abbildung 9-8: Differenzierung von 16 Vorkommen am Genort mss16.

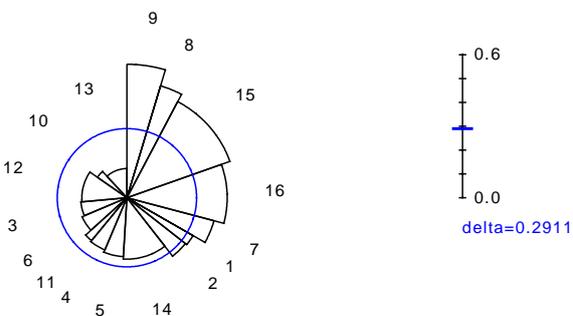


Abbildung 9-9: Differenzierung von 16 Vorkommen am Genort ch02c09.

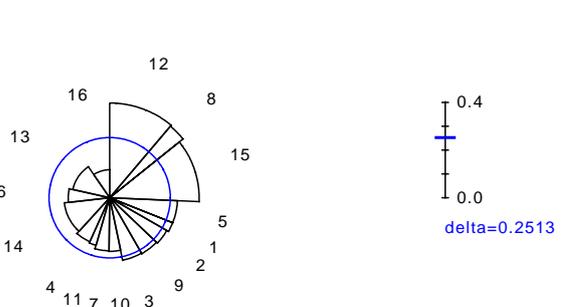


Abbildung 9-10: Differenzierung von 16 Vorkommen am Genort ch01h01.

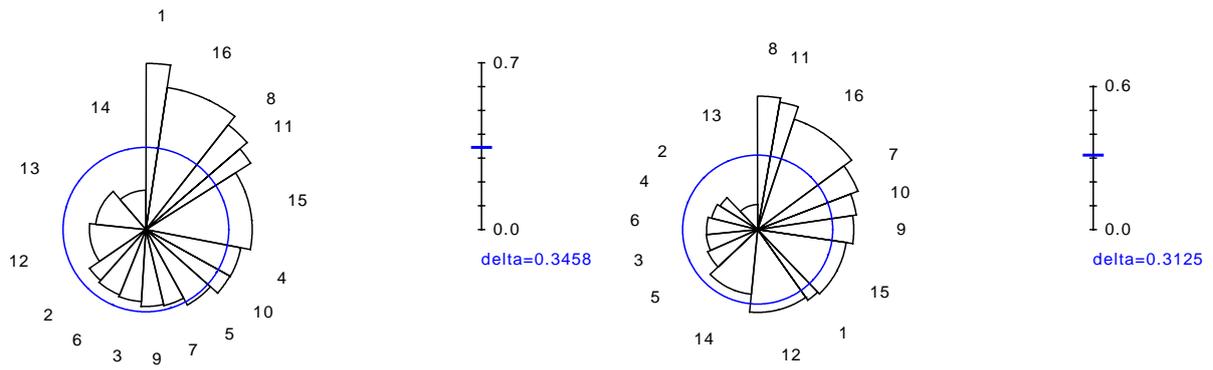


Abbildung 9-11: Differenzierung von 16 Vorkommen am Genort mss14h03.

Abbildung 9-12: Differenzierung von 16 Vorkommen am Genort ch02d08.

*Tabelle 9-7: Anleitung zur Beprobung des Speierlings.*

Genmarker:	Mikrosatellitenmarker
Durchführende Institution:	Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt z.Hd. Frau Seifert Professor-Oelkers-Str. 6 34346 Hann. Münden
Probenumfang:	30 Individuen je Population
Probenmaterial:	grüne Blätter
Probenahmezeitpunkt:	April / Mai - Ende August / Anfang September (je nach Witterungsverhältnissen: Herbstfärbung darf nicht eingesetzt haben; junge, ausgefärbte Blätter sind zu bevorzugen)
Beprobungsmuster:	<ul style="list-style-type: none"><li>• Entnahme von (jungen) ausgefärbten, gesunden Blättern, Herbstfärbung darf nicht eingesetzt haben</li><li>• je Individuum drei bis fünf (angewachsene) Blätter</li><li>• die Blätter können von jedem Teil des Baumes stammen</li><li>• die Beprobung erfolgt rasterförmig über das gesamte Vorkommen</li><li>• jede Probenahme wird per GPS-Koordinaten vermerkt</li><li>• jede Probenahme wird durch Digitalphotos dokumentiert</li></ul>
Verpackung der Proben:	<ul style="list-style-type: none"><li>• die Proben werden für jeden Baum getrennt in Briefumschläge gegeben und beschriftet</li><li>• alle Proben eines Standortes werden gemeinsam in einen Plastikbeutel gegeben und beschriftet</li><li>• Lagerung der Proben im Kühlschrank (nicht einfrieren)</li><li>• bei grosser Nässe werden die Blätter vor der Verpackung im Gelände zwischen Zeitungspapier kurz getrocknet und möglichst schnell verschickt</li><li>• der Versand erfolgt per Post an obige Adresse</li><li>• ein Versand über das Wochenende oder Feiertage ist nicht zu empfehlen - hier ist es besser die Proben im Kühlschrank (nicht einfrieren) zu belassen und am nächsten Werktag zu versenden</li></ul>
Beschriftung:	<ul style="list-style-type: none"><li>• alle Proben werden nach einem einheitlichen Schlüssel beschriftet, der sich aus der Baumart, dem Beprobungsgebiet, dem Datum und einer fortlaufenden Nummer zusammensetzt.</li><li>• das Kürzel (3-stellig) für die Baumart wird aus der Access-Datenbank übernommen.</li><li>• das Kürzel für das Beprobungsgebiet (3-stellig) wird im Vorfeld zentral abgestimmt.</li><li>• die Angabe des Datums erfolgt als JJMMTT.</li><li>• die fortlaufende Nummerierung (3-stellig) erfolgt in Analogie zu den aufgenommenen GPS-Koordinaten.</li><li>• Beispiel: EIB-Pat-110317-001 Baumart: Eibe Beprobungsgebiet: Paterzeller Eibenwald Beprobungstermin: 17. März 2011</li></ul>
Genehmigungen:	<ul style="list-style-type: none"><li>• Zugangsberechtigungen / Betretungsrechte, besonders bei Schutzgebieten, sind im Vorfeld einzuholen.</li><li>• Grundsätzlich sind auch ausserhalb von Schutzgebieten zuständige Einrichtungen und / oder Forstämter zu informieren.</li><li>• bei Kartierungen und Probenahmen ist grösstmögliche Rücksicht auf Belange Dritter und sonstige Belange des Natur- und Artenschutzes zu legen. Insbesondere dürfen keine Brutvögel gestört oder beeinträchtigt werden.</li></ul>

# Kartieranleitung

zur

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

Stand: 11.02.2010

Herausgeber: Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde

## Inhaltsverzeichnis

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

## Anlagen

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

## **Kartierung forstgenetischer Ressourcen**

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

### **Definition „Genobjekt“**

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

### **Abgrenzung eines Genobjektes**

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

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

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

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

### **Erfassung der Parameter**

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

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

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

### **Aufnahmetrupp**

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

## Datum

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

## Bundesland

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

Bundesland	Kennziffer	Bundesland	Kennziffer
Baden-Württemberg	BW	Niedersachsen	NI
Bayern	BY	Nordrhein-Westfalen	NW
Berlin	BE	Rheinland-Pfalz	RP
Brandenburg	BB	Saarland	SL
Hansestadt Bremen	HB	Sachsen	SN
Hansestadt Hamburg	HH	Sachsen-Anhalt	ST
Hessen	HE	Schleswig-Holstein	SH
Mecklenburg-Vorpommern	MV	Thüringen	TH

Tabelle 1: Kennziffern der Bundesländer

## Laufende Nummer des Genobjektes

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

## Artbezeichnung/ Artdetermination

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

## Etabliertes Generhaltungsobjekt

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

## Koordinaten

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

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

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

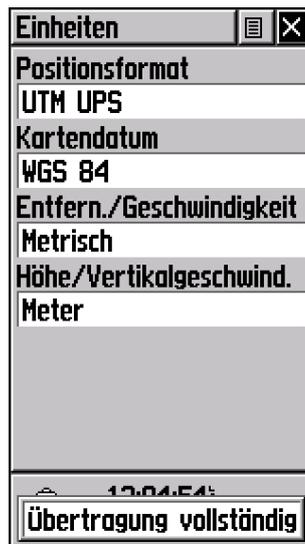


Abbildung 1.: Einstellungen des GPS-Empfängers, hier Garmin eTrex-Reihe im UTM Format

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

### **Forstbehörde**

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

### **Reviername/ Reviernummer**

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

### **Landkreis/ Gemeinde**

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

### **Bundeswuchsgebiet/ Bundeswuchsbezirk**

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

## **Eigentumsart**

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

## **Angaben zum Genobjekt**

### **Gesamtfläche**

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

### **Anzahl**

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

### **Isoenzym-/ DNA-Untersuchungen**

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

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

## **Bestandesbeschreibung**

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

### **Durchmesserstruktur**

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

### **Begründungsart**

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

### **Verjüngung**

Hier wird dokumentiert, ob das Vorkommen eine Verjüngung der kartierten Zielbaumart aufweist. Dazu ist das Vorhandensein von Mutterbäumen zwingend erforderlich. Eine ex-situ Anpflanzung einer der Zielbaumarten zählt nicht zur Verjüngung im Sinne dieser

Kartieranleitung. Die Oberhöhe der Verjüngung beträgt 3 Meter, höhere Individuen werden hier nicht als Verjüngung angesprochen, ihre Erfassung erfolgt über die Durchmesserstufen. Zunächst wird der Anteil der Verjüngungsfläche an der Fläche des Genobjektes eingestuft. Zur Beurteilung der weiteren Entwicklung der Naturverjüngung müssen außerdem die Anteile der Höhenstufen unter 1,50 Meter an der Fläche der gesamten Verjüngung geschätzt werden.

### **Altbäume**

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

### **Anteil der Zielbaumart**

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

- 80 – 100 %
- 30 – 79 %
- < 30 %

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

### **Mischbaumarten**

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

### **Vitalität**

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

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

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

### **Anteil der kreuzbaren Arten**

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

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

## **Beschreibung**

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

## **Weitere Parameter**

### **Bearbeitungsstand**

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

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

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

## **EDV**

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

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

## **Schutzstatus**

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

## **Kartenausschnitt**

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

**Kartierung genetischer Ressourcen in Deutschland**

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

**Erfassungsbogen**

**Aufnahmetrupp:** \_\_\_\_\_

**Bundesland**

**Datum:**

**Lfd. Nr.**   
 Bitte rechtsbündig eintragen

**Gehölzart**

Entsprechend Schlüssel

**Artbestimmung vor Ort?**  ja  nein

**Etabliertes Generhaltungsobjekt?**

**Schlüssel**  
 1 in-situ  
 2 ex-situ  
 3 nein

**Koordinaten**

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

**Ost- (UTM) bzw. Rechtswert (GK)**         / **Nord- (UTM) bzw. Hochwert (GK)**

**Koordinatenherkunft**  GPS  aus Karte entnommen  aus Unterlagen übernommen

**Bemerkung** \_\_\_\_\_

**Lage**

**Forstbehörde** \_\_\_\_\_  
**Reviername** \_\_\_\_\_  
**Landkreis** \_\_\_\_\_  
**Gemeinde** \_\_\_\_\_  
**Bundeswuchsgebiet**

**Schlüssel-Nr.**      
**Reviernummer**     
**Schlüssel-Nr.**     Ermittlung durch Koordinaten  
**Schlüssel-Nr.**     Ermittlung durch Koordinaten  
**Bundeswuchsbezirk**     Ermittlung durch Koordinaten

**Eigentumsart**

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

**Fläche**

ha  
 gemessen  
 aus Karte entnommen  
 aus Unterlagen übernommen  
 geschätzt

**Anzahl der Individuen**

gezählt  über Fläche hergeleitet  
 Winkelzählprobe  geschätzt  
 aus Unterlagen übernommen

**Isoenzym- / DNA-Untersuchungen vorhanden ?**

ja  
 nein  
 unbekannt

**Zur Untersuchung vorgeschlagen ?**

**Bestandesbeschreibung**

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

**Begründungsart**  
 Schlüssel  
 1 Naturverjüngung  
 2 Kunstverjüngung  
 3 unbekannt

**Verjüngung**

Anteils%     
 davon < 1,5 m     
**Altbäume > 50 cm BHD ?**  
 vorhanden:

**Anteil der Zielbaumart**

an vorhandenen Mischbaumarten (MBA)  
 < 30 %  Winkelzählprobe  
 30 - 79 %  geschätzt  
 80 - 100 %

**MBA:**

\_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_

**Vitalität**

Anteile der Vitalitätsstufen in % (nach Tafel 1)  
 BHD  
 < 7 cm           %  
 7 - 20 cm           %  
 > 20 cm           %  
 Achtung: jede Zeile muss in der Summe 100 % ergeben !

**Beschreibung des Genobjektes:**

(Besonderheiten, Schädursachen, Gefährdungen usw.)

\_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_  
 \_\_\_\_\_

**Anteil kreuzbarer Arten**

ja  
 nein  
 nicht erkennbar

falls ja:  
 Entfernung (m)      
 (0 = im selben Bestand)

**Bearbeitungsstand**

Vorklärbearbeitung  bei der Felddaufnahme  
 zur Felddaufnahme vorgesehen  Felddaufnahme abgeschlossen

geprüftes Genobjekt  
 geprüft, **KEIN** Genobjekt

**EDV ?**

Winteransprache



## Vitalitätstufen

### 0 vital

Netzartige,  
gleichmäßige, dichte  
Verzweigung.

Sommeransprache



gilt nicht für junge Exemplare!



### 1 geschwächt

Spieß- oder  
flaschenbürstenartige  
oder längliche  
Kronenstrukturen

gilt nicht für junge Exemplare!



### 2 merklich geschädigt

Pinselartige  
Kronenstrukturen, in  
der Regel  
Kronenabwölbung



### 3 stark geschädigt, absterbend

Absterben von  
Hauptästen,  
skelettartiger Habitus



### 4 abgestorben

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

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

**Gesamtanzahl:**

*(ohne abgestorbene)*