

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

## Endbericht

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

AZ 114-02.05-20.0074/09-E – Los 4

### Untersuchungen zur Grün-Erle (*Alnus viridis*)



Teisendorf, 05.03.2013



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

AZ 114-02.05-20.0074/09-E – Los 4

**Untersuchungen zur Grün-Erle (*Alnus viridis*)**

Berichtszeitraum: 15.03.2010 – 06.11.2012

Laufzeit: 15.10.2009 – 31.03.2013

**Endbericht**

Teisendorf, 05.03.2013

**Auftraggeber:**



Bundesanstalt für  
Landwirtschaft und Ernährung

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

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

**Auftragnehmer:**



BAYERISCHE  
FORSTVERWALTUNG

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

Projektleitung:	<b>Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde</b> Prof. Dr. habil. Ralf Kätzel
Gesamtkoordination:	<b>Humboldt-Universität zu Berlin</b> Dr. Jens Schröder
Koordination Los 4:	<b>Bayerisches Amt für forstliche Saat-und Pflanzenzucht</b> Forstoberrat Gerhard Huber
Bericht/Auswertung:	<b>Bayerisches Amt für forstliche Saat-und Pflanzenzucht</b> Gerhard Huber, Andreas Wurm
Genetische Analysen:	<b>Bayerisches Amt für forstliche Saat-und Pflanzenzucht</b> Dr. Monika Konnert, Dr. Barbara Fussi
Datenmanagement:	<b>IDaMa GmbH Freiburg</b> Jürgen Kayser
Kartierung/Probenahme: Bayern	<b>Bayerisches Amt für forstliche Saat-und Pflanzenzucht</b> Andreas Wurm
Kartierung/Probenahme: Baden-Württemberg	<b>Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Freiburg</b> Manuel Karopka, Thomas Weich

## Inhalt

1	Einleitung.....	11
1.1	Ökologie und Verbreitung.....	11
2	Ziele und Aufgabenstellung des Projektes .....	12
2.1	Ablauf und Planung des Projektes.....	12
2.1.1	Weiterentwicklung der Datenbank .....	14
2.1.2	Erfassung von Vorkommen.....	14
2.1.3	Schematische Übersicht des Projektverlaufes .....	15
2.2	Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde .....	15
3	Material und Methoden.....	16
3.1	Projektmanagement .....	16
3.2	Datenrecherche .....	17
3.3	Auswertung der Quellenabfrage.....	17
3.4	Kartierung.....	18
3.5	Datenbank und GIS-Anwendungen .....	19
3.6	Auswertung der Datenbank.....	22
3.6.1	Schutzstatus .....	22
3.6.2	Abundanz.....	22
3.6.3	Altersstruktur.....	23
3.6.4	Vitalität.....	23
3.6.5	Demografische Strukturen .....	24
3.6.6	Ermittlung der Erhaltungsfähigkeit nach phänotypischen Kriterien .....	24
3.6.7	Dichteanalysen .....	25
3.6.8	Bundeswuchsgebiete.....	25
3.6.9	Potentielle natürliche Vegetation.....	25
3.6.10	Naturverjüngung .....	25
3.7	Auswahl von Genobjekten für die genetischen Analysen .....	25
3.8	Beprobung ausgewählter Genobjekte .....	26
3.9	Genetische Untersuchung.....	27
3.9.1	Probenmaterial.....	27
3.9.2	Methodische Details zur Isoenzymanalyse .....	27
3.9.3	Parameter zur Beschreibung der genetischen Variation.....	28
3.10	Statistische Auswertungen .....	29
4	Darstellung der wichtigsten Ergebnisse.....	30
4.1	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen .....	30
4.1.1	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten .....	33

4.1.2	Potentielle natürliche Vegetation.....	35
4.2	Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl .....	36
4.2.1	Abundanz.....	37
4.3	Durchmesserstruktur und Altersstruktur .....	37
4.3.1	Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen.....	37
4.3.2	Altersstrukturqualitätsklassen .....	39
4.4	Vitalitätsstufen .....	40
4.5	Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen .....	42
4.6	Naturverjüngung.....	43
4.7	Eigentumsverhältnisse .....	44
4.8	Schutzstatus und Höhenlage der Vorkommen .....	45
4.9	Anteil der Zielbaumart .....	47
4.10	Flächengröße .....	48
4.11	Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen .....	48
4.11.1	Allelhäufigkeiten.....	48
4.11.2	Genetische Variation innerhalb der Vorkommen.....	52
4.11.3	Genetische Abstände und Differenzierung zwischen den Populationen der Grün-Erlen.....	53
4.11.4	Schlussfolgerungen für Erhaltungsstrategien bei der Grün-Erle aus genetischer Sicht .....	56
5	Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse.....	56
5.1	Bewertung nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltensdringlichkeit.....	57
5.2	Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen.....	64
5.3	Schlussfolgerung mit dem Ziel der Politikberatung.....	64
6	Zusammenfassung .....	65
7	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen...	66
8	Literatur .....	68
9	Anhang Inhalt .....	70

**Abbildungsverzeichnis:**

Abbildung 1: Schematische Darstellung der Projektstruktur (Quelle: LFE).....16

Abbildung 2: Eingabemaske zur Erfassung der erhobenen Daten (Erfassungsbogen) .....20

Abbildung 3: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Abundanzklassen (MS-Access Routine „fgr\_auswertung.mdb“)......21

Abbildung 4: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Altersstrukturklassen (MS-Access Routine „fgr\_auswertung.mdb“)......21

Abbildung 5: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Erhaltungsfähigkeit (MS-Access Routine „fgr\_auswertung.mdb“)......22

Abbildung 6: Einteilung und Bewertung der Qualitätsklassen der Altersstrukturen anhand der Durchmesserstufen .....23

Abbildung 7: Beispiel für Alterspyramiden .....24

Abbildung 8: Genetisch beprobte Vorkommen der Grün-Erle in BY und BW .....27

Abbildung 9: Darstellung eines BoxPlot (auch Box-Whisker-Plot) mit Benennung der Kennwerte. Zusätzlich ist der Mittelwert des Datensatzes angegeben.....29

Abbildung 10: Anzahl der kartierten Vorkommen der Grün-Erle in BY und BW.....31

Abbildung 11: Anzahl der kartierten Bäume der Grün-Erle in BY und BW .....31

Abbildung 12: Lage der kartierten Grün-Erlen-Vorkommen und Größenklassen (Höhenlinien-Darstellung) .....32

Abbildung 13: Anzahl der kartierten Bäume bezogen auf die Fläche (in 1.000 km<sup>2</sup>) der Bundesländer .....32

Abbildung 14: Anzahl der kartierten Bestände bezogen auf die Fläche (in 1.000 km<sup>2</sup>) der Bundesländer .....32

Abbildung 15: Vorkommen der Grün-Erle in den Bundeswuchsgebieten .....34

Abbildung 16: Anzahl der kartierten Bäume der Grün-Erle in den Bundeswuchsgebieten ..35

Abbildung 17: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen der Grün-Erle .36

Abbildung 18: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen der Grün-Erle .36

Abbildung 19: Durchschnittliche Flächengröße der Vorkommen der Grün-Erle in BY und BW .....37

Abbildung 20: Durchschnittliche Baumzahl der Vorkommen der Grün-Erle in BY und BW .37

Abbildung 21: Baumzahlen der beiden gefundenen Durchmesserstufen der Grün-Erle ....38

Abbildung 22: Altersstrukturpyramide der Durchmesserstufen der Grün-Erle in BY und BW .....38

Abbildung 23: Grundtypen (Alterstrukturen) und Häufigkeiten der Grün-Erle .....38

Abbildung 24: Prozentuale Verteilung der drei Durchmesserstufen in den Bundesländern (Grün-Erle).....39

Abbildung 25: Anteile der Vitalitätsstufen der Grün-Erle in BY und BW in Prozent .....40

Abbildung 26: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen der Grün-Erle in den Bundesländern .....	40
Abbildung 27: Verteilung der durchschnittlichen Vorkommens-Vitalität der Grün-Erle in den beiden Bundesländern.....	41
Abbildung 28: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen der Grün-Erle in BY und BW .....	41
Abbildung 29: Vitalitätsanteile in den Durchmesserklassen der Grün-Erle in BY und BW...	42
Abbildung 30: Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen der Grün-Erle in BY und BW	42
Abbildung 31: Anteile der Vorkommen der Grün-Erle mit Naturverjüngung .....	43
Abbildung 32: Übersicht der Vorkommen und Verjüngungsklassen der Grün-Erle mit oder ohne Naturverjüngung .....	44
Abbildung 33: Aufteilung der Grün-Erlen-Vorkommen nach Eigentumsarten in BY und BW .....	44
Abbildung 34: Verteilung der Grün-Erlen Vorkommen nach Eigentumsarten in BY und BW .....	45
Abbildung 35: Anzahl der kartierten Vorkommen in Deutschland mit Schutzstatus.....	46
Abbildung 36: Höhenstufen der Grün-Erlen Vorkommen.....	47
Abbildung 37: Anteil Zielbaumart in Prozentstufen der Grün-Erle in BY und BW .....	47
Abbildung 38: Genobjektsflächen der Grün-Erle nach Größenklassen [ha] .....	48
Abbildung 39: Allelhäufigkeiten am Genort ACO-B der Grün-Erle.....	49
Abbildung 40: Allelhäufigkeiten am Genort MNR-A der Grün-Erle .....	49
Abbildung 41: Allelhäufigkeiten am Genort 6-PGDH-A der Grün-Erle .....	50
Abbildung 42: Allelhäufigkeiten am Genorts 6PGDH-A der Grün-Erle .....	50
Abbildung 43: Allelhäufigkeiten am Genort PGM-A der Grün-Erle .....	51
Abbildung 44: Allelhäufigkeiten am Genort SDH-A der Grün-Erle .....	51
Abbildung 45: Beobachtete (grün) und erwartete (rot) Heterozygotie in den untersuchten Grün-Erlen-Vorkommen.....	53
Abbildung 46: Differenzierungswerte ( $D_j$ ) der acht untersuchten Grün-Erlen Populationen. Die rote Linie zeigt die mittlere Differenzierung aller Populationen mit $\bar{d} = 4,9\%$ an.....	54
Abbildung 47: Grün-Erle: Verteilung der Werte für "Delta K" abhängig von der Anzahl der angenommenen Untergruppen (K-Wert). "Delta K" basiert auf der Änderungsrate zwischen aufeinanderfolgenden K-Werten und der höchste "Delta K" Wert entspricht der Anzahl der Untergruppen im Genpool. ....	55
Abbildung 48: Genetische Struktur der acht untersuchten Grün-Erlen-Bestände. Zugehörigkeit der Individuen zu vier angenommenen Untergruppen (K=4). Der gelbe Cluster dominiert im Bestand Nr. 7 (BW_Schonach_210), der grüne im Bestand Nr. 8 (BW_Schönwald_001).....	56
Abbildung 49: Bewertungsparameter zur Bestimmung des Grades der Erhaltungsfähigkeit und der Erhaltungs-dringlichkeit (Quelle: LFE).....	58

Abbildung 50: Stufen der Erhaltungsfähigkeit und Anzahl der Vorkommen der Grün-Erle in BY und BW .....	58
Abbildung 51: <i>In-situ</i> -Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen der Grün-Erle in den Bundesländern in Prozent .....	59
Abbildung 52: Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen der Grün-Erle in Deutschland (Anzahl der Vorkommen) .....	59
Abbildung 53: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Grün-Erlen-Vorkommen im BY und BW .....	60
Abbildung 54: Kerneldichtendarstellung basierend auf den Grün-Erlen-Vorkommen mit einem Radius von 3 km .....	62
Abbildung 55: Darstellung der Kerneldichte ohne Berücksichtigung der Baumzahl. ....	63
Abbildung 56: Gezentren der Grün-Erle in Deutschland (BY, BW) .....	63
Abbildung 57: Anzahl der kartierten Baumzahlen der Grün-Erle nach Bundesland.....	83
Abbildung 58: Flächengröße der kartierten Grün-Erlen-Vorkommen der Grün-Erle nach Bundesländern. ....	84
Abbildung 59: Baumzahlen pro Flächengröße der kartierten Grün-Erlen-Vorkommen nach Bundesländern. ....	85
Abbildung 60: Verteilung der mittleren Vorkommens-Vitalität der Grün-Erle in den Bundesländern. ....	86

**Tabellenverzeichnis:**

Tabelle 1: Übersicht der Arbeitsschritte im Projektverlauf .....15

Tabelle 2: Übersicht der verwendeten Abundanzklassen und zugeordneten Individuenzahlen bei der Grün-Erle .....23

Tabelle 3: Gesamtbewertung der Vorkommen der Grün-Erle.....24

Tabelle 4: In Graphiken und Tabellen verwendete Kürzel für die Bundesländer (BL) und die Bundesrepublik Deutschland, sowie die für Berechnungen verwendeten Landesflächen. ...30

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

Tabelle 5: Anzahl der kartierten Vorkommen und Anzahl der kartierten Bäume der Grün-Erle in den Bundeswuchsgebieten .....33

Tabelle 6: Verteilung der Vorkommen der Grün-Erle in den Abundanzstufen .....37

Tabelle 7: Baumzahlen der Durchmesserstufen in den kartierten Genobjekten .....39

Tabelle 8: Anzahl der kartierten Bestände der Grün-Erle in den Altersstrukturqualitätsklassen .....40

Tabelle 9: Genetische Vielfalt, Diversität und Heterozygotie für die 8 Vorkommen der Grün-Erle .....52

Tabelle 10: Genetischer Abstand zwischen den untersuchten Grün-Erlen-Vorkommen ....53

Tabelle 11: Genzentren der Grün-Erle in der Bundesrepublik Deutschland (BY, BW) .....61

## 1 Einleitung

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

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

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

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

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

Im vorliegenden Bericht sind die Ergebnissen zur Grün-Erle dargestellt.

### 1.1 Ökologie und Verbreitung

*Alnus viridis* besiedelt frische, kalkarme Standorte in den Hoch- und Mittelgebirgen Zentraleuropas und Südost-Europas. Sie ist raschwüchsig, bildet viele niederliegende Stämme und wird nur 0,5 bis 3 m hoch. Grün-Erlen besitzen ein starkes Ausschlagsvermögen und entwickeln reichlich Wurzelbrut. In höheren Lagen kann *Alnus viridis* in schattigen Lagen,

an Bächen und auf Quellhorizonten auch im Reinbestand auftreten. Die ökologische Bedeutung der Art liegt in ihrer Fähigkeit, Geröll und Boden zu befestigen. In den Alpen wird sie deshalb zur Befestigung von Hängen und Böschungen verwendet.

Der Verbreitungsschwerpunkt der Grün-Erle liegt in den zentraleuropäischen Hoch- und Mittelgebirgen. In den Alpen sind die Hauptvorkommen zwischen 1500 und 2000 m ü. NN zu finden. Im südlichen und mittleren Schwarzwald gibt es kleine Restpopulationen der Grün-Erle zwischen 300 und 1000 m Höhe. Die südliche Arealgrenze verläuft in höheren Lagen der Balkanhalbinsel sowie in den östlichen Karpaten einschließlich der bulgarischen Grenzgebirge.

*Alnus viridis* ist eine winterharte, gegen extreme Klimabedingungen weitgehend widerstandsfähige Strauchart des eher subozeanischen Klimas. Infolge ihrer sehr elastischen Beastung und der oft niederliegenden Stämme erträgt sie Schneedruck ohne Schaden. Die Art stellt hohe Ansprüche an die Bodenfeuchtigkeit, verträgt aber keine Staunässe. Auf quell- und sickerfeuchten Standorten in Schattenlage oder in Nordexposition bildet sie fast immer reine Bestände (Grün-Erlengebüsch). Dort können Weidenarten, gelegentlich auch Eberesche, Bergahorn und *Rosa pendulina* als Begleiter vorkommen.

Grün-Erlen entwickeln sich zu vielstämmigen, reichverzweigten Sträuchern, die 0,5 bis 3 m hoch werden. Das Sprosssystem ist durch die Ausbildung von Lang- und Kurztrieben und durch intensives Ausschlagsvermögen gekennzeichnet. Überdies entsteht reichlich Wurzelbrut und es bilden sich zahlreiche Absenker aus bodennahen Zweigen. Ältere Äste wachsen oft parallel zur Oberfläche, bevor sie sich aufrichten.

## **2 Ziele und Aufgabenstellung des Projektes**

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

### **2.1 Ablauf und Planung des Projektes**

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

Die vier Lose untergliedern sich wie folgt:

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

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

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

Der tatsächliche Projektverlauf und die einzelnen Projektschritte wurden mit dem Auftraggeber und den übrigen Projektpartnern 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

---

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

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

- Weiterentwicklung von Kartieranleitung, Erfassungsbögen und Datenbank
- Einweisung, Schulung und Betreuung der Kartierer
- Terrestrische Erfassung und Charakterisierung der Vorkommen nach Erhaltungswürdigkeit und Erhaltungsdringlichkeit
- Eingabe der Kartiererergebnisse in die Datenbank und Auswertung der Ergebnisse
- Auswahl und Beprobung von Vorkommen für genetische Analysen
- Genetische Analytik und Auswertung der Ergebnisse
- Zusammenfassende Bewertung aller Informationen zu Vorkommen und zur Gefährdung der Baumart in Deutschland
- Erstellung der Zwischenberichte und des Endberichts
- Abstimmung mit Auftraggeber, Gesamtkoordination und Projektpartnern

### **2.1.1 Weiterentwicklung der Datenbank**

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

### **2.1.2 Erfassung von Vorkommen**

Mit Beginn der Vegetationsperiode wurden alle Bearbeiter und Kartierer in die Vorgehensweisen bei den Erhebungen im Gelände geschult (Kartieranleitung, Erfassungsbögen, etc.), sowie mit der Aufarbeitung der erhobenen Daten zur Eingabe in die Datenbank vertraut gemacht. Die Einweisungen erfolgten sowohl auf theoretischer Basis als auch mehrfach im Gelände, um eine qualitativ hochwertige und einheitliche Erhebung der Geländedaten zu gewährleisten. Die Erhebungen im Gelände erfolgten während der Vegetationsperiode 2010 und 2011.

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

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

### 2.1.3 Schematische Übersicht des Projektverlaufes

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

Tabelle 1: Übersicht der Arbeitsschritte im Projektverlauf

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

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

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

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

### 3 Material und Methoden

#### 3.1 Projektmanagement

Nach Auftragserteilung erfolgte das erste Treffen am 01.12.2009 in Bonn in den Räumlichkeiten des BMELV im Vorfeld einer BLAG-Sitzung. Das Treffen hatte zum Ziel, die Projektteilnehmer gegenseitig vorzustellen und die Vorgehensweise nach einheitlichen Kriterien abzustimmen. Zwischen dem Bayerischen Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht in Teisendorf und dem Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, zusammen mit dem Forstbüro Ostbayern, wurde eine enge Kooperation vereinbart und die Humboldt-Universität zu Berlin mit der Gesamtkoordination aller vier Lose beauftragt (Abbildung 1).

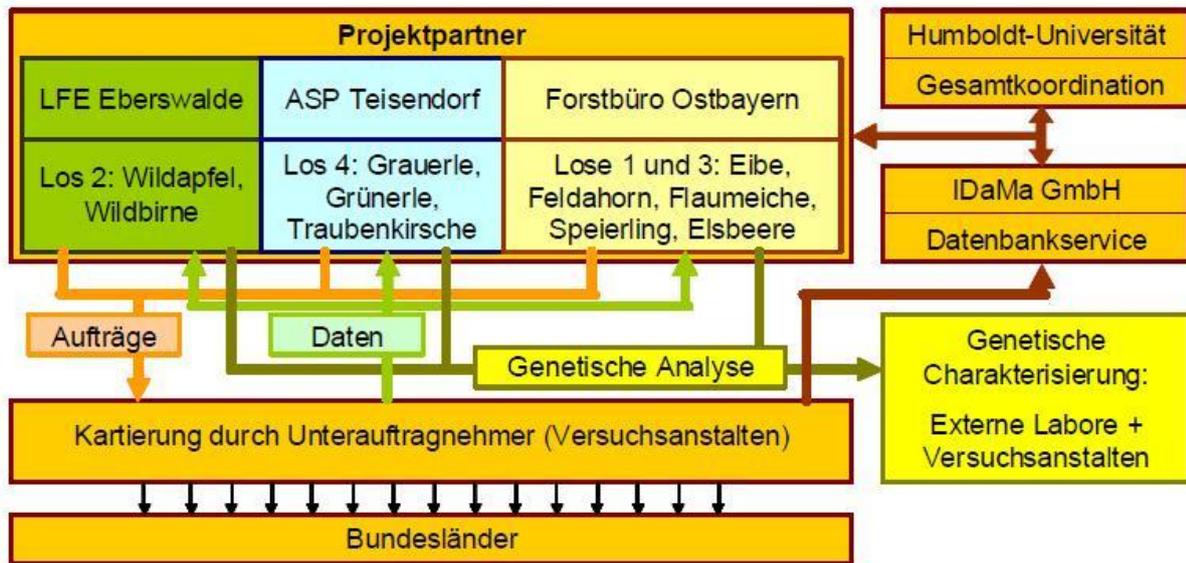


Abbildung 1: Schematische Darstellung der Projektstruktur (Quelle: LFE)

In der ersten Jahreshälfte 2010 fanden mehrere Abstimmungsgespräche bzgl. Art und Umsetzung der vorhandenen Daten in den einzelnen Bundesländern statt. Die Kommunikation und Zusammenarbeit mit den Landeseinrichtungen hat sich als außerordentlich gut erwiesen. Diese haben zum erfolgreichen Verlauf und Abschluss des Vorhabens wesentlich beigetragen. Die Projektpartner standen während der gesamten Projektlaufzeit in ständigem Kontakt. Somit waren zeitnahe Informationen aller Beteiligten und die Qualitätssicherung der Arbeiten sichergestellt.

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

Am 11.11.2010 fand das erste Koordinierungstreffen in Berlin statt. Es erfolgte eine Darstellung des aktuellen Kartierungsstandes. Ein weiterer Punkt der Tagesordnung waren Prob-

leme bei der Kartierung sowie die Datenbank. Geklärt wurde anschließend das Vorgehen bei der genetischen Beprobung/Analyse. Abschließend wurden die anstehenden Zwischenberichte besprochen sowie Möglichkeiten der Darstellung des Projektes bzgl. Öffentlichkeitsarbeit.

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

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

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

### **3.2 Datenrecherche**

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

### **3.3 Auswertung der Quellenabfrage**

Die ermittelten Daten wurden auf die Eignung als Gen-Objekt im Sinne der Kriterien der Kartieranleitung überprüft. Hierzu wurden in einem ersten Schritt alle georeferenziert vorliegenden Daten in ein einheitliches Datum, bzw. Koordinatenbezugssystem (KBS) umgewandelt. Alle Projektpartner einigten sich auf das KBS "WGS84 / UTM Zone 32N" (EPSG:

32632). Bei Daten, die nur aus Kartenwerken bestanden, wurde versucht möglichst genau geographische Koordinaten abzuleiten. Eines der Hauptkriterien zur Definition eines geschlossenen Genobjektes ist die Ausdehnung, bzw. die Entfernung der Individuen von maximal 1.000 m voneinander. Durch Bildung entsprechender Puffer konnten einzelne Koordinaten zu größeren oder kleineren Vorkommen zusammengefasst werden und für die Kartiererteams der einzelnen Bundesländer aufbereitet werden. Soweit es aufgrund der vorliegenden Daten möglich war, erfolgte eine kartenmäßige Darstellung der potentiellen Genobjekte. In den Bundesländern, in welchen keine Daten vorhanden waren, wurden mögliche Vorkommensgebiete systematisch aufgesucht und abgearbeitet. Dies erwies sich als sehr arbeitsintensiv und sehr zeitaufwendig. Als Vorkommen wurden nur Bestände ausgewiesen, die folgende Definitionskriterien erfüllten:

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

### **3.4 Kartierung**

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

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

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

### Aufnahmetrupp

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

Weitere Angaben zur Weiterverarbeitung/Auswertung sind:

- Bearbeitungszustand
- EDV
- Schutzstatus
- Kartenausschnitt

Die erhobenen Daten wurden im Gelände vor Ort i.d.R. analog erfasst und zu einem späteren Zeitpunkt in die Datenbank eingegeben. Zusätzlich zu den Beschreibungen der Genobjekte sowie den Koordinaten wurden die Abgrenzungen der Vorkommen auf Karten eingezeichnet und den Erfassungsbögen angeheftet.

### 3.5 Datenbank und GIS-Anwendungen

Die Dokumentation der Daten erfolgte über Microsoft Office Access Anwendungen, die im Rahmen der Vorgänger-Vorhaben zur Untersuchung der Schwarzpappel und der Ulmenarten von der IDaMa GmbH Freiburg entwickelt wurden. Neben der Datenbank zur Speicherung der erhobenen Daten (fgrXX\_d.mdb) lagen zwei Access-Routinen mit Eingabemasken vor. Eine Routine (fgr2003.mdb) diente der Eingabe der Feldaufnahmen und der Plausibilisierung der eingegebenen Daten. Die Eingabemaske für die Feldaufnahmen war mit der Kartieranleitung und dem Erfassungsbogen abgestimmt (Abbildung 2).

Abbildung 2: Eingabemaske zur Erfassung der erhobenen Daten (Erfassungsbogen)

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

Die Eingaben der Daten in die Datenbank erfolgten direkt nach Vorliegen der jeweiligen Ergebnisse, um frühzeitig Erkenntnisse für nachfolgende Projektschritte, wie z.B. Auswahl geeigneter Populationen für genetische Untersuchungen treffen zu können. Die zweite Access-Routine (fgr\_auswertung.mdb) diente der Datenauswertung. Über Eingabemasken konnten Parameter für die Abundanzklassen (Abb. 3), die Altersstrukturklassen (Abb. 4) und die Erhaltungsfähigkeit (Abb. 5) eingetragen und die Ergebnisse tabellarisch ausgegeben werden.

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

Die kartographische Darstellung der erzielten Ergebnisse erfolgte mit den GIS-Programmen Quantum GIS6 und ESRI ArcGIS7. Die Kartenauswertungen erfolgten direkt nach Vorliegen der jeweiligen Ergebnisse, um frühzeitig Erkenntnisse für nachfolgende Projekt-schritte, wie z.B. Auswahl geeigneter Populationen für genetische Untersuchungen, treffen zu können.

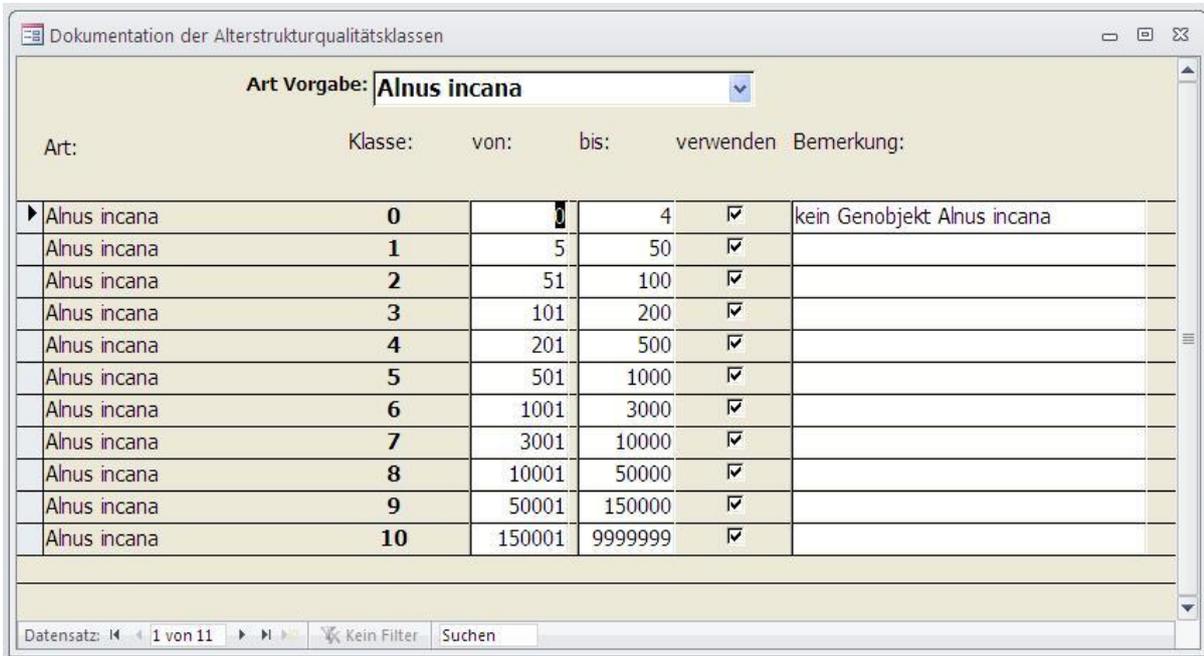


Abbildung 3: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Abundanzklassen (MS-Access Routine „fgr\_auswertung.mdb“)

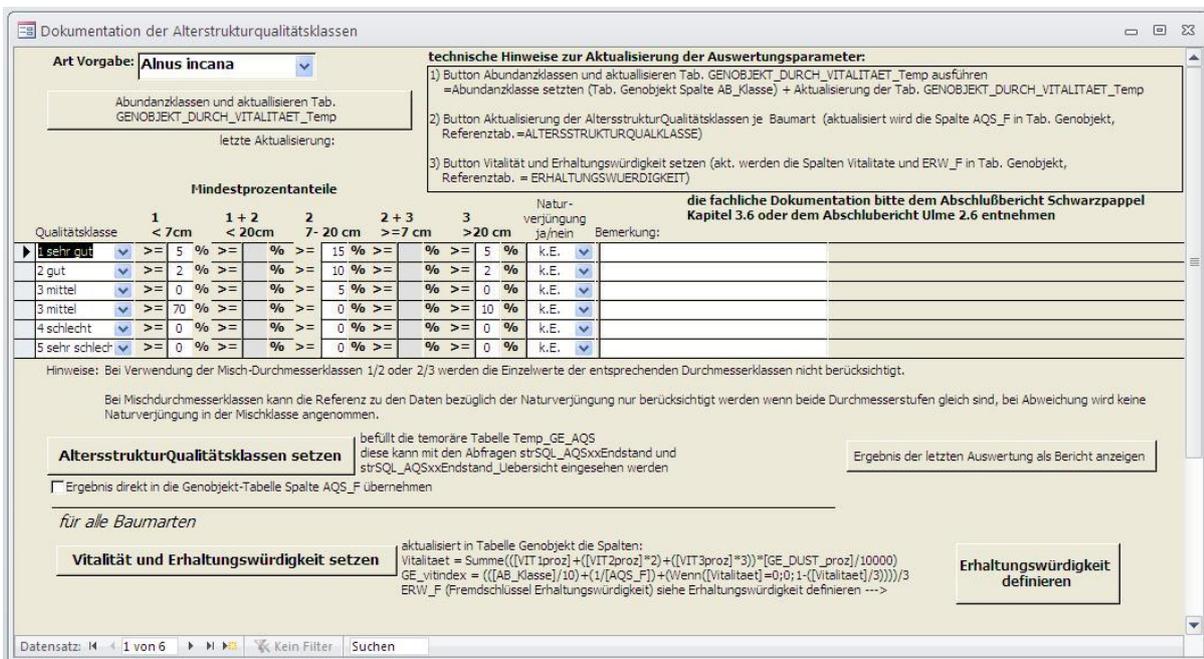


Abbildung 4: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Altersstrukturklassen (MS-Access Routine „fgr\_auswertung.mdb“)

ERW_P: Kurz	Erhaltungswürdigkeit:	Sort	Bemerk.	Abundanzklasse Min.	Altersstrukturklasse Min.	Vitalitaet Minimal	Vitalitaet Maximal
1   shr. gt.	sehr gut	10		6	2	0	1
2   gut	gut	20		5	3	0	1,5
3   mittel	mittel	30		4	3	1,51	2
4   wenig geeigr	wenig geeignet	40		2	4	2,01	2,5
5   nicht geeign	nicht geeignet	50		1	4	2,51	4
9   k.E.	-	90	keine Eingab			0	

Datensatz: 1 von 6 | Kein Filter | Suchen

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

### 3.6 Auswertung der Datenbank

Die Datenbankinhalte der Kartierer wurden von IDaMa mehrfach auf Plausibilität und Koordinatenfehler geprüft und zu einem Gesamtdatenpool zusammengeführt. In dieser Gesamtdatenbank konnten nun die Abfragen für die verschiedenen Auswertungen formuliert werden. Die erhobenen Daten wurden in beschreibender Form, sowie in Karten, Graphiken und Tabellen dargestellt.

#### 3.6.1 Schutzstatus

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

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

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

#### 3.6.2 Abundanz

Die Abundanz ist ein Maß für die Individuendichte von Populationen und gibt die Gesamtzahl von Individuen pro Vorkommen an. Die Festlegung der Kriterien zur Berechnung der

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

Tabelle 2: Übersicht der verwendeten Abundanzklassen und zugeordneten Individuenzahlen bei der Grün-Erle

Stufe	Individuenzahl
1	5 - 50
2	51 – 200
3	201 – 7.000
4	7.001 – 10.000

### 3.6.3 Altersstruktur

Da das Alter von Bäumen durch phänotypische Ansprache nicht ohne weiteres zu bestimmen ist, wurde zur Veranschaulichung der Altersstruktur die Durchmesserverteilung geschätzt. Um die Durchmesserstruktur der Vorkommen zu bewerten, wurde ein eigenes Bewertungsschema geschaffen.

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

Abbildung 6: Einteilung und Bewertung der Qualitätsklassen der Altersstrukturen anhand der Durchmesserstufen

Zur Beschreibung und Bewertung der Altersstruktur wurde eine fünfstufige Einordnung von "Qualitätsklassen" (1 sehr gut, 2 gut, 3 mittel, 4 schlecht, 5 sehr schlecht) erstellt, die durch zu definierende Anteile der Durchmesserstufen in den einzelnen Vorkommen berechnet werden (Abb. 6).

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

### 3.6.4 Vitalität

Die Vitalität ist ein wesentlicher Parameter zur Einschätzung des aktuellen Gesundheitszustandes der Vorkommen. Sie wurde für jede der drei Durchmesserstufen getrennt erfasst, um den Zustand einer Population differenziert nach dem Alter der Bäume bewerten zu können. Zur Vergleichbarkeit der Vorkommen untereinander wurde die durchschnittliche Vitali-

tät des einzelnen Vorkommens berechnet. Dazu war es zunächst notwendig, pro Vorkommen die durchschnittliche Vitalität jeder Durchmesserstufe zu errechnen. Hieraus wurde dann die durchschnittliche Vitalität des gesamten Vorkommens in Abhängigkeit der prozentualen Durchmesseranteile berechnet. Die berechneten Ergebnisse wurden direkt in die Spalte GE\_vitindex und Vitalität der Datenbank „fgr\_stamm\_d.mdb“ eingetragen.

### 3.6.5 Demografische Strukturen

Zur graphischen Veranschaulichung der demographischen Strukturen der Populationen der Baumarten wurden Durchmesserstrukturpyramiden erstellt (Abb. 7). Dafür wurden verschiedene Typen gebildet, die als Altersstrukturen gedeutet werden können. Aufgrund ihres buschförmigen Wachstums treten jedoch bei der Grün-Erle keine Durchmesserstufen über 20 cm auf. Die verwendete Methode zur Darstellung der Altersstruktur ist daher bei der Grün-Erle nur eingeschränkt anwendbar.

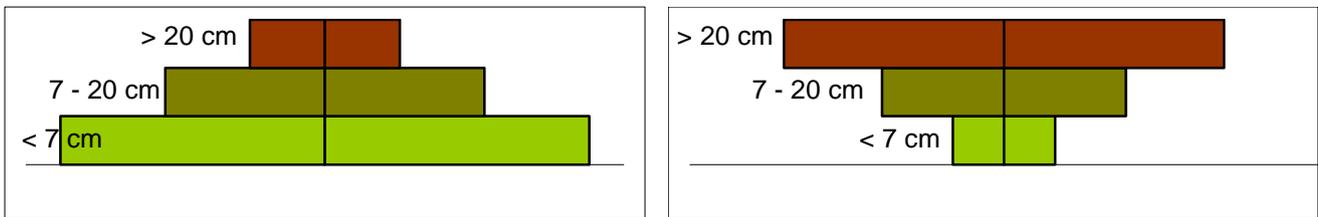


Abbildung 7: Beispiel für Alterspyramiden

### 3.6.6 Ermittlung der Erhaltungsfähigkeit nach phänotypischen Kriterien

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

Tabelle 3: Gesamtbewertung der Vorkommen der Grün-Erle

Gesamtbewertung	Abundanzklasse	Durchmesserstruktur-Qualitätsklasse	Durchschnittliche Vitalität
sehr gut (1)	$\geq 6$	$\leq 2$	0-1
gut (2)	$\geq 5$	$\leq 3$	0-1,5
mittel (3)	$\geq 4$	$\leq 3$	1,51-2
wenig geeignet (4)	$\geq 2$	$\leq 4$	2,01-2,5
nicht geeignet (5)	$\geq 1$	$\geq 4$	2,51-4

Die Festlegung der Kriterien zur Berechnung der Erhaltungsfähigkeit erfolgte über eine Eingabemaske der MS-Access Routine "fgr\_auswertung.mdb" (vgl. auch Abbildung 5). Die

in Tabelle 3 dargestellten Einstellungen wurden für die hier vorliegenden Untersuchungen gewählt. Die berechneten Ergebnisse wurden direkt in die Spalte ERW der Datenbank "fgr\_stamm\_d.mdb" eingetragen.

### **3.6.7 Dichteanalysen**

Zur Visualisierung von Konzentrationen von Vorkommen sowie der Darstellung der Isolation wurde mittels GIS die Kerneldichte berechnet. Die Kerneldichte wird wie folgt ermittelt: Eine glatte gekrümmte Oberfläche wird über jeden Punkt des Punkt-shapes der Vorkommen gelegt. Der Oberflächenwert ist an der Punktposition am größten und nimmt innerhalb des Suchradius mit zunehmendem Abstand stetig ab bis zum Wert Null. Für die Grün-Erle wurde ein Radius von 3 km festgelegt. Das Volumen unter der Oberfläche entspricht dem Wert des „Bevölkerungsfeldes“ für den Punkt. Die Dichte jedes Rasterpunktes (Ausgabe-Raster-Zelle) wird durch addieren der Kerneloberflächenwerte berechnet, die den Mittelpunkt der Raster-Zelle überlagern. Die Funktion basiert auf einer von SILVERMAN (1986) beschriebenen quadratischen Kernelfunktion.

### **3.6.8 Bundeswuchsgebiete**

Für die Zuordnung der Vorkommen zu den Bundeswuchsgebieten wurde die Punktdaten der Vorkommen mit den vom Johann Heinrich von Thünen-Institut (vti) bereitgestellten aktuellen GIS-shapes der Wuchsgebietsgrenzen (Wuchsgebiete 2011, Version vom 20.03.2012) verschnitten. Die Angaben zum Bundeswuchsgebiet wurden anschließend in der Datenbank abgespeichert.

### **3.6.9 Potentielle natürliche Vegetation**

Das Bundesamt für Naturschutz (BfN) stellte für die Ermittlung der Potentiellen natürlichen Vegetation aktuelle Geoinformationen als GIS-shapes zur Verfügung (PNV 500 Deutschland, Version vom 23.03.2011).

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

### **3.6.10 Naturverjüngung**

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

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

Da im Rahmen des Vorhabens nicht alle untersuchten Vorkommen genetisch analysiert werden konnten und zudem viele Populationen für weitergehende Untersuchungen nicht geeignet sind, mussten weitere Auswahlkriterien festgelegt werden, um für die Ziele des Vorhabens möglichst vielversprechende Genobjekte auszuwählen. Als Kriterien wurden herangezogen: Baumzahlen bzw. Bestandesdichten, Vitalität und Altersstrukturen. Beson-

derer Wert wurde auf eine geographisch möglichst weitgefächerte Verteilung der zu beprobenden Vorkommen gelegt, damit z.B. auch extreme oder isolierte Standorte einbezogen werden können. Deshalb wurden nicht immer die größten und ältesten Vorkommen sondern auch kleinere Vorkommen für eine Beprobung ausgewählt.

### **3.8 Beprobung ausgewählter Genobjekte**

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

Entnommene Proben wurden für jeden Baum getrennt gesammelt. Feuchte Proben wurden im Gelände zwischen Zeitungspapier kurz getrocknet. Alle Proben eines Standortes bis zum Versand kühl aufbewahrt. Mit wenigen Ausnahmen wurden pro Vorkommen 100 Bäume beprobt. Im ASP-Labor wurden die Proben anschließend bei -50 °C bis zur genetischen Analyse zwischengelagert.

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

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

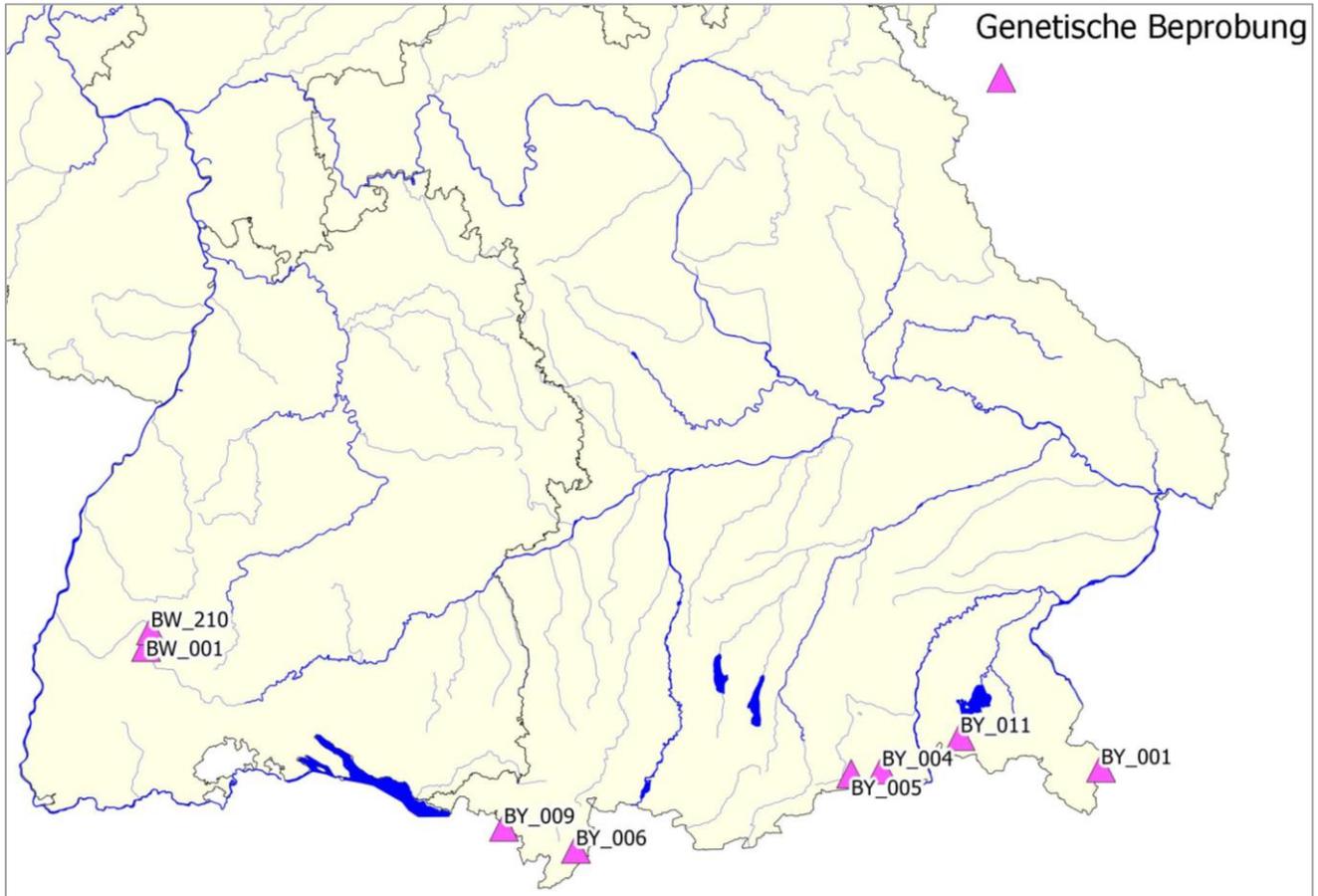


Abbildung 8: Genetisch beprobte Vorkommen der Grün-Erle in BY und BW

### 3.9 Genetische Untersuchung

Ziel der Untersuchungen war es, die genetische Variation der Grün-Erle in Deutschland zu erfassen und darauf aufbauend Empfehlungen für Erhaltungsmaßnahmen aus genetischer Sicht abzuleiten. Die Analysen und die Interpretation der Ergebnisse übernahm das Labor des Bayerischen Amtes für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) in Teisendorf.

#### 3.9.1 Probenmaterial

Das Probenmaterial der Einzelbäume bestand aus Zweigen mit Knospen in Winterruhe. Die Liste der beprobten Vorkommen sowie die Anzahl der eingesandten Proben kann den Ergebnissen der genetischen Untersuchungen entnommen werden. Die Trennergebnisse (Zymogramme) wurden fotografisch dokumentiert und sind am ASP als Fotodateien hinterlegt.

#### 3.9.2 Methodische Details zur Isoenzymanalyse

Zur biochemisch-genetischen Charakterisierung wurden Isoenzymanalysen auf der Grundlage der Stärkegelelektrophorese durchgeführt. Als Untersuchungsmaterial diente Meristemgewebe aus vegetativen Knospen in Winterruhe. Die Extraktion und Anfärbung der Isoenzyme erfolgten nach KONNERT (1995). In die Analysen einbezogen wurden die im Folgenden aufgelisteten Isoenzymgenorte. Die entsprechenden Enzymsysteme sind in

Klammern angegeben. Bis auf den Genort ACO-A wurden bei der Grün-Erle und Grau-Erle dieselben Genorte untersucht. Der Genort ACO-A konnte nur bei Grün-Erle ausgewertet werden.

- AAT-A, AAT-B (Enzymsystem: Aspartat-aminotransferase, E.C. 2.6.1.1)
- ACO-A, ACO-B (Enzymsystem: Aconitase, E.C. 4.2.1.3)
- IDH-A, IDH-B (Enzymsystem: Isocitratdehydrogenase, E.C. 1.1.1.42)
- MDH-A, MDH-C (Enzymsystem: Malatdehydrogenase, E.C. 1.1.1.37)
- MNR-A (Enzymsystem: Menadionreduktase, E.C. 1.6.99.2)
- 6-PGDH-A, 6-PGDH-B (Enzymsystem: 6-Phosphogluconatdehydrogenase, E.C. 1.1.1.44)
- PGI-A, PGI-B (Enzymsystem: Phosphoglucoisomerase, E.C. 5.3.1.9)
- PGM-A (Enzymsystem: Phosphoglucomutase, E.C. 2.7.5.1)
- SDH-A (Enzymsystem: Shikimatdehydrogenase, E.C. 1.1.1.25)

### 3.9.3 Parameter zur Beschreibung der genetischen Variation

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

- genetische Vielfalt als durchschnittliche Anzahl der Allele pro Genort
- genetische Diversität als mittlere effektive Anzahl von Allelen je Genort ( $N_e$ ) und als hypothetische gametische Multilocus-Diversität ( $v_{gam}$ );
- Heterozygotiegrad als beobachteter prozentualer Anteil heterozygoter (gemischterbiger) Individuen ( $H_b$ ) und unter Hardy-Weinberg-Gleichgewicht erwarteter prozentualer Anteil heterozygoter (gemischterbiger) Individuen ( $H_e$ );

Die genetischen Unterschiede zwischen den Flächen wurden durch den genetischen Abstand nach GREGORIUS (1974) quantifiziert. Weiterhin wurde die genetische Subpopulationsdifferenzierung zwischen den Beständen mittels des Differenzierungsmaßes  $D_j$  nach GREGORIUS & ROBERDS (1986) bestimmt.  $D_j$  quantifizieren für jeden Bestand den Unterschied (genetischen Abstand) seiner Allelzusammensetzung zu der Allelstruktur des gesamten untersuchten Materials, d.h. der restlichen drei Bestände zusammengenommen. Auch diesen Berechnungen liegen die Verteilungen der Allele in den einzelnen Kollektiven als Allelhäufigkeiten zugrunde.

Zur Bestimmung der Klonstrukturen wurde das Programm GenAlEx6.1 verwendet (Peakall & Smouse 2006). Aufgrund der Multilocusgenotypen wurden hier idente Individuen bestimmt. Dadurch kann eine mögliche Klumpung von Genotypen im Bestand festgestellt werden, die durch vegetative Vermehrung entstanden ist.

Für eine zusätzliche Berechnung der genetischen Strukturierung der Bestände wurde das Programm STRUCTURE (Pritchard et al. 2000) angewendet. Diese Software beruht auf einem bayesischen Modellverfahren. Der Wert Delta K gibt an, wie viele Untergruppen sich

im gesamten Genpool befinden, basierend auf der Änderungsrate zwischen aufeinanderfolgenden K-Werten (Evanno et al. 2005).

### 3.10 Statistische Auswertungen

Zur Veranschaulichung und Beschreibung bestimmter Sachverhalte wurden Daten nach statistischen Verfahren ausgewertet (siehe Anlage). 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 9 gegeben.

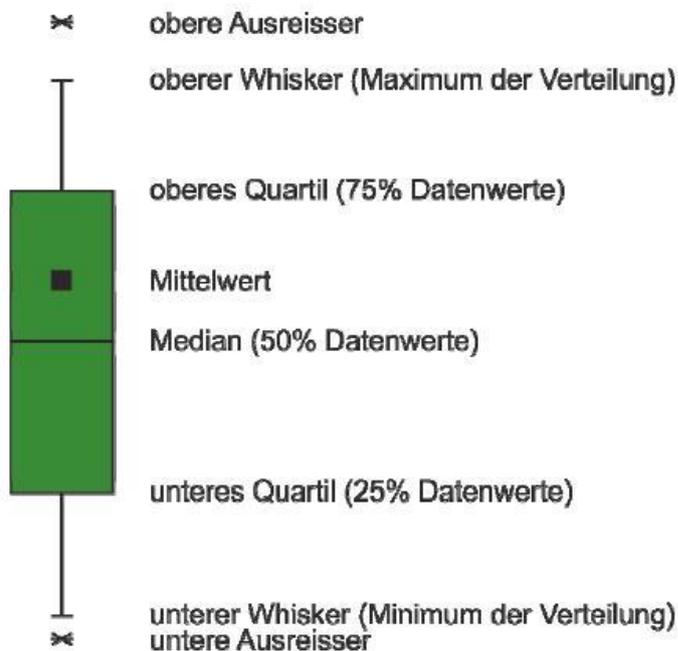


Abbildung 9: Darstellung eines BoxPlot (auch Box-Whisker-Plot) mit Benennung der Kennwerte. Zusätzlich ist der Mittelwert des Datensatzes angegeben.

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

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

Abk.	Bedeutung	Flächengröße (km <sup>2</sup> )
BB	Brandenburg	29.482,0
BW	Baden-Württemberg	35.751,5
BY	Bayern	70.550,0
HE	Hessen	21.114,9
MV	Mecklenburg-Vorpommern	23.189,0
NI	Niedersachsen	47.635,0
NW	Nordrhein-Westfalen	34.088,0
RP	Rheinland-Pfalz	19.853,6
SH	Schleswig-Holstein	15.799,1
SL	Saarland	2.568,7
SN	Sachsen	18.419,7
ST	Sachsen-Anhalt	20.448,9
TH	Thüringen	16.172,4
DE	Deutschland	355.072,5

## 4 Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

Die Erfassung liefert bundesweit einheitliche grundlegende Ergebnisse zur Gesamtzahl der Vorkommen und Bäume sowie zur Altersstruktur, zu Vitalität und zu den Verjüngungsanteilen in beiden Bundesländern, in denen sie vorkommt. Darüber hinaus können den erfassten Beständen Schutzstatus und Eigentumsverhältnisse zugeordnet. Zur Feststellung von Baumkonzentrationen oder „baumfreien“ Gebieten wird die räumliche Verteilung der Vorkommen in den Bundesländern und Wuchsgebieten dargestellt. In der Gesamtbewertung ergibt sich aus den erhobenen Parametern die errechnete Erhaltungsfähigkeit eines Vorkommens.

### 4.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen

In den beiden Bundesländern wurden 33 Vorkommen der Grün-Erle (*Alnus viridis*) mit insgesamt 111.946 Bäumen nachgewiesen (Tab. 5a, S.32). Es ist jedoch darauf hinzuweisen, dass die Baumzahl bei größeren Vorkommen (Nordalpen) lediglich geschätzt werden konnte. Zudem konnten v.a. kleinere Vorkommen der Grün-Erlen in den Alpen nicht erfasst werden. Bestände außerhalb des natürlichen Verbreitungsgebietes (außerhalb der Alpen und des Schwarzwaldes), die gelegentlich in der Literatur Erwähnung finden, wurden nicht kartiert.

Nur in Bayern und Baden-Württemberg wurden natürliche Vorkommen der Grün-Erle gefunden. Bei den in Baden-Württemberg kartierten Vorkommen handelt es sich um seltene nacheiszeitliche Reliktvorkommen. Noch Anfang des 20. Jahrhunderts wurden sie dort als häufig bezeichnet. Die Grün-Erle wurde deshalb im Schwarzwald kleinflächig kartiert. Die Anzahl der Vorkommen ist größer als in den Alpen (Abb. 10). Im alpinen Verbreitungsgebiet in Bayern wurden hingegen sehr große und zusammenhängende Bestände gefunden, die

für die Generhaltung besonders wertvoll sind. Dort wurden insgesamt 110.940 Exemplare der Grün-Erle gezählt bzw. geschätzt (Abb. 11). Kleinere Grün-Erlen Bestände, die nicht kartiert werden konnten (Zugänglichkeit, Kartieraufwand), können fast überall in den Alpen auf geeigneten Standorten vorkommen. Sehr selten ist sie jedoch im Bereich des Karwendel- und Wettersteingebirges. Dies wird auf edaphische Gründe zurückgeführt. Die Grün-Erle ist im Gegensatz zur Latsche an sandig-tonige, nicht skelettreiche, bindige Böden gebunden.

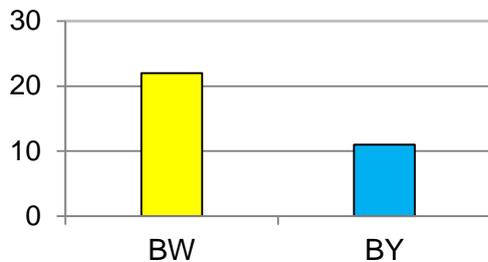


Abbildung 10: Anzahl der kartierten Vorkommen der Grün-Erle in BY und BW

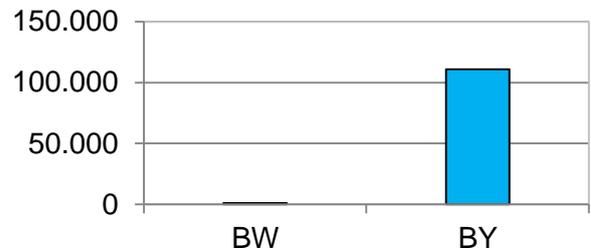


Abbildung 11: Anzahl der kartierten Bäume der Grün-Erle in BY und BW

Die genaue Lage der Vorkommen ist in Abbildung 12 dargestellt.

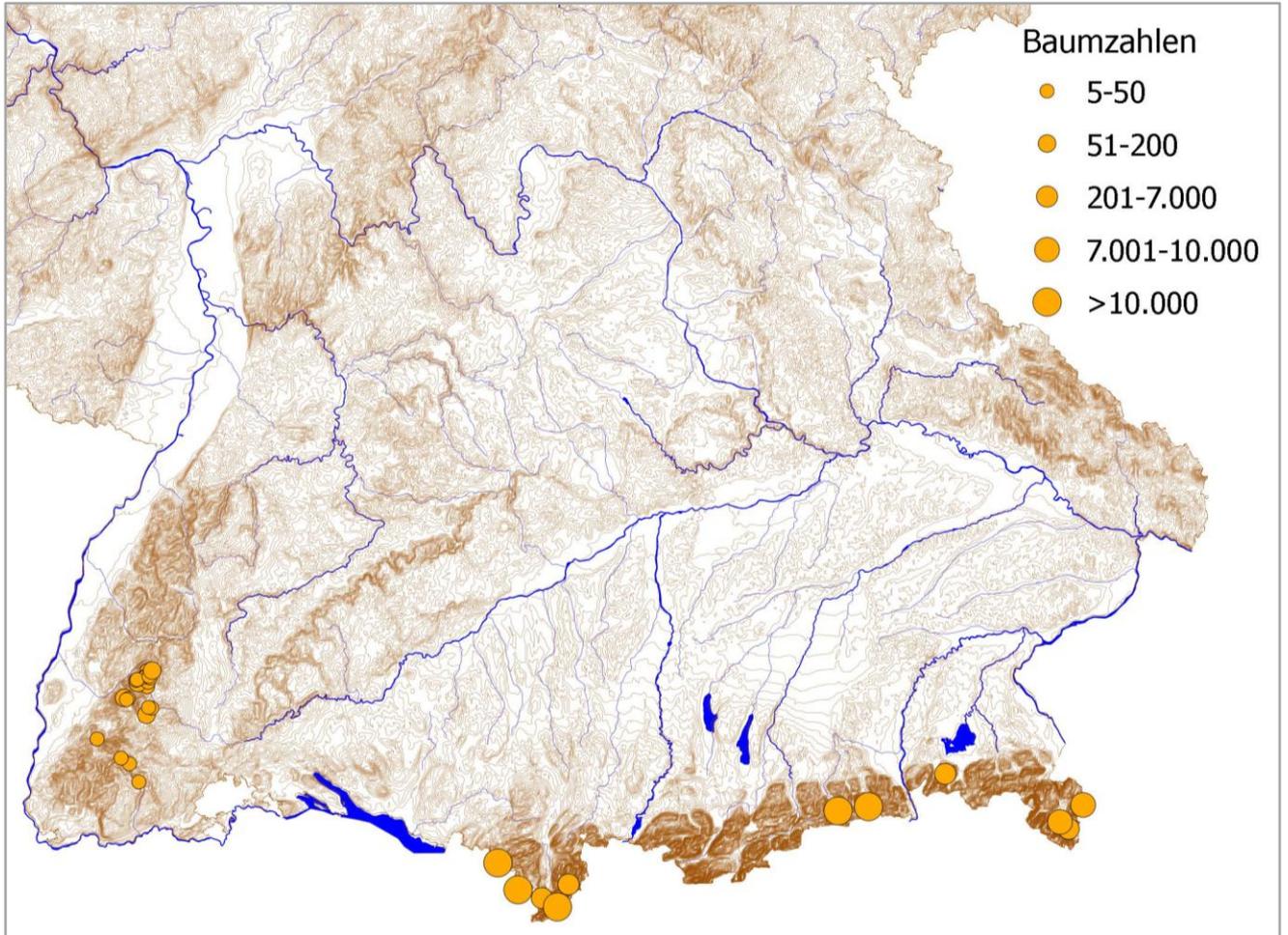


Abbildung 12: Lage der kartierten Grün-Erlen-Vorkommen und Größenklassen (Höhenlinien-Darstellung)

Nachfolgend wurden noch einige Kennzahlen in Bezug auf die Landesfläche berechnet. (Abb.13, Abb.14). Baden-Württemberg besitzt 0,62 Vorkommen pro 1000 km<sup>2</sup> mit durchschnittlich 28,14 Bäumen pro1000 km<sup>2</sup>. Für Bayern errechnen sich 0,16 Vorkommen und 1.572 Individuen pro tausend km<sup>2</sup>.

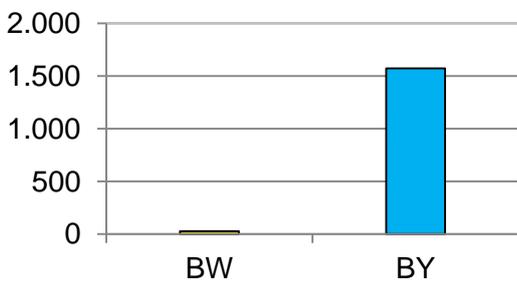


Abbildung 13: Anzahl der kartierten Bäume bezogen auf die Fläche (in 1.000 km<sup>2</sup>) der Bundesländer

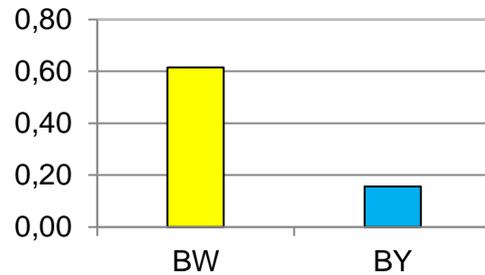


Abbildung 14: Anzahl der kartierten Bestände bezogen auf die Fläche (in 1.000 km<sup>2</sup>) der Bundesländer

**4.1.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten**

Untersucht wurde ebenfalls die Grün-Erlen-Häufigkeiten in den einzelnen Wuchsgebieten (Abb. 15, Abb. 16). Die genauen Zahlen sind in Tabelle 5 zusammengestellt. Die meisten Vorkommen liegen im Bundeswuchsgebiet 73, wobei die Baumzahl, wie bereits erwähnt, sehr gering ist. Die bayerischen Genobjekte liegen alle im Bundeswuchsgebiet 82. Dieses Vorkommens-Gebiet ist als Teil des gesamten alpinen Verbreitungsgebietes der Grün-Erle anzusehen und zählt zum nördlichen Rand des Teilareals. Das Vorkommens-Gebiet im südlichen Schwarzwald ist dagegen isoliert und als Rest eines nacheiszeitlich größeren Vorkommens-Gebietes anzusehen. Es ist davon auszugehen, dass diese „Vorkommens-Insel“ schon längere Zeit von den Vorkommen in den Alpen abgeschnitten ist, so dass ein natürlicher Genaustausch zwischen beiden Regionen nicht mehr stattfinden konnte.

Tab. 5a: Kennzahlen der Grün-Erlen-Vorkommen in Deutschland

Bundesland	Anzahl Vorkommen	Anzahl Bäume	Fläche der Vorkommen	Anzahl Bäume /ha Fläche	Vorkommen je 1000 km <sup>2</sup>	Bäume je 1000 km <sup>2</sup>	% Anteil der Vorkommen mit NVJ
BW	22	1.006	63,6	46	0,6	28	82%
BY	11	110.940	883,1	10.085	0,2	1.572	27%
DE	33	111.946	947,0	118	0,1	349	64%

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

WG-Nr.	Bundeswuchsgebiet	Bäume	Vorkommen
73	Schwarzwald	1.006	22
82	Bayerische Alpen	110.940	11

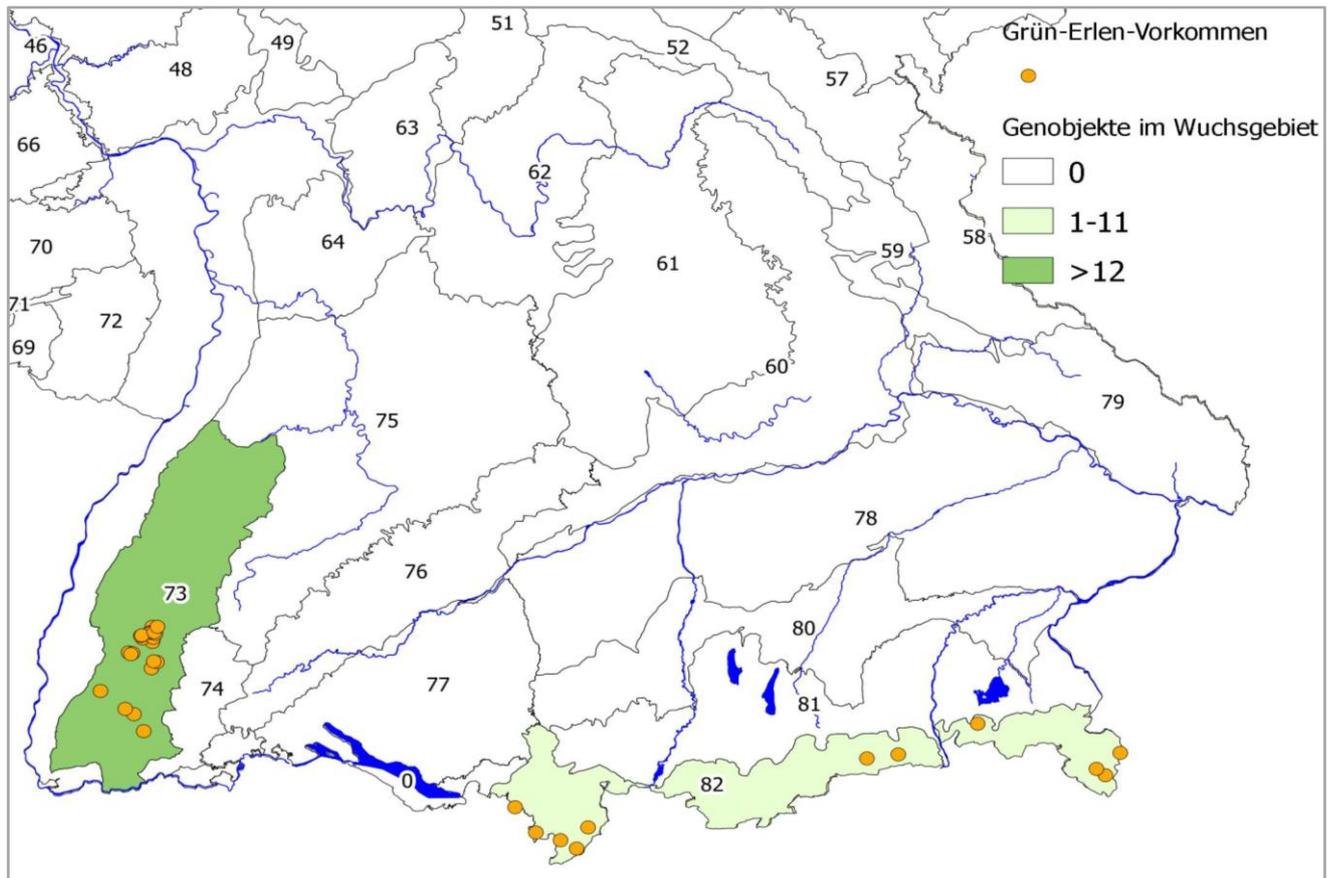


Abbildung 15: Vorkommen der Grün-Erle in den Bundeswuchsgebieten

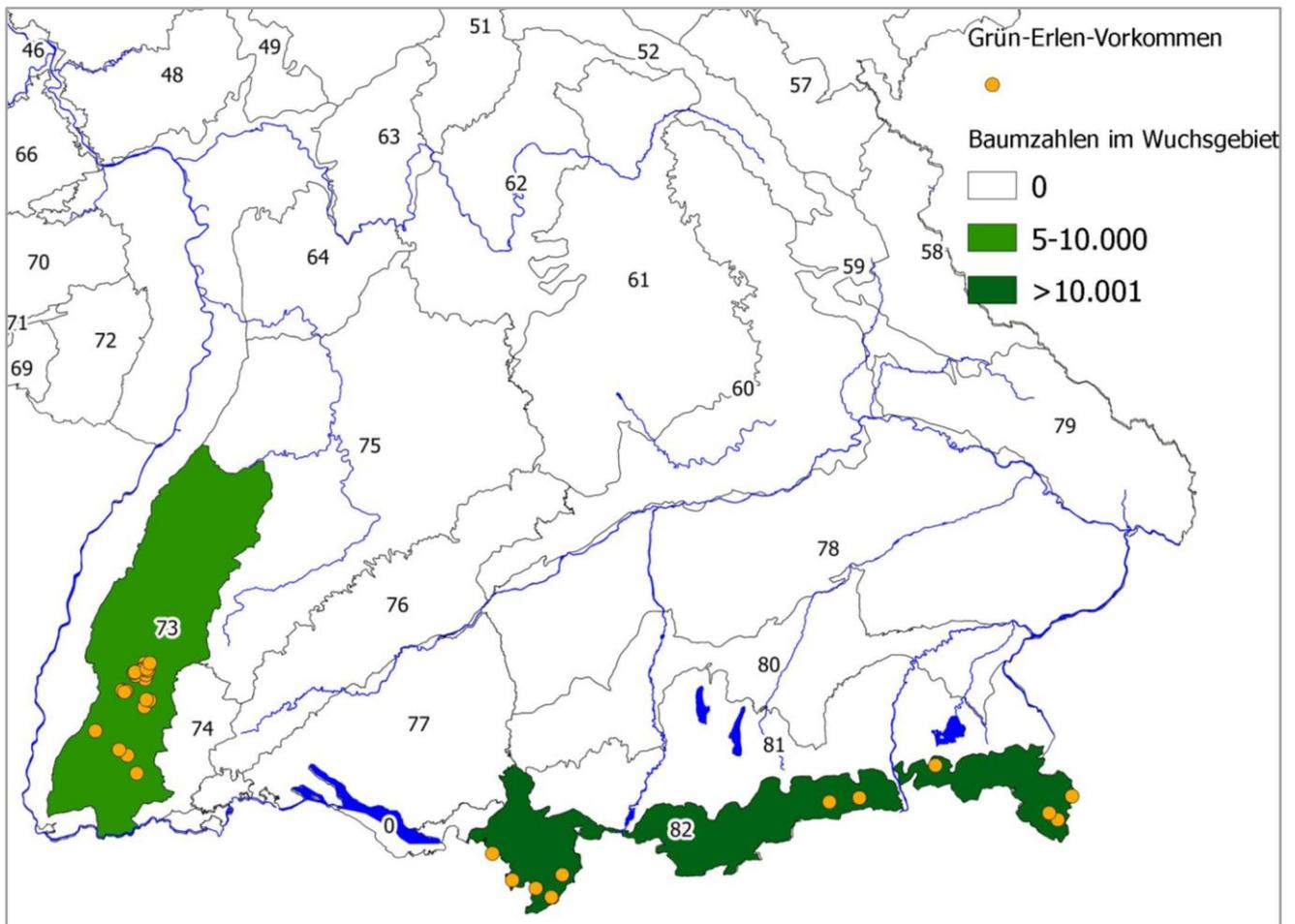


Abbildung 16: Anzahl der kartierten Bäume der Grün-Erle in den Bundeswuchsgebieten

#### 4.1.2 Potentielle natürliche Vegetation

Die meisten kartierten Vorkommen der Grün-Erle befinden sich gemäß ihrer potenziellen natürlichen Vegetation nach Bohn in Buchenwäldern (Abb. 17, Abb. 18). Dies trifft v.a. auf die Vorkommen des Schwarzwaldes zu und unterstreicht ihren nacheiszeitlichen Reliktcharakter. In den Alpen befinden sich die großen Vorkommen dagegen in Fichten- und Tannenwäldern.

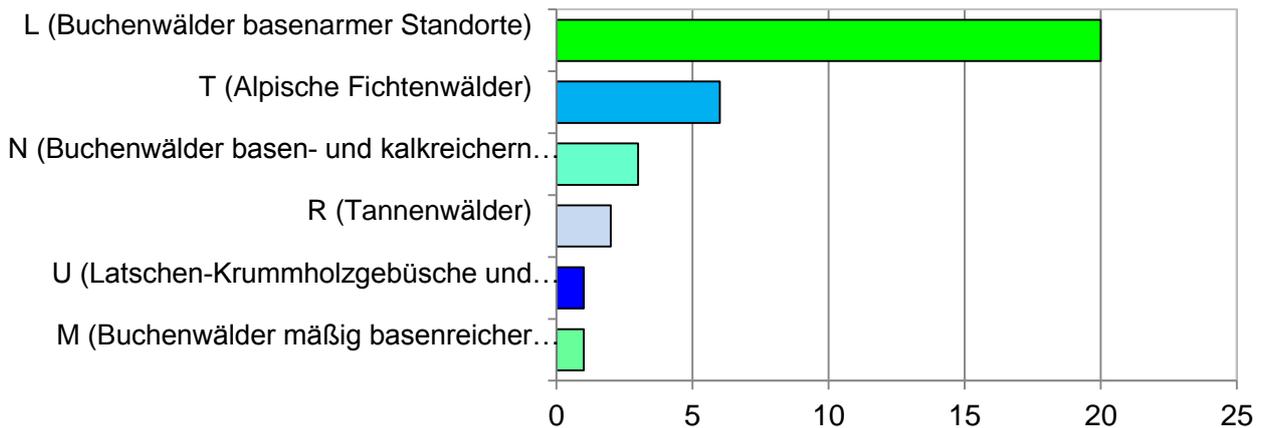


Abbildung 17: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen der Grün-Erle

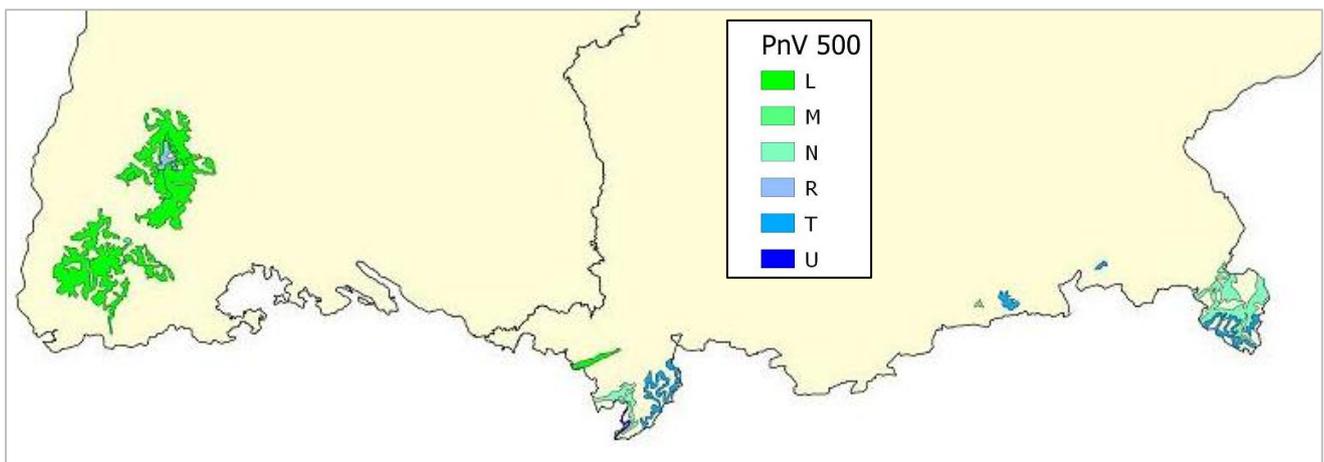


Abbildung 18: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen der Grün-Erle

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

In Baden-Württemberg sind die Vorkommen mit durchschnittlich 3 ha und 46 Pflanzen sehr klein. Im alpinen Hauptverbreitungsgebiet sind die Vorkommen hingegen mit durchschnittlich über 80 ha und über 10.000 Pflanzen wesentlich größer und dichter (Abb. 19, Abb. 20). Die Durchschnittsfläche der Grün-Erlen-Vorkommen (Alpen und Schwarzwald) beträgt 28,7 ha mit durchschnittlich 3.392 Individuen.

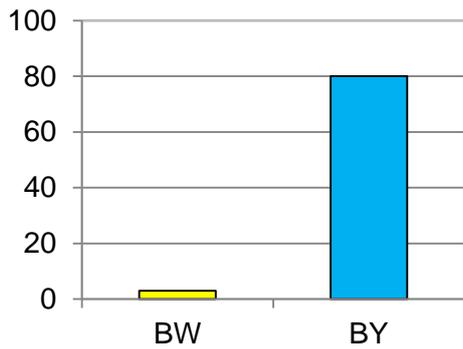


Abbildung 19: Durchschnittliche Flächengröße der Vorkommen der Grün-Erle in BY und BW

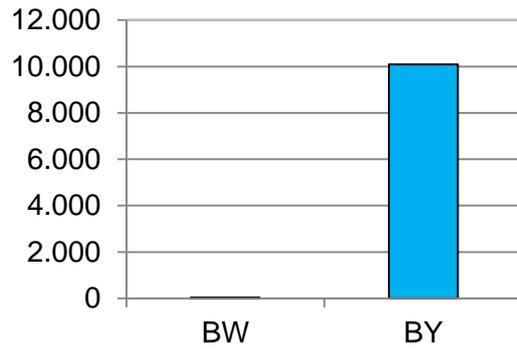


Abbildung 20: Durchschnittliche Baumzahl der Vorkommen der Grün-Erle in BY und BW

Ab-

### 4.2.1 Abundanz

Die Abundanz ist ein Maß der Individuendichte der Populationen und gibt die Gesamtzahl von Individuen pro Vorkommen an. Zur Klassifizierung der Vorkommen hinsichtlich der Erhaltungsfähigkeit wurde die Datenbank nach den bereits beschriebenen Abundanzstufen ausgewertet. Rund 56% der Vorkommen weisen Individuenzahlen unter 50 Bäumen auf (Klasse 1). Knapp 22% der Vorkommen liegen in den Abundanzklassen 4 und 5, also über 7.000 Bäumen (Tab. 6). Alle Vorkommen mit hoher Abundanzklasse finden sich im Nordalpenbereich, während Populationen mit niedriger Abundanzstufe im Schwarzwald vorkommen.

Tabelle 6: Verteilung der Vorkommen der Grün-Erle in den Abundanzstufen

Stufe	Individuenzahl	Anzahl
1	5- 50	18
2	51- 200	4
3	201- 7.000	3
4	7.001- 10.000	2
5	>10.001	5

## 4.3 Durchmesserstruktur und Altersstruktur

### 4.3.1 Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen

In der Abbildung 21 und Abbildung 24 sind die Anteile der Durchmesserstufen dargestellt. Die Durchmesserstufe über 20 cm wurde bei der buschförmigen Grün-Erle erwartungsgemäß nicht gefunden (Tab. 7). Fast 82 % der Grün-Erlen-Gebüsche weisen einen BHD von unter 7 cm auf (Abb. 21, Abb. 22). Die Ableitung der Altersstrukturen aus den Durchmesserstufen liefert daher nur sehr beschränkte Aussagen. Zudem können einzelne Grün-Erlen über 100 Jahre werden (Rubli, 1976) Für die Grün-Erle konnten folglich nur vier Grundtypen aus den beiden vorhandenen Durchmesserstufen gebildet werden (Abb.23). Da die Grün-Erle zudem Stockausschläge bildet und unterschiedliche Durchmesserstufen an einem Individuum vorkommen, ist die Ableitung der Altersstruktur nur schwer ablesbar.

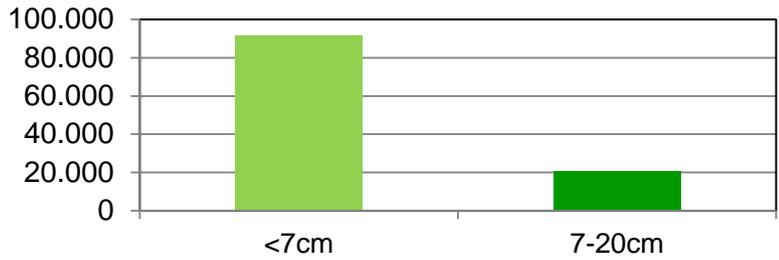


Abbildung 21: Baumzahlen der beiden gefundenen Durchmesserstufen der Grün-Erle

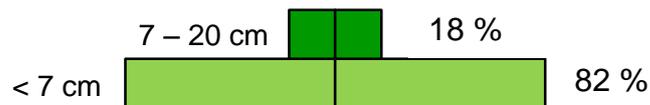


Abbildung 22: Altersstrukturpyramide der Durchmesserstufen der Grün-Erle in BY und BW

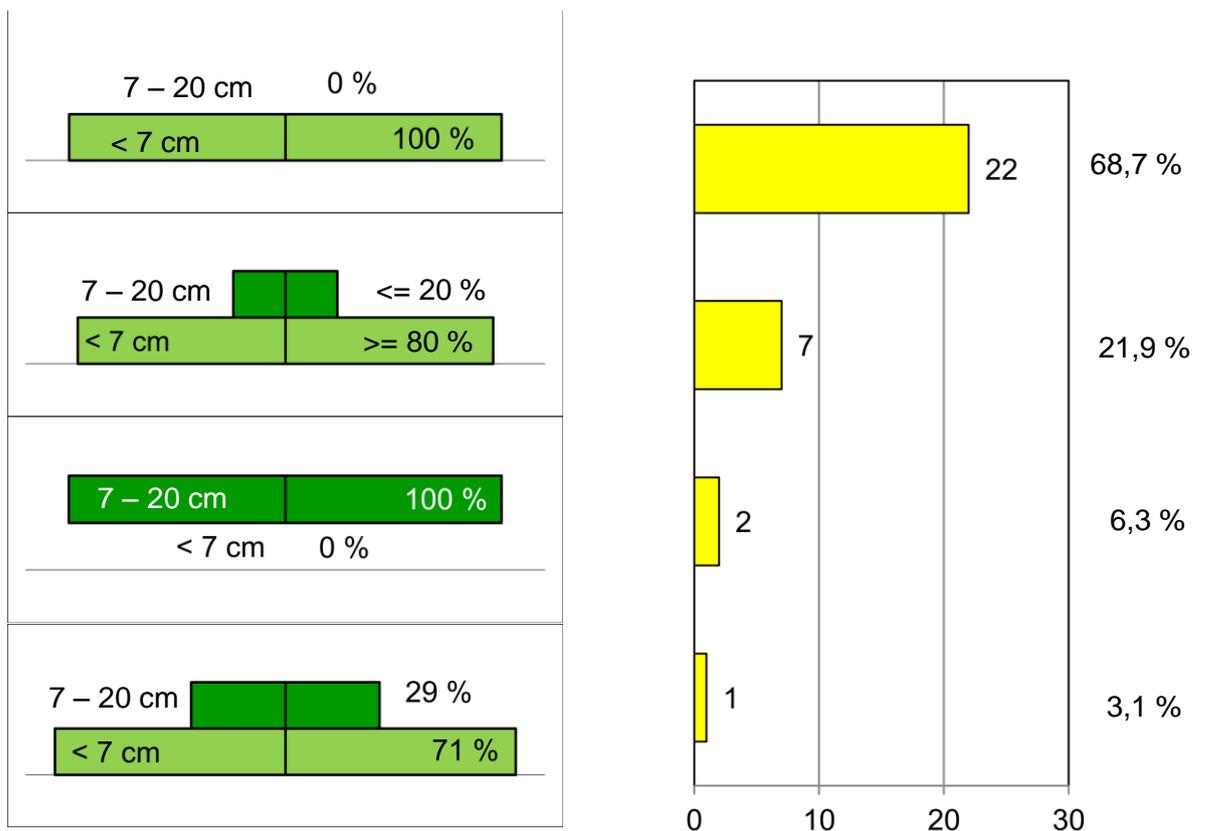


Abbildung 23: Grundtypen (Alterstrukturen) und Häufigkeiten der Grün-Erle

Die Grün-Erle wird in der Regel nicht höher als 3 m, in Ausnahmen maximal 6 m. Oft brechen sie durch Lawinenabgänge ab. Schwierigkeiten bereitete auch die Bestimmung, wie viele der Ausschläge zu ein und derselben Pflanze gehören.

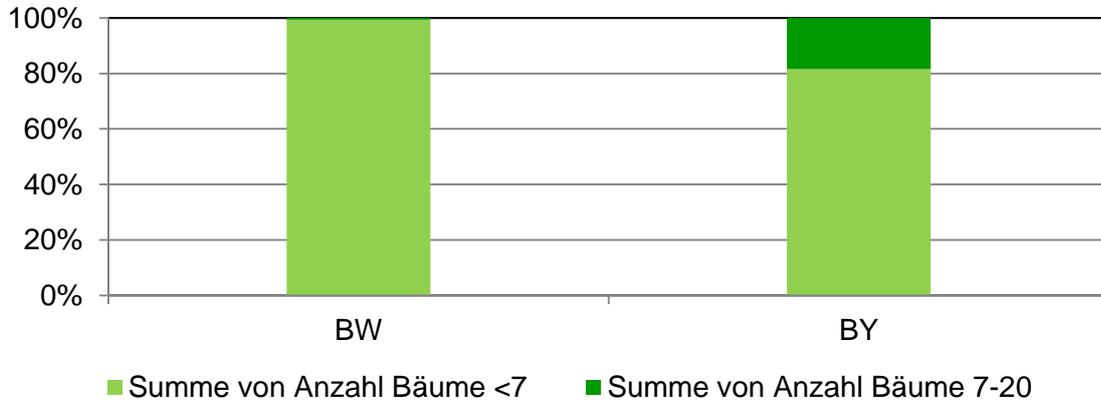


Abbildung 24: Prozentuale Verteilung der drei Durchmesserstufen in den Bundesländern (Grün-Erle)

Tabelle 7: Baumzahlen der Durchmesserstufen in den kartierten Genobjekten

Bundesland	Anzahl Bäume <7 cm	Anzahl Bäume 7-20 cm	Anzahl Bäume >20 cm	Summe
BW	1.000	6	0	1.006
BY	90.511	20.429	0	110.940
<b>DE</b>	<b>91.511</b>	<b>20.435</b>	<b>0</b>	<b>111.946</b>

### 4.3.2 Altersstrukturqualitätsklassen

Die Altersstrukturqualitätsklassen wurden bereits im Kapitel 3.6.3 erläutert. Sie stellt ein Bewertungsschema dar, womit die Abweichung von einer idealen Durchmesserverteilung beschrieben werden kann. Bei der Grün-Erle sind unterschiedliche Strukturmerkmale (Tab.8) kaum feststellbar und daher anders zu beurteilen, wie bei den anderen untersuchten Baumarten. Die Vermehrung findet oft durch Wurzelbrut und Stockausschläge statt. Bei der Kartierung konnten Wurzelsysteme beobachtet werden, die weit verzweigt waren und ganze Hänge durchzogen. Das Sprosssystem bildet Lang- und Kurztriebe. Die oft vom Schnee niedergedrückten Äste oder Stockausschläge wachsen oft lange waagrecht, bevor sie sich aufrichten (Rubli, 1979). Für die weiteren Betrachtungen wurden daher nur zwei Altersstrukturqualitätsklassen ausgeschieden und für die weitere Beurteilung herangezogen.

Tabelle 8: Anzahl der kartierten Bestände der Grün-Erle in den Altersstrukturqualitätsklassen

Altersstrukturqualitätsklasse	Vorkommen	Prozent
sehr gut (1)	11	33 %
gut (2)	22	67 %

#### 4.4 Vitalitätsstufen

Die Klassifizierung eines Vorkommens hinsichtlich der Erhaltungsfähigkeit richtet sich insbesondere nach seiner Vitalität. Zur Bonitierung der Vitalität der Bäume wurden die Stufen 0 (sehr gut) bis 4 (abgestorben) vergeben. Im Kapitel 3.6.4 wurde bereits auf die Definition der Vitalitätsstufen eingegangen. Auf der Grundlage der Vitalität der Einzelindividuen wurden die bundesweiten Anteile berechnet und sind in der Abbildung 25 dargestellt:

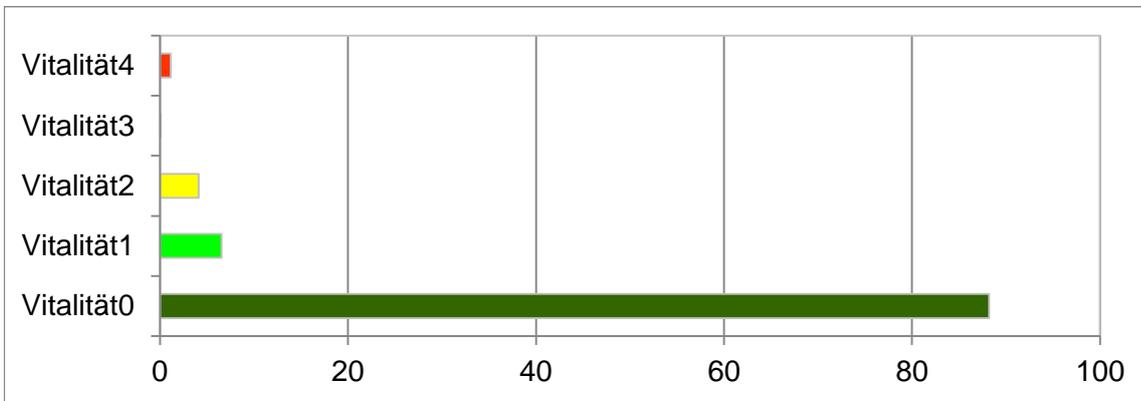


Abbildung 25: Anteile der Vitalitätsstufen der Grün-Erle in BY und BW in Prozent

Über beide Alterstufen hinweg sind die meisten Bäume in sehr vital. Nur 1,1 % aller Grün-Erlen wurden mit Stufe 3 und 4 bonitiert. Die Verteilung der Vitalitätsstufen innerhalb der beiden Bundesländer zeigt nur wenige Unterschiede (Abb. 26). In Baden-Württemberg ist der Anteil von Bäumen der Vitalitätsstufe 0 niedriger als in Bayern. In Baden-Württemberg weisen ca. 60 % der Grün-Erlen Vitalitätsstufe 0 und über 30 % Stufe 1 auf. In Bayern erhielten über 80 % der Grün-Erlen die Vitalitätsstufe 0.

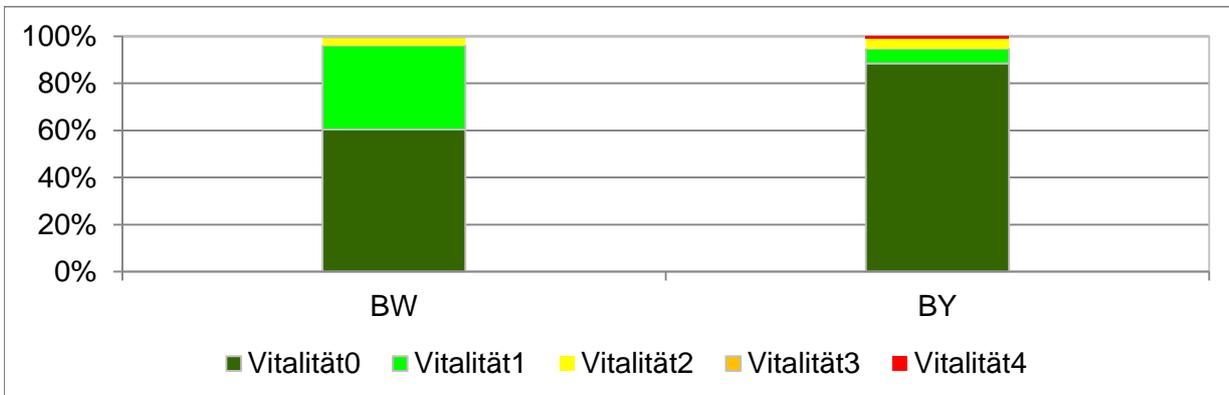


Abbildung 26: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen der Grün-Erle in den Bundesländern

Für jedes Vorkommen wurde die durchschnittliche Vitalität berechnet, die auf der Vitalität der Einzelindividuen basiert. Der ermittelte Vitalitätsmittelwert für beide Bundesländer ist in Abbildung 27 ersichtlich. Die errechnete mittlere Vorkommens-Vitalität ist in beiden Bundesländern sehr hoch (0,5 in Baden-Württemberg, 0,1 in Bayern).

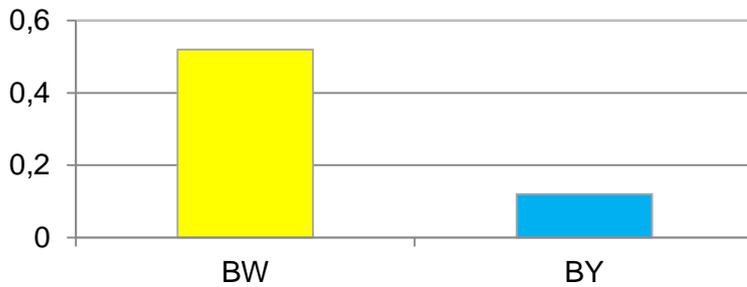


Abbildung 27: Verteilung der durchschnittlichen Vorkommens-Vitalität der Grün-Erle in den beiden Bundesländern

Nachfolgende Abbildung 28 zeigt die Verteilung der mittleren Vitalität der Grün-Erlen-Vorkommen. Die Mehrzahl der Genobjekte liegt im Bereich der Vitalitätsstufen 0 und 1.

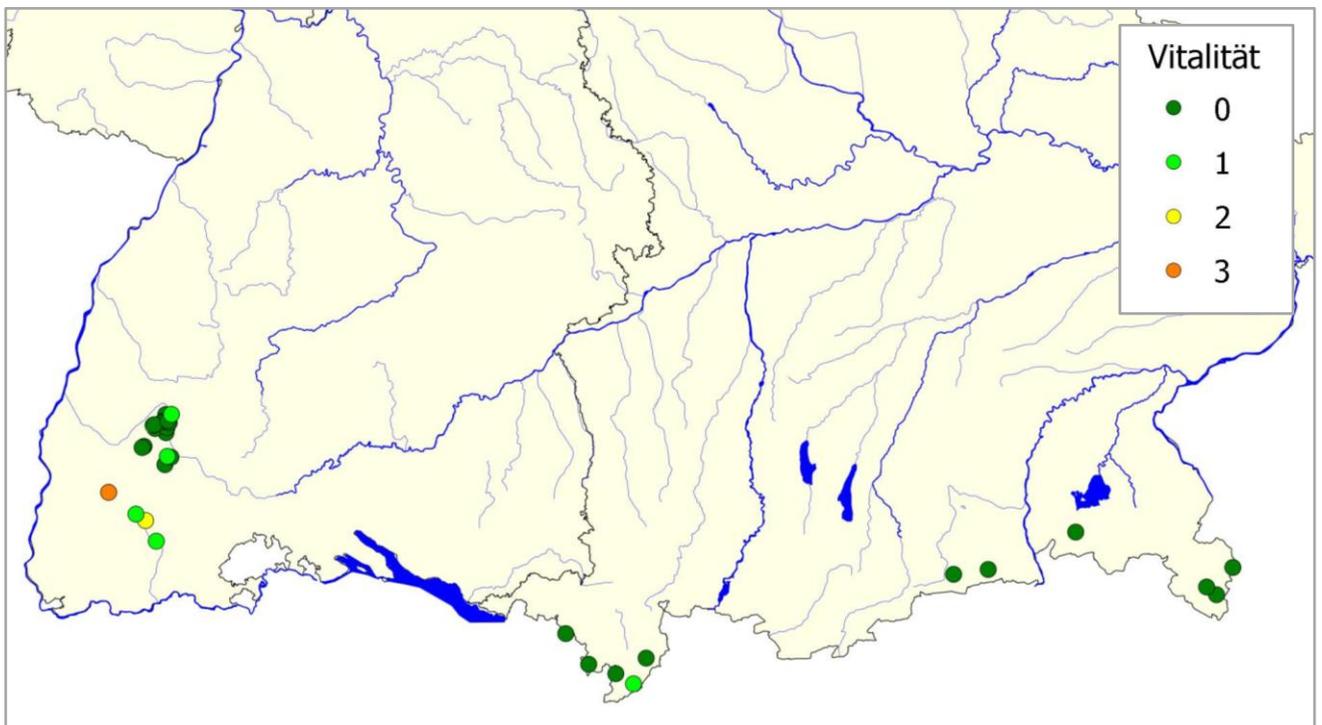


Abbildung 28: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen der Grün-Erle in BY und BW

### 4.5 Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen

In den folgenden Diagrammen sind die Verteilung der Vitalitätsstufen in den Durchmesserklassen und die Anteile der Durchmesserklassen in den vier Vitalitätsstufen dargestellt. Aus Abbildung 29 geht hervor, dass die Vitalität mit zunehmendem Durchmesser zurückgeht. Bäume unter einem BHD von 7 cm konnten überwiegend als sehr vital (95 %) angesprochen werden. In Abbildung 30 sind die Vitalitätsstufen hinsichtlich ihrer Durchmesserstruktur beschrieben.

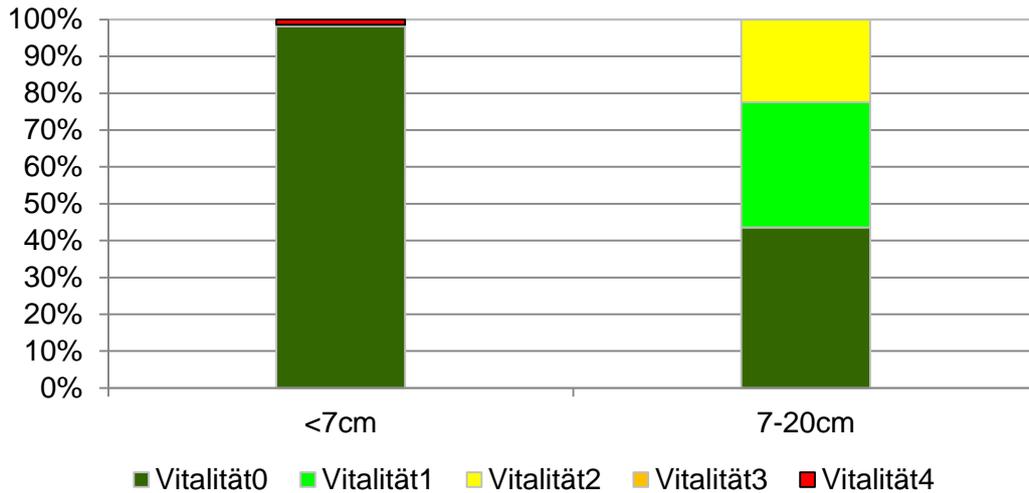


Abbildung 29: Vitalitätsanteile in den Durchmesserklassen der Grün-Erle in BY und BW

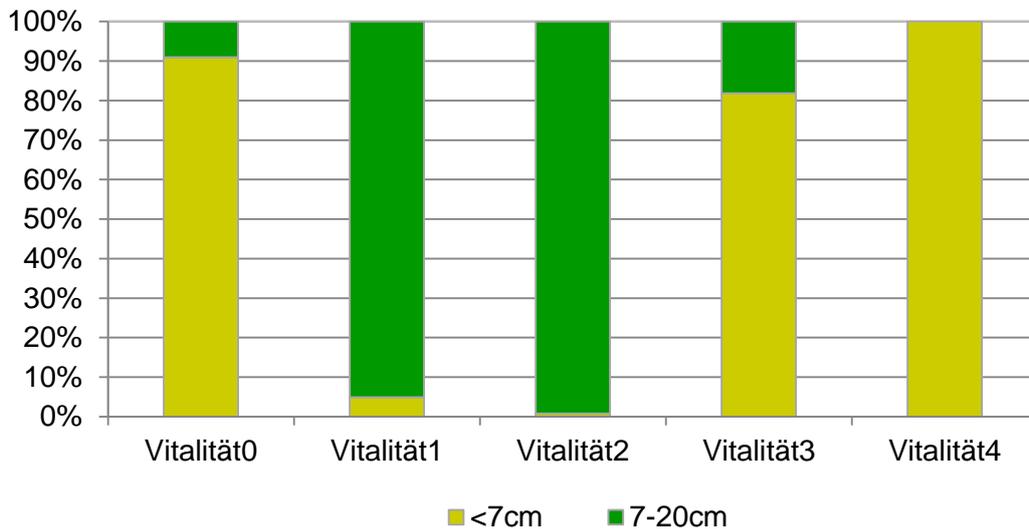


Abbildung 30: Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen der Grün-Erle in BY und BW

### 4.6 Naturverjüngung

Bei der Kartierung wurde die aktuelle Naturverjüngung mit erfasst, sofern überhaupt feststellbar, da Stockausschlag und Wurzelbrut bei der Grün-Erle die überaus häufigste Verjüngungsform sind. Die in der Kartierungsanleitung festgelegte Höhe von bis 3 m, konnte aufgrund des geringen Höhenwuchses der Grün-Erlen nicht angewandt werden. Kleine Pflanzen, die aus Kernwüchsen hervorgehen v.a. in den großen Alpengebieten, waren schwer feststellbar und erkennbar. Dennoch konnte in einigen Vorkommen Naturverjüngung gefunden werden. In den alpinen Beständen (Bayern) jedoch nur auf knapp 30 % der Flächen (Abb. 31). In den kleinen überschaubaren Vorkommen im Schwarzwald (Baden-Württemberg) wurde deutlich mehr Verjüngung gefunden (ca. 80 %). Die natürlichen Gegebenheiten im Hochgebirge und im Schwarzwald sind auch hinsichtlich ihrer Kartierbarkeit sehr unterschiedlich.

In vielen Grün-Erlen-Flächen im Allgäu wird von Zeit zu Zeit geschwendet, um Weideflächen für das Vieh freizuhalten. Dies stellt jedoch keine Gefahr für die Grün-Erle dar. Meist erobert sie die geschwendeten Flächen durch Stockausschlag nach einigen Jahren vollständig zurück.

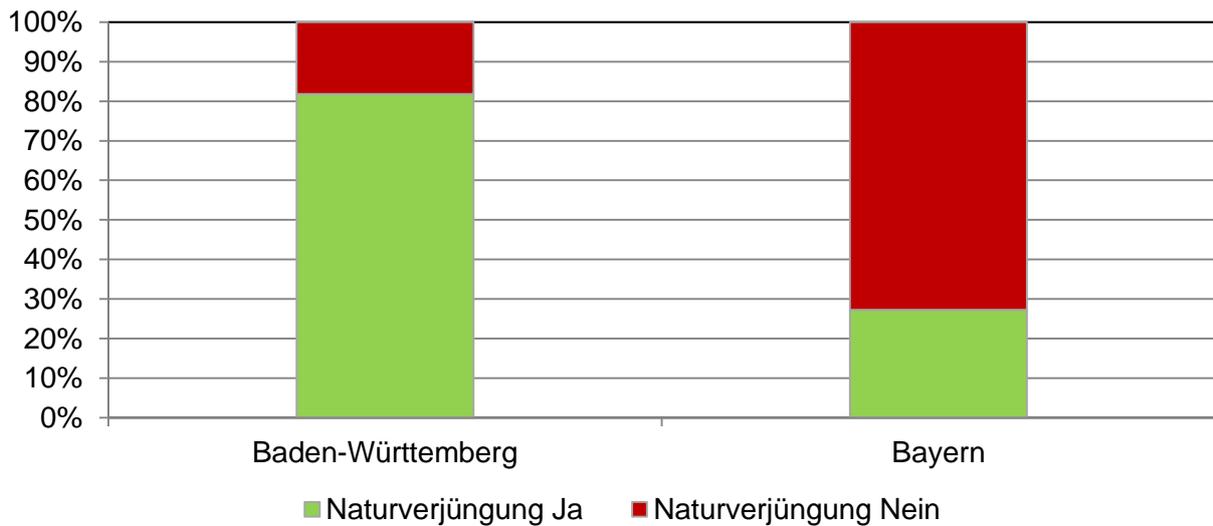


Abbildung 31: Anteile der Vorkommen der Grün-Erle mit Naturverjüngung

In Abbildung 32 sind die Vorkommen und die Verjüngungsklassen der Grün-Erle dargestellt.

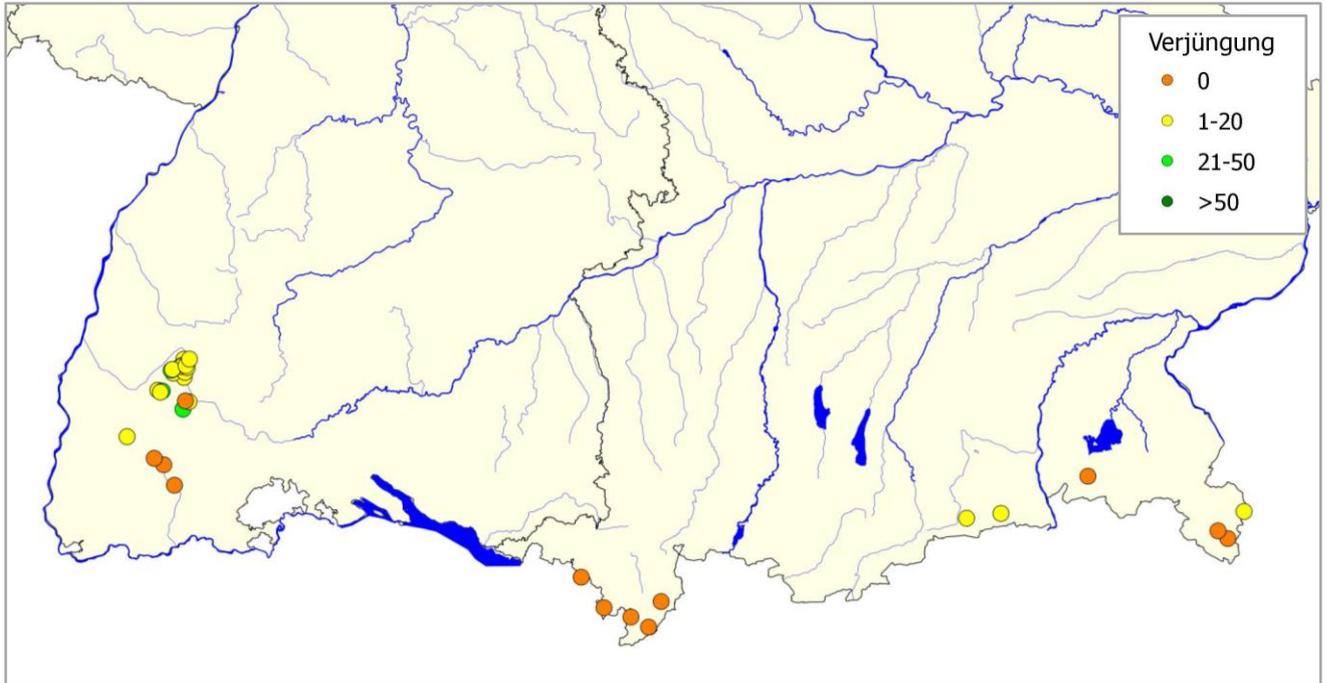


Abbildung 32: Übersicht der Vorkommen und Verjüngungsklassen der Grün-Erle mit oder ohne Naturverjüngung

#### 4.7 Eigentumsverhältnisse

Da viele der kartierten Flächen mehrere Eigentumsarten und Eigentümer umfassten, wurde sie der Kategorie mit dem jeweils größten Flächenanteil zugeordnet (Abb. 33). Bei einem Teil der Vorkommen konnte die Eigentumsart nicht ermittelt werden. Der Vergleich in Abbildung 33 zeigt, dass es keine Grün-Erlen-Vorkommen des Bundes gibt. Der überwiegende Teil der Vorkommen ist im Eigentum der Bundesländer (ca. 57 %). Aus Abbildung 34 ist ersichtlich, dass eine großen Teil der Vorkommen des Schwarzwaldes im Privat- und Körperschaftswald liegt. Über 1/3 der Vorkommen sind im Privatwald.

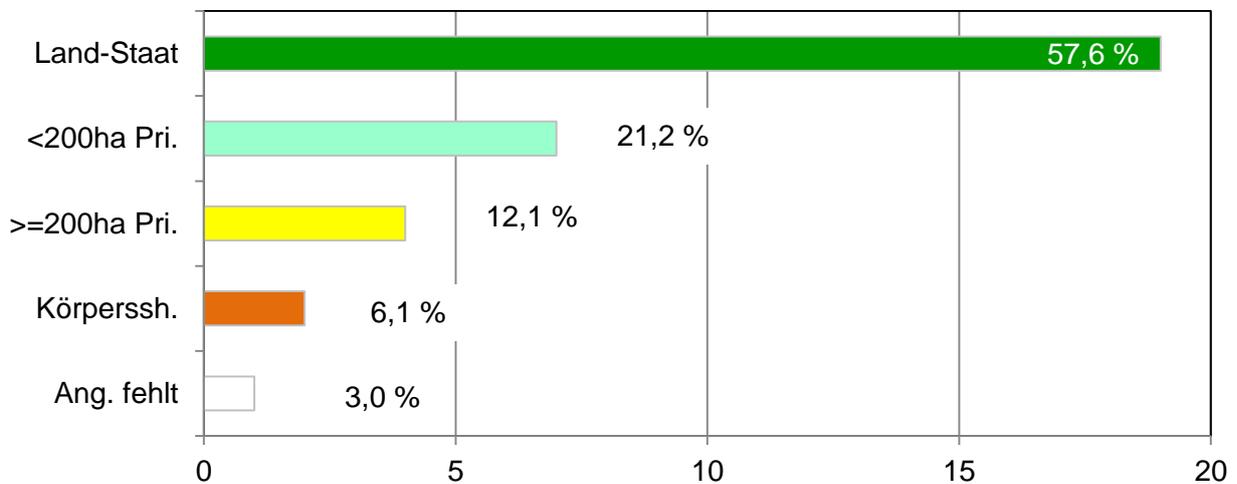


Abbildung 33: Aufteilung der Grün-Erlen-Vorkommen nach Eigentumsarten in BY und BW

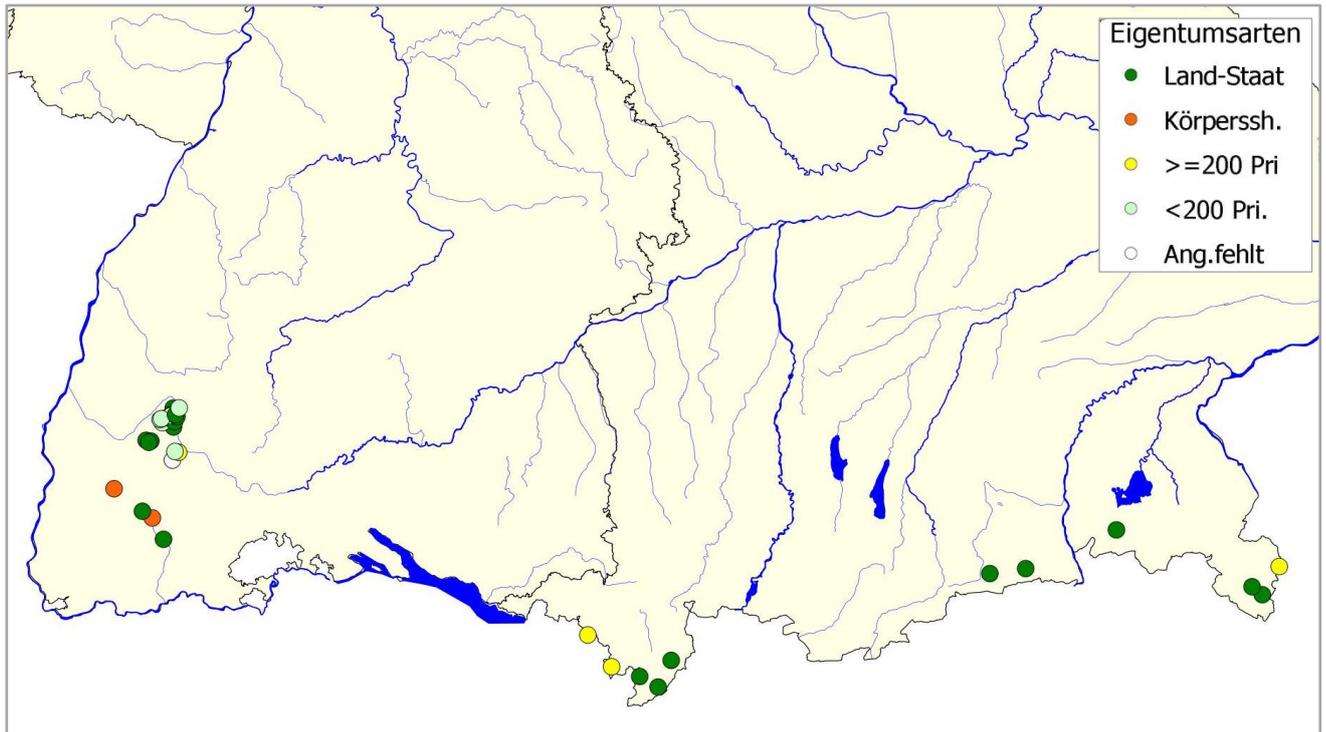


Abbildung 34: Verteilung der Grün-Erlen Vorkommen nach Eigentumsarten in BY und BW

#### 4.8 Schutzstatus und Höhenlage der Vorkommen

Der Schutzstatus wurde durch Verschneidung der Vorkommenskoordinaten mit den bereitgestellten Flächenpolygonen der jeweiligen Kartierungen ermittelt. Einige Vorkommen konnten mehreren Schutzkategorien zugeordnet werden (Abb. 35). Den größten Anteil bilden Naturparke mit fast 70 %, gefolgt von Vogelschutzgebieten (ca. 55 %) und FFH-Gebieten (ca. 48 %).

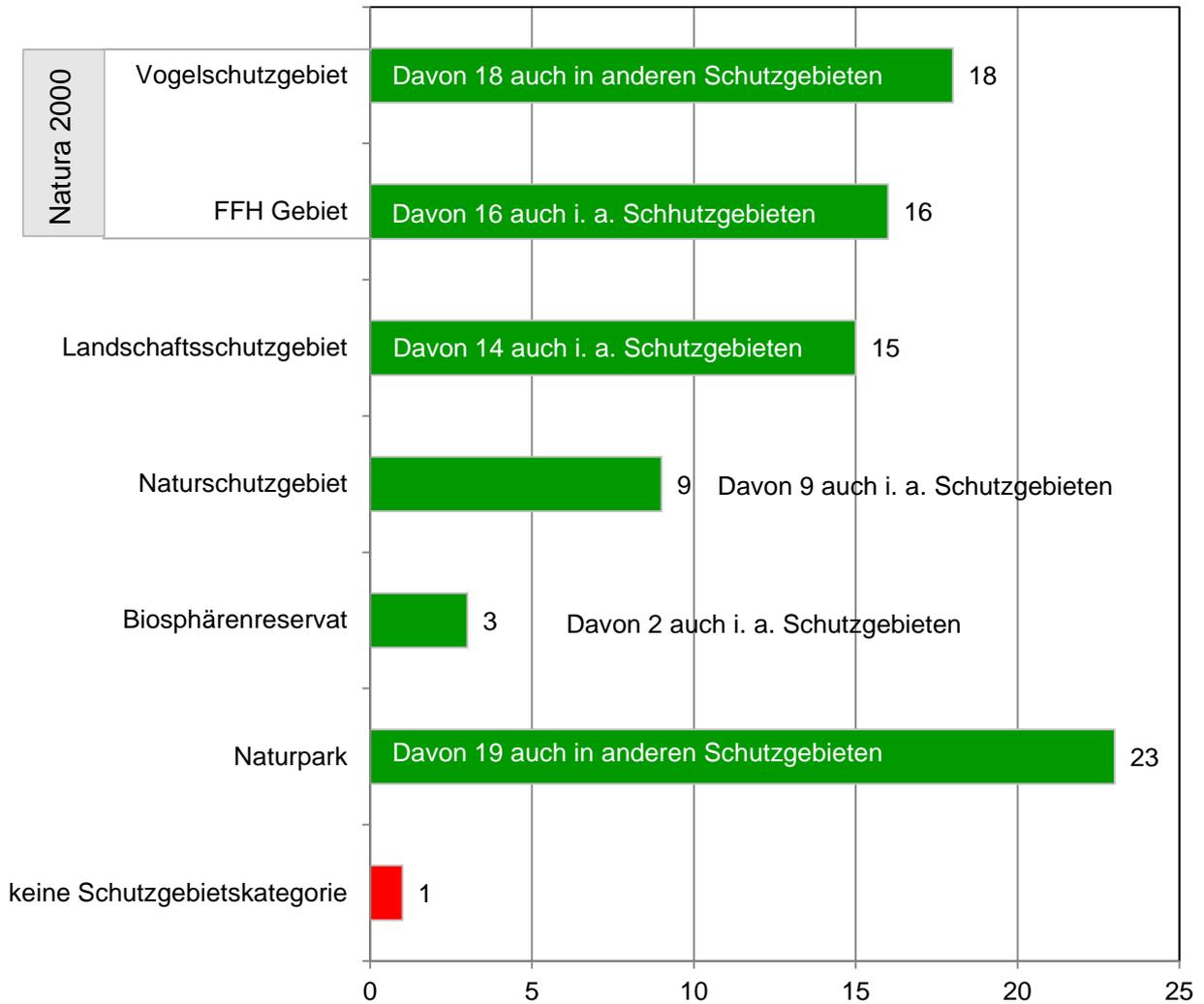


Abbildung 35: Anzahl der kartierten Vorkommen in Deutschland mit Schutzstatus

Die Referenzpunkte (Koordinaten) der Vorkommen wurden im GIS mit einem digitalen Geländemodell verschnitten. In Abbildung 36 ist die Verteilung der Vorkommen nach der Höhe dargestellt. Die Flächenausdehnung der Populationen v.a. der großen Vorkommen in den Alpen erstrecken sich über einen größeren Höhenbereich, der jedoch bei der Kartierung nicht erfasst wurde.

In Höhen zwischen 750 m und 1.000 m (Abb. 36) sind fast 58% der Grün-Erlen-Vorkommen kartiert worden. Hierunter fallen vor allem die Vorkommen des Schwarzwaldes. Von 1.500 m bis über 1.700 m befinden sich hingegen nur ca. 9 % der kartierten Grün-Erlen-Populationen. Dieser Höhenbereich entspricht ihrem bevorzugten Habitat in den Nordalpen. Dort bilden sie oberhalb des geschlossenen Waldes oft eine ca. 100 m breite Zone (Ellenberg, 2010). In schattigen Lagen, an Bächen und Quellhorizonten tritt sie häufig im Reinbestand auf (Grünerlengebüsch).

Höhe ü N. N. [m]

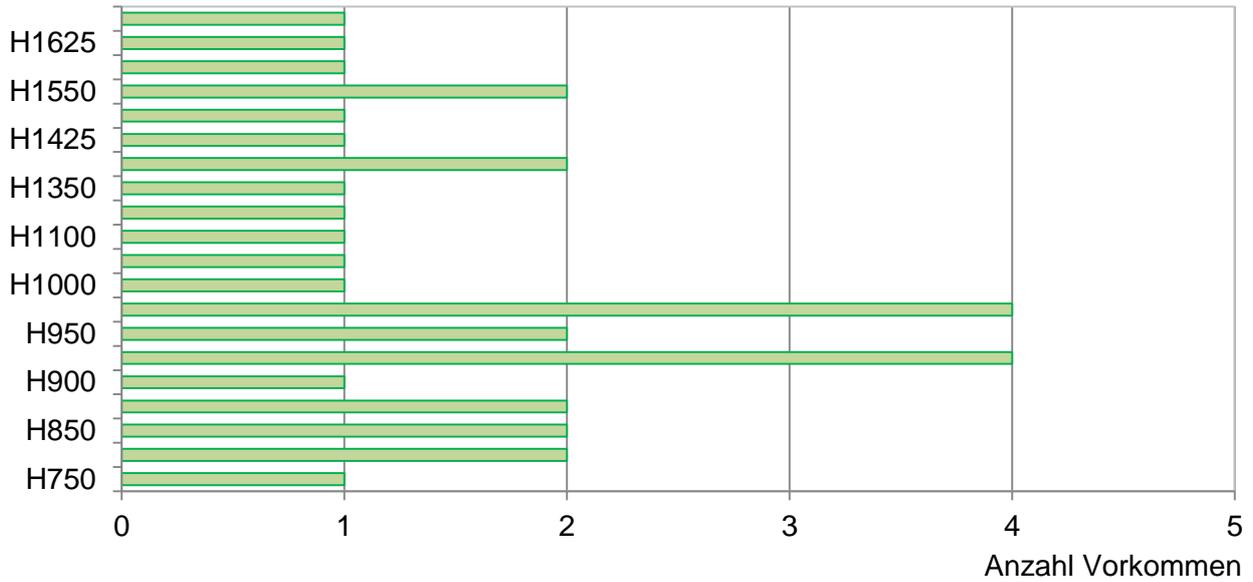


Abbildung 36: Höhenstufen der Grün-Erlen Vorkommen

#### 4.9 Anteil der Zielbaumart

Abbildung 37 zeigt den Baumartenanteil der Grün-Erle in den kartierten Vorkommensflächen. Der Hauptteil besteht aus Vorkommen mit einem Anteil der Grün-Erle von 30 % bis 79 %. Die großen alpinen Vorkommen sind häufig flächig durchsetzt mit Vorkommen verschiedener Weidenarten, gelegentlich auch mit Einzelbäumen der Eberesche und des Bergahorns (Schütt, 1996). Wo die Grün-Erle jedoch flächig auftritt, verfügt sie über eine große Konkurrenzskraft gegenüber anderen Strauch- und Baumarten (z.B. Fichte, Lärche, Zirbe) aufgrund ihrer starken Beschattung und ihrem Stockausschlagvermögens.

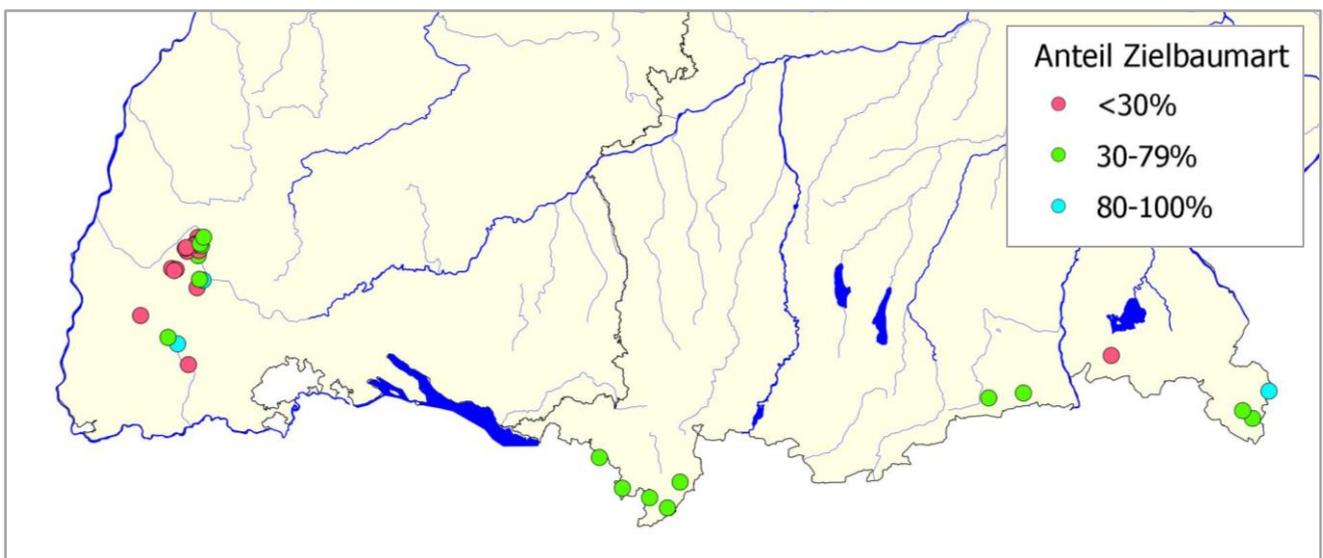


Abbildung 37: Anteil Zielbaumart in Prozentstufen der Grün-Erle in BY und BW

## 4.10 Flächengröße

Große Genobjektsflächen mit zahlreichen Grün-Erlen wurden im Allgäu kartiert. Abbildung 38 zeigt die kartierten Vorkommen abgestuft nach Flächengrößeklassen.

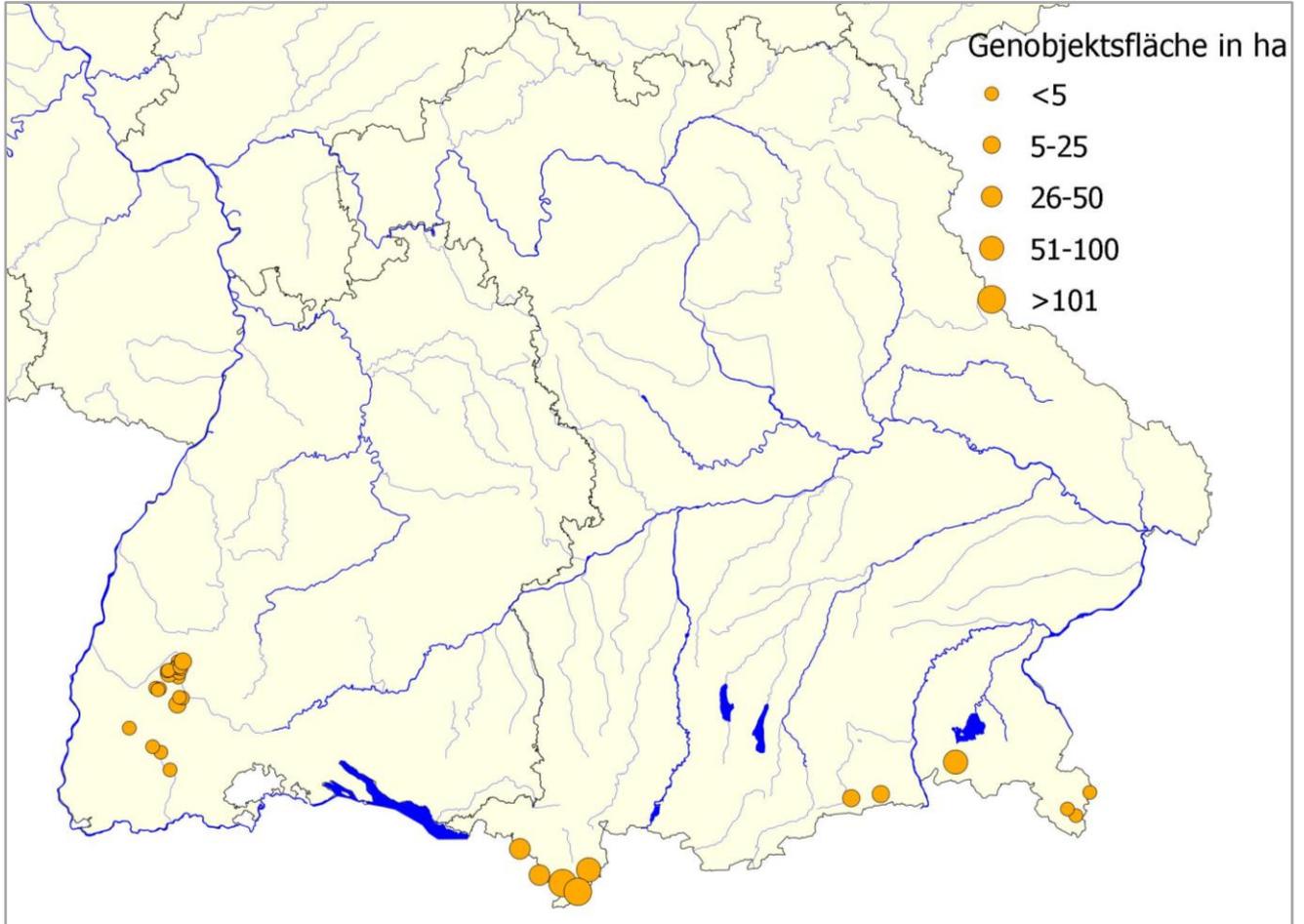


Abbildung 38: Genobjektsflächen der Grün-Erle nach Größenklassen [ha]

## 4.11 Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen

### 4.11.1 Allelhäufigkeiten

Insgesamt wurden an den fünfzehn untersuchten Genorten 36 Genvarianten (Allele) nachgewiesen. An den Genorten PGI-A, IDH-B und MDH-A wurde keine Variation gefunden. Sie waren in allen 8 Vorkommen monomorph auf dasselbe Allel. An den Genorten ACO-A, AAT-C, PDM-B und IDH-A trat in einem Teil der Populationen ein zweites Allel auf, allerdings in sehr geringen Häufigkeiten (unter 5 %). Weitere 3 Genorte, nämlich AAT-B, MDH-C und 6PGDH-B sind durch einen ausgeprägten Minorpolymorphismus charakterisiert, d.h. ein Allel hat Häufigkeiten von meist über 90 % während des zweite oder fallweise auch dritte Allel nur in Häufigkeiten von 1 % bis 10 % auftritt. Fünf Genorte (ACO-B, MNR-A, 6PDGH-A, PGM-A und SDH-A) sind in allen Populationen variabel

mit zwei bis fünf Allelen in nennenswerter Häufigkeit. Für diese fünf Genorte sind die Allelhäufigkeiten für die acht Populationen in den Abbildung 39 bis 44 dargestellt.

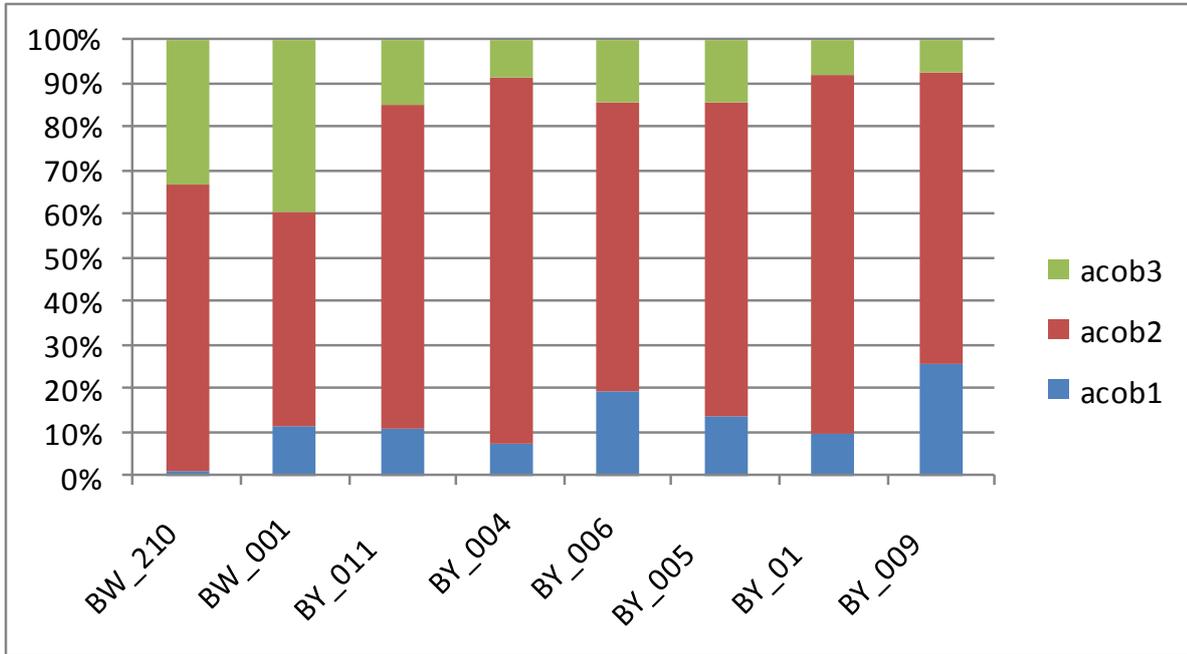


Abbildung 39: Allelhäufigkeiten am Genort ACO-B der Grün-Erle

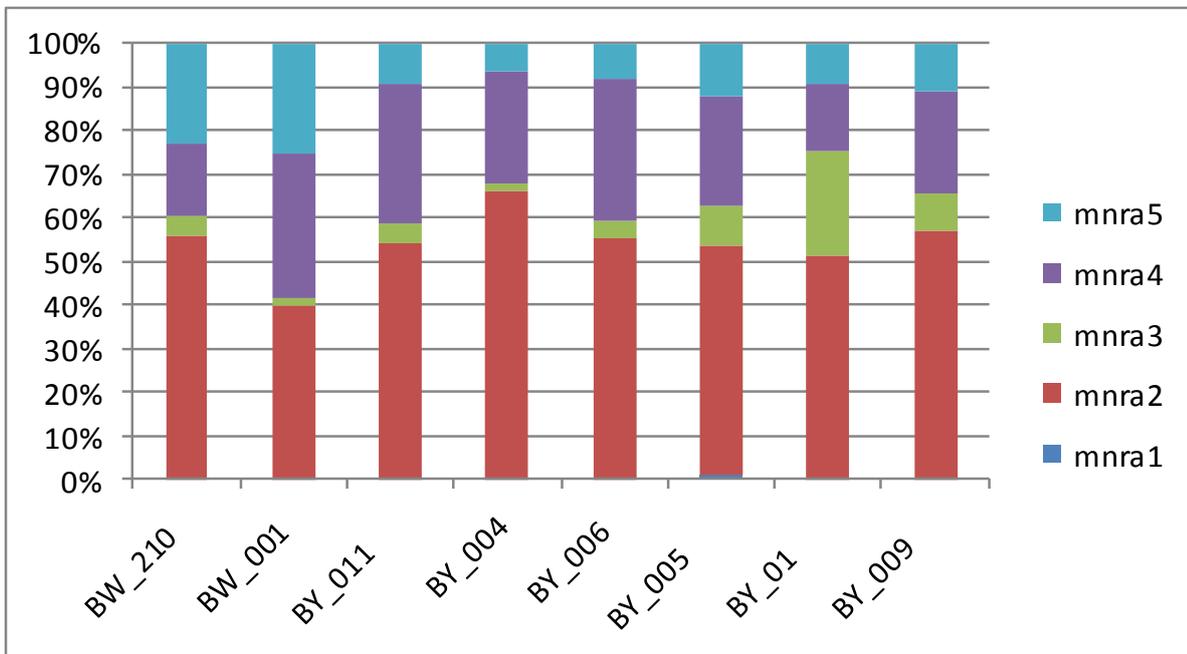


Abbildung 40: Allelhäufigkeiten am Genort MNR-A der Grün-Erle

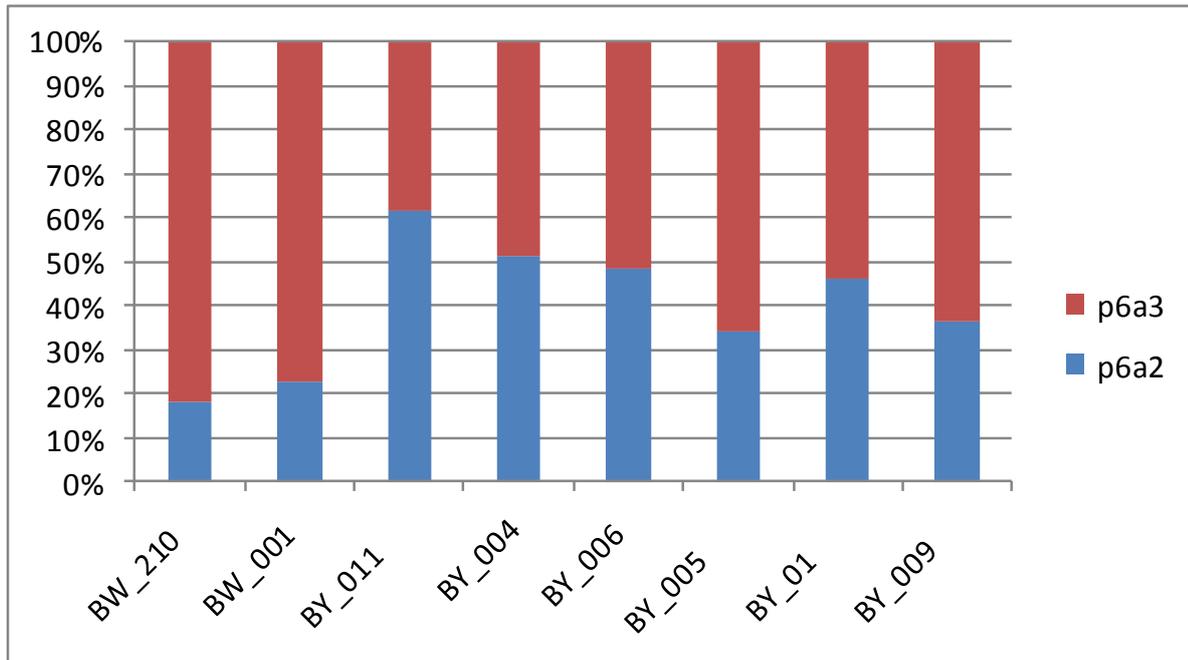


Abbildung 41: Allelhäufigkeiten am Genort 6-PGDH-A der Grün-Erle

Auffallend ist, dass sich an bestimmten Genorten (z. B. 6PGDH-A und ACO-A) eine deutliche Differenzierung der Alpenvorkommen zu den Vorkommen aus dem Schwarzwald ergibt (vgl. auch Abb. 42). An anderen Genorten, wie z.B. SDH-A sind keine regionalen Unterschiede erkennbar.

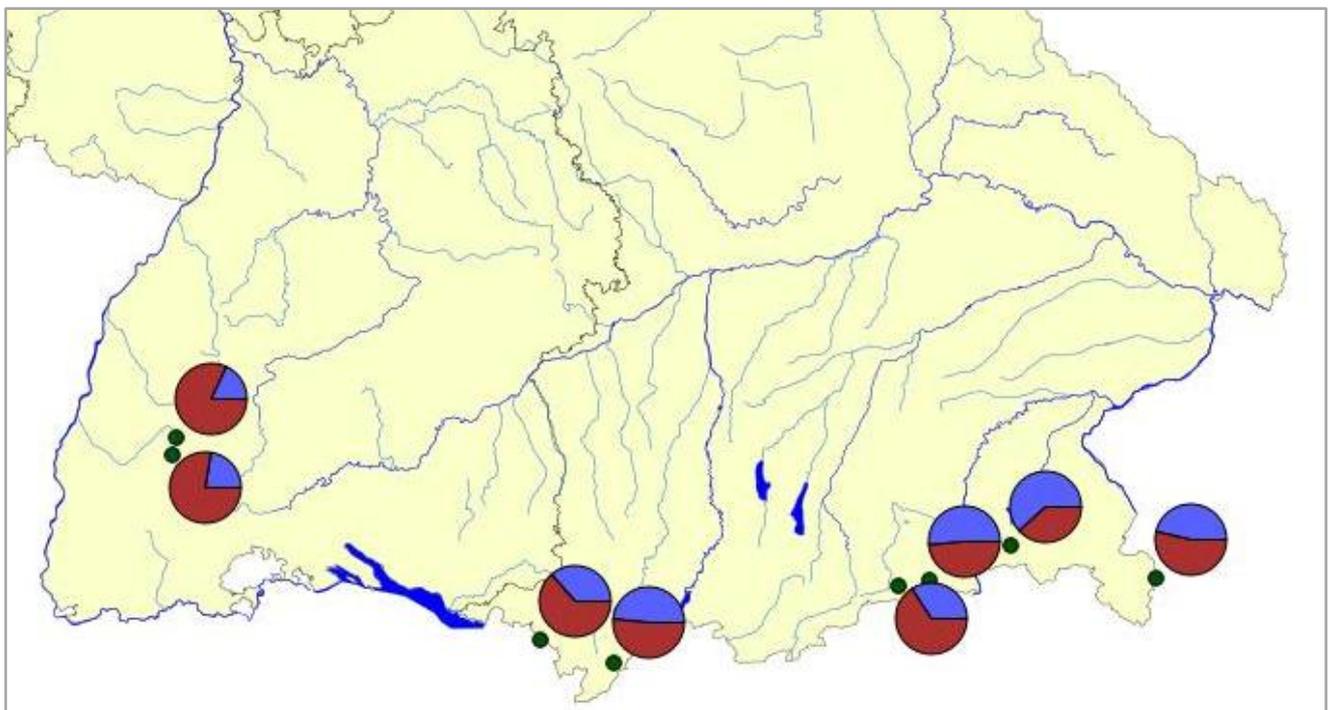


Abbildung 42: Allelhäufigkeiten am Genort 6PGDH-A der Grün-Erle

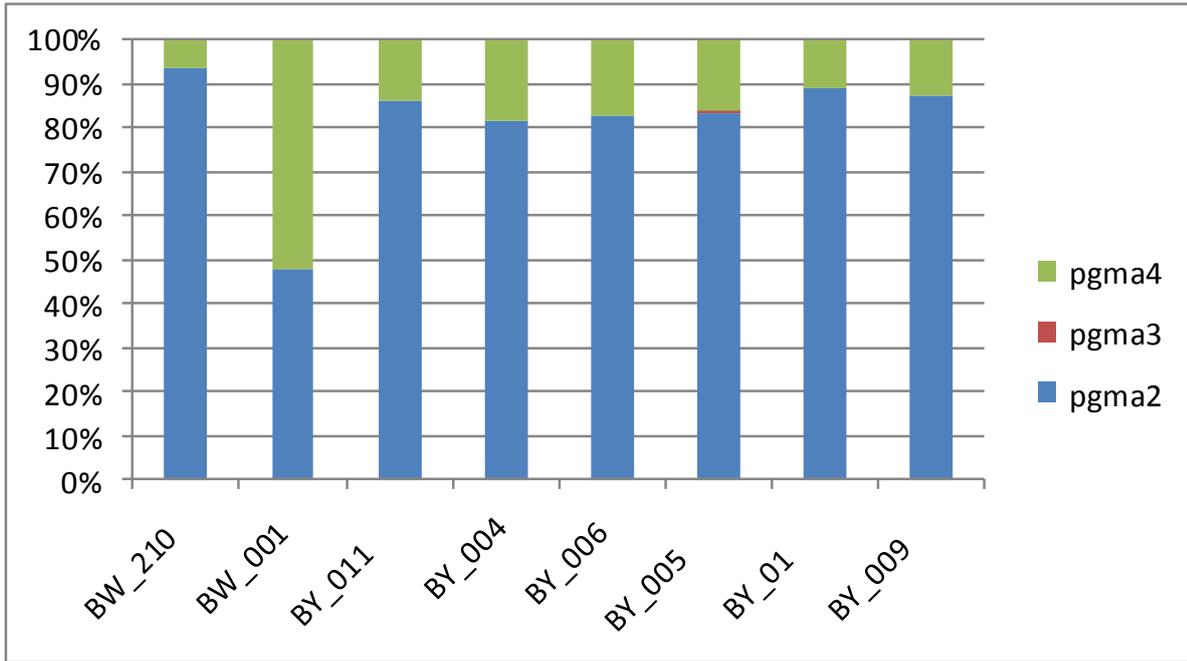


Abbildung 43: Allelhäufigkeiten am Genort PGM-A der Grün-Erle

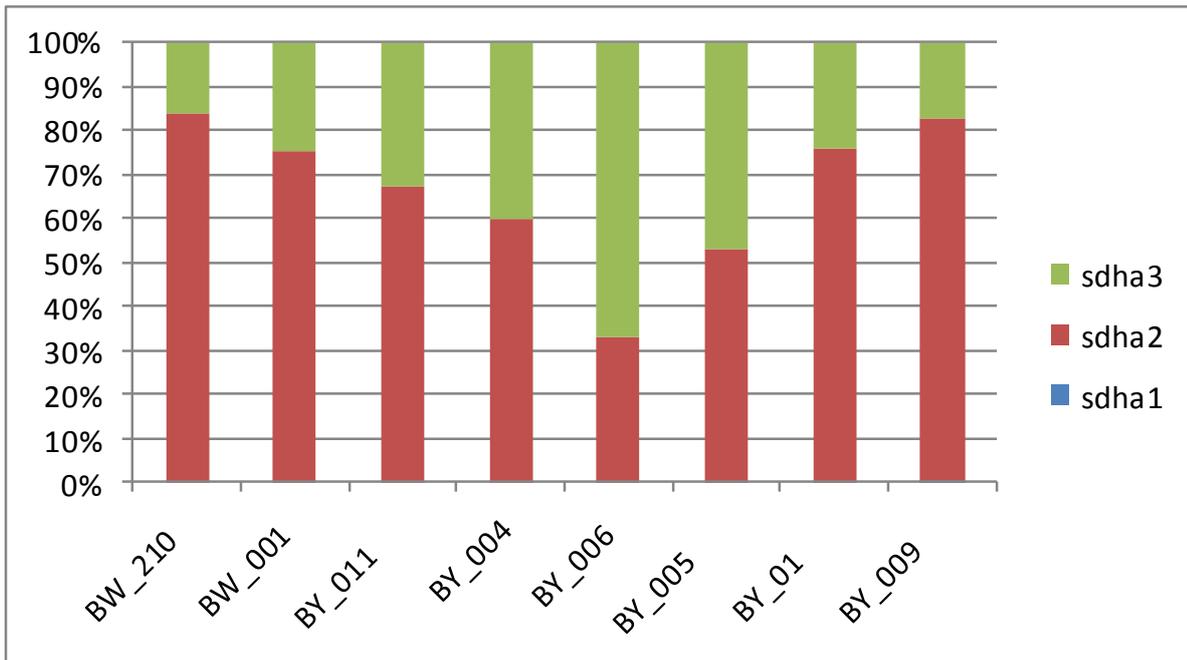


Abbildung 44: Allelhäufigkeiten am Genort SDH-A der Grün-Erle

Da bekannt ist, dass sich die Grün-Erle auch vegetativ vermehrt, wurde über eine sog. „Multilocus Matches“ Analyse über das Programm Genalex nach identischen Genotypen gesucht. Auch wenn aufgrund der vergleichsweise geringen Variabilität an den untersuchten Genorten diese Analyse keine so hohe Aussagekraft hat wie bei der Verwendung von hochvariablen Markern (z.B. DNA-Mikrosatelliten), kann sie doch wichtige Hinweise auf Klonstrukturen in den Populationen geben.

Bei den 736 untersuchten Individuen wurden insgesamt 444 Genotypen gefunden. Dabei ist bei 329 Individuen der Genotyp einmalig. Die restlichen 407 Individuen teilen sich auf 115 Genotypen. Allerdings sind die gemeinsamen Genotypen nicht nur auf einzelne Populationen beschränkt. Bei näherer Betrachtung der einzelnen Populationen merkt man allerdings eine gewisse Klumpung identischer Genotypen, allerdings schwächer als erwartet (nur 2 bis 9 identische Wiederholungen je Genotyp und Population). Dies kann auch eine Folge der Probenahme sein, wo darauf geachtet wurde, dass ein größerer Abstand (mehr als 20 m) zwischen den beprobten Individuen liegt. Dennoch zeigt diese Analyse, dass die Diversität in den Vorkommen durch die vegetative Vermehrung nicht stark gefährdet ist.

#### 4.11.2 Genetische Variation innerhalb der Vorkommen

Die Werte der Parameter, die die genetische Variation innerhalb der Vorkommen beschreiben, sind in Tabelle 9 eingetragen.

Tabelle 9: Genetische Vielfalt, Diversität und Heterozygotie für die 8 Vorkommen der Grün-Erle

Populationsbezeichnung	Anzahl untersuchter Proben	Vielfalt		Diversität		Heterozygotie	
		Anzahl Allele	Anzahl Genotypen	$V_{gam}$	$N_e$	$H_b$	$H_e$
BW_Schonach_210	100	1,73	2,33	14,63	1,16	13,1	13,8
BW_Schönwald_001	49	1,73	2,27	43,91	1,22	18,8	17,8
BY_Aschau_011	104	1,93	2,67	23,46	1,19	13,9	15,8
BY_Bayrischzell_004	100	1,87	2,53	20,92	1,19	15,3	15,7
BY_Hinterstein_006	100	1,80	2,53	29,16	1,20	16,1	16,7
BY_Kreuth_005	100	2,07	2,73	27,78	1,20	15,3	16,7
BY_Resten_01	83	2,07	2,73	18,31	1,18	15,2	15,3
BY_Steibis_009	100	1,93	2,60	20,03	1,78	14,3	15,0

Die genetische Vielfalt, d.h. die mittlere Anzahl der Genvarianten je Genort, variiert in den acht Vorkommen zwischen 1,73 (BW\_Schonach\_210, BW\_Schönwald\_001) und 2,07 (BY\_Kreuth\_005, BY\_Resten\_01). Die mittlere Anzahl der Genotypen liegt zwischen 2,27 (BW\_Schönwald\_001) und 2,73 (BW\_Schonach\_210, BW\_Schönwald\_001). Die Vorkommen aus Bayern haben eine etwas höhere genotypische Vielfalt als die aus Baden-Württemberg. Auch bei der genetischen Diversität sind die Unterschiede nicht als sehr hoch einzuschätzen: der größte Wert findet sich mit 43,91 in dem Vorkommen BW\_Schönwald\_001, der geringste mit 14,63 in BW\_Schonach\_210. Bei den bayerischen Vorkommen sind die Unterschiede in der Diversität sehr gering (vgl. Tabelle 9). Insgesamt ist die Diversität bei der Grün-Erle aber deutlich höher als bei der Grau-Erle. Auch bei der Heterozygotie (Abb. 45) sticht bei insgesamt geringen Unterschieden das Vorkommen BW\_Schönwald\_001 mit einem höheren Wert gegenüber den restlichen hervor. Die Unterschiede zwischen der beobachteten Heterozygotie ( $H_b$ ) und der unter Gleichgewichtsverhältnissen erwarteten Heterozygotie ( $H_e$ ) sind gering. Auch dies ist ein Hinweis, dass vegetative Vermehrung nicht zu einem extremen genetischen Ungleichgewicht führt.

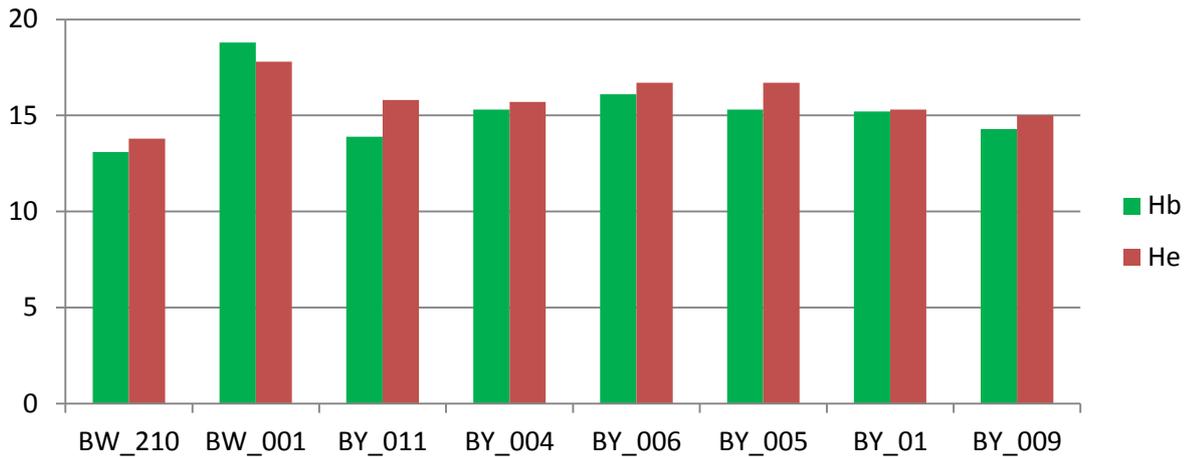


Abbildung 45: Beobachtete (grün) und erwartete (rot) Heterozygotie in den untersuchten Grün-Erlen-Vorkommen

### 4.11.3 Genetische Abstände und Differenzierung zwischen den Populationen der Grün-Erlen

Die Werte der paarweisen genetischen Abstände (allelisch - obere Diagonale, genotypisch - untere Diagonale) sind in Tabelle 10 enthalten. Zwischen den Vorkommen aus Baden-Württemberg (BW-Schönwald\_210 und BW-Schönwald\_001) und den Vorkommen aus Bayern sind die genetischen Abstände deutlich höher als zwischen den bayerischen Vorkommen. Allerdings sind auch zwischen den zwei Vorkommen aus Baden-Württemberg die Abstände vergleichsweise hoch. Dies hat sich bereits in den Diversitätswerten angedeutet.

Tabelle 10: Genetischer Abstand zwischen den untersuchten Grün-Erlen-Vorkommen

	BW_Schonach_210	BW_Schönwald_001	BY_Aschau_011	BY_Bayrischzell_004	BY_Hinterstein_006	BY_Kreuth_005	BY_Resten_01	BY_Steibis_009
BW_Schonach_210	0,000	0,076	0,086	0,091	0,100	0,073	0,069	0,057
BW_Schönwald_001	0,126	0,000	0,094	0,100	0,103	0,082	0,092	0,087
BY_Aschau_011	0,133	0,094	0,000	0,038	0,047	0,045	0,042	0,057
BY_Bayrischzell_004	0,145	0,099	0,038	0,000	0,050	0,040	0,032	0,063
BY_Hinterstein_006	0,150	0,104	0,047	0,050	0,000	0,037	0,065	0,066
BY_Kreuth_005	0,114	0,083	0,045	0,040	0,037	0,000	0,051	0,048
BY_Resten_01	0,115	0,092	0,042	0,032	0,065	0,052	0,000	0,046
BY_Steibis_009	0,105	0,087	0,057	0,063	0,066	0,048	0,046	0,000

In Abbildung 46 ist die Subpopulationsdifferenzierung ( $D_j$ ) dargestellt. Die Höhe der Balken zeigt die jeweiligen Differenzierungswerte des einzelnen Bestandes gegenüber den restlichen Beständen zusammengenommen zu einer „fiktiven“ Gesamtpopulation. Der als Linie dargestellte Mittelwert  $\bar{D}$  zeigt die mittlere Differenzierung aller acht Bestände an. Je höher der  $D_j$  Wert ist, umso spezifischer ist der betreffende Bestand und umso weniger repräsentiert er die Gesamtpopulation „Grün-Erle Süddeutschland“. Die mittlere Differenzierung  $\bar{D}$  ist mit ca. 5 % (rote Linie in Abb. 46) im Vergleich zu anderen Baumarten als mittelhoch einzustufen. Klar ersichtlich ist, dass die beiden Bestände aus dem Schwarzwald einerseits und die Bestände aus den Alpen andererseits sich genetisch klar unterscheiden. Die Bestände aus den Alpen sind für den Gesamtpool „Grünerle Süddeutschland“ repräsentativer als die Schwarzwaldbestände.

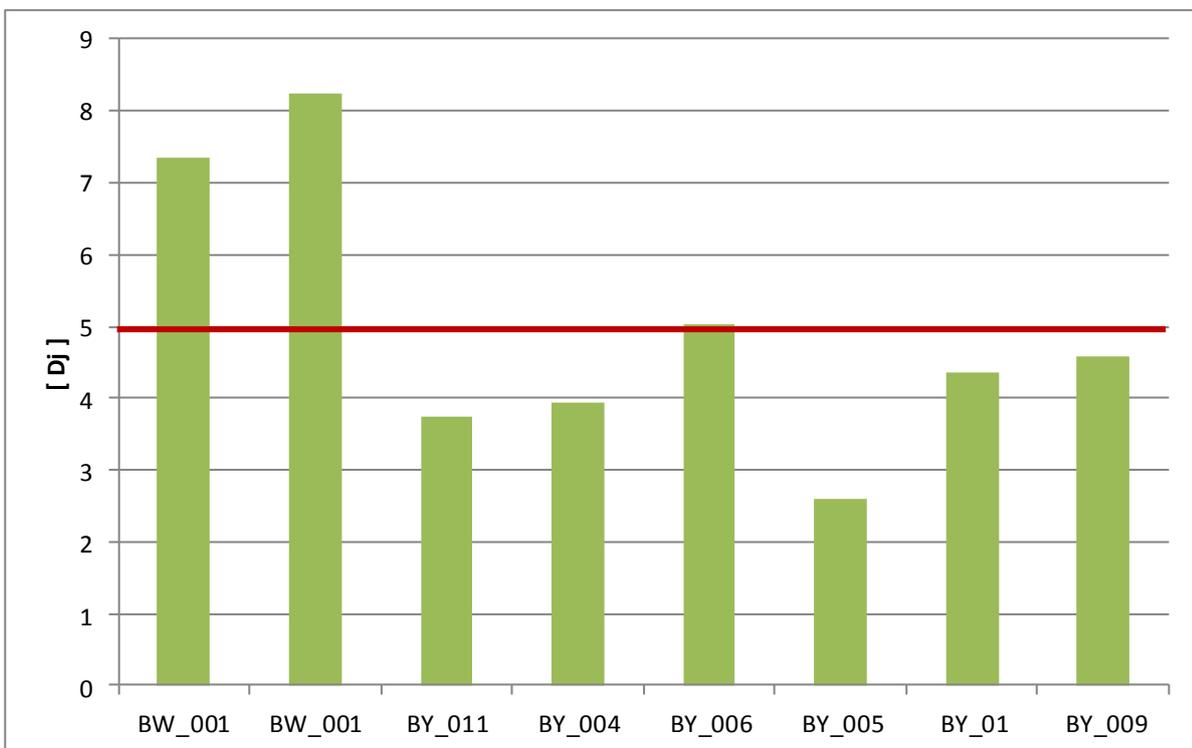


Abbildung 46: Differenzierungswerte ( $D_j$ ) der acht untersuchten Grün-Erlen Populationen. Die rote Linie zeigt die mittlere Differenzierung aller Populationen mit  $\bar{D} = 4,9\%$  an.

Eine noch genauere Strukturierung erhält man mit dem Programm STRUCTURE. Hier gliedert sich das Kollektiv der acht Bestände in vier Gruppen (der höchste DELTA K Wert in Abb. 47).

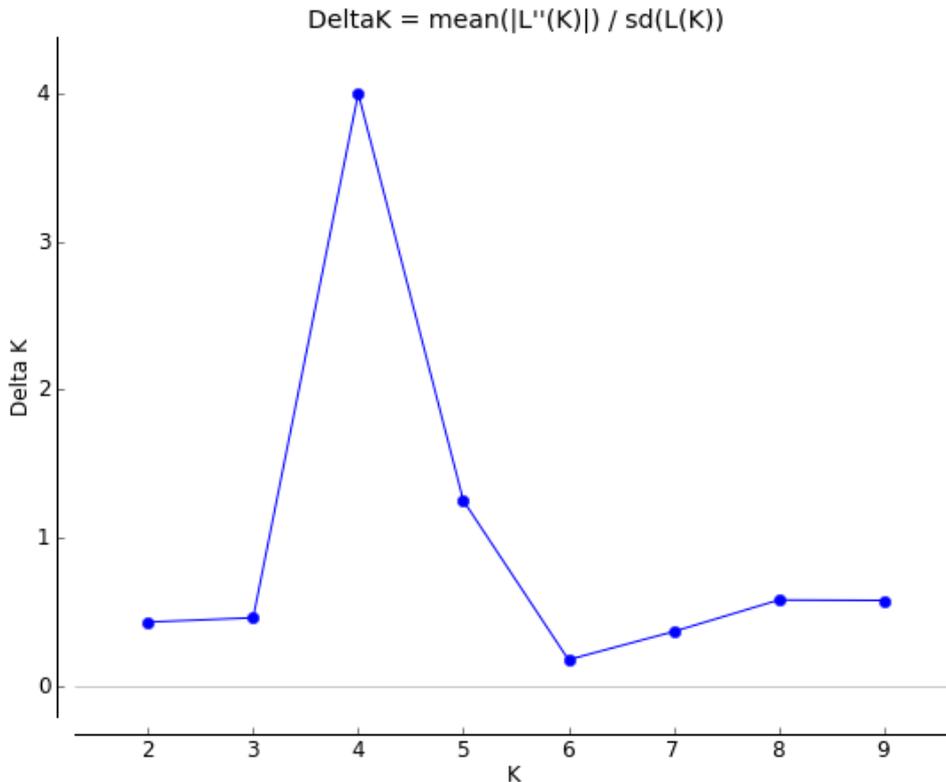


Abbildung 47: Grün-Erle: Verteilung der Werte für "Delta K" abhängig von der Anzahl der angenommenen Untergruppen (K-Wert). "Delta K" basiert auf der Änderungsrate zwischen aufeinanderfolgenden K-Werten und der höchste "Delta K" Wert entspricht der Anzahl der Untergruppen im Genpool.

Diese Gruppen ergeben sich folgendermaßen:

- Gruppe 1 - Bestände BY\_Kreuth\_005 (Nr. 1), BY\_Bayrischzell\_004 (Nr. 2), BY\_Aschau\_011 (Nr. 3), BY\_Hinterstein\_006 (Nr.4)
- Gruppe 2 - BY\_Steibis\_009 (Nr. 5), BY\_Resten\_01 (Nr. 6)
- Gruppe 3 - BW\_Schonach\_210 (Nr. 7)
- Gruppe 4 - BW\_Schönwald\_001 (Nr. 8)

Aus Abbildung 48 ist zu sehen, dass die Unterschiede zwischen Gruppe 1 und 2 kleiner sind, als zu den Gruppen 3 und 4 und auch zwischen den Gruppen 3 und 4. Damit haben sich die Ergebnisse des genetischen Abstands bestätigt.

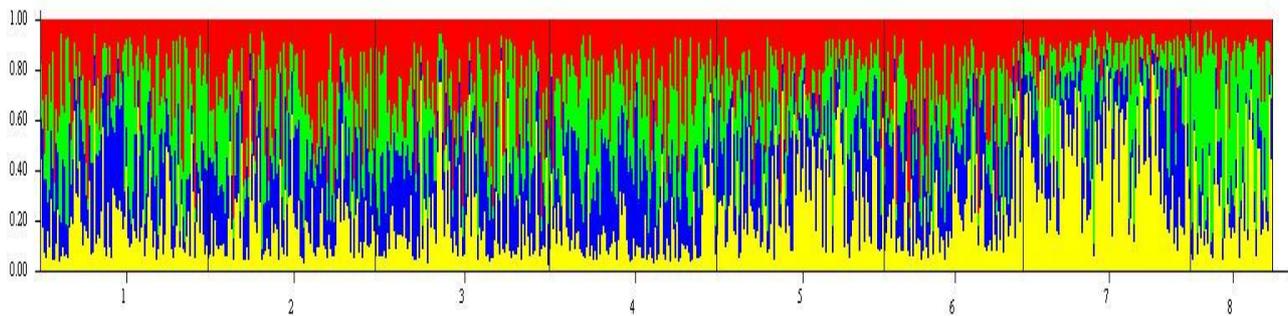


Abbildung 48: Genetische Struktur der acht untersuchten Grün-Erlen-Bestände. Zugehörigkeit der Individuen zu vier angenommenen Untergruppen ( $K=4$ ). Der gelbe Cluster dominiert im Bestand Nr. 7 (BW\_Schonach\_210), der grüne im Bestand Nr. 8 (BW\_Schönwald\_001)

#### 4.11.4 Schlussfolgerungen für Erhaltungsstrategien bei der Grün-Erle aus genetischer Sicht

Die genetische Variation innerhalb der Vorkommen ist bei der Grün-Erle deutlich höher als bei der Grau-Erle. Erhalten werden sollen sowohl Vorkommen aus den Alpen, als auch solche aus dem Schwarzwald, weil sich in den beiden Regionen „spezifische“ Genpools herausgebildet haben. Dies könnte eine Folge der Anpassung an die jeweiligen Standortbedingungen sein. Da sich die Vorkommen der Alpen nur wenig voneinander unterscheiden, genügt aus genetischer Sicht bei der *in-situ*-Erhaltung die Fokussierung auf wenige große, möglichst repräsentative Vorkommen, mit vergleichsweise hoher genetischer Vielfalt und Diversität. Typische Beispiele wären z.B. die Vorkommen Kreuth-005 und Hinterstein\_006. Bei den beiden Schwarzwaldvorkommen ist das Vorkommen Schönwald\_001 aufgrund seiner höheren Diversität vorzuziehen.

## 5 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Die bundesweite Erfassung der Grün-Erle nach einheitlichen Kriterien ermöglicht einen Gesamtüberblick über das Vorkommen und die genetischen Ressourcen der Baumart in der Bundesrepublik Deutschland. 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 Isoenzymanalysen an ausgewählten Beständen geben Hinweise zur genetischen Variation der Grün-Erle 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. Für die Alpen konnte die Alpenbiotopkartierung für die Kartierung zu Grunde gelegt werden. Daneben wurden weitere Vorkommen nach eigenen Recherchen erfasst. Einen Anspruch auf abschließende Erfassung aller Vorkommen erhebt die vorliegende Kartierung allerdings nicht. Dies wäre nur mit unverhältnismäßig hohem Aufwand möglich gewesen. Dies gilt v.a. für sehr kleine Vorkommen.

### **5.1 Bewertung nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit**

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

Soll eine bestimmte genetische Ressource erhalten werden (die Zustimmung des Waldeigentümers vorausgesetzt), wird sie 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 Institutionen zuständig. Es war daher nicht Ziel des Projektes, Generhaltungsobjekte vorzuschlagen – dennoch können aus Bundessicht prädestinierte Regionen bzw. Vorkommen empfohlen werden. Zur Bewertung der Erhaltungsfähigkeit von Vorkommen wurden die drei Parameter Abundanz, durchschnittliche Vitalität und die Altersstrukturqualität in Zusammenhang gestellt (Abb. 49).

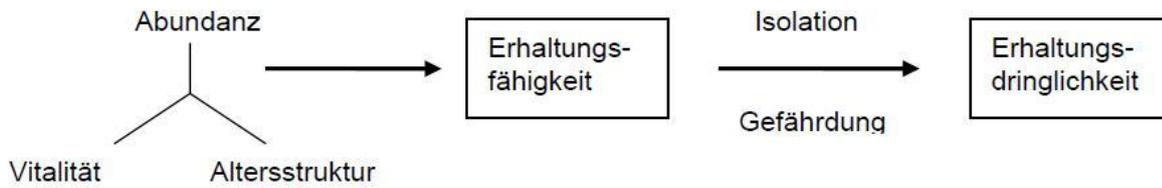


Abbildung 49: Bewertungsparameter zur Bestimmung des Grades der Erhaltungsfähigkeit und der Erhaltungsdringlichkeit (Quelle: LFE).

Die beschriebenen Kriterien sind nach den allgemeinen Merkmalen der Schwarz-Pappel-Vorkommen definiert worden. Der Grad der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit kann zunächst abstrakt aus der Datenanalyse erfolgen, wie sie bereits im Kapitel 3.6.6 erläutert wurde. Wenn einer der drei Parameter die gesetzten Anforderungen (Grenzwerte) nicht erfüllt, wurden die Vorkommen nicht als erhaltungsfähig eingestuft, da die Erhaltung dieser Ressourcen nicht oder nur mit hohem Aufwand gewährleistet werden kann. Aus Sicht der Bundesländer können die Anforderungen geändert und andere Prioritäten gesetzt werden, z. B. die aufwändige Erhaltung eines einmaligen aber wenig vitalen und individuenarmen Vorkommens. Die Erhaltung genetischer Ressourcen sollte jedoch auch an der Effizienz sowie dem Erhaltungsaufwand und Nutzen gemessen werden. Diese Entscheidungen müssen dann aufgrund der regionalen Bedingungen durch die vor Ort zuständigen Institutionen erfolgen.

Aufgrund der durchgeführten Analysen zur Erhaltungsfähigkeit wurden von den 33 Vorkommen 13 in die Stufe sehr gut oder gut eingestuft (Abb. 50). Der Vergleich (Abb. 51, Abb. 52) zwischen Baden-Württemberg (Schwarzwald) und Bayern (Nordalpen) verdeutlicht, dass die Alpenvorkommen der Grün-Erle mit 90 % eine überaus hohe *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit aufweisen. Hier muss berücksichtigt werden, dass im nördlichen Alpenbereich v.a. große Grün-Erlen-Objekte kariert wurden.

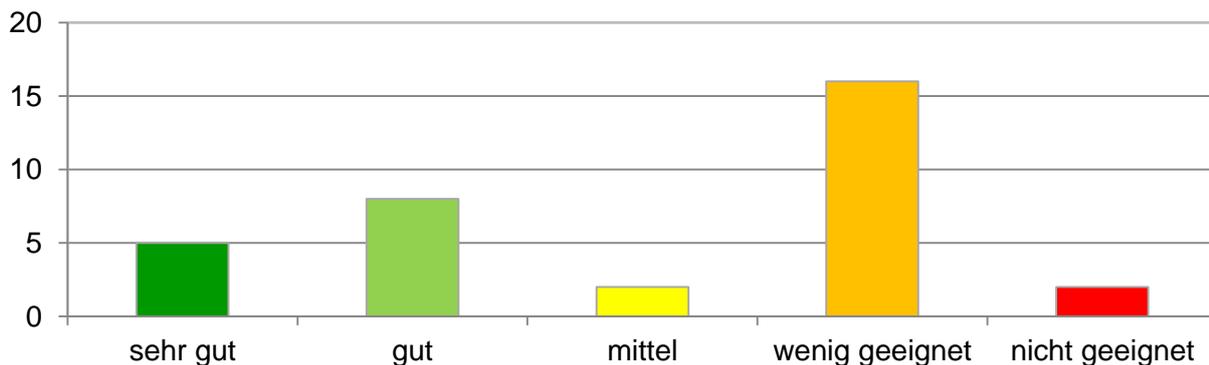


Abbildung 50: Stufen der Erhaltungsfähigkeit und Anzahl der Vorkommen der Grün-Erle in BY und BW

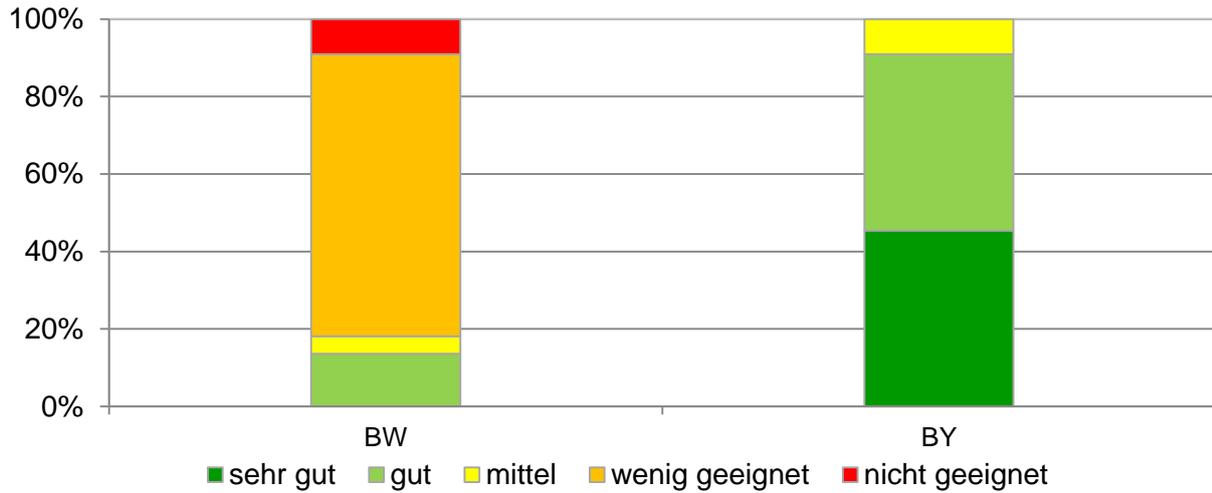


Abbildung 51: *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen der Grün-Erle in den Bundesländern in Prozent

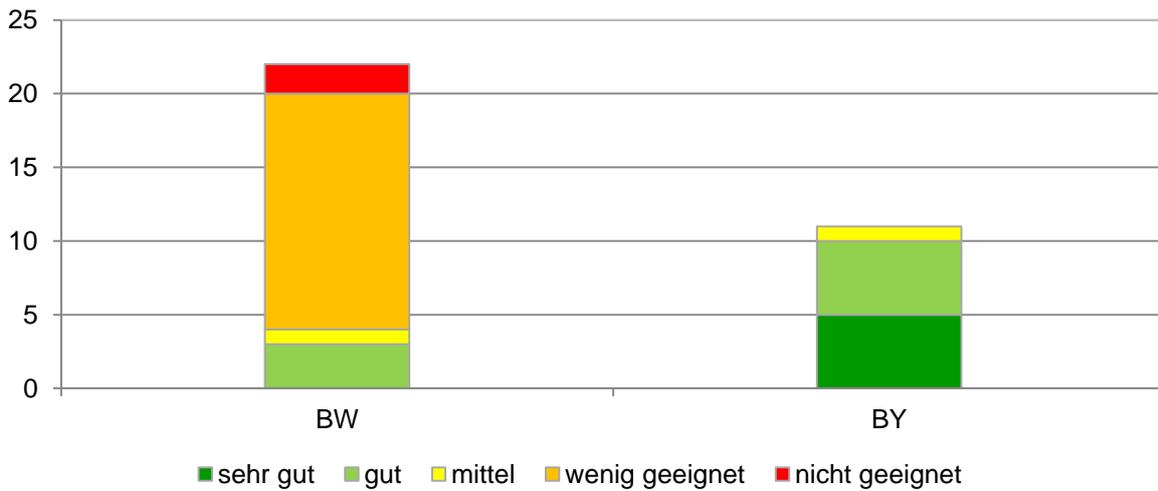


Abbildung 52: Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen der Grün-Erle in Deutschland (Anzahl der Vorkommen)

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), die an dieser Stelle nicht behandelt werden können.

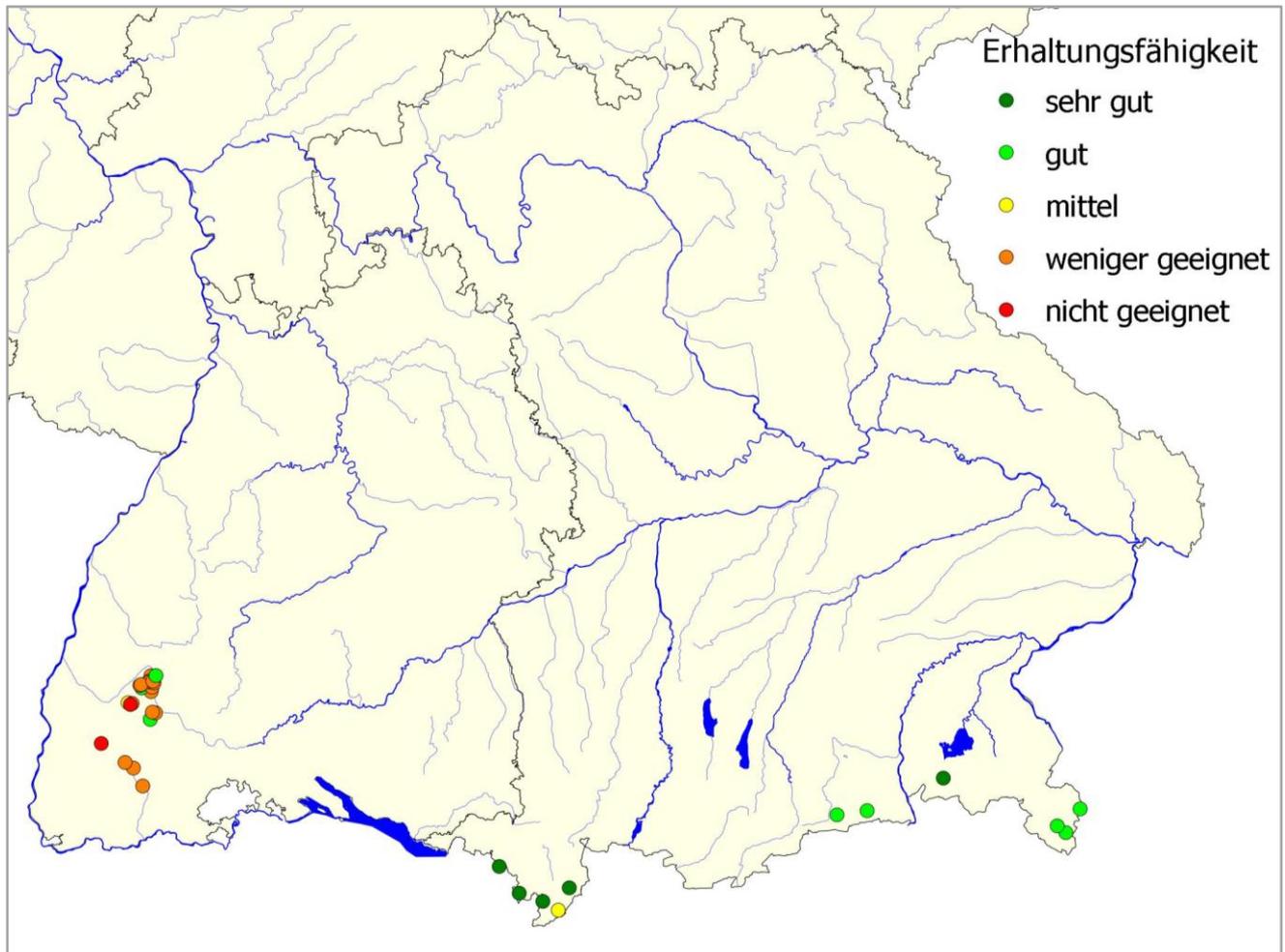


Abbildung 53: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Grün-Erlen-Vorkommen im BY und BW

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 von *Alnus viridis*.

Abbildung 53 bis Abbildung 56 zeigen die Verbreitungsschwerpunkte der Grün-Erle, 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. Beide Darstellungen sind für die Analyse der Erhaltungsdringlichkeit und die Planung künftiger Generhaltungsflächen sinnvoll. Bei der Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl bzw. der Dichte (Abb. 54) werden Populationen insbesondere mit hoher Baumzahl bzw. hoher Dichte (ausgedrückt als Individuenzahl je Flächeneinheit) mit diesen Werten gewichtet. Stammmzahlreiche Populationen in enger Nachbarschaft zu weiteren Vorkommen werden damit hervorgehoben.

Die Darstellung der Kerneldichte ohne die Berücksichtigung der Baumzahl bzw. Dichte (Abb. 55) geht dagegen von einer gleichwertigen Gewichtung aller Vorkommen aus. Damit wird der räumliche Zusammenhang der Vorkommen besser betont. Viele Vorkommen in enger Nachbarschaft erscheinen in der Darstellung dunkler.

Bei der Analyse der Vorkommen zeigen sich mehrere Verbreitungsschwerpunkte der Grün-Erle. Genzentren der Grünerle befinden sich im Allgäu, in den nördlichen Kalkalpen mit den Teilgebieten: Berchtesgadener Alpen und Kampenwandgebiet (Tab. 11, Abb. 56). Aufgrund der unterschiedlichen Genpools der beiden Vorkommens-Regionen (Nördliche Alpen, Schwarzwald) besitzen die Schwarzwald-Vorkommen der Grün-Erle eine hohe Erhaltungsdringlichkeit und werden als gesondertes Genzentrum ausgewiesen.

Tabelle 11: Genzentren der Grün-Erle in der Bundesrepublik Deutschland (BY, BW)

Genzentrum	Bezeichnung	Teilbereich	Bezeichnung
1	Nordalpen	1a	Berchtesgadener Alpen
		1b	Mittlere Nördliche Kalkalpen
2	Allgäu		
3	Schwarzwald		

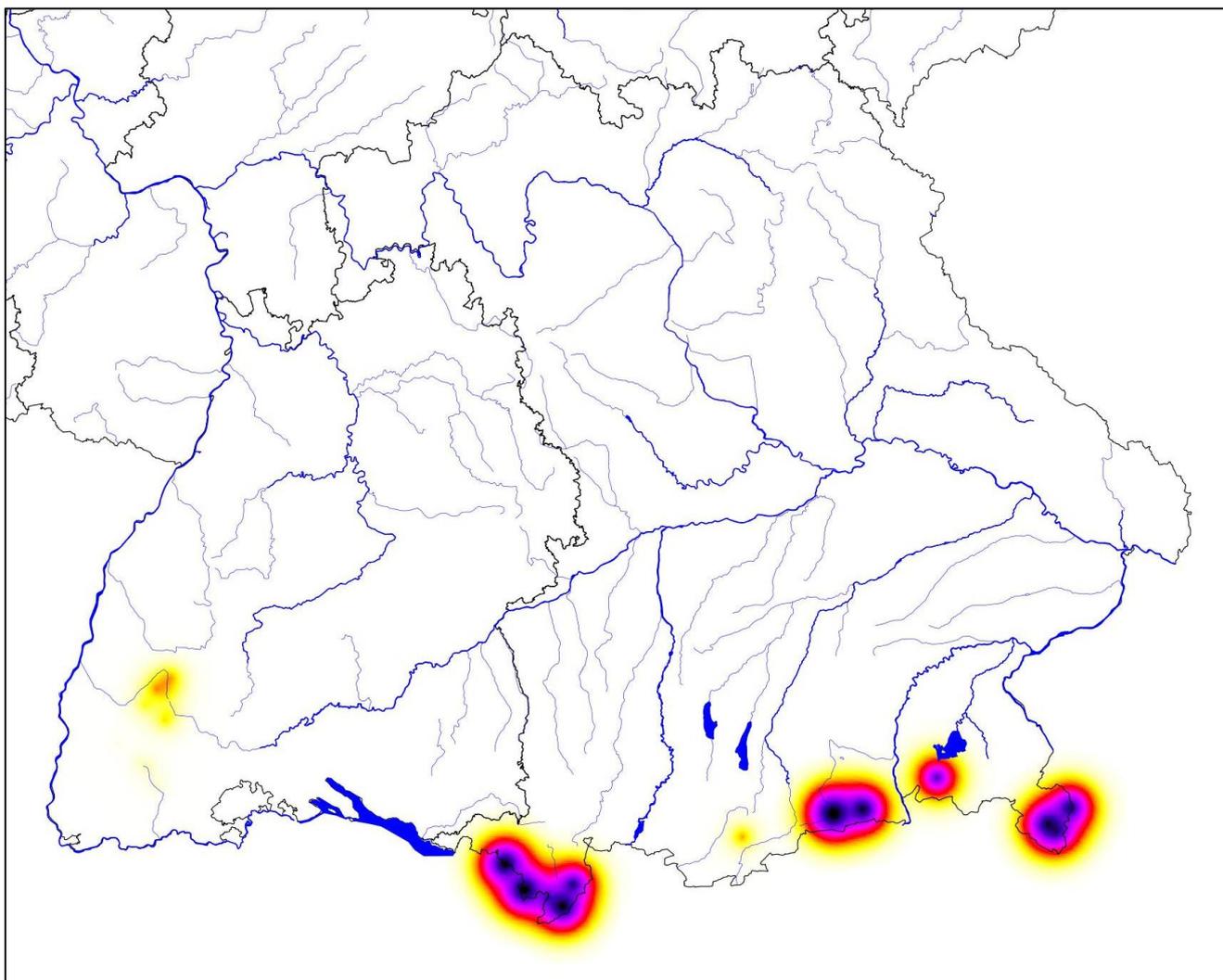


Abbildung 54: Kerneldichtendarstellung basierend auf den Grün-Erlen-Vorkommen mit einem Radius von 3 km

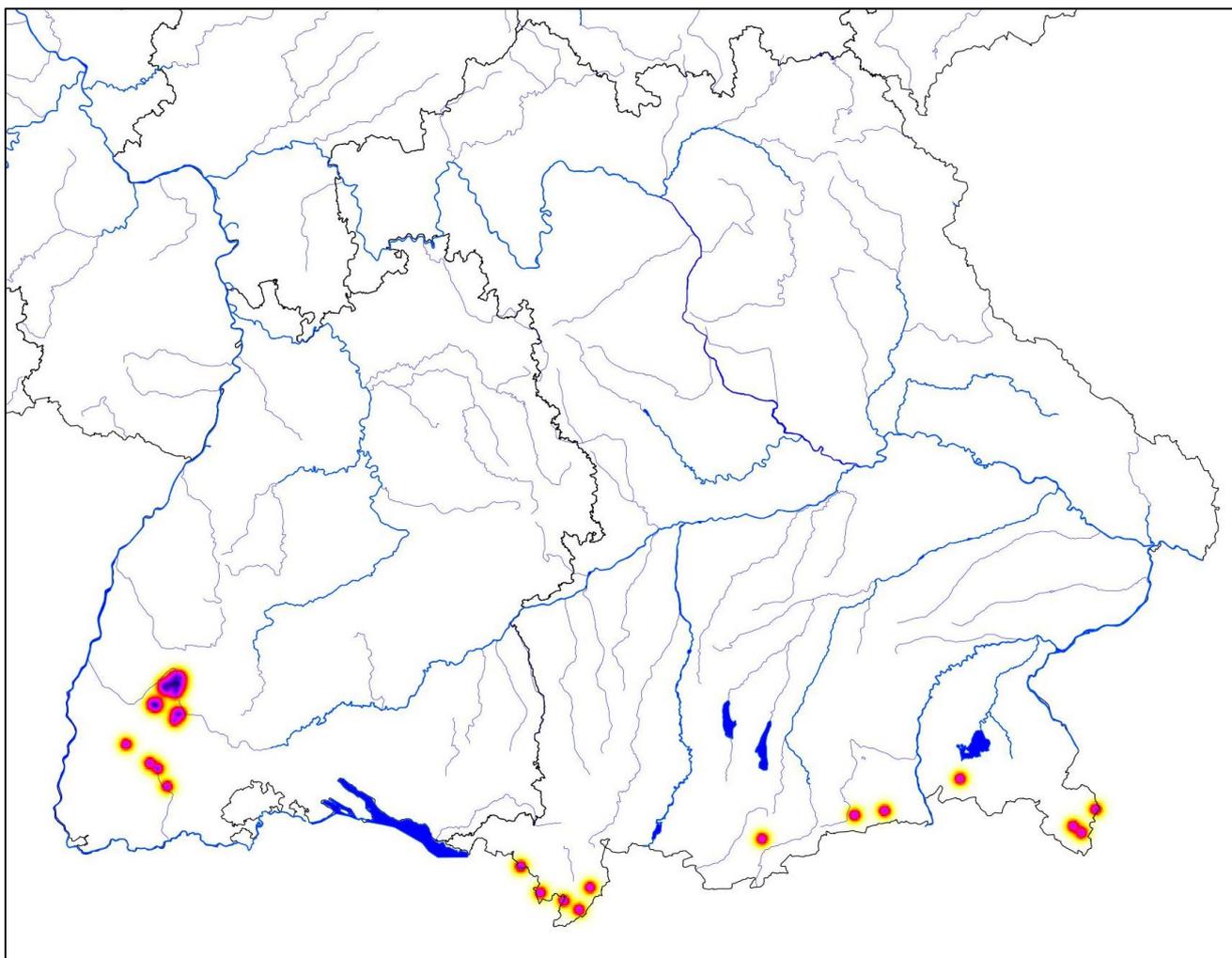


Abbildung 55: Darstellung der Kerneldichte ohne Berücksichtigung der Baumzahl.

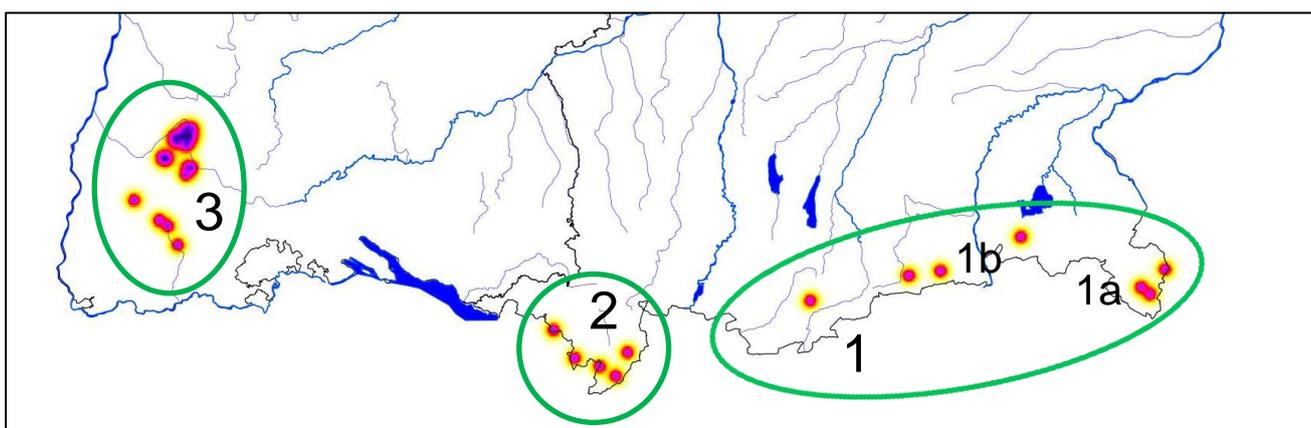


Abbildung 56: Genzentren der Grün-Erle in Deutschland (BY, BW)

## 5.2 Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen

Die Schwerpunkte der Generhaltungsmaßnahmen für die Grün-Erle bestehen in der Sicherung der vier Schwerpunktbereiche (Genzentren) in den bayerischen Nordalpen sowie das vom Alpengebiet isoliert liegende Verbreitungsgebiet im Schwarzwald. Diese Empfehlung kann auch aufgrund der genetischen Differenzierung bzw. klaren Unterschiede zwischen den Alpen und Schwarzwaldvorkommen begründet werden.

Die Genzentren in Bayern sowie die Vorkommen im Werdenfelser Land (Raum Garmisch-Partenkirchen) sollten, aufgrund der Seltenheit der Grün-Erle und ihrer Besonderheit für den Nordalpenraum, erhalten werden. Alle Maßnahmen, die zu einem Rückgang der Vorkommensflächen führen, sind zu vermeiden.

Die erhaltungswürdigen kleinen Vorkommen im Schwarzwald sollten aufgrund der genetischen Unterschiede zum alpinen Verbreitungsgebiet nachhaltig gesichert werden. Noch um 1900 wurde die Grün-Erle im Schwarzwald als häufig beschrieben. Eine bessere Vernetzung zwischen den Vorkommen und Vergrößerung der Vorkommensflächen sollte geprüft werden. Bei künstlicher Einbringung von Grün-Erlen sollte auf eine Vermischung mit dem alpinen Verbreitungsgebiet verzichtet werden.

Die Ausweisung von speziellen Generhaltungsbeständen für die Grün-Erle sollte für beide Verbreitungsbereiche vorangetrieben werden.

Da die Grün-Erle nicht dem Forstvermehrungsgutrecht unterliegt, sollten im Rahmen der Regelungen für „Gebietsheimische Gehölze“ geeignete Beerntungseinheiten ausgeschieden werden.

Über die genetische Differenzierung der Grün-Erle im gesamten Alpenraum oder benachbarter Verbreitungsregionen ist bisher wenig bekannt. Weiterführende genetische Untersuchungen sollten daher durchgeführt und die vorgeschlagenen Erhaltungsmaßnahmen auf Europäischer Ebene abgestimmt werden.

## 5.3 Schlussfolgerung mit dem Ziel der Politikberatung

Die Erfassung der Grün-Erle 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. Schutzgebiete). Handlungsempfehlungen für effiziente Erhaltungsarbeiten erreichen somit eine neue Qualität, die auch für europaweite Erhaltungsstrategien dringend erforderlich sind.

Andere Erhebungen, wie z. B. die Alpenbiotopkartierung, erwiesen sich als weniger geeignet zur Beurteilung der Erhaltungsfähigkeit bzw. Erhaltungsdringlichkeit von Populationen der Grün-Erle. Sie gaben jedoch wichtige Hinweise über ihre Vorkommen.

Die Grün-Erle besitzt keine forstwirtschaftliche Bedeutung. Ihr sollte aber wegen ihrer ökologischen Funktionen besondere Aufmerksamkeit zukommen. Im Zuge des Klimawandels

und des damit verbundenen Anstiegs der Baum- und Waldgrenze sollten der Grün-Erle neue Besiedlungsmöglichkeiten in höheren Lagen der Alpen ermöglicht werden.

In Ihrem Bestand ist die Grün-Erle im Alpenraum derzeit jedoch nicht gefährdet. Die Schwerpunkte ihrer Verbreitung sollten im bestehenden Umfang erhalten bleiben und alle Maßnahmen unterbleiben, die den Flächenbestand nachhaltig reduzieren. Darauf sollte v.a. bei der Unterhaltung oder Erweiterungen von Alm- und Weidenflächen geachtet werden. V.a. Stockrodung und Abbrennen gefährden die Vorkommen. Traditionelle Bewirtschaftungsformen hingegen, wie das auf den Stock setzen (Schwenden), das die Grün-Erle durch Wurzelbrut und Stockausschlag ausgleichen kann, können nach derzeitigem Wissenstand toleriert werden.

Aufgrund ihrer viel geringeren Individuenzahl und Flächengrößen sind die Schwarzwaldvorkommen stärker gefährdet, als die Populationen in den bayerischen Alpen. Wegen der festgestellten genetischen Differenzierung sollten sie trotz der geringeren Erhaltungsfähigkeit erhalten bzw. gefördert werden. Zudem sollten geeignete Generhaltungsbestände ausgewiesen werden.

## 6 Zusammenfassung

Ziel des Projektes war es, wertvolle Vorkommen der Grün-Erle nach einheitlichen Kriterien und Methoden bundesweit zu erfassen, zu charakterisieren und zu dokumentieren. Die erfassten Vorkommen sollten hinsichtlich ihrer Erhaltungsfähigkeit bewertet und kartografisch dargestellt werden. Das Projekt war in mehrere Phasen untergliedert.

Zunächst wurden Datenquellen nach möglichen Vorkommen recherchiert. Eine bundesweite Vor-Ort-Erfassung nach einheitlichen phänotypischen Kriterien folgte. Neben den räumlichen Lageparametern wurden u.a. die Anzahl der Bäume, die Durchmesserstruktur, die Begründungsart und die Vitalität erfasst und in eine Datenbank übertragen. Anschließend wurden umfangreiche Auswertungen und Analysen der Daten sowie deren Darstellung mit Geoinformationssystemen durchgeführt.

Aus den vorliegenden Daten wurde die *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit der Grün-Erlen-Vorkommen abgeleitet und mit Hilfe einer Kernel-Dichteanalyse die Verbreitungsschwerpunkte (Genzentren) in Deutschland ermittelt. Isoenzymanalysen an 8 ausgewählten Populationen, verteilt auf beide Vorkommensbereiche in den Alpen und im Schwarzwald, ermöglichten erstmals einen Überblick über die genetische Variabilität und Zusammensetzung der Vorkommen in Süddeutschland.

Die Grün-Erle (*Alnus viridis*) gilt in ihrem Bestand in Deutschland als nicht gefährdet. Die Baumart ist im Schwarzwald aber selten. Im Rahmen des Projektes wurden 32 Vorkommen mit über 110.000 Grün-Erlen kartiert. Ihr Verbreitungsschwerpunkt liegt in den Allgäuer Alpen.

Die genetische Variation innerhalb der Vorkommen ist bei der Grün-Erle deutlich höher als bei der Grau-Erle. Erhalten werden sollen sowohl Vorkommen aus den Alpen, als auch solche aus dem Schwarzwald, weil sich in den beiden Regionen „spezifische“ Genpools her-

ausgebildet haben. Das eiszeitliche Reliktvorkommen der Grün-Erle im südlichen Schwarzwald stellt zudem eine Besonderheit dar.

Der Grün-Erle sollte wegen ihrer ökologischen Funktionen und ihrer standörtlich bedingten geringen Verbreitung zukünftig mehr Aufmerksamkeit zukommen. Im Zuge der prognostizierten Klimaveränderungen und des damit verbundenen Anstiegs der Baum- und Waldgrenze sollten neue Besiedlungs- und Anpassungsmöglichkeiten für die seltene Baumart geschaffen werden.

Zudem sollten geeignete Generhaltungsbestände ausgewiesen werden, um ihren Bestand und ihre genetischen Ressourcen nachhaltig zu sichern.

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

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

In der ersten Projektphase wurden die verfügbaren Datenbanken bei den zuständigen forstlichen Institutionen recherchiert. Die Bereitstellung der Daten bereitete keine Schwierigkeiten. Die Datenbanken der Alpen-Biotopkartierungen und andere Datenquellen lagen jedoch bei verschiedenen Landesbehörden, so dass die Daten mit viel Aufwand besorgt werden mussten. Da die Daten kartografisch ausgewertet wurden, war die Angabe von Koordinaten bzw. die Übersendung von GIS-shapes notwendig.

In der zweiten Projektphase erfolgte die Kartierung der Vorkommen in Bayern und Baden-Württemberg mit Kartierern, der FVA Baden-Württemberg, dem ASP und privater Kartierbüros. Die in den Vorgängerprojekten zur Schwarz-Pappel und den Ulmen-Arten geforderte Ausdehnung der Kartierungen auf zwei Vegetationsperioden wurde umgesetzt. Sie erwies sich als sehr zweckdienlich. Nachmeldungen von Genobjekten und Fehler in der Datenbank verursachten nur kleine Verzögerungen.

Aufgrund der oft nur schwer zugänglichen Vorkommen in den Alpen und der gefährlichen Begehbarkeit vieler Flächen war eine vollständige Erfassung der Vorkommen nicht möglich. Kleinere und abgelegene Vorkommen in den Alpen konnten daher nicht aufgenommen werden. Der Schwerpunkt der Kartierung lag daher bei den für die Generhaltung wertvollen größeren Populationen und einer guten räumlichen Verteilung entlang der Nordalpen.

Das Aufnahmeverfahren erwies sich für die strauchartige Grün-Erle nur in Teilen tauglich, da die Altersschätzung über Durchmesserstufen zu keinen brauchbaren Ergebnissen führte und die daraus abzuleitenden Bezugsgrößen wie z.B. die Altersstrukturqualitätsklassen wenig aussagekräftig sind. Zudem sind die Schätzung der Naturverjüngungsanteile und die Ermittlung der Baumzahlen mit großen Unsicherheiten behaftet. Es wird daher empfohlen die bisher angewandte Methode weiterzuentwickeln und an die speziellen Bedürfnisse bei der Erfassung von Straucharten oder strauchartige Baumarten anzupassen. Die Ziele des

Projektes geeignete Genressourcen der Grün-Erle zu erfassen und zu dokumentieren sowie Genzentren der Grün-Erle zu lokalisieren, konnten aber erfüllt werden.

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

## 8 Literatur

- BRAUN, G. (1975). Zur Verbreitung und Soziologie von *Alnus viridis* im Schwarzwald- (Staatsexamensarbeit am Lehrstuhl Geobotanik), Freiburg.
- BRÜCHERT, F., BOGENRIEDER, A., SPECK, T. (1994). Anatomischer und biomechanischer Vergleich der Sproßachsen von *Alnus viridis* (Chaix) DC. aus dem Schwarzwald und den Lechtaler Alpen mit Stockausschlägen von *Alnus glutinosa* (L) Gaertn. aus dem Schwarzwald im Hinblick auf die Standortsökologie beider Arten. Berichte der Naturforschenden Gesellschaft Freiburg i.Br. 82/83, 19-45.
- DÖRR, E., MÜLLER, L. (1982). Flora des Allgäus. Berichte der Bayerischen Botanischen Gesellschaft zur Erforschung der heimischen Flora. Selbstverlag der Gelesllschaft, München, 1964.
- ELLENBERG, H., LEUSCHNER, C. (2010) Vegetation Mitteleuropas mit den Alpen, 6. Auflage, UTB, 1334 S.
- EVANNO, G., REGNAUT, S., GOUDET, J. (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14, 2611–2620.
- GALLENMÜLLER, F., BOGENRIEDER, A., SPECK, T. (1999). Biomechanische und ökologische Untersuchungen an *Alnus viridis* (Chaix) DC. in verschiedenen Höhenlagen der Schweizer Alpen. Berichte der Eidgenössischen Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft, 347: 1-31.
- GREGORIUS, H.R. & DEGEN, B. (2007): Monitoring genetischer Ressourcen – Prinzipien und Methoden. In: Begemann F.; Schröden S; Wenkel K.-O., Weigel H.-J. (Hrsg.) (2007): Monitoring und Indikatoren der Agrobiodiversität. Tagungsband, Schriftenreihe des Informations- und Koordinationszentrums für Biologische Vielfalt, Bd. 27, Bonn, 39 – 65.
- GREGORIUS, H.R. (1974) Genetischer Abstand zwischen Populationen. I. Zur Konzeption der genetischen Abstandsmessung. *Silvae Genetica* 23: 22-27
- GREGORIUS, H.R., ROBERDS, J.H. (1986) Measurement of genetical differentiation between among subpopulations. *Theor .Appl. Genet.* 71: 826-834
- HEGI, G. (1957). Flora von Mitteleuropa. Bd. III/1. Teil. 2. Aufl. München, Hanser.
- KAMRUZZAHAN, S. (2003): Is *Alnus viridis* 'a' Glacial Relict in the Black Forest? Dissertation an der Fakultät für Biologie der Albert-Ludwigs-Universität Freiburg im Breisgau.
- KONNERT, M. (1995): Isoenzymuntersuchungen bei Fichte (*Picea abies* (L.) Karst.) und Weißtanne (*Abies alba* Mill.). Anleitung zur Trennmethodik und Auswertung der Zymogramme. Aus der Bund-Länder-Arbeitsgruppe "Erhaltung forstlicher Genressourcen". ISBN 3-00-000042-9.
- PEAKALL, R., SMOUSE, PE. (2006) GenAIEx 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6, 288–295.

- PRITCHARD, JK., STEPHENS, M., DONNELLY, P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945–959.
- RUBLI, D. (1976) Waldbauliche Untersuchungen in Grünerlenbeständen. *Beih. Z. Schweiz. Forstverein* 56.
- SCHÜTT, P. (1996): Straucharten Mitteleuropas – *Alnus viridis*. In: Schütt, Weisgerber, Schuck, Lang, Roloff (Hsg.) *Enzyklopädie der Holzgewächse* Ecomed Verlagsgesellschaft, Landsberg; 4. Ergänzungslieferung 4/96.
- SILVERMAN, B. W. (1986). *Density Estimation for Statistics and Data Analysis*. London:Chapman and Hall.
- WILMANN, O. (1977). Verbreitung, Soziologie und Geschichte der Grün-Erle (*Alnus viridis* Chaix) DC. im Schwarzwald. *Mitt. Florist.-soziol. Arb.Gem.* 19/20: 323-341.

## **9 Anhang**

Kartieranleitung mit Erfassungsbogen, Zählhilfe und Vitalitätsstufen

Anleitung zur Beprobung der Grün-Erle

BoxPlot-Grafiken (Baumzahlen, Flächengröße, Dichte und Vitalität)

# Kartieranleitung

zur

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

Stand: 11.02.2010

Herausgeber: Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde

## Kartierung forstgenetischer Ressourcen

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

- **Definition „Genobjekt“**

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

- **Abgrenzung eines Genobjektes**

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

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

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

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

- **Erfassung der Parameter**

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

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

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

- **Aufnahmetrupp**

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

- **Datum**

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

• **Bundesland**

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

Tabelle: Kennziffern der Bundesländer

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

• **Laufende Nummer des Genobjektes**

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

• **Artbezeichnung/ Artdetermination**

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

• **Etabliertes Generhaltungsobjekt**

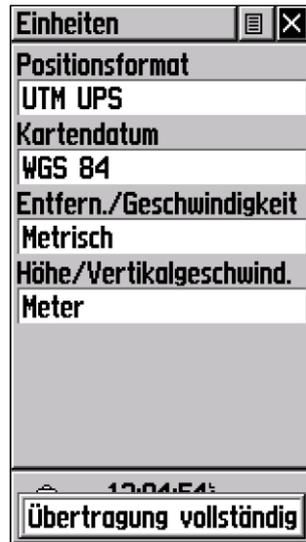
Im Rahmen der Kartierung soll dokumentiert werden, ob das entsprechende Vorkommen bereits aus einer Generhaltungsmaßnahme hervorgegangen ist. Damit ermöglicht die Kartierung gleichzeitig eine Kontrolle vorangegangener Maßnahmen. Zur Auswahl stehen die Optionen „in-situ“, „ex-situ“ oder kein altes Genobjekt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

• **Koordinaten**

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

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

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



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

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

- **Forstbehörde**

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

- **Reviername/ Reviernummer**

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

- **Landkreis/ Gemeinde**

Falls bekannt, sollte hier eine entsprechende Eintragung erfolgen. Ansonsten werden die Eintragungen mittels Verschneidung der erhobenen Koordinaten des Genobjektes und der entsprechenden Geometrie des Parameters rechnerisch ermittelt. Bei Bedarf kann eine Schlüsseliste 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 Bestandesaufbau beteiligten Baumarten genannt werden.

- **Mischbaumarten**

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

- **Vitalität**

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

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

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

- **Anteil der kreuzbaren Arten**

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

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

- **Beschreibung**

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

- ***Weitere Parameter***

- **Bearbeitungsstand**

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

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

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

- **EDV**

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

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

- **Schutzstatus**

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

- **Kartenausschnitt**

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

<b>Kartierung genetischer Ressourcen in Deutschland</b> <b>Erfassungsbogen</b> <small>Stand: 11. Februar 2010                  Bearbeiter: F. Becker, LFE</small>		<b>Aufnahmetrupp:</b> _____ _____ <b>Datum:</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table>							<b>Bundesland</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td></tr></table> <b>Lfd. Nr.</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> <small>Bitte rechtsbündig eintragen</small>																			
<b>Gehölzart</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> <small>Entsprechend Schlüsseliste</small> <b>Artbestimmung vor Ort?</b> <input type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein				<b>Etabliertes Generhaltungsobjekt?</b> <input type="checkbox"/> <small>Schlüssel</small> <b>1</b> in-situ <b>2</b> ex-situ <b>3</b> nein																								
<b>Koordinaten</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> Gitter (UTM) Streifen (Gauß/Krüger, nur bei Altdaten!) <b>Koordinatenherkunft</b> <input type="checkbox"/> GPS <input type="checkbox"/> aus Karte entnommen <input type="checkbox"/> aus Unterlagen übernommen <b>Bemerkung</b> _____				<b>Ost- (UTM) bzw. Rechtswert (GK)</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> /									<b>Nord- (UTM) bzw. Hochwert (GK)</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table>															
<b>Lage</b> <b>Forstbehörde</b> _____ <b>Reviernamen</b> _____ <b>Landkreis</b> _____ <b>Gemeinde</b> _____ <b>Bundeswuchsgebiet</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td></tr></table>			<b>Schlüssel-Nr.</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> <b>Reviernummer</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> <b>Schlüssel-Nr.</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> <small>Ermittlung durch Koordinaten</small> <b>Schlüssel-Nr.</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> <small>Ermittlung durch Koordinaten</small> <b>Bundeswuchsbezirk</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> <small>Ermittlung durch Koordinaten</small>																									<b>Eigentumsart</b> <input type="checkbox"/> Staat - Bund <input type="checkbox"/> Staat - Land <input type="checkbox"/> Körperschaften <input type="checkbox"/> Privat (>200 ha) <input type="checkbox"/> Privat (<=200 ha) <input type="checkbox"/> Treuhand
<b>Fläche</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> ha <input type="checkbox"/> gemessen <input type="checkbox"/> aus Karte entnommen <input type="checkbox"/> aus Unterlagen übernommen <input type="checkbox"/> geschätzt					<b>Anzahl der Individuen</b> <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> <input type="checkbox"/> gezählt <input type="checkbox"/> Winkelzählprobe <input type="checkbox"/> aus Unterlagen übernommen <input type="checkbox"/> über Fläche hergeleitet <input type="checkbox"/> geschätzt							<b>Isoenzym-/ DNA-Untersuchungen vorhanden?</b> <input type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein <input type="checkbox"/> unbekannt <b>Zur Untersuchung vorgeschlagen?</b> <input type="checkbox"/>																
<b>Bestandesbeschreibung</b> <b>Durchmesserstruktur</b> BHD < 7 cm <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> % 7 - 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> % > 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> % Anteile in %													<b>Begründungsart</b> Schlüssel <b>1</b> Naturverjüngung <b>2</b> Kunstverjüngung <b>3</b> unbekannt	<b>Verjüngung</b> Anteils% <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> davon < 1,5 m <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> <b>Altbäume &gt; 50 cm BHD?</b> vorhanden: <input type="checkbox"/>														
<b>Vitalität</b> Anteile der Vitalitätsstufen in % (nach Tafel 1) BHD < 7 cm <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> % 7 - 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> % > 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> % 0 1 2 3 4 (abgestorben) Achtung: jede Zeile muss in der Summe 100% ergeben!																<b>Anteil der Zielbaumart</b> an vorhandenen Mischbaumarten (MBA) <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td></tr></table> < 30 % <input type="checkbox"/> Winkelzählprobe <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td></tr></table> 30 - 79 % <input type="checkbox"/> geschätzt <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td></tr></table> 80 - 100 % <b>MBA:</b> _____ _____ _____												
<b>Beschreibung des Genobjektes:</b> (Besonderheiten, Schadenssachen, Gefährdungen usw.) _____ _____ _____	<b>Anteil kreuzbarer Arten</b> <input type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein <input type="checkbox"/> nicht erkennbar falls ja: Entfernung (m) <table border="1" style="display: inline-table; vertical-align: middle;"><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table> <small>(0 = im selben Bestand)</small>																											
<b>Bearbeitungsstand</b> <input type="checkbox"/> Vorklärungsbearbeitung <input type="checkbox"/> bei der Felddaufnahme <input type="checkbox"/> zur Felddaufnahme vorgesehen <input type="checkbox"/> Felddaufnahme abgeschlossen	<input type="checkbox"/> geprüftes Genobjekt <input type="checkbox"/> geprüft, <b>KEIN</b> Genobjekt	<b>EDV ?</b> <input type="checkbox"/>																										

## Anlage 2

Erfassung forstgenetischer Ressourcen

Bearbeiter: F. Becker, LFE

Winteransprache



gilt nicht für junge Exemplare!



## Vitalitätstufen

### 0 vital

Netzartige,  
gleichmäßige, dichte  
Verzweigung.

Sommeransprache



gilt nicht für junge Exemplare!



### 1 geschwächt

Spieß- oder  
flaschenbürstenartige  
oder längliche  
Kronenstrukturen

### 2 merklich geschädigt

Pinselartige  
Kronenstrukturen, in  
der Regel  
Kronenabwölbung

### 3 stark geschädigt, absterbend

Absterben von  
Hauptästen,  
skelettartiger Habitus

### 4 abgestorben

entnommen aus: Roloff, A. 2001: Baumkronen.

Stand: 11.02.2010

Anlage3\_ZaehhilfeVital\_2010\_02\_11.xls

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

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

## Genetische Untersuchungen an Grün-Erle, Grau-Erle und der Gewöhnlichen Traubenkirsche

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

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

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

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

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

### Beprobungsmuster:

#### *Grün-Erle/Grau-Erle:*

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

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

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

### *Traubenkirsche:*

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

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

### **Verpackung der Proben:**

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

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

### **Versand**

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

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

Trauben-Kirsche: Proben versenden an:

Dr. Aki Höltken  
Sieker Landstraße 2  
22927 Großhansdorf

BoxPlot Grafiken:

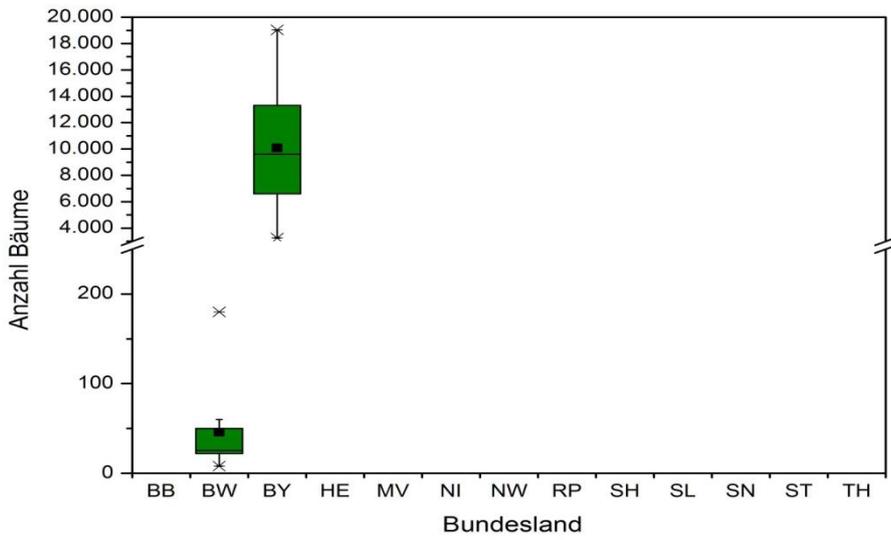


Abbildung 57: Anzahl der kartierten Baumzahlen der Grün-Erle nach Bundesland

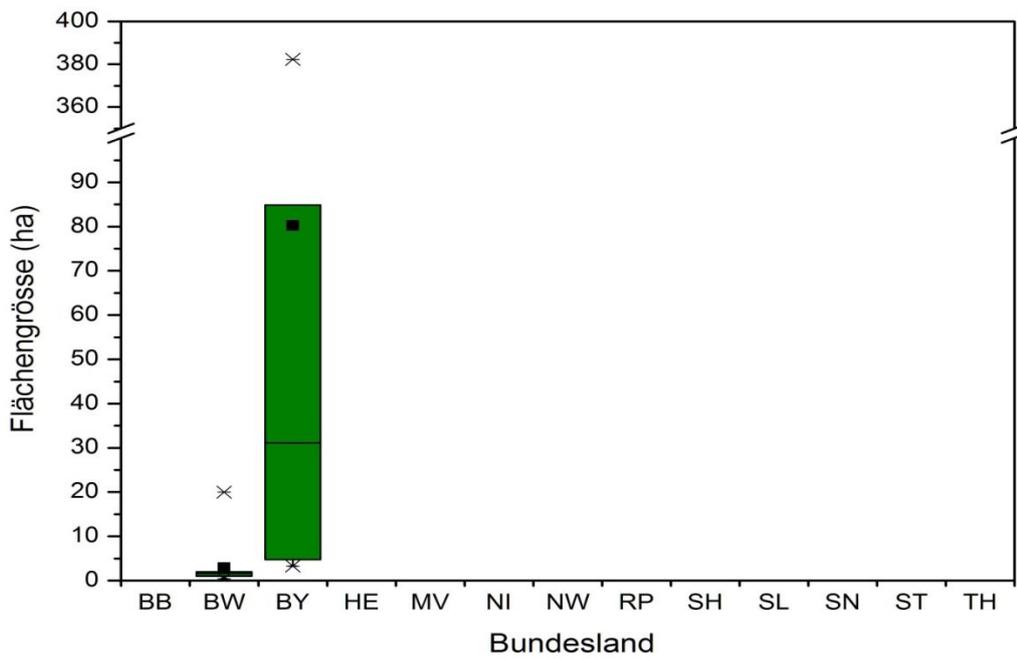


Abbildung 58: Flächengröße der kartierten Grün-Erlen-Vorkommen der Grün-Erle nach Bundesländern.

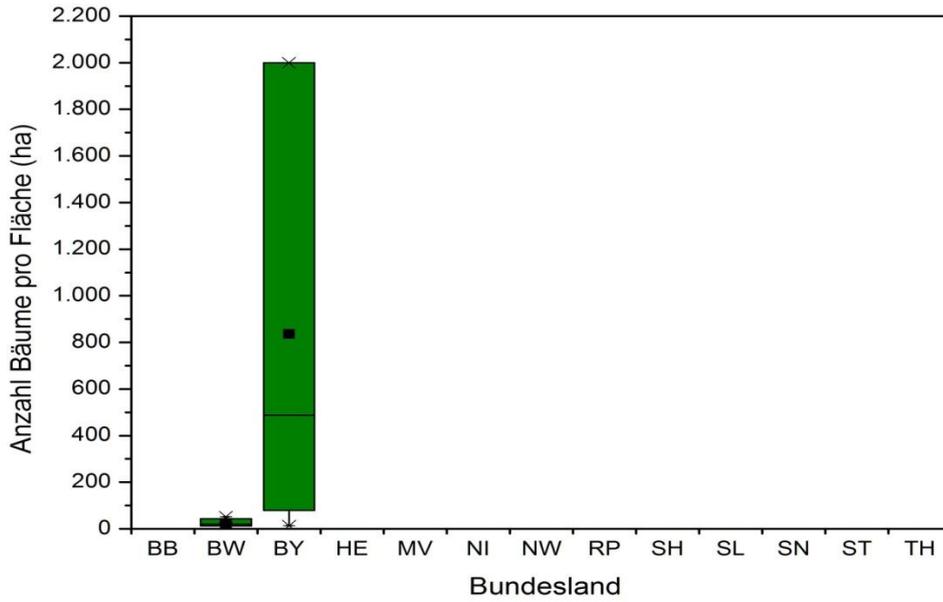


Abbildung 59: Baumzahlen pro Flächengröße der kartierten Grün-Erlen-Vorkommen nach Bundesländern.

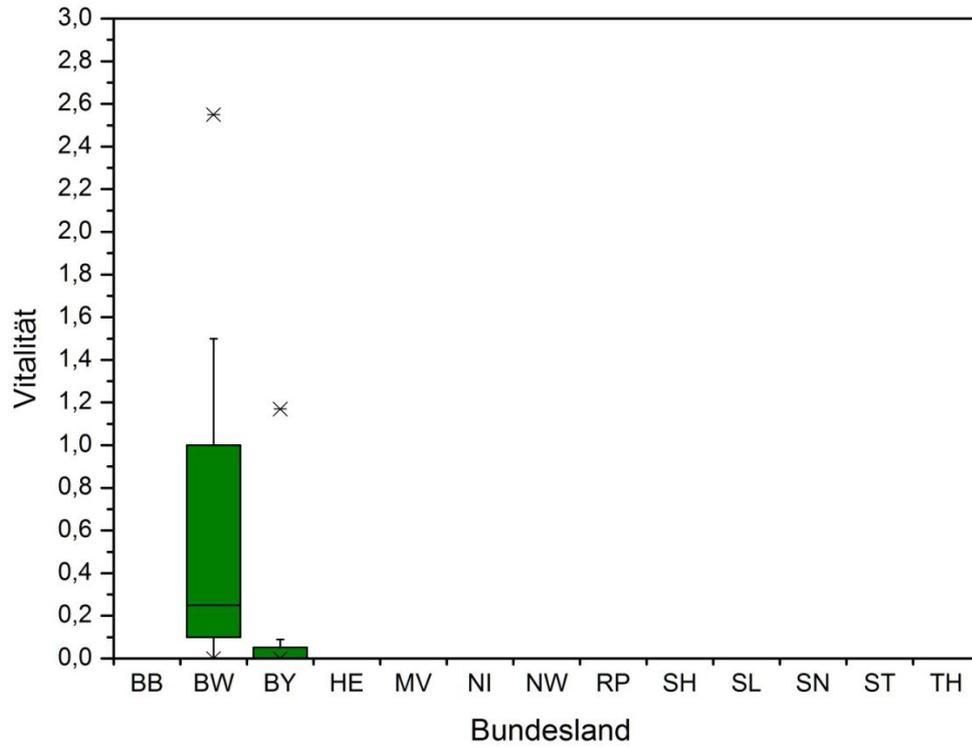


Abbildung 60: Verteilung der mittleren Vorkommens-Vitalität der Grün-Erle in den Bundesländern.