

# Genetische Ressourcen der Flatterulme erhalten und nutzen

Der „Baum des Jahres 2019“, die Flatterulme (*Ulmus laevis*), kommt mit einem natürlichen Verbreitungsschwerpunkt im Osten Deutschlands vor allem entlang der Flussauen noch immer zahlreich vor. Vor mehr als zehn Jahren wurden bei einer deutschlandweiten Kartierung 137.691 Flatterulmen in 825 Vorkommen mit mindestens fünf Einzelbäumen nach einheitlichen Kriterien erfasst und bewertet. Der überwiegende Teil dieser Populationen wird heute als genetische Ressourcen dieser Baumart erhalten.

TEXT: RALF KÄTZEL, MIRKO LIESEBACH, MICHAELA HAVERKAMP, UTE TRÖBER, HEINO WOLF



Abb. 1: Flatterulme

## Schneller ÜBERBLICK

- » **Die Flatterulme** ist eine charakteristische Baumart der Auenwälder entlang größerer Flüsse mit einem Verbreitungsschwerpunkt im Osten Deutschlands
- » **Sie ist nicht** vom Ulmensterben betroffen, aber durch Veränderungen ihres Lebensraums gefährdet
- » **Bundesweit** sind ca. 600 Vorkommen mit einer Gesamtfläche von etwa 1.820 ha als In-situ-Generhaltungsbestände ausgewiesen
- » **Genetische Untersuchungen** weisen auf Unterschiede zwischen den Vorkommen bei geringer Variation innerhalb der Vorkommen hin

**D**ie Flatterulme (*Ulmus laevis* PALL.) ist eine der 45 weltweit vorkommenden Arten der Gattung *Ulmus* und die in Mitteleuropa am stärksten östlich verbreitete Ulmenart mit deutlich kontinentaler Ausrichtung. Der Verbreitungsschwerpunkt erstreckt sich von Ostdeutschland über Polen und die baltischen Staaten bis in die Region zwischen Moskau und Kasan [6, 9, 15].

### Vorkommen, Verbreitung

Entlang größerer Flüsse tritt die Flatterulme als eine charakteristische Baumart der Auenwälder auf, in denen sie sowohl die Hartholzaue als auch die

Grenzbereiche zur Weichholzaue besiedelt. Die Keimung der Samen erfolgt vorzugsweise auf unbedeckten Böden, insbesondere nach Überflutungsereignissen oder Wasserstandsschwankungen in Feuchtgebieten. Zum anderen ist die Flatterulme eine konkurrenzschwache Baumart, die aber stauende Nässe durch bewegtes Wasser bis zu drei Monaten ertragen und dadurch diese Nische behaupten kann [6, 10]. Aufgrund ihrer Überflutungstoleranz findet man sie oft auf Gley-Standorten oder anmoorigen Böden. Die Ausbildung von Brettwurzeln kann als eine Anpassung an diese Standorte angesehen werden. Vielfach kommt sie auch in Talgründen

in Erlen-Eschenwäldern oder als Nebenbaumart in Eichen-Hainbuchenwäldern oder Erlenbruchwäldern vor (Übersichten zur Dendrologie, Ökologie und Verbreitung siehe z. B. [4]).

### Genetische Ressourcen

In den Jahren 2005 bis 2007 wurden nach einem bundesweit einheitlichen Verfahren alle potenziellen Generhaltungsobjekte der drei heimischen Ulmenarten (Flutter-, Berg- und Feldulme) im Auftrag des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) in allen Bundesländern erfasst, charakterisiert

und bewertet. Bei der Kartierung wurden nur Vorkommen mit mindestens fünf Bäumen im Umkreis von 1.000 m berücksichtigt. Einzelbäume wurden nicht kartiert [8].

So konnten in Deutschland 825 Vorkommen der Flatterulme mit insgesamt etwa 138.000 Bäumen erfasst werden. Der größte Teil der Vorkommen und auch die mit Abstand größte Zahl an Bäumen konzentriert sich östlich der Flüsse Elbe und Saale in den Bundesländern Brandenburg (183 Vorkommen), Mecklenburg-Vorpommern (164 Vorkommen), Sachsen (96 Vorkommen) und Sachsen-Anhalt (86 Vorkommen) (Abb. 2). Eine ähnliche Tendenz ist bei der Baumzahl zu erkennen. Hier lag Brandenburg mit 58.158 erfassten Flatterulmen weit vorn. Mecklenburg-Vorpommern folgte mit 24.576 und Sachsen-Anhalt mit 16.353 Bäumen. Alle anderen Bundesländer haben deutlich geringere Individuenzahlen von unter 10.000 Bäumen.

Betrachtet man die Vorkommensschwerpunkte nach Wuchsgebieten, so ist die Flatterulme im Wuchsgebiet 24 (Mittelbrandenburger Talsand- und Moränenland) mit 26.998 Bäumen besonders zahlreich. Aber auch in den anderen glazial stark überformten Bereichen Nordostdeutschlands wurden große Vorkommen von *U. laevis* gefunden, wie beispielsweise in den Wuchsgebieten 2 (Jungmoränenlandschaft Schleswig-Holstein), 5 (Ostholsteinisches-Westmecklenburger Jungmoränenland), 9 (Nordostbrandenburger Jungmoränenland), 10 (Ostmecklenburger-Nordbrandenburger Jungmoränenland) und 22 (Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland). Bedingt durch das Relief finden sich in diesen Wuchsgebieten viele Bereiche mit Binnenentwässerung und daraus resultierender Staunässe, die das Vorkommen der Flatterulme begünstigen.

Im Westen und Süden von Deutschland waren die Vorkommen eher vereinzelt zu finden und vielfach auch deutlich kleiner. Häufig konzentrieren sie sich hier entlang oder in der Nähe der größeren Flusstäler. Eine Anhäufung kleinerer Vorkommen gibt es im Wuchsgebiet 65 (Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene). In vielen Wuchsgebieten im Bereich der Mittelgebirge sowie am Alpenrand wurden

## Übersicht zu regional bedeutsamen Flatterulmen-Genzentren

Tab. 1: Regionale Genzentren mit hoher Anzahl an Flatterulmen

Nr. in Karte (Abb. 3)	Bezeichnung des Genzentrums	Nr. in Karte (Abb. 3)	Teilbereich
1	Nordostdeutsches Genzentrum	1a	West-Mecklenburg
		1b	Mittlere Elbe
2	Ostdeutsches Genzentrum	2a	Barnim-Märkisch Oderland
		2b	Märkische Schweiz
3	Mittleres ostdeutsches Genzentrum	3a	Elbe-Saale
		3b	Leipziger Tieflandsbucht
4	Genzentrum Region Göttingen		

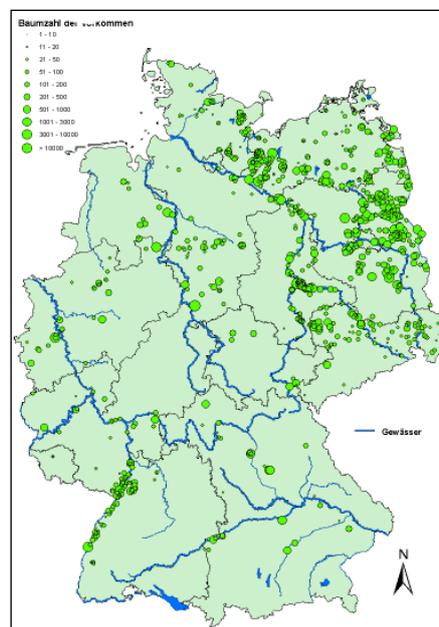


Abb. 2: Kartierte Vorkommen der Flatterulme nach Populationsgrößenklassen

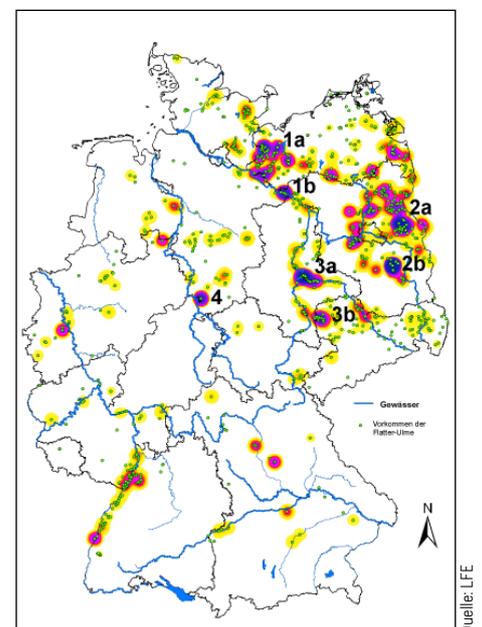


Abb. 3: Genzentren der Flatterulme [Darstellung der Kernelichte mit Berücksichtigung der Baumzahl]

keine bis sehr wenige Vorkommen der Flatterulme gefunden. Insgesamt fehlt die Baumart in 31 vielfach zusammenhängenden Wuchsgebieten, sodass folglich die Art nicht flächendeckend in Deutschland vorkommt. Insgesamt bestätigt sich, dass Deutschland an der westlichen Grenze des Hauptverbreitungsgebietes der Flatterulme liegt.

Im Unterschied zu rein vegetationskundlichen Kartierungen müssen populationsbiologische Bewertungen neben der Populationsgröße v. a. auch die demografische Struktur und die Vitalität/Überlebensfähigkeit der reproduktiven (effektiven) Population betrachten.

Bundesweit umfassten die Populationen durchschnittlich 167 Bäume

je Vorkommen mit einer erheblichen Streuung, insbesondere bei den westlichen Vorkommen. So war z. B. die durchschnittliche Populationsgröße in Brandenburg mit 314 Bäumen je Vorkommen am größten. Die demografischen Strukturen der Populationen wurden über die Verteilung der Stammdurchmesser abgeschätzt. Gemittelt über alle Vorkommen der Flatterulme nahmen Altbäume mit einem Brusthöhendurchmesser (BHD) > 20 cm den größten Anteil mit 38 % der Gesamtpopulation ein. 34 % der Bäume befanden sich in der mittleren Stärkeklasse mit einem BHD von 7 bis 20 cm und 28 % waren jüngere Bäume. Allerdings wiesen 40 % der Vorkommen damals keine Naturverjüngung

auf, sodass das Verjüngungspotenzial als deutlich eingeschränkt eingeschätzt wurde.

Die überwiegende Anzahl der Bäume (59 %) war sehr vital und wurde den Vitalitätsstufen 0 und 1 zugeordnet. Andererseits waren somit durchschnittlich mehr als 40 % der Ulmen merklich geschädigt bzw. absterbend. Hiervon war insbesondere die mittlere Durchmesserstufe betroffen.

Zur Identifikation von Zentren des Genpools aller kartierten Populationen wurde die Kerneldichte mittels eines geografischen Informationssystems dargestellt. Bei dem Verfahren wird eine gekrümmte Oberfläche über jeden Punkt des Punktschapes eines Vorkommens gelegt. Der Oberflächenwert ist an der Punktposition am größten und nimmt innerhalb des Suchradius mit zunehmendem Abstand zum Punkt bis hin zum Wert Null ab. Als Radius wurden 15 km gewählt. So werden einerseits die Zentren von genetischen Ressourcen der Flatterulme und andererseits isolierte Vorkommen erkennbar. Dabei kann die Darstellung einmal unter Berücksichtigung der Baumzahl und einmal mit einer Gleichgewichtung aller Vorkommen ohne Berücksichtigung der Baumzahl erfolgen.

Bei der Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl werden große Populationen in enger Nachbarschaft hervorgehoben. Folglich werden räumlich dichte Populationen mit geringer Individuenzahl nicht als Genzentren ausgewiesen (Abb. 3). Aus der räumlichen Verteilung der Hauptvorkommen sind mindestens vier individuenreiche, abgrenzbare Genzentren erkennbar, die einen großen Genpool erwarten lassen. Danach lassen sich jeweils ein nordostdeutsches, ein ostdeutsches und ein mittleres Ostdeutsches Genzentrum voneinander abgrenzen, die jedoch nicht genetisch isoliert sein müssen. Die Flüsse Elbe und Saale bilden die westliche Grenze dieses Hauptverbreitungsgebietes. Im zentralen Deutschland, im Raum Göttingen, befindet sich ein weiteres individuenreiches Vorkommen (Tab. 1). Eine höhere Populationsdichte ist ebenfalls im Südwesten Deutschlands entlang des Oberrheins zu erkennen, das jedoch nicht die Baumzahl der nordöstlichen Vorkommen erreicht. In den

## „Generhaltungsbestände bieten die Möglichkeit, geeignete Ausgangsbestände für Vermehrungsgut zu empfehlen.“

RALF KÄTZEL

übrigen Regionen Deutschlands sind lediglich versprengte kleinere Populationen zu finden.

### Gefährdung

Die forstliche Generhaltung ist auf die Einschätzung der Erhaltungswürdigkeit und Erhaltensnotwendigkeit auf der Grundlage des jeweiligen Gefährdungsgrades einer Population ausgerichtet [12]. Diese Kategorien geben den Rahmen für die Festlegung von Generhaltungsmaßnahmen (in situ, ex situ) vor.

Im Gegensatz zu Berg- und Feldulme ist die Flatterulme kaum von der Pandemie des Ulmensterbens betroffen [6, 10, 14]. Die Gefährdung der Flatterulme besteht daher vordringlich durch die Vernichtung ihres Lebensraumes z. B. durch Entwässerung der Flussauen oder Entwässerung von Feuchtgebieten



Abb. 4: Lage der DKV-Sonderherkünfte der Flatterulme

[2, 3]. Da sich die Baumart ihren Lebensraum u. a. mit dem Elbebiber teilt, ist in den letzten Jahren eine Zunahme von Stammschäden und Baumverlusten durch Biber zu beobachten.

Ein Indikator, der die potenzielle Überlebensfähigkeit einer Population ohne zusätzliche Erhaltungsmaßnahmen darstellt, ist die „In-situ-Erhaltungsfähigkeit“, die auf der Grundlage der Ergebnisse zur Vitalität, Populationsgröße und demografischen Struktur der Kartierungsdaten in fünf Stufen abgeschätzt wurde. Dauerhaft selbstständig überlebensfähig sind Vorkommen mit hoher Baumzahl, einer ausgeglichenen demografischen Struktur und hoher Vitalität [7]. Nach der Festlegung von Grenzwerten für diese drei Parameter wurde nur für 5 % der Populationen eine gute bis sehr gute In-situ-Erhaltungsfähigkeit prognostiziert. 16 % der Bestände wurden als geschwächt und mit 68 % der größte Teil als bedroht eingestuft. Weitere 11 % der Bestände wurden der Kategorie „absterbend“ zugeordnet. Die Ursachen hierfür lagen v. a. bei der ausbleibenden natürlichen Verjüngung der Altbäume.

Obwohl die Flatterulme nach Müller-Kroehling [10] eine Leitart für naturnahe Bruch- und Auenwälder ist, wurden an vielen größeren Flussläufen keine Flatterulmen gefunden. Dies ist zum einen ein Kriterium für den starken Rückgang von Hartholzauen. Die Hauptgefährdungsursachen der Flatterulme bestehen im Ausbau, in der Kanalisierung und Begradigung von Flüssen sowie in der Bebauung oder landwirtschaftlichen Nutzung der Auen. Zum anderen liegt Deutschland an der westlichen Grenze des Verbreitungsgebietes der Flatterulme.

### Stand der Erhaltung in situ

Auf der Grundlage der kartierten Vorkommen entscheiden die Bundesländer über die Ausweisung sog. Generhaltungseinheiten und legen ggf. Maßnahmen zu deren Erhaltung fest. Das bundesweite Konzept zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen [12] präferiert die Erhaltung in situ. Danach sind vorrangig vitale, individuenreiche und mit einem hinreichenden Verjüngungsanteil ausgestattete Populationen als Generhaltungsbestände geeignet, die sich ohne größere (ex situ) Aufwen-

Quelle: Thünen-Institut



dungen langfristig erhalten können. Auf der Grundlage der Kartierungsergebnisse stieg die Zahl der In-situ-Erhaltungsbestände der Flatterulme bundesweit von 219 Beständen (2001 bis 2004) auf 604 Bestände (2014 bis 2018), die derzeit eine Gesamtfläche von 1.820 ha einnehmen. Da die Erhaltung forstgenetischer Ressourcen schwerpunktmäßig auf Populationen von mindestens fünf Bäumen ausgerichtet ist, spielt die In-situ-Erhaltung von Kleinvorkommen eine untergeordnete Rolle. Dennoch sind deutschlandweit 1.407 einzelne Flatterulmen als genetische Ressourcen ausgewiesen. Darüber hinaus gibt es auch weitere individuenreiche Vorkommen mit Schwerpunkt in der Niederrheinischen Bucht und dem Münsterland, die als Erhaltungsbestände ausgewiesen werden könnten.

### Stand der Erhaltung ex situ

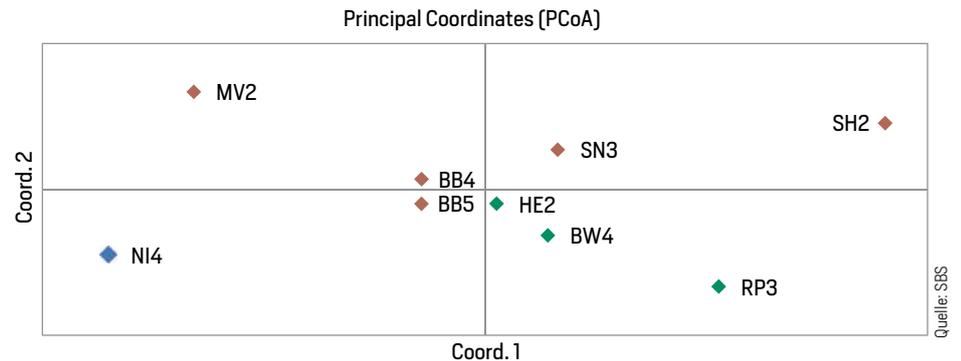
Aufgrund der zahlreichen Vorkommen an natürlichen Waldstandorten, erfolgt die Ex-situ-Erhaltung nur in 36 künstlich angelegten Beständen mit einer Gesamtfläche von 14,5 ha. Hinzu kommen zwei kleine (0,3 ha) Klonarchive in Baden-Württemberg und Nordrhein-Westfalen, die 70 Klone der Baumart erhalten. Gleichzeitig wird in Niedersachsen eine kleine Saatgutmenge von 660 g in 38 Posten als Reserve gelagert.

### Nutzung von Vermehrungsgut

Die Flatterulme unterliegt nicht dem Forstvermehrungsgutgesetz. Für sie sind daher in Deutschland keine Herkunftsgebiete ausgewiesen. Von der DKV - Gütegemeinschaft für forstliches Vermehrungsgut e. V. sind für die Flatterulme 4,3 ha als Sonderherkünfte (SHK) anerkannt und mit einem Gütezeichen versehen ([www.dkv-net.de](http://www.dkv-net.de), Aufruf: 31.3.2019, Abb. 4). Weiterhin gibt es vier Samenplantagen (SPI) in Niedersachsen (1), Nordrhein-Westfalen (1) und Rheinland-Pfalz (2 Erhaltungs-SPI) mit einer Gesamtfläche von 6,8 ha.

In den vergangenen 15 Jahren wurden 211,8 kg Rohsaatgut und 41 kg Samen der Sonderherkünfte bei fünf bzw. zwei Beerntungen geerntet. Die Ernten erfolgten in den norddeutschen Sonderherkünften Ostholstein,

## Populationsgenetische Analysen



**Abb. 5:** Hauptkomponentenanalyse der allelischen Abstände der Flatter-Ulme nach Nei [11, 13]. Die beiden dargestellten Achsen erklären etwa 86 % der Variation.

Schuenhagen und Elbtalaue.

Einige Bundesländer haben die Flatterulme in ihre Herkunftsempfehlungen aufgenommen. So werden in den Bundesländern Baden-Württemberg, Hessen, Niedersachsen, Rheinland-Pfalz, Schleswig-Holstein, Sachsen und Thüringen örtlich bewährte Vorkommen empfohlen. Weiterhin wird Vermehrungsgut in Sachsen aus drei Beständen, in Niedersachsen aus der Samenplantage Neuhaus (Tiefeland) sowie aus der Sonderherkunft Elbtalaue bzw. Ostholstein, in Rheinland-Pfalz aus zwei Erhaltungssamengärten und in Schleswig-Holstein aus der SHK Elbtalaue empfohlen. In Nordrhein-Westfalen wird ausschließlich Vermehrungsgut der SHK Soester Börde und von der SPI Alverskirchen empfohlen. Die Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ empfiehlt für die Verwendung im Wald, sich hinsichtlich der Herkunftsgebiete an der Veröffentlichung für die „Verwendung einheimischer Gehölze regionaler Herkunft für die freie Landschaft“ (2003) zu orientieren.

### Flatterulme in Schutzgebieten

Ein großer Teil der kartierten Flatterulmen wächst in Schutzgebieten mit unterschiedlichem Schutzstatus. Lediglich 10 % der Vorkommen wurden in Bereichen erfasst, die keiner Schutzkategorie unterliegen. Bemerkenswert ist der hohe Anteil der Vorkommen, die sich in Natura-2000-Gebieten befinden. FFH-Gebiete haben in Deutschland einen Flächenanteil von 9,3 % der Landesfläche und SPA-Gebiete (Special Protected Areas) von 8,5 %. Es wurden

42 % der Vorkommen der Flatterulme in FFH-Gebieten und 30 % der Vorkommen in SPA-Gebieten erfasst. Die hohe Präsenz in Schutzgebieten ist auf den natürlichen Lebensraum der Baumart in Flussauen und am Rand von Feuchtgebieten zurückzuführen, die in einem überdurchschnittlichen Ausmaß unter Schutz gestellt sind.

### Populationsgenetische Analysen

Im Rahmen des Kartierungsprojektes wurden Stichproben aus neun größeren Vorkommen in acht Bundesländern, die insgesamt 440 Individuen umfassten, mit sechs Isoenzymmarkern für neun Genorte genetisch charakterisiert. Davon repräsentieren die Vorkommen MV2 und SH2 das nordostdeutsche Genzentrum, BB4 und BB5 das ostdeutsche Genzentrum und SN3 das mittlere ostdeutsche Genzentrum, die alle in dem oben beschriebenen Hauptverbreitungsgebiet östlich der Elbe bzw. Saale liegen. Das Vorkommen NI4 liegt nördlich des Genzentrums Region Göttingen, ist aber genau wie dieses dem Flusssystem der Weser zuzuordnen. Das Flusssystem des Rheins ist durch die Vorkommen HE2, BW4 und RP3 vertreten.

Die Anzahl verschiedener Genotypen lässt darauf schließen, dass die Vorkommen überwiegend aus generativer Reproduktion entstanden sind. Es gibt aber in jedem Vorkommen auch Genotypen, die mehrfach auftreten, was auf einen Anteil vegetativer Ausbreitung hindeutet. Besonders ausgeprägt war dieser Anteil bei den Vorkommen SH2 und RP3, was sich in stark unterdurchschnittlichen Werten der genetischen Vielfalt widerspiegelt. Alle anderen

Populationen wiesen eine durchschnittliche Allelzahl je Genort (A/L) zwischen 2,1 und 2,3 auf. Etwas überdurchschnittliche Werte an den Parametern der genetischen Vielfalt wurden für das Brandenburger Vorkommen BB5 ermittelt.

Die Hauptkomponentenanalyse der genetischen Abstände zwischen den Populationen (Abb. 5) zeigt, dass die Vorkommen mit vergleichbaren Anzahlen unterschiedlicher Genotypen i. d. R. große Ähnlichkeit in den genetischen Strukturen aufweisen. Eine Ausnahme bildet hier NI4, das nach BB5 den zweithöchsten Wert der potenziellen genotypischen Vielfalt aufweist, aber durch einen größeren genetischen Abstand von den anderen Populationen auffällt. Dagegen sind zwischen den

Vorkommen aus dem östlichen Hauptverbreitungsgebiet und denen aus dem Einzugsgebiet des Rheins keine größeren Unterschiede zu verzeichnen. Die größeren Abstände der Vorkommen RP3 und SH2 sind wahrscheinlich auf die geringe Zahl unterschiedlicher Genotypen zurückzuführen, während sich MV2 durch eine geringere Größe der untersuchten Stichprobe differenziert.

### Fazit

Die Vorkommen genetischer „Hotspots“ der Baumart bestätigen das von Häupler und Schönfelder [5] und Benkert et al. [1] anhand floristischer Rasterkartierungen gezeigte Verbreitungsbild mit Vorkommensschwerpunkt entlang der Flussläufe. Die größten Vorkommen befinden sich in den durch die letzten beiden Eiszeiten stark überformten Gebieten Ostdeutschlands. Hier finden sich viele Bereiche mit Binnenentwässerung und daraus resultierender Staunässe, die das Vorkommen der Flatterulme begünstigen.

Im Gegensatz zu vegetationskundlichen Erhebungen sind die Kartierungen zur Erhaltung des Genpools nicht auf die strikte Erfassung jedes Vorkommens ausgerichtet. Nicht jedes Vorkommen einer Art erfüllt die Anforderungen an die Kategorie einer genetischen Ressource. Das Übereinkommen über die biologische Vielfalt definiert genetische Ressourcen als „genetisches Material von tatsächlichem oder potentiellstem Wert“. Dieser „Wert“ muss somit quantifizierbar sein, um evtl. kostenintensive Erhaltungsmaßnahmen zu rechtfertigen. Die Erhaltung genetischer Ressourcen ist v. a. an den Erfolgsaussichten sowie dem Erhaltungsaufwand und Nutzen zu messen.

Bei den untersuchten Vorkommen der Flatterulme handelt es sich überwiegend um generativ entstandene Populationen. Für die Gewinnung von Vermehrungsgut sollte aber beachtet werden, dass im Einzelfall auch die vegetative Ausbreitung eine Rolle gespielt haben kann. Im Vergleich zur Feld-Ulme (*Ulmus minor*) weisen die Vorkommen von Flatterulme relativ geringe Unterschiede in der genetischen Vielfalt und Diversität auf. Die Betrachtung der genetischen Abstände deutet aber auf Unterschiede zwischen den Vorkommen hin. Die Ursachen

dafür könnten die in bestimmten Vorkommen auftretenden seltenen Allele und die starken Häufigkeitsschwankungen einiger Allele sein. Die vergleichsweise wenig variablen Isoenzymmarker können hier nur erste Hinweise liefern. Allerdings bietet das hohe Reproduktionspotenzial der Flatterulme (Fruktifikationshäufigkeit und -menge, Stockausschlagsvermögen) bei geeigneten Habitatbedingungen gute Voraussetzungen für ihre Erhaltung. Da die Gewinnung von Vermehrungsgut dieser Baumart nicht den Vorschriften des Forstvermehrungsgutgesetzes unterliegt, ist bei der Verjüngung unbedingt auf die Verwendung von Saatgut gebietsheimischer Herkunft hinzuweisen. Die kartierten Vorkommen bilden die Voraussetzung, geeignete Ausgangsbestände zur Gewinnung von Vermehrungsgut zu empfehlen. Mit gezielten kleinräumigen, effizienten Maßnahmen könnte so die Erhaltung dieser vor allem ökologisch interessanten Baumart in Deutschland erfolgreich gesichert werden.

### Literaturhinweise:

[1] BENKERT, D. et al. (1996): *Verbreitungsatlas der Farn- und Blütenpflanzen Ostdeutschlands*. Jena (Fischer). [2] COLLIN, E. et al. (2004): *Methods and progress in the conservation of elm genetic resources in Europe*. *Invest Agrar Sist recur For*, 13 (1): 261–272. [3] COLLIN E. (2006): *European Elms (Ulmus spp.) genetic resources and conservation strategy*. [http://www.biodiversityinternational.org/Networks/Euforgen/Networks/Scattered\\_Broadleaves/NHStrategies/UlmusSppConsStrategy.htm](http://www.biodiversityinternational.org/Networks/Euforgen/Networks/Scattered_Broadleaves/NHStrategies/UlmusSppConsStrategy.htm) (Stand 5.7.2007). [4] ENDTMANN, J. (1993): *Ulmen in Deutschland*. *Beiträge zur Gehölzkunde* 1993: 5–18. [5] HÄUPLER, H.; SCHÖNFELDER, P. (Hrsg.) (1989): *Atlas der Farn- und Blütenpflanzen der Bundesrepublik Deutschland*. Ulmer. [6] JANSSEN, G., HEWICKER, H.-A. (2006): *Die Flatterulme (Ulmus laevis Pall.) in Schleswig-Holstein*. *Drosera: Naturkundliche Mitteilungen aus Nordwestdeutschland* (1): 47–66. [7] KÄTZEL, R.; REICHLING, A. (2009): *Genetische Ressourcen der Flatter-Ulme (Ulmus laevis) in Deutschland*. *Archiv für Forstwesen und Landschaftsökologie* (2): 49–56. [8] KÄTZEL, R.; REICHLING, A.; TRÖBER, U. (2007): *Erfassung der genetischen Ressourcen der Ulmen-Arten in Deutschland*. *Schlussbericht*. [9] MACKENTHUN, G. (2000): *Die Gattung Ulmus in Sachsen*. *Forstwiss. Beiträge Tharandt* 9: 1–294. [10] MÜLLER-KROEHLING, S. (2003): *Ulmus laevis Pall. Flatterulme*. In: WEISGERBER, H. et al. (Hrsg.): *Enzyklopädie der Holzgewächse*. [11] NEI, M. (1972): *Genetic Distance between Populations*. *American Naturalist*, 106, 283–292. [12] PAUL, M. et al. (2000): *Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (Neufassung)*. [13] PEAKALL, R.; SMOUSE P. E. (2012): *GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research - an update*. *Bioinformatics* 28, 2.537–2.539. [14] RÖHRIG, E. (1996): *Die Ulmen in Europa - Ökologie und epidemische Erkrankung*: 179–199. [15] SCHÜTT, P. et al. (1992): *Lexikon der Forstbotanik*. Ecomed.



**Prof. Dr. Ralf Kätzel**  
ralf.kaetzel@lfb.brandenburg.de,

ist Leiter des Fachbereichs  
Waldentwicklung und Monitoring am Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde.

Dr. Mirko Liesebach ist Leiter des Arbeitsbereichs Herkunfts- und Züchtungsforschung am Thünen-Institut für Forstgenetik Großhansdorf.

Dr. Michaela Haverkamp ist Referentin für forstgenetische Ressourcen bei der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung in Bonn. Ute Tröber ist Referentin im Referat Forstgenetik, Forstpflanzenzüchtung im Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft des Staatsbetriebes Sachsenforst.

Dr. Heino Wolf ist Referatsleiter Forstgenetik, Forstpflanzenzüchtung im Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft von Sachsenforst.