

Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland

Endbericht

„Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland“, Teillos 2: Wild-Apfel (*Malus sylvestris*) und Wild-Birne (*Pyrus pyraster*)

AZ 114-02.05-20.0074/09 - E - Los 2

Berichtsteil: Wild-Birne



Eberswalde, 07.03.2013

„Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland“, Teillos 2: Wild-Apfel (*Malus sylvestris*) und Wild-Birne (*Pyrus pyraster*)

AZ 114-02.05-20.0074/09 - E - Los 2

Berichtsteil: Wild-Birne

Berichtszeitraum: 15.03.2010 - 07.03.2013

Laufzeit: 15.10.2009 - 31.03.2013

Endbericht

Eberswalde, 07.03.2013

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:



Landesbetrieb Forst Brandenburg
Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde
Alfred-Möller-Str. 1
16225 Eberswalde

Projektleitung	Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde Prof. Dr. habil. Ralf Kätzel
Gesamtkoordination	Humboldt-Universität zu Berlin Dr. Jens Schröder
Koordination Los 2	Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde Diplom-Landschaftsökologe Tim Schulze
Bericht/Auswertung	Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde Tim Schulze, Dr. Jens Schröder, Prof. Dr. habil. Ralf Kätzel
Genetische Analysen	Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt Hann. Münden Dr. Wilfried Steiner, Ulrike Seifert
Datenmanagement	IDaMa GmbH Freiburg Jürgen Kayser
Kartierung/Probennahme Brandenburg	Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde Tim Schulze, Frank Becker Forstbüro Lausitz Marius Schuster
Kartierung/Probennahme Baden-Württemberg	Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Freiburg Manuel Karopka, Thomas Weich
Kartierung/Probennahme Bayern	Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht Teisendorf Andreas Wurm
Kartierung/Probennahme Hessen Niedersachsen Schleswig-Holstein Sachsen-Anhalt	Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt Hann. Münden Claudia Quandt, B. Hosius, R. Rubel
Kartierung/Probennahme Mecklenburg-Vorpommern	Partnergemeinschaft Waldkonzepte Kay Hagemann, Michael Pohlens Forstbüro Ostbayern Dr. Thomas Kamp, Markus Fritsch Forstbüro Lausitz Marius Schuster, G. Thieme
Kartierung/Probennahme Nordrhein-Westfalen	Forst-Planungsbüro Köln Michael Pelzer, Norbert Glieden

Forstbüro Ostbayern
Dr. Thomas Kamp

Kartierung/Probennahme
Rheinland-Pfalz
Saarland

Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft
Trippstadt
Patrick Lemmen, Hr. Horder

Kartierung/Probennahme
Sachsen

Staatsbetrieb Sachsenforst
Lutz Weinbrecht, Hr. Grabo

Kartierung/Probennahme
Thüringen

Thüringer Landesanstalt für Wald, Jagd und Fischerei Gotha
Martin Lindner, Rene Rabel

Inhaltsverzeichnis

1	<i>Einleitung</i>	11
1.1	Ökologie und Verbreitung	11
2	<i>Ziele und Aufgabenstellung des Projekts</i>	14
2.1	Ablauf und Planung des Projekts	14
2.1.1	Datenbank	15
2.1.2	Erfassung von Vorkommen	15
2.1.3	Schematische Übersicht des Projektverlaufes	16
2.2	Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde	16
3	<i>Material und Methoden</i>	17
3.1	Projektmanagement	17
3.2	Datenrecherche	18
3.3	Auswertung der Quellenabfrage	19
3.4	Kartierung	19
3.5	Datenbank und GIS-Anwendungen	21
3.6	Auswertung der Datenbank und Qualitätskontrolle	22
3.6.1	Bundeswuchsgebiete	22
3.6.2	Potentielle natürliche Vegetation	23
3.6.3	Naturschutz-Status	23
3.6.4	Abundanz	23
3.6.5	Altersstruktur	24
3.6.6	Naturverjüngung	25
3.6.7	Vitalität	26
3.6.8	Demografische Strukturen	26
3.6.9	Gesamtbewertung der Vorkommen (Erhaltungsfähigkeit)	27
3.6.10	Kerneldichte	28
3.7	Genetische Charakterisierung	29
3.7.1	Untersuchungsstrategie	29
3.7.2	Untersuchungsmaterial	29
3.7.2	Genetische Untersuchungsmethode	33
3.7.4	Unterscheidung von Arten und von Wild- und Kulturbirne	33
3.7.5	Bildung der Auswertungskollektive	34
3.7.6	Populationsgenetische Auswertungsmethoden	34
3.8	Statistische Auswertungen	35
4	<i>Darstellung der wichtigsten Ergebnisse</i>	37
4.1	Baumzahl, Anzahl und Lage der Vorkommen	37
4.1.1	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Bundesländern	38
4.1.2	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten	43
4.1.3	Potentielle natürliche Vegetation	47
4.2	Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl	47
4.2.1	Abundanz	50
4.3	Durchmesserstruktur und Altersstruktur	51
4.3.1	Anteile der demographischen Strukturen der Einzelvorkommen	51

4.3.2	Altersstrukturqualitätsklassen.....	54
4.4	Vitalitätsklassen	56
4.5	Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsklassen	59
4.6	Naturverjüngung	60
4.7	Eigentumsverhältnisse.....	62
4.8	Naturschutz-Status	63
4.9	Genetische Charakterisierung ausgewählter Wild-Birnen-Vorkommen	66
4.9.1	Typisierbarkeit der Mikrosatelliten.....	66
4.9.2	Unterscheidung von Arten und von Wild- und Kulturbirne; Methodendiskussion.....	66
4.9.3	Bildung der Auswertungskollektive.....	72
4.9.4	Variation allgemein und innerhalb der Vorkommen.....	74
4.9.5	Differenzierung zwischen Vorkommen.....	78
4.9.6	Schlussbetrachtung.....	87
5	<i>Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse..</i>	88
5.1	Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit.....	88
5.2	Empfehlungen von Monitoringmaßnahmen	99
5.3	Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung	99
6	<i>Zusammenfassung</i>	102
7	<i>Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen.....</i>	105
8	<i>Literaturverzeichnis.....</i>	106
9	<i>Anhang</i>	109

Abbildungsverzeichnis

Abb. 1.1.1: Verbreitungskarte der Wild-Birne (<i>Pyrus pyraeaster</i>).....	12
Abb. 3.1.1: Schematische Darstellung der Projektstruktur	17
Abb. 3.5.1: Eingabemaske zur Erfassung kartierter Genobjekte (Screenshot).....	22
Abb. 3.6.1: Eingabemaske zur Festlegung der Abundanzklasse (Screenshot)	24
Abb. 3.6.2: Eingabemaske zur Bewertung der Altersstruktur mit Hilfe der Datenbank (Screenshot).....	25
Abb. 3.6.3: Eingabemaske zur Gesamtbewertung der Vorkommen (Screenshot).....	27
Abb. 3.7.1: Übersicht der Vorkommen der Wild-Birne, die im Rahmen des Projektes biochemisch-genetisch untersucht wurden	32
Abb. 3.8.1: Schematische Darstellung eines Box Plot and Whisker-Diagrammes.....	36
Abb. 4.1.1: Anzahl der Vorkommen der Wild-Birne in den einzelnen Bundesländern (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände)	39
Abb. 4.1.2: Anzahl der Individuen der Wild-Birne in den einzelnen Bundesländern (ohne <i>Ex-</i> <i>situ</i> -Bestände)	39
Abb. 4.1.3: Anzahl der Vorkommen und Individuenanzahl (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände) der Wild- Birne in den Bundesländern	40
Abb. 4.1.4: Geographische Lage der Vorkommen der Wild-Birne, klassifiziert nach der Individuenanzahl	41
Abb. 4.1.5: Anzahl der Vorkommen der Wild-Birne je 1.000 km ² Landesfläche (ohne <i>Ex-situ</i> - Bestände).....	42
Abb. 4.1.6: Anzahl der Individuen der Wild-Birne je 1.000 km ² Landesfläche (ohne <i>Ex-situ</i> - Bestände).....	42
Abb. 4.1.7: Klassifikation der Wuchsgebiete nach Anzahl der Vorkommen der Wild-Birne ...	45
Abb. 4.1.8: Klassifikation der Vorkommen (mit <i>Ex-situ</i> -Beständen) und der Wuchsgebiete (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände) nach der Individuenanzahl der Wild-Birne	46
Abb. 4.1.9: Potentielle natürliche Vegetation der Vorkommen	47
Abb. 4.2.1: Durchschnittliche Individuenanzahl der Vorkommen der Wild-Birne in den Bundesländern (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände)	48
Abb. 4.2.2: Durchschnittliche Vorkommensgröße (ha) der Vorkommen der Wild-Birne in den Bundesländern (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände)	48
Abb. 4.2.3: Individuenanzahl der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern (ohne <i>Ex-situ</i> - Bestände).....	49
Abb. 4.2.4: Flächengröße der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern (ohne <i>Ex-situ</i> - Bestände).....	49
Abb. 4.2.5: Anzahl der Individuen pro Hektar Fläche der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände)	50
Abb. 4.3.1: Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände)	51
Abb. 4.3.2: Anteile der Durchmesserstufen in den Bundesländern (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände)	52
Abb. 4.3.3 Typisierung der Vorkommen anhand von demographischen Strukturen.....	53
Abb. 4.3.4: Anzahl der Vorkommen in den Altersstrukturqualitätsklassen (bundesweit)	54
Abb. 4.3.5: Vorkommen der Wild-Birne mit Altbaumbestand	55
Abb. 4.4.1: Verteilung der Vitalitäten der Wild-Birne im Bundesgebiet.....	56
Abb. 4.4.2: Verteilung der Vitalitätsstufen der Wild-Birne in den Bundesländern	57
Abb. 4.4.3: Verteilung der mittleren Vitalität der Vorkommen in den Bundesländern als BoxPlot and Whisker Diagramm	57
Abb. 4.4.4: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen der Wild-Birne.....	58
Abb. 4.5.1: Vitalitätsanteile der Wild-Birne in den Durchmesserklassen	59
Abb. 4.5.2: Durchmesserverteilung der Wild-Birne in den Vitalitätsstufen.....	59
Abb. 4.6.1: Anteile der Vorkommen der Wild-Birne mit und ohne Naturverjüngung	60
Abb. 4.6.2: Lage der Vorkommen der Wild-Birne mit und ohne Naturverjüngung	61
Abb. 4.7.1: Verteilung der Eigentumsarten in Deutschland (Vorkommensanzahl absolut)	62
Abb. 4.7.2: Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern (Wild-Birne)	63

Abb. 4.8.1: Schutzstatus der Vorkommen der Wild-Birne	64
Abb. 4.8.2: Anteil der kartierten Vorkommen mit verschiedenem Schutzstatus nach Bundesländern	64
Abb. 4.8.3: Prozentuale Verteilung der kartierten Vorkommen mit verschiedenem Schutzstatus.....	65
Abb. 4.9.1: Grafisches Beispiel für das Ergebnis der Hauptkomponentenanalyse zur Trennung von Wild- und Kulturbirnen	67
Abb. 4.9.2a: Ergebnisse der genetischen Analyse der Wild-Birne zur Einstufung der Wildnähe	70
Abb. 4.9.2b: Vorkommen der Wild-Birne klassifiziert nach dem Vorhandensein kreuzbarer Arten	71
Abb. 4.9.3: Allelische Diversität (mittlere Diversität \bar{v} über sechs Genloci) für 36 Vorkommen der Wild-Birne	74
Abb. 4.9.4: Differenzierung D_j von 36 Wild-Birnenvorkommen.....	81
Abb. 4.9.5a: Differenzierung von 38 Wild-Birnen-Kollektiven am Genort <i>ch01h10</i>	82
Abb. 4.9.5b: Differenzierung von 38 Wild-Birnen-Kollektiven am Genort <i>ch01f02</i>	82
Abb. 4.9.5c: Differenzierung von 38 Wild-Birnen-Kollektiven über alle Genloci.....	83
Abb. 4.9.6: Dendrogramm von 36 Vorkommen der Wild-Birne	85
Abb. 4.9.7: Gruppenbildung von 36 Wild-Birnen-Vorkommen auf der Basis von sechs Mikrosatelliten-Genmarkern (schwarzer Balken: Genobjekt aussortiert wegen zu geringem Stichprobenumfang)	86
Abb. 5.1.1: Bewertungsparameter zur Auswahl des Grades der Erhaltungsfähigkeit sowie Erhaltungsdringlichkeit	89
Abb. 5.1.2: Stufen der „ <i>In-situ</i> -Erhaltungsfähigkeit“ mit der Anzahl der Vorkommen der Wild-Birne im Bundesgebiet	90
Abb. 5.1.3: <i>In-situ</i> -Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen der Wild-Birne in den Bundesländern	91
Abb. 5.1.4: Wild-Birnen-Vorkommen klassifiziert nach dem Grad der <i>In-situ</i> -Erhaltungsfähigkeit.....	92
Abb. 5.1.5: Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände) mit gekennzeichneten Genzentren	96
Abb. 5.1.6: Darstellung der Kerneldichte ohne Berücksichtigung der Baumzahl (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände) mit gekennzeichneten Genzentren	97
Abb. 5.1.7: Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl pro Hektar Genobjektfläche (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände) mit gekennzeichneten Verdichtungsräumen.....	98

Tabellenverzeichnis

Tab. 2.1.1: Arbeitsablauf Los 2.....	16
Tab. 3.4.1: Aufnahmeparameter.....	20
Tab. 3.6.1: Abundanzklassen Wild-Birne.....	24
Tab. 3.6.2: Definition der Alterstrukturqualitätsklassen (Mindestanteile der Durchmesserstufen).....	25
Tab. 3.6.3: Ansprache der Vitalität (nach ROLOFF (2001)).....	26
Tab. 3.6.4: Gesamtbewertung der Vorkommen (Erhaltungsfähigkeit).....	27
Tab. 3.6.5: Schematische Darstellung der Gesamtbewertung eines Vorkommens (<i>In-situ</i> -Erhaltungsfähigkeit).....	Fehler! Textmarke nicht definiert.
Tab. 3.7.1: Genetisch charakterisierte Vorkommen der Wild-Birne.....	31
Tab. 3.7.2: Untersuchte Kern-Mikrosatelliten-Genorte mit den in der Literatur angegebenen Fragmentlängenbereichen (bp).....	33
Tab. 3.8.1: In Graphiken und Tabellen verwendete Abkürzungen, sowie die für Berechnungen verwendeten Landesflächen.....	36
Tab. 4.1.1: Zusammenfassende Darstellung der Vorkommen über alle Bundesländer (ohne <i>Ex-situ</i> -Bestände).....	37
Tab. 4.1.2: Anzahl der Vorkommen und Anzahl der Individuen der Wild-Birne in den Wuchsgebieten.....	43
Tab. 4.2.1: Anzahl der Vorkommen der Wild-Birne in den verschiedenen Abundanzstufen..	50
Tab. 4.3.1: Absolute und relative Angaben zur Verteilung der Individuen auf die Durchmesserstufen.....	52
Tab. 4.3.2: Häufigkeiten der Vorkommen in den Altersstrukturqualitätsklassen.....	54
Tab. 4.9.1: Klassifizierung der untersuchten Proben aus Wild-Birnen-Vorkommen.....	69
Tab. 4.9.2: Übersicht über die für die Auswertung verfügbaren Individuen und Kollektive von Wild-Birnen.....	73
Tab. 4.9.3: Anzahl der beobachteten Allele und ihre Diversität an sechs Mikrosatelliten-Genorten von Wild-Birne in ausgewählten Vorkommen.....	75
Tab. 4.9.4: Anzahlen privater und „fast privater“ Allele an sechs Mikrosatelliten-Genorten in 38 Demen von Wild-Birne.....	77
Tab. 4.9.5: Paarweise allelische Abstände (d_0) von 36 Wild-Birnen-Vorkommen; Farbcode: grün-gelb-rot für höchste, mittlere, niedrigste Werte.....	79
Tab. 4.9.6: Allelische Differenzierung D_j und Subpopulationsdifferenzierung δ für 38 Wild-Birnen-Kollektive und sechs Genloci.....	80
Tab. 5.1.1: Großflächig zusammenhängende Populationen (Genzentren) der Wild-Birne.....	94
Tab. 5.1.2: Genzentren der Wild-Birne ohne Berücksichtigung der Baumzahl.....	95
Tab. 5.1.3: Verdichtungsräume der Wild-Birne mit hoher Individuendichte pro Fläche.....	95

1 Einleitung

Die Situation seltener und gefährdeter Baumarten steht seit mehr als 20 Jahren mit wechselndem Interesse im Blickpunkt der forstlichen Generhaltung der Bundesländer. Bislang fehlte jedoch ein bundesweiter Überblick auf der Grundlage einheitlicher Erfassungs- und Auswertemethoden.

Diese Lücke sollte das von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Auftrag des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) geförderte Verbundprojekt „*Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen von seltenen und gefährdeten Baumarten in Deutschland*“ mit einer Laufzeit vom 15.03.2010 bis 31.03.2013 schließen. Ziel des Gesamtprojektes war die deutschlandweit einheitliche Erfassung von „*Generhaltungsobjekten*“ für insgesamt zehn Baumarten, um daraus Empfehlungen für den langfristigen Erhalt der Arten abzuleiten.

Im Sinne des Projektzieles wurde ein *Generhaltungsobjekt* als eine potentiell überlebensfähige Population einer Art mit mindestens fünf Individuen definiert, die sich durch einen Abstand von mindestens einem Kilometer zur nächsten artgleichen Population abgrenzt. Mit Hilfe einer Datenbank, in der alle erfassten Genobjekte zusammengeführt sind, sollten diese nach ihrer „*in situ-Erhaltungsfähigkeit*“ bewertet werden. Auf Grundlage der erhobenen Informationen, zum Beispiel zu Populationsgröße, zur Vitalität, zur demografischen und genetischen Populationsstruktur, zur Bastardierung und zu den standörtlichen Bedingungen, sollten Empfehlungen für künftige Maßnahmen zum langfristigen Erhalt der genetischen Ressourcen der Arten und Populationen erarbeitet werden.

Das Verbundprojekt wurde in vier Aufträgen (Lose) bearbeitet. Das Los 2 widmet sich der Situation der Wild-Birne und des Wild-Apfels. Der vorliegende Berichtsteil stellt alle Ergebnisse zur Bestandsaufnahme und Gefährdungsanalyse der Wild-Birne in Deutschland vor.

Die Wild-Birne (*Pyrus pyraster* L.) wurde 1998 zum „Baum des Jahres“ in Deutschland gewählt. Im Zuge dieser Nominierung gab es in der Fachpresse vielfältige Beiträge zu den Themen Herkunft, Wildnähe, Ökologie, Vermehrung, Schutz der Baumart. Nachdem danach das Interesse an dieser Art wieder zurückging, möge der vorliegende Bericht für die Erhaltung dieser seltenen Baumart neue Impulse liefern.

1.1 Ökologie und Verbreitung

Die folgenden Informationen zur Ökologie und Verbreitung der Wild-Birne sind überwiegend der Enzyklopädie der Holzgewächse (52. Erg.Lfg. 04/09) entnommen, zusammengetragen von Dr. Iris Wagner.

Die Wild-Birne (*Pyrus pyraster* L.) gehört zur Familie der *Rosaceae*. Aufgrund ihrer hohen Lichtbedürftigkeit und der Konkurrenzschwäche gegenüber wüchsigeren Arten wird sie häufig aus ihrem ökologischen Optimum im mittleren Bereich auf extremere Standorte wie Auwälder, sonnige und trockene Hänge, lichte Wälder und Waldränder verdrängt. Auch in Feldgehölzen und an alten Verkehrswegen ist die Wild-Birne noch vereinzelt anzutreffen. Vor allem der anthropogen bedingte Rückgang geeigneter Habitate, die geringe

forstwirtschaftliche Bedeutung sowie die genetische Bastardisierung mit Kultursorten führten zum Rückgang. Als sicher gilt, dass die Wild-Birne der Vorfahr der heutigen Kultursorten ist, was die Abgrenzung der beiden Arten zusätzlich erschwert. Eine „echte Referenz“ für *Pyrus pyraster* gibt es leider nicht.

Das natürliche Verbreitungsgebiet der Wild-Birne ist verhältnismäßig groß (Abb. 1.1.1). Es umfasst ganz Europa ohne Skandinavien, Spanien und Portugal sowie den Norden Kleinasien bis zum Kaukasus. Die Vorkommen in England sind vermutlich synanthrop und stark rückgängig. Im Norden verläuft die Grenze des Verbreitungsgebietes durch Nordfrankreich, Nordbelgien, Nordholland, Schleswig-Holstein, Litauen und Russland. Die östliche Grenze zieht sich von der Mündung der Kama in die Wolga durch Mittelrussland bis ans Kaspische Meer. Einige verstreute Vorkommen befinden sich in der Türkei, der Ukraine und in Algerien. Genau kann das Verbreitungsgebiet jedoch nicht angegeben werden, da Verwilderungen mit der Kultur-Birne, die auch an naturnahen Standorten nebeneinander vorkommen, die Grenzen „verwischen“.



Abb. 1.1.1: Verbreitungskarte der Wild-Birne (*Pyrus pyraster*) nach EUFORGEN 2009, (<http://www.euforgen.org>); Quelle Kartenmaterial: Google, GeoBasis DE

Die Wild-Birne wächst als sommergrüner Strauch oder Baum und erreicht dabei Oberhöhen von bis zu 20 m. Als Solitär auf guten Standorten sind größere Höhen erreichbar. Bis in 6 m Höhe kann der Stamm dabei astfrei sein. Der Durchmesser kann bis zu 80 cm betragen, im Extremfall auch bis 120 cm. Sie erreicht dabei ein Alter von zum Teil mehr als 200 Jahren. Vereinzelt neigt sie zu Spann- und Drehwüchsigkeit. Typisch sind ein schlanker Habitus und Fruchtbögen in der Wipfelregion.

Die Ansprüche an den Boden sind gering, natürlicherweise kommt die Wild-Birne auch auf Extremstandorten vor. Unter Konkurrenzdruck wird sie an die Trockengrenze des Waldes gedrängt oder in wiederholt überschwemmte Auenstandorte, ohne Konkurrenz kann sie hingegen auf fast allen Böden wachsen. Als Licht- bis Halbschattenbaumart hat die Wild-Birne einen hohen Lichtbedarf, sie gilt als wärmeliebend und besitzt eine hohe

Trockentoleranz. Im Zuge des Klimawandels könnte sie deshalb an Bedeutung gewinnen. Schwerpunktmäßig kommt die Wild-Birne in wärmeliebenden Eichenwaldgesellschaften und in wärme- und basenliebenden Gebüschgesellschaften sowie an sonnigen Hängen, an Felsen, in Hecken und Auwäldern vor.

Die Blätter der Wild-Birne sind im Gegensatz zur Kulturform kleiner und meist rundlich bis eiförmig mit einer Länge und einer Breite unter 5 cm. Der Blattrand ist fein gesägt, die Oberseite glänzend grün, die Blattunterseite bläulich grün oder grau überzogen. Anders als der Wild-Apfel bildet die Wild-Birne vor allem an juvenilen Trieben verstärkt Sprossdornen aus, was ihr gegenüber dem Wild-Apfel eine höhere Verjüngungschance durch Verbisschutz bietet.

Die Blüten sind zwittrig und öffnen sich zwischen März und Mai, mit Schwerpunkt im April vor dem Blattaustrieb. Aufgrund von Selbstinkompatibilität ist die Wild-Birne auf Fremdbestäubung angewiesen. Zu den Bestäubern gehören vielfältige Arten z.B. Zwei- und Hautflüglern wie Langhornbienen, Hummeln und Schwebfliegen. Die Wild-Birne gilt als gute Bienenweide. Der Wald stellt keine Barriere für Bestäuber dar, so dass der Genfluss von außen nicht limitiert ist. Dies führt zu einer starken Durchmischung von Erbgut der Wild- und der Kulturform. Die Wild-Birne neigt zu starker Ausbildung von Stockausschlägen und kann sich so vegetativ verjüngen.

Die Früchte reifen zwischen August und Oktober. Sie sind deutlich kleiner als die der Kulturform mit einem Durchmesser von 1,5 cm bis 3 cm und sind kugelig bzw. rundlich bis allenfalls sehr kurz kreisförmig. Die Früchte sind im reifen Zustand grün bis gelbgrünlich und werden zum Schluss braun und teigig. Der Geschmack ist herb und adstringierend, ein birnentypischer Geruch fehlt oder ist allenfalls sehr gering ausgeprägt. Die Früchte werden vor allem von Säugern und Vögeln sowie auch vom Mensch verbreitet. Das Passieren des Darmes und eine mehrmonatige Ruhe im Exkrement fördern die Keimung. Die Früchte können zu Kompott, Marmelade, Saft, Most, Wein und Branntwein verarbeitet werden und besitzen einen hohen Gehalt an Mineralien, Vitaminen und bioaktiven Stoffen. Sie dienen zudem als beliebte Nahrung von Vögeln und Wild.

Das Holz der Wild-Birne ist wertvoll und begehrt, wird wegen seiner Seltenheit jedoch nur in einem kleinen erlesenen Sektor der Holzveredelung verwendet. Splint und Kern, farblich gleich, sind blassgrau bis rötlich-braun und dunkeln stark nach. Das Holz ist schwer, sehr hart, schwer spaltbar, biegsam und fest sowie wenig elastisch. Es lässt sich sehr gut dreheln, schnitzen, polieren, lackieren, leimen, nageln, schrauben sowie messern. Schwarz gebeizt dient es als Ersatz für Ebenholz. Genutzt wird es zur Herstellung von Furnierholz, Musikinstrumenten, Parkett, Vertäfelungen und Werkzeugen.

2 Ziele und Aufgabenstellung des Projekts

Aufgabe des Projektes¹ war die Erfassung, Charakterisierung und Dokumentation der genetischen Ressourcen von Wild-Birne und Wild-Apfel über alle Wuchsbezirke und Eigentumsarten in der Bundesrepublik Deutschland sowie die Bewertung der Vorkommen nach „Erhaltungswürdigkeit“, „Erhaltungsfähigkeit“ und „Erhaltungsdringlichkeit“.

Zum Erreichen dieses Zieles wurden erstmalig Daten zu den Vorkommen über alle Bundesländer hinweg in einer Gesamtdatenbank zusammengeführt. Darauf aufbauend sollten Schwerpunktregionen von Vorkommen identifiziert werden und der Gefährdungsgrad der Populationen analysiert werden. In Kombination mit genetischen Analysen zur Bestimmung der Wildnähe der Vorkommen sowie der genetischen Diversität zwischen den und innerhalb der einzelnen Vorkommen wurden Grundlagendaten geschaffen. Diese sollen der Politik und den verantwortlichen Fachbehörden als Entscheidungshilfe zum langfristigen Erhalt der Arten dienen.

2.1 Ablauf und Planung des Projekts

Das Gesamtprojekt „*Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland*“ ist in vier Lose aufgeteilt. Auf diese Lose verteilen sich die Baumarten Flaum-Eiche, Elsbeere, Speierling, Wild-Apfel, Wild-Birne, Feld-Ahorn, Eibe, Grün-Erle, Grau-Erle und Gemeine Trauben-Kirsche. Die Projektleitung und Gesamtkoordination übernahm dabei das Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde und sicherte so die Los-übergreifende und einheitliche Bearbeitung aller zehn Baumarten.

Die vier Lose unterteilen 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 pyraster*) in Deutschland. Bearbeitung: Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE)**
- 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 Gemeinen Trauben-Kirsche (*Prunus padus*) in Deutschland. Bearbeitung: Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht Teisendorf (ASP)

¹ Im Folgenden wird der Erhebungsauftrag „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland“ mit seinen zehn Zielbaumarten häufig als „Gesamtprojekt“, das Los 2 zu den Baumarten Wild-Apfel und Wild-Birne als „Projekt“ bezeichnet.

Die Bearbeitung des Gesamtprojektes erfolgte in enger Anlehnung an zwei bereits abgeschlossene Vorgängerprojekte („Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Schwarz-Pappel und der Ulmenarten in Deutschland“, Aktenzeichen 541-73.01/05BE001 und 541-73.01/05BE002).

Der Projektvertrag gab folgenden Leistungsumfang vor:

1. Einholen von Vorinformationen zu bekannten Vorkommen des Wildobstes: Literatur, Forstliche Versuchsanstalten der Länder, BWI, Biotopkartierungen, Schutzgebiete
2. Erstellung einer Datenbank
3. Kartierung potentieller Generhaltungsobjekte im Gelände mit anschließender Bewertung nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsdringlichkeit und Erhaltungsfähigkeit
4. Charakterisierung ausgewählter Vorkommen mittels DNA-Mikrosatelliten:
 - a) Überprüfung der Artzugehörigkeit (Wildform/Kulturform)
 - b) Analyse der genetischen Variation zwischen verschiedenen Populationen
5. Zusammenfassung aller gewonnenen Erkenntnisse und Bewertung hinsichtlich der Gefährdung der Zielarten in der BRD
6. Abschließende Bewertung der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen und Ableitung konkreter Empfehlungen für Maßnahmen zum langfristigen Erhalt

2.1.1 Datenbank

Für die Dokumentation der Kartierungsergebnisse wurde eine MS-Access-Datenbank (Microsoft® Office Access 2003 SP3) genutzt. Diese lag in Grundzügen bereits aus den Vorgängerprojekten vor. Eine Anpassung erfolgte durch die IDaMa GmbH (Freiburg) hinsichtlich der neuen Anforderungen an die Baumartenvielfalt. Die Dateneingabemaske entspricht dabei dem Aufbau des Erfassungsbogens, so dass im Gelände erhobene Parameter direkt eingegeben werden konnten. Zur Überarbeitung der Datenbank gehörte auch die verstärkte Integration benutzerfreundlicher Elemente. Durch eine Programmroutine zur Überprüfung der Plausibilität konnten fehlende oder fehlerhafte Eingaben bereits direkt nach Dateneingabe überprüft und nötigenfalls korrigiert werden.

2.1.2 Erfassung von Vorkommen

Die phänotypische Erfassung der Vorkommen wurde in den Vegetationsperioden 2010 und 2011 im Gelände durchgeführt.

Im Vorfeld fand eine Einweisung in die Methodik sowohl theoretisch als auch praktisch durch die Gesamtkoordination statt. Diese beinhaltete den Umgang mit dem Erfassungsbogen, die Durchführung der Kartierungen im Gelände sowie die Eingabe von Daten in die Datenbank. Ziel war die einheitliche und qualitativ hochwertige Erhebung von Geländedaten über alle Lose und das gesamte Untersuchungsgebiet hinweg.

2.1.3 Schematische Übersicht des Projektverlaufes

Die in Los 2 durchgeführten Arbeitsschritte sind in Tabelle 2.1.1 schematisch dargestellt.

Tab. 2.1.1: Arbeitsablauf Los 2

Jahr	2010				2011				2012			
Quartal	I	II	III	IV	I	II	III	IV	I	II	III	IV
Arbeitsleistung												
Projektstart												
Kartiererschulung												
Quellenabfrage												
Quellenauswertung												
Datenbankerstellung												
Literaturrecherche												
Charakterisierung Phänotyp												
Charakterisierung Genotyp												
Auswertung Datenbank												
Auswertung Ergebnisse												
Projektpräsentation												
Projektberatungen												
Berichterstattung BLAG												
Anfertigung Endbericht												

2.2 Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

Für die Planungen des Projektes waren bereits Erfahrungen aus den vorausgegangenen Projekten zur Erfassung der Schwarz-Pappel und der Ulmenarten vorhanden. Die dort verwendete Datenbank konnte mit kleineren Modifikationen für das aktuelle Projekt verwendet werden. Während des laufenden Projektes wurden Weiterentwicklungen der Datenbank auf Wunsch einzelner Koordinatoren vorgenommen.

Hinsichtlich der zu den Zielbaumarten vorliegenden Informationen war die Ausgangslage je nach Bundesland sehr heterogen. Während einige Daten bereits digital vorlagen und entsprechende kartenmäßige Verknüpfungen möglich waren, gab es zu anderen Vorkommen nur formlose Informationen, die zum Teil noch handschriftlich auf Kartenausdrucken oder Skizzen vermerkt waren. Zur notwendigen Vereinheitlichung des Grunddatenbestands gehörte deshalb neben der Transformation verschiedener Koordinatensysteme in das geforderte UTM-Format auch die Digitalisierung der analog vorliegenden Daten.

Für die genetischen Analysen ausgewählter Vorkommen stellte die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) das nötige Know-how sowie die notwendige Laborkapazität zur Verfügung.

3 Material und Methoden

3.1 Projektmanagement

Für die Koordination des Gesamtprojektes war das Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE) des Landesbetriebes Forst Brandenburg in Kooperation mit der Humboldt-Universität zu Berlin verantwortlich. Ziel der Kooperation war eine gemeinsame Bearbeitung aller zehn Baumarten. Dazu wurden mehrere Verträge mit den forstlichen Versuchsanstalten der einzelnen Bundesländer sowie mit privaten Kartierbüros geschlossen (Abb. 3.1.1).

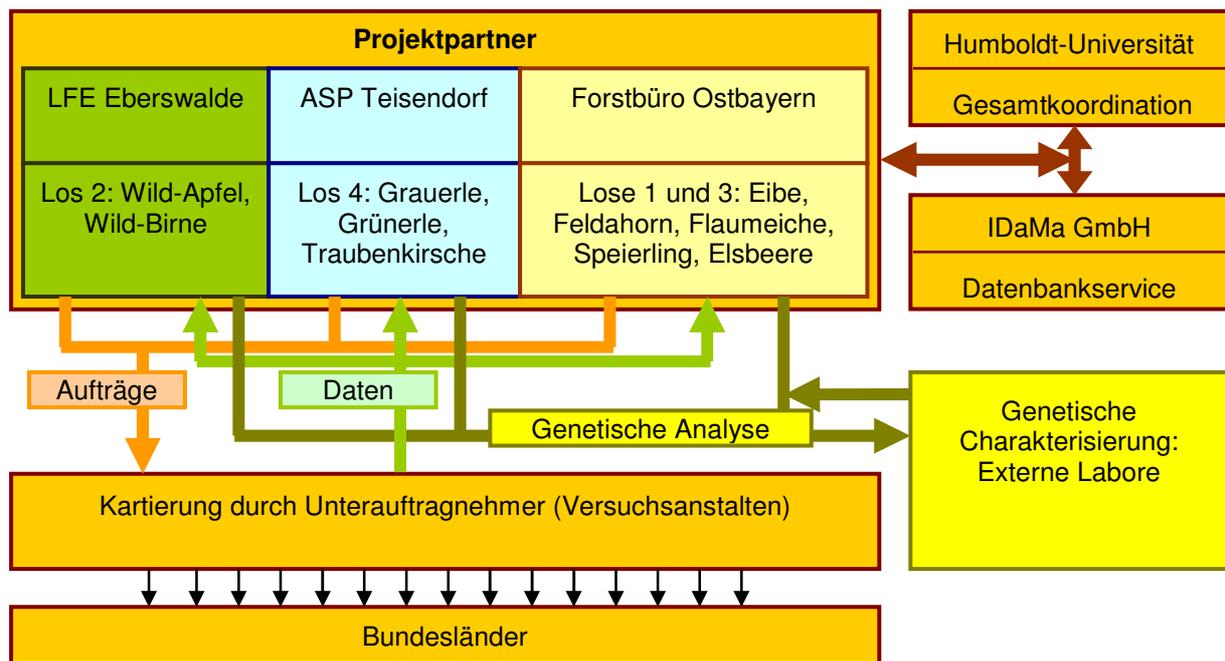


Abb. 3.1.1: Schematische Darstellung der Projektstruktur

Für die Bearbeitung des Projektes zu Wild-Apfel und Wild-Birne (Los 2) wurden im März 2010 ein Sachbearbeiter am LFE sowie für die Gesamtkoordination aller zehn Baumarten ein wissenschaftlicher Mitarbeiter in Teilzeit an der Humboldt-Universität zu Berlin eingestellt. Im Rahmen des Projektmanagements wurde am 06./07.05.2010 eine Kartiererschulung in Eberswalde durchgeführt mit dem Ziel, allen Beteiligten die einheitliche Methodik der Kartierung und Dateneingabe sowie Informationen zu den einzelnen Baumarten zu vermitteln. Unmittelbar nach dieser Schulung startete die terrestrische Erfassung potentieller Generhaltungsobjekte.

Während des laufenden Projektes gab es regelmäßige Treffen aller Projektkoordinatoren und der Projektleitung, um Zwischenergebnisse und Erfahrungen auszutauschen sowie die einheitliche Bearbeitung aller zehn Baumarten sicherzustellen.

Am 20.01.2011 fand in der Thüringer Landesanstalt für Wald, Jagd und Fischerei in Gotha ein Projekttreffen mit allen beteiligten Kartierern statt. Dieses Treffen wurde genutzt, um die Projektkoordinatoren detailliert über den Stand der Kartierarbeiten in den einzelnen Bundesländern zu informieren, um einen Informationsaustausch unter den Kartierern zu ermöglichen sowie über Erfahrungen und Probleme aus der Kartiersaison 2010 zu

diskutieren. Vor dem Start in die Kartiersaison 2011 sollten zudem noch einmal alle Kartierer auf das einheitliche Vorgehen „geeicht“ werden.

Zur Abstimmung der genetischen Analysen trafen sich die Projektleitung, die Projektkoordinatoren sowie Vertreter von verschiedenen Laboren am 08.02.2011 in Kassel-Wilhelmshöhe. Dort wurden die Grundsätze der genetischen Analyse (Anzahl und Auswahlkriterien der Vorkommen, Individuen, Marker, Auswerteparameter) festgelegt. Die genetischen Analysen wurden von der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt (NW-FVA) übernommen. Die Probennahme sollte in zwei Teilen erfolgen (Spätsommer 2011, Frühjahr 2012), um eine punktuelle Überlastung des Labors zu vermeiden. Der Abschluss aller Analysen und die Übergabe der Daten und Berichte sollten bis 15.08.2012 erfolgen.

Am 29.11.2011 informierten die Projektkoordinatoren die "Bund-Länder-Arbeitsgruppe Forstliche Genressourcen" (BLAG) in Trippstadt als projektbegleitende Arbeitsgruppe (PAG) über den Arbeitsstand der einzelnen Lose.

In Eberswalde trafen sich die Projektleitung und alle Los-Bearbeiter am 07.02.2012 zur Abstimmung eines gemeinsamen Auswertungskonzeptes und der einheitlichen Bearbeitung der Endberichte.

Am 06.07.2012 stellte die Projektkoordination Teilergebnisse für Mecklenburg-Vorpommern im Rahmen der „Nordischen Baumtage 2012“ in Rostock-Warnemünde vor.

Während der gesamten Projektlaufzeit wurde regelmäßig telefonische oder persönliche Rücksprache zwischen Projektkoordinatoren und der Projektleitung gehalten.

3.2 Datenrecherche

Für die Recherche zu bekannten Vorkommen standen im Wesentlichen folgende Quellen zur Verfügung:

- Datenbanken der Forstlichen Versuchsanstalten zu forstgenetischen Ressourcen
- Bundeswaldinventur
- "Datenspeicher Wald" (Forstliches Informationssystem in Brandenburg, Sachsen-Anhalt und Mecklenburg-Vorpommern)
- Forstämter beziehungsweise Oberförstereien
- Planungs- und Managementdaten von Schutzgebieten
- Biotopkartierung
- Datenbanken zu Forstlichem Vermehrungsgut und gebietsheimischen Gehölzen
- Verbände/Umweltschutzorganisationen
- Literatur/Internetquellen
- Diplomarbeiten und andere Hochschulschriften
- Forstliche Fachliteratur

Die Datenrecherche wurde in den einzelnen Bundesländern unterschiedlich gehandhabt. In den Bundesländern, mit denen direkt über die forstlichen Landesanstalten ein Vertrag zur Kartierung des Wildobstes geschlossen wurde (Bayern, Baden-Württemberg, Thüringen, Sachsen, Sachsen-Anhalt, Hessen, Niedersachsen, Schleswig-Holstein, Rheinland-Pfalz, Saarland), wurde die Datenrecherche in Eigenregie vorgenommen und ihre Ergebnisse an die Projektkoordination weitergeleitet. In den Bundesländer Mecklenburg-Vorpommern und Nordrhein-Westfalen wurde die Kartierung an private Büros vergeben. In Zusammenarbeit

mit der Koordination der Lose 1 und 3 konnten hier umfangreiche Vorinformationen gewonnen werden, die an die zuständigen Kartierer weitergeleitet wurden. In den Bundesländern Hamburg, Bremen und Berlin waren keine Vorkommen der Wild-Birne bekannt. Für das Bundesland Brandenburg konnte in Kooperation mit der Hochschule für nachhaltige Entwicklung Eberswalde (HNEE) eine umfangreiche Datenbank zu bekannten Vorkommen des Wildobstes erstellt werden (BLE-Projekt zu CWR-Arten).

3.3 Auswertung der Quellenabfrage

Nach Abschluss der Recherche wurden die gewonnenen Daten von der Projektkoordination gesichtet. Je nach Bundesland lagen Daten hinsichtlich Koordinatensystem, Umfang und Detailschärfe auf sehr unterschiedlichem Niveau vor. Die Daten wurden, soweit Koordinaten vorhanden waren, mittels GIS für jedes Bundesland in das durch die Kartieranleitung einheitlich vorgegebene Koordinatensystem WGS84 / UTM Zone 32 Nord (EPSG: 32632) umgerechnet und visualisiert. Durch die Bildung von Puffern mit einem Radius von 500 m (entspricht einem Baumabstand von 1 km) konnten zusammenhängende Vorkommen von mindestens fünf Individuen durch Verschneidung der sich berührenden Puffer zu potentiell kartierungswürdigen Genobjekten aggregiert werden. Besonders Angaben zur Größe des Vorkommens an einem bestimmten Koordinatenpunkt waren dabei hilfreich, in den meisten Fällen jedoch nicht vorhanden. Es musste also davon ausgegangen werden, dass pro Koordinatenpunkt null bis x Einzelindividuen vorgefunden werden können. Daten aus der Biotopkartierung waren nicht zwangsläufig koordinatenscharf, da dort vielfach nur die Koordinatenmittelpunkte einer Fläche aufgenommen werden, auf der eine Wild-Birne gesichtet wurde. Diese Besonderheit galt es bei den Geländearbeiten zu berücksichtigen. Aufgrund der hohen Datendichte aus den Biotopkartierungen bestand zudem die Vermutung, dass jeder Obstbaum auf vermeintlich „wildem“ Standort erfasst wurde. Bei der erneuten Kartierung sollte deshalb ein besonderes Augenmerk darauf gelegt werden, ob es sich tatsächlich um Wildobst handelte.

Die aufbereiteten Daten wurden für jedes Bundesland an den zuständigen Kartierer als Shape-Datei oder als KLM-Export für die Darstellung in "GoogleEarth" weitergeleitet. Die Projektkoordination gab zusätzlich noch Empfehlungen zur weiteren Vorgehensweise. Zum Beispiel sollten vorrangig große und bedeutende Vorkommen kartiert werden, bei entsprechenden zeitlichen und personellen Kapazitäten erst im Nachgang auch kleinere und unsichere Vorkommen.

Lagen Daten in analoger Form vor (Diplomarbeiten, Literatur), wurden diese ebenfalls an die zuständigen Kartierer weitergeleitet. Zusätzliche Hinweise von Revierförstern und ortskundigen Experten erwiesen sich oft als sehr hilfreich und detailliert.

3.4 Kartierung

Als Grundlage für die Kartierungen wurden die aus der Quellenabfrage gewonnenen Daten genutzt. Es wurde angestrebt, je Bundesland die zehn Zielbaumarten geschlossen zu kartieren und damit Personal und Ressourcen zu bündeln. In den meisten Bundesländern wurden deshalb mit den zuständigen forstlichen Versuchsanstalten Verträge zur Durchführung der Datenerfassungen im Gelände geschlossen (siehe oben). Für die Bundesländer Nordrhein-Westfalen, Mecklenburg-Vorpommern und Süd-Brandenburg wurden Verträge mit der Koordination der Lose 1 und 3 (Forstbüro Ostbayern) geschlossen.

Für Nord-Brandenburg wurde die Kartierung der Wildobstarten durch den Projektkoordinator (Los 2) durchgeführt. In den Bundesländern Berlin, Hamburg und Bremen waren keine Vorkommen bekannt und auch nicht zu vermuten. Die gewonnenen Vorinformationen wurden an den jeweilig zuständigen Kartierer weitergeleitet.

Um sicherzustellen, dass die Kartierung über alle Bundesländer und Arten nach dem gleichen Schema durchgeführt wird, wurde im Mai 2010 eine zweitägige Kartiererschulung in Eberswalde durchgeführt (siehe oben). An der Schulung nahmen alle Kartierer, die Projektkoordinatoren der einzelnen Lose, Herr Kayser von der IDaMa GmbH und die Projektleitung teil. Dabei wurden die Funktionsweise und die Bedienung der Datenbank erläutert. Durch die Projektkoordination wurde der Aufnahmebogen für die Kartierung vorgestellt und Hinweise zur praktischen Durchführung der Geländeerhebungen gegeben. Die Koordinatoren der einzelnen Lose stellten die Biologie der zu kartierenden Baumarten vor und gaben Hinweise zum Erkennen und Bestimmen im Gelände. Am zweiten Tag der Schulung fand eine Geländebegehung mit Probekartierung statt.

Die praktische Kartierung begann zeitnah im Anschluss an die Schulung, um die Vegetationsperiode 2010 optimal zu nutzen. Mit Ende der Vegetationsperiode 2011 sollten alle Kartierarbeiten beendet sein und die Datenbanken sowie Kartenmaterial der Projektkoordination übergeben werden. Für die Kartierung des Wildobstes wurde zur besseren Auffindbarkeit der einzelnen Individuen eine Kartierung zur Blüte oder zur Fruchtreife empfohlen, auch weil sich anhand der Früchte die Wildform leichter von der Kulturform abgrenzen lässt. Für das Erfassen der Individuen im Gelände mit gleichzeitiger Einschätzung der Vitalität stand eine Zählhilfe in analoger und digitaler Form zur Verfügung. Die Projektkoordination stand während der gesamten Zeit in engem Kontakt mit den Kartierern, um mögliche Rückfragen zu klären und den Fortschritt der Kartierungen zu dokumentieren.

Folgende Parameter wurden für jedes Genobjekt gemäß Kartieranleitung erfasst:

Tab. 3.4.1: Aufnahmeparameter

1	Gehölzart	Art, etabliertes Genobjekt (<i>In-situ</i> , <i>Ex-situ</i>)?
2	Lage	Bundesland, Landkreis, Gemeinde, Revier, Koordinaten, Bundeswuchsgebiet
3	Schutzstatus	NSG, Biosphärenreservat, FFH-Gebiet, etc.
4	Eigentümer	Eigentumsart
5	Anzahl	ggf. geschätzt
6	Fläche	Größe in ha, Anteil der Zielbaumart an vorhandenen Mischbaumarten
7	Alter	Durchmesserstruktur, Verjüngung?, Altbäume?
8	Begründungsart	Pflanzung, Naturverjüngung, Stockausschlag, Wurzelbrut, unbekannt
9	Vitalität	Stufe 0-4, Baumkronenansprache nach ROLOFF (2001)
10	Beschreibung	Besonderheiten, Schäden, Gefährdungen

Während der Kartierarbeiten waren vorrangig folgende Angaben zu überprüfen:

- Artzuordnung (Wild- oder Kulturform)
- Verjüngungsanteile, Verjüngungsanteile unter 1,5 m Höhe
- Populationsgröße (Fläche, Anzahl) und Altersstruktur

- Vitalität
- Begründungsart (Naturverjüngung, Kunstverjüngung)

Pro Genobjekt sollte ein Koordinatenpunkt aufgenommen werden, welcher den Punkt der größten Individuendichte innerhalb seiner Gesamtfläche markiert. Zusätzlich sollte eine Lageskizze des Genobjektes in analoger Form angefertigt werden.

Da sich das Alter der Bäume nicht ohne weiteres im Gelände bestimmen lässt, wurden die Bäume zur Abschätzung der Altersstruktur in drei Durchmesserklassen nach Brusthöhen-durchmesser (< 7 cm; 7 - 20 cm; > 20 cm) eingeteilt. Die Einschätzung der Vitalität erfolgte nach den Stufen 0 (vital), 1 (geschwächt), 2 (deutlich geschwächt), 3 (absterbend), 4 (abgestorben) in Anlehnung an die Baumkronenbewertung nach ROLOFF (2001).

Nach Abschluss des Projektes wurde die Gesamtdatenbank an die BLE übergeben sowie die Aufnahmebögen und Karten in analoger Form an die zuständigen Forstlichen Versuchsanstalten in den Bundesländern.

3.5 Datenbank und GIS-Anwendungen

Die zentrale Dokumentation aller erhobenen Daten erfolgte über eine MS-Access-Datenbank. Zur Aufgabenstellung für das Gesamtprojekt gehörte es, dafür die bereits in den Vorgängerprojekten erarbeiteten Grundlagen in Form der Datenbank "Forstliche Genressourcen" zu nutzen. Mit der Betreuung dieses Arbeitsbereiches wurde erneut die Firma IDaMa GmbH in Freiburg beauftragt. In Erweiterung der bestehenden Datenbank erfolgte zu Projektbeginn eine Ergänzung des Artenspektrums um die zehn Zielbaumarten des Gesamtprojekts. Die Datenbank besteht aus drei Teilen:

- a) Das Basis-Frontend (fgr2003.mdb) beinhaltet alle Informationen zur Dateneingabe in Anlehnung an den Aufnahmebogen (Abb. 3.5.1), eine Plausibilitätsanalyse sowie eine Berichtsausgabe.
- b) Eine weitere Datenbank zur Speicherung der Daten zu den kartierten Vorkommen (fgrxx_d.mdb) wurde jedem Kartierer zur Verfügung gestellt und individuell angepasst. Sie wurde in regelmäßigen Abständen an die IDaMa GmbH via E-Mail gesendet und dort zu einer Gesamtdatenbank (fgr_stamm_d.mdb) zusammengefasst. Somit konnte seitens der Projektkoordination der Fortschritt der Kartierarbeiten jederzeit nachvollzogen werden.
- c) Für die Auswerteroutine in Bezug auf die „Erhaltungsfähigkeit“ wurde ein weiteres Frontend (fgr_auswertung.mdb) zur Verfügung gestellt. In diesem Frontend ist es möglich, Parameter wie Abundanzklasse, Vorgaben für die Einstufung der Altersstrukturqualitätsklasse und der Gesamtbewertung der Genobjekte artspezifisch zu modifizieren und damit die zu erarbeitenden Handlungsempfehlungen vorzubereiten.

Die kartographische Auswertung und Darstellung der Ergebnisse erfolgte mit dem Programm Quantum GIS (Version 1.8.0 „Lisboa“; <http://qgis.org>).

Abb. 3.5.1: Eingabemaske zur Erfassung kartierter Genobjekte (Screenshot)

3.6 Auswertung der Datenbank und Qualitätskontrolle

Nach Abschluss aller Kartierarbeiten wurden die jeweiligen Datenbanken an die IDaMa GmbH geschickt und auf Plausibilität und Koordinatenfehler überprüft. Bei vorliegenden Fehlern wurde die Datenbank zurück an den zuständigen Kartierer geschickt mit der Bitte um Korrektur. Nach Behebung aller Unstimmigkeiten wurden alle Datenbanken zu einer Gesamtdatenbank vereint und zusammen mit einem speziellen Frontend zur Auswertung an die Projektkoordinatoren zurückgesendet. Mit Hilfe des Frontends konnten die Daten umfassend ausgewertet werden.

3.6.1 Bundeswuchsgebiete

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

- Wuchsgebiete 2011 (Version 20.03.2012)

Über eine Verschneidung im GIS wurden die Vorkommen den Bundeswuchsgebieten zugeordnet und anschließend visualisiert.

3.6.2 Potentielle natürliche Vegetation

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

- PNV500 Deutschland (Version 23.03.2012)

Über eine Verschneidung im GIS wurden den Vorkommen die Angaben zur Potentiellen natürlichen Vegetation zugeordnet und anschließend visualisiert.

3.6.3 Naturschutz-Status

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

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

Über eine Verschneidung im GIS wurden den Vorkommen die Angaben zum Schutzstatus zugeordnet und anschließend visualisiert.

3.6.4 Abundanz

Für die Bewertung der Erhaltungswürdigkeit eines Genobjektes spielt seine Größe eine zentrale Rolle. Die Datenbank der Vorgängerprojekte zu Schwarz-Pappel und den Ulmen-Arten sah eine Verteilung der Vorkommen nach Individuenzahl über 10 Abundanzklassen vor. Aufgrund der unterschiedlichen Ökologie der im aktuellen Projekt untersuchten Baumarten schien eine starre, für alle Arten identische Einteilung der Abundanzklassen wenig sinnvoll. Die Datenbank wurde deshalb so geändert, dass für jede Baumart die Abundanzklassen individuell bestimmt und entsprechend der Streubreite angepasst werden konnten (Abb. 3.6.1). Darin wird sichtbar, dass Vorkommen mit weniger als fünf Individuen nicht als Genobjekt erfasst wurden, da sie nicht als ausreichend vermehrungs- und damit erhaltungsfähig (in situ) angesehen werden. Die für die Wild-Birne gewählten Abundanzklassen sind in Tabelle 3.6.1 dargestellt. Die mit der Datenbank „fgr_stamm_d.mdb“ berechneten Abundanzklassen wurden direkt in eine neue Spalte *Abundanz_Klasse* eingetragen.

Art Vorgabe:

Art: Klasse: von: bis: verwenden Bemerkung:

Malus sylvestris	0	0	4	<input type="checkbox"/>	kein Genobjekt Malus sylvestris
Malus sylvestris	1	5	10	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	2	11	20	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	3	21	50	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	4	51	75	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	5	76	100	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	6	101	150	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	7	151	200	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	8	201	300	<input checked="" type="checkbox"/>	
Malus sylvestris	9	301	400	<input checked="" type="checkbox"/>	
▶ Malus sylvestris	10	401	9999999	<input checked="" type="checkbox"/>	

Datensatz: von 11

Abb. 3.6.1: Eingabemaske zur Festlegung der Abundanzklasse (Screenshot)

Tab. 3.6.1: Abundanzklassen Wild-Birne

Stufe	Individuenzahl
1	5 - 10
2	11 - 20
3	21 - 50
4	51 - 75
5	76 - 100
6	101 - 150
7	151 - 200
8	201 - 300
9	301 - 400
10	> 400

3.6.5 Altersstruktur

Die Altersstruktur der Vorkommen wurde über den Aufnahmeparameter „Durchmesserstufe“ nach Brusthöhendurchmesser (BHD) ermittelt (vgl. Kapitel 3.4). Um die Durchmesserstruktur der Vorkommen zu bewerten, wurde das Bewertungsschema der Vorgängerprojekte übernommen (Tab. 3.6.2). Für eine potentiell überlebensfähige Population wurde von einer pyramidalen Durchmesserstruktur mit großer Verjüngungsstufe ausgegangen. Je größer die Abweichung von dieser ist, desto ungünstiger erfolgte die Einstufung der Vorkommen.

Tab. 3.6.2: Definition der Alterstrukturqualitätsklassen (Mindestanteile der Durchmesserstufen)

Altersstruktur-Qualitätsklasse	BHD < 7cm	BHD 7 – 20 cm	BHD > 20 cm
sehr gut (1)	≥ 10 %	≥ 20 %	≥ 20 %
gut (2)	≥ 5 %	≥ 10 %	≥ 15 %
befriedigend (3)	≥ 5 %	≥ 5 %	≥ 0 %
schlecht (4)	(< 7cm + 7-20cm) ≥ 1 %		≥ 0 %
sehr schlecht (5)	≥ 0 %	≥ 0 %	≥ 0 %

Die Auswertung über die Datenbank erfolgte durch eine Berechnungsroutine nach oben genanntem Bewertungsschema. Anhand der Voreinstellungen (Abb. 3.6.2) ordnete die Datenbank (fgr_stamm_d.mdb) jedem Vorkommen die entsprechende Altersstrukturqualitätsklasse zu und gab diese über eine neu erstellte Spalte (AQS_F) in der Datenbanktabelle aus.

Abb. 3.6.2: Eingabemaske zur Bewertung der Altersstruktur mit Hilfe der Datenbank (Screenshot)

3.6.6 Naturverjüngung

Gegenüber den Erhebungen zu Schwarzpappel und den Ulmenarten wurde die Naturverjüngung modifiziert aufgenommen.

Zwingende Voraussetzung für die Anerkennung von Naturverjüngung war das Vorhandensein von Mutterbäumen. Eine *Ex-situ*-Anpflanzung wurde nicht als Verjüngung in diesem Sinne gewertet. Als Grenzhöhe der Verjüngung wurde drei Meter festgelegt, höhere Individuen wurden nicht als Verjüngung angesprochen, deren Erfassung erfolgte über die Durchmesserstufen. Der Anteil der Verjüngungsfläche an der Fläche des Genobjektes wurde eingestuft. Zur Beurteilung der weiteren Entwicklung der Naturverjüngung wurden die Anteile der Höhenstufen unter 1,5 m an der Fläche der gesamten Verjüngung geschätzt.

3.6.7 Vitalität

Um den Gesundheitszustand der Vorkommen beurteilen zu können, wurde bei der Kartierung, getrennt nach den drei Durchmesserstufen, die Vitalität der Bäume angesprochen (Tab. 3.6.3). In Bezug auf die Bewertung der Erhaltungsfähigkeit kommt dem Parameter Vitalität eine besondere Bedeutung zu.

Für jedes Vorkommen wurde die mittlere Vitalität aus den prozentualen Anteilen der einzelnen Durchmesserstufen berechnet. Die so errechnete „Gesamt vitalität“ eines Vorkommens, mit einem Wert zwischen 0 (vital) und 3 (absterbend), ermöglichte einen Vergleich der einzelnen Vorkommen untereinander. In der Datenbank „fgr_stamm_d.mdb“ wurden die errechneten Werte direkt in die Spalte *Vitalitaet* eingetragen.

Tab. 3.6.3: Ansprache der Vitalität (nach ROLOFF (2001))

Vitalitätsstufe		Sommer	Winter
0	vital		
1	geschwächt		
2	merklich geschädigt		
3	stark geschädigt, absterbend		
4	abgestorben		

3.6.8 Demografische Strukturen

Um die Altersstruktur der Vorkommen graphisch zu veranschaulichen, wurden Alterspyramiden anhand der aufgenommenen Durchmesserstruktur mit Hilfe des Programms „Excel“ (Microsoft® Office Excel 2003 SP3) erstellt. Mit dem Programm SPSS (IBM® SPSS®

Statistics 19) erfolgte dazu eine Zuordnung der verschiedenen vorkommenden Altersverteilungen über die Bildung von „hierarchischen Clustern“. Mit dieser Funktion wurden die Vorkommen mit ähnlichen Strukturen zusammengefasst und visualisiert.

3.6.9 Gesamtbewertung der Vorkommen (Erhaltungsfähigkeit)

Zur Gesamtbewertung der Vorkommen (Erhaltungsfähigkeit) wurden die Parameter Abundanzklasse, Altersstrukturqualitätsklasse und die durchschnittliche Vitalität verwendet. Wegen der besseren Vergleichbarkeit wurden die Parameter aus den Vorgängerprojekten übernommen (Tab. 3.6.4). In Tabelle 3.6.5 ist das Schema der Gesamtbewertung der Vorkommen (Erhaltungsfähigkeit) dargestellt.

Die Bewertung erfolgte von sehr gut (1) über gut (2), geschwächt (3) und bedroht (4) bis absterbend (5).

Tab. 3.6.4: Gesamtbewertung der Vorkommen (Erhaltungsfähigkeit)

Gesamtbewertung	Abundanzklasse	Altersstruktur- Qualitätsklasse	Durchschnittliche Vitalität
sehr gut (1)	≥ 7	≤ 1	< 1
gut (2)	≥ 6	≤ 2	1 – 1,49
geschwächt (3)	≥ 5	≤ 3	1,5 – 1,99
bedroht (4)	-	≤ 4	2 – 2,29
absterbend (5)	-	-	$\geq 2,3$

In die Datenbank konnten die vorab definierten Parameter direkt eingegeben werden (Abb. 3.6.3). Die berechnete Erhaltungsfähigkeit wurde in einer neuen Spalte der Auswertedatenbank für jedes Genobjekt ausgewiesen (dort noch als Erhaltungswürdigkeit bezeichnet).

ERW_P	Kurz	Erhaltungswürdigkeit	Sort	Bemerk.	Abundanz- klasse Min.	Altersstruktur- klasse Min.	Vitalitaet Minimal	Vitalitaet Maximal
1	shr. gt.	sehr gut	10		7	1	0	1
2	gut	gut	20		6	2	1	1,4999
3	geschw.	geschwächt	30		5	3	1,5	1,9999
4	bedroht	bedroht	40		0	5	2	2,2999
5	absterb.	absterbend	50		0	9	2,3	3
9	k.E.	-	90	keine Eingab			0	

Datensatz: 6 von 6

Abb. 3.6.3: Eingabemaske zur Gesamtbewertung der Vorkommen (Screenshot)

Tab. 3.6.5: Schematische Darstellung der Gesamtbewertung eines Vorkommens (*In-situ*-Erhaltungsfähigkeit)

AK	AQK	Durchschnittliche Vitalität				Erhaltungsfähigkeit
		0	1	2	3	
10 9 8 7	<=1					sehr gut
10 9 8 7 6	<=2					gut
10 9 8 7 6 5	<=3					geschwächt
10 9 8 7 6 5 4 3 2 1	<=4					bedroht
10 9 8 7 6 5 4 3 2 1	<=4					absterbend

AK: Abundanzklasse; AQK: Altersstrukturqualitätsklasse

3.6.10 Kerneldichte

Zur zusammenfassenden graphischen Darstellung der deutschlandweit gewonnenen Ergebnisse sowie zum Auffinden von Regionen mit Schwerpunktorkommen wurde eine Berechnung der Kerneldichte unter Verwendung einer von BORNHANN & WALTMAN (2011) programmierten Open-Source-Software durchgeführt. Als Eingabeparameter wurden die Koordinaten sowie als Faktor für die Gewichtung die Individuenzahl eines Generhaltungsobjektes genutzt. Um die Ergebnisse nicht zu verzerren, wurden individuenreiche *Ex-situ*-Bestände (Samenplantagen) von der Berechnung ausgeschlossen. Die Berechnung erfolgt aufgrund folgender theoretischer Grundlage: Eine glatte gekrümmte Oberfläche wird über jeden Punkt einer Rasterkarte der Vorkommen angebracht. Der Oberflächenwert ist an der Punktposition entsprechend dem Wert (Individuenanzahl) am größten und nimmt innerhalb des Suchradius mit zunehmendem Abstand zum Mittelpunkt bis zum Wert Null ab. Als Radius wurde 3 km gewählt. Das Volumen unter der gekrümmten

Oberfläche entspricht dem Wert für einen Punkt. Die Dichte jeder Ausgabe-Rasterzelle wird berechnet, indem die Werte aller Oberflächen, die den Mittelpunkt einer Zelle tangieren, addiert werden.

Als Ausgabe erhält man eine Rasterkarte, deren Punktwerte sich mittels GIS klassifizieren lassen. Über eine abgestufte Einfärbung der gebildeten Klassen ergibt sich daraus eine „Dichtekarte“, auf der die Genobjekte zu größeren Einheiten (Vorkommensschwerpunkte) verschmelzen. Erstellt wurden drei Karten:

- Kernaldichte mit Berücksichtigung der Baumzahl
- Kernaldichte ohne Berücksichtigung der Baumzahl
- Kernaldichte mit Berücksichtigung der Baumzahl pro Hektar Genobjektfläche

3.7 Genetische Charakterisierung

3.7.1 Untersuchungsstrategie

Ziel der genetischen Untersuchung war (1) die Absicherung der taxonomischen Zuordnung als Wild-Birne. Individuen, die nicht als Wild-Birne angesehen werden können, wurden von der in einem zweiten Schritt vorgenommenen populationsgenetischen Charakterisierung ausgeschlossen. Die genetische Charakterisierung sollte darüber hinaus (2) einen Überblick über die genetische Variabilität der Wild-Birne innerhalb und zwischen den Populationen in Deutschland ermöglichen. Daraus sollen Hinweise für Maßnahmen zur Erhaltung dieser bedrohten Baumart abgeleitet werden. Als genetische Marker wurden sechs Kern-Mikrosatelliten verwendet.

3.7.2 Untersuchungsmaterial

Mit der Probenanalyse wurde das Labor der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt (NW-FVA) in Hann. Münden beauftragt. Im Rahmen der Finanzplanung des Projekts ergab sich auf Basis des Angebots der NW-FVA eine Zahl von etwa 850 möglichen Proben. Bei rund 20-30 Proben je Genobjekt entspricht dies 30 bis 40 zu untersuchenden Vorkommen. Um eine punktuelle Spitzenbelastung des Labors zu vermeiden, sollten etwa 70 % des Gesamtprobenumfangs im Spätsommer 2011 und die restlichen 30 % im Frühjahr 2012 gewonnen werden. Für die Projektkoordination bestand somit auch die Option, sich mit den Ergebnissen der Probennahme 2011 kritisch auseinander zu setzen und die Probennahme 2012 ggf. anzupassen. Aufgrund von Verzögerungen bei der Probenanalyse konnte diese Option jedoch nicht realisiert werden.

Die zu untersuchenden Vorkommen wurden von der Projektkoordination in Absprache mit der Gesamtprojektleitung festgesetzt. Ausgewählt wurden individuenreiche Populationen, die sich durch hohe Vitalität und geringe Wahrscheinlichkeit der Beeinflussung durch Kultursorten auszeichneten. Die Datenbank wurde gezielt nach Vorkommen mit diesen Kriterien abgefragt. Zusätzlich hielt die Projektkoordination Rücksprache mit den verschiedenen Kartierern in den einzelnen Bundesländern, die aus ihrer Sicht besonders geeignete Vorkommen für die Untersuchung vorschlagen konnten. Allgemein erschien es sinnvoll, „wertvolle“ Vorkommen mit einer hohen Wahrscheinlichkeit für die Wildform durch die Analyse zu überprüfen. Bevorzugt ausgewählt wurden große, potenziell wildnahe

Vorkommen an den Grenzen und im Zentrum des Verbreitungsgebietes. Alle Bundesländer mit Vorkommen sollten gleichverteilt vertreten sein.

Nach Vorgabe des Labors sollten pro Genobjekt 15 bis 30 vitale Individuen möglichst verteilt über das gesamte Genobjekt beprobt werden. Alle Probebäume wurden dabei dauerhaft gekennzeichnet und ihre räumlichen Koordinaten aufgenommen. Pro Baum waren drei bis vier grüne Blätter zu gewinnen und diese oberflächlich trocken per Post in einem Umschlag mit der Nummer des Genobjektes und der Nummer des Probebaumes an das Labor einzusenden.

Insgesamt wurden der NW-FVA 904 Proben einzelner Individuen von 39 Vorkommen aus 12 Bundesländern (alle mit Ausnahme der Stadtstaaten und Schleswig-Holstein) zur Verfügung gestellt (Tab. 3.7.1).

Eine Übersicht über die geografische Lage der erfassten und der genetisch untersuchten Vorkommen zeigt Abbildung 3.7.1.

Tab. 3.7.1: Genetisch charakterisierte Vorkommen der Wild-Birne

BL	Bez.	GO Nr.	GO Name	Proben	Probennahme	Größe (Ind.)	Größe (ha)
BB	BB-01	170	Rassmannsdorfer Werder	32	2011	107	180
BB	BB-02	16	Müllerberge	15	2011	250	103,8
BB	BB-03	14	Parsteiner See	33	2011	648	3051,7
BB	BB-04	90	Kasel-Golzlig	15	2011	11	2
BB	BB-05	3	Dannewitz	15	2012	87	24
BB	BB-06	33	Paulinenaue	18	2012	18	200
BB	BB-07	13	Märkische Schweiz	20	2012	1347	10437
BW	BW-1	60	Schwarzwald	10	2011	28	12
BW	BW-2	37,38,39	Küssaberg	30	2011	67	2000
BW	BW-3	646	Uttingshof	17	2012	150	1,5
BY	BY-1	11	Kitzingen	30	2011	345	330
BY	BY-2	13	Uffenheim	30	2011	760	87
HE	HE-1	1	Kühkopf	24	2011	140	1985,2
HE	HE-2	2	Weißehöll	15	2011	85	107,2
MV	MV-1	2	Rügen	21	2011	10	20
MV	MV-2	12	Feldberg	17	2011	66	3
MV	MV-3	n.n.	Insel Vilm	30	2012	766	90
MV	MV-4	n.n.	Gädebehn, Feuerbahn	24	2012	n.n.	n.n.
MV	MV-5	6	Gädebehn, Baumschule	30	2012	60	0,3
MV	MV-6	5	Nossentiner Heide	15	2011	77	17
MV	MV-7	13	NP Müritz	26	2012	36	1,2
MV	MV-8	n.n.	Rügen	24	2011	24	7,8
NI	NI-1	8	Ölper Wald	16	2011	27	32,6
NI	NI-2	9	Siebenbergen	23	2011	40	17,7
NW	NW-1	12,13,14	Beckum	26	2012	15	6
NW	NW-2	7,8,9,10	Mechernich	41	2012	14	5
RP	RP-1	3	Hördt	15	2011	17	1,5
RP	RP-2	6	Virneburg	7	2011	7	1
SL	SL-1	2	Tholey	13	2011	8	0,2
SN	SN-1	3	Voigts Busch	30	2011	94	0,4
SN	SN-2	4	Seydewitz	30	2011	55	0,4
ST	ST-1	14	Altmark	31	2012	110	167,3
ST	ST-2	1	Hakel	30	2011	110	134,8
ST	ST-3	5	Großer Busch	30	2011	1010	402,5
ST	ST-4	6	Steckby	30	2011	75	127,5
TH	TH-1	20	Marienquell	30	2011	87	50,5
TH	TH-2	21	Filsberg	30	2011	30	77
TH	TH-3	37	Hörselberg	16	2011	26	8
TH	TH-4	26	Ostramonda	20	2011	208	9
TH	TH-5	47	Staufhain	20	2012	36	4,5

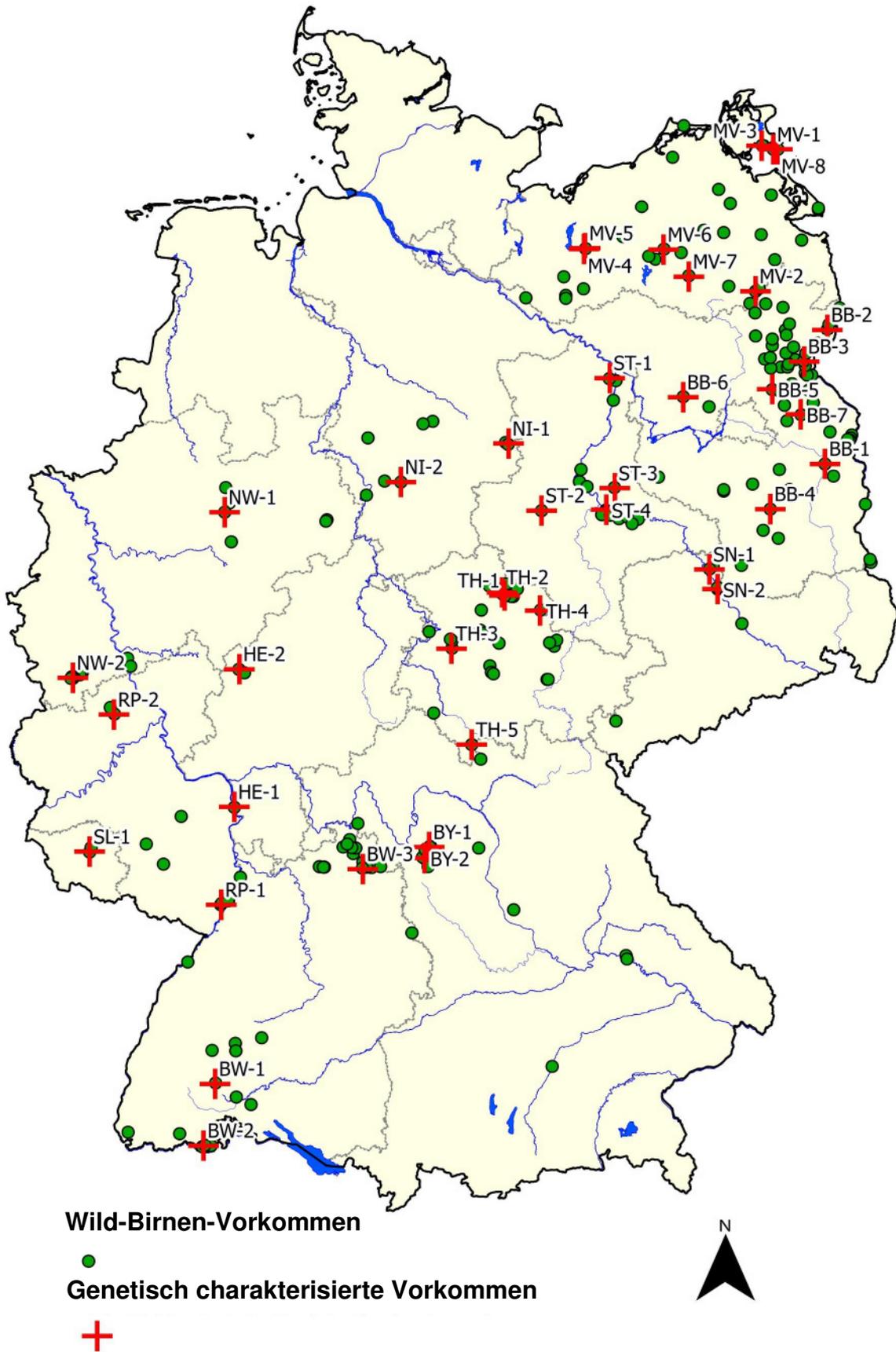


Abb. 3.7.1: Übersicht der Vorkommen der Wild-Birne, die im Rahmen des Projektes biochemisch-genetisch untersucht wurden

3.7.2 Genetische Untersuchungsmethode

Zunächst wurde die DNA nach einem Standardprotokoll aus gefriergetrocknetem Blattmaterial extrahiert. Im Anschluss daran wurden die Polymerase-Kettenreaktionen (PCRs) durchgeführt. Die verwendeten Primer sind in Tab. 3.7.2 aufgelistet.

Tab. 3.7.2: Untersuchte Kern-Mikrosatelliten-Genorte mit den in der Literatur angegebenen Fragmentlängenbereichen (bp)

PCR	Genort	Primer-Sequenz [5'-3']	(bp)	Literatur
MP1	ch01h10	F: TGCAAAGATAGGTAGATATATGCCA R: AGGAGGGATTGTTTGTGCAC	88-147	GUILFORD et al. (1997) GIANFRANCESCHI et al. (1998)
	mss05	F: CCCCAACAACATTTTTCTCC R: CCTCTCGCTCTTTGCCTCT	130-146	OUDDOU-MURATORIO et al. (2001)
	ch01f02	F: ACCACATTAGAGCAGTTGAGG R: CTGGTTTGTTCCTCCAGC	153-227	GUILFORD et al. (1997) GIANFRANCESCHI et al. (1998)
MP2	ch02d12	F: AACCAGATTTGCTTGCCATC R: GCTGGTGGTAAACGTGGTG	175-219	GUILFORD et al. (1997) GIANFRANCESCHI et al. (1998)
	empc116	F: TTTTGTGGATGTGAATTCTTGG R: CTGATCATAGCTGGCTAAGGTG	144-170	FERNÁNDEZ-FERNÁNDEZ et al. (2006)
	ms14h03	F: CGCTCACCTCGTAGACGT R: ATGCAATGGCTAAGCATA	114-140	LIEBHARD et al. (2002)

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

3.7.4 Unterscheidung von Arten und von Wild- und Kulturbirne

Die Erfahrung zeigt, dass unter Feldbedingungen Wild-Apfel und Wild-Birne nicht immer sicher auseinander gehalten werden und teilweise auch sympatrisch vorkommen. Da im Rahmen des Projektes auch genetische Untersuchungen an Wild-Apfel durchgeführt wurden, konnten Proben, die bei der Untersuchung nach dem Birnen-Protokoll nicht auswertbar waren oder nur sehr unklare Darstellungen lieferten, auf ihre Zugehörigkeit zur Gattung *Malus* getestet werden. Dazu wurde bei Verdacht auf eine vorliegende Apfelprobe ein zusätzlicher apfelspezifischer Marker (gd162 nach HOKANSON et al. 2001) eingesetzt, um die Zuordnung zur Gattung *Malus* zu verifizieren. Gleichermaßen wurden als Wild-Apfel angelieferte Proben, die nicht als Apfel analysierbar waren, auf ihre Artzugehörigkeit zur Gattung *Pyrus* untersucht. Dadurch konnten „Irrläufer“ unter den geworbenen Proben richtig zugeordnet werden.

Die Methode der genetischen Unterscheidung von Wild- und Kulturbirnen folgte der für Wild-Apfel beschriebenen Methode von KLEINSCHMIT et al. (2011). Dabei wurde zunächst eine *A-priori*-Aufteilung von Kollektiven vorgegeben. Die im Rahmen des Projektes geworbenen und als Birne identifizierten Proben wurden grundsätzlich dem Wild-Birnen-Kollektiv zugeordnet.

Als Referenz für die Kultursorten stand zunächst eine Gruppe von 27 Kulturbirnen an der NW-FVA zur Verfügung. Um die Datengrundlage auf Seiten der Kulturbirne zu verbessern, wurde das bei der NW-FVA vorhandenen Referenzkollektiv von 27 Kulturbirnen noch um 50 weitere, bislang nicht als Referenz verfügbare Kulturbirnen ergänzt. Diese wurden freundlicherweise von der auf alte Obstsorten spezialisierten Baumschule Pflanzlust aus Wolfhagen-Nothfelden zur Verfügung gestellt.

Das Modul „population assignment“ des Programms GenAIEx 6 (PEAKALL und SMOUSE 2006) errechnete für jedes Individuum die Wahrscheinlichkeit, zu einer der beiden vorgegebenen Gruppen zu gehören. Untersuchungsproben, die in den Bereich der Kultursorten fielen, wurden als kulturnah, die anderen als Wild-Birne klassifiziert.

3.7.5 Bildung der Auswertungskollektive

Nur die als wildnah eingeschätzten Individuen wurden in die weitere populationsgenetische Charakterisierung übernommen. Alle als Kulturformen oder kulturnah eingestuft Proben sowie diejenigen, die nicht der Gattung *Pyrus* zuzuordnen waren, wurden damit von der weiteren Analyse ausgeschlossen. Bei der Trennschärfe zwischen wildnah und kulturnah wurde eine gemäßigte Form der Trennung gewählt, die immerhin noch etwa 19 % der untersuchten Birnen als kulturnah einstufte (s. u.).

Grundsätzlich sind die Auswertungskollektive durch die Beprobung bereits vorgegeben. Allerdings sind für sinnvolle Aussagen auf Populationsebene Mindestzahlen erforderlich. Die Untergrenze wurde im vorliegenden Bericht auf 10 Individuen festgelegt. Wenn diese Schwelle nicht erreicht werden konnte, wurden diese Vorkommen nicht mehr einzeln untersucht. Die Individuen konnten aber für die allgemeine genetische Charakterisierung der Wild-Birne dennoch verwendet werden.

Ähnliches gilt für Wild-Birnen, die bei der Analyse von Apfelvorkommen entdeckt wurden. Hier wurde geprüft, ob darunter Populationen ausreichender Größe sind, die dann zusätzlich in die Auswertung aufgenommen werden konnten. Außerdem wurde geprüft, ob diese zusätzlichen Individuen einem bereits bestehenden Erhaltungsobjekt in unmittelbarer Nähe zugeordnet werden können. Wenn beides nicht möglich war, ließen sich diese Einzelvorkommen dennoch für die allgemeine genetische Charakterisierung der Wild-Birne verwenden.

3.7.6 Populationsgenetische Auswertungsmethoden

Die Auswertungen beschränkten sich auf allelische Häufigkeiten und Verteilungen. Dabei wurden sowohl Einzellocus-Betrachtungen als auch Multilocus-Betrachtungen über alle sechs Genorte hinweg angestellt.

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

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

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

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

Genetischer Abstand und Differenzierung: Als Maß für die genetische Unterschiedlichkeit zweier Deme wurde der genetische Abstand d_0 verwendet. Er ist die Summe der Häufigkeitsunterschiede aller genetischer Varianten (Allele) an einem Genort zwischen zwei Demen. Er kann für einzelne Genorte oder als durchschnittlicher Abstand für mehrere Genorte angegeben werden. Mit dem genetischen Abstand d_0 wurden auch weitere populationsgenetische Kenngrößen berechnet, so die genetische Differenzierung D_j (der genetische Abstand zwischen einer Population und dem aus allen anderen Populationen gebildeten Kollektiv) und die Subpopulationsdifferenzierung δ (mittlere genetische Differenzierung aller Populationen). Bei der Differenzierung stellte sich die Frage, wie die Häufigkeiten im jeweiligen Komplement ermittelt werden: entweder werden die einzelnen Populationen gleich gewichtet oder die Gewichtung erfolgt gemäß ihrer Populationsgröße (größere „Teilpopulationen“ tragen stärker zur Ausprägung des Gesamtkollektivs bei als kleinere). Da bei der vorliegenden Beprobung davon ausgegangen wurde, dass die unterschiedliche Stichprobenzahl mit unterschiedlichen Populationsgrößen einhergeht, wurde hier bei der Differenzierungsberechnung eine Gewichtung nach der Stichprobengröße vorgenommen.

In einem UPGMA-Dendrogramm (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) wurden die Vorkommen auf Basis ihrer paarweisen genetischen Abstände gruppiert. Für die grafische Darstellung wurde ein frei verfügbares Programm von EDWARDS (2012, <http://bioware.soton.ac.uk/upgma.html>) verwendet.

Die Auswertung und Berechnung der genannten Maße erfolgte mittels der Software GSED v. 3.0 (GILLET 2010).

3.8 Statistische Auswertungen

Für die Veranschaulichung und Beschreibung bestimmter Sachverhalte wurden Daten nach statistischen Verfahren ausgewertet. Da einige Datensätze eine sehr große Spannweite aufweisen, ist die alleinige Verwendung von arithmetischen Mittelwerten nicht immer zielführend. Bei einigen Graphiken wurde daher die Darstellung mittels „Box Plot and Whisker“ gewählt. Dort sind neben dem Median (50 % der Datenwerte) das untere Quartil (25 % der Datenwerte), das obere Quartil (75 % der Datenwerte), der untere „Whisker“ (97,5 % - Quantil), der obere „Whisker“ (97,5 % - Quantil) sowie obere und untere Ausreißer enthalten. Eine Übersicht zur Erklärung der in dieser Art der Darstellung verwendeten Elemente gibt Abbildung 3.8.1.

Für die Vergleichbarkeit der Erhebungen zwischen den einzelnen Bundesländern ist ein Bezug zur Landesfläche sinnvoll. Tabelle 3.8.1 gibt eine Übersicht der verwendeten Kürzel zu den Bundesländern sowie über die für die Berechnungen genutzten Flächengrößen.

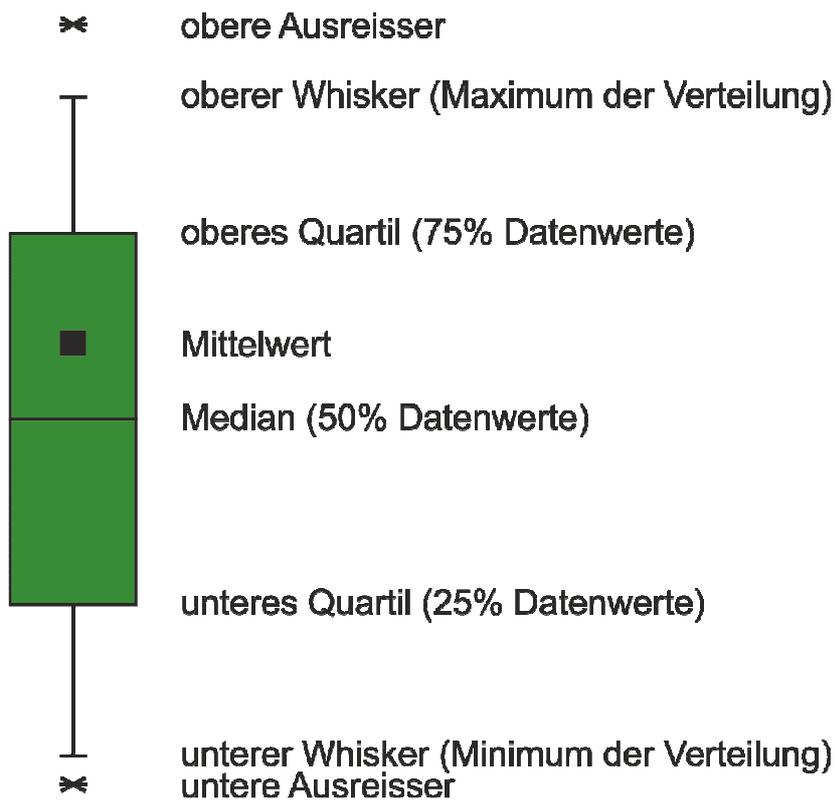


Abb. 3.8.1: Schematische Darstellung eines Box Plot and Whisker-Diagrammes

Tab. 3.8.1: In Graphiken und Tabellen verwendete Abkürzungen, sowie die für Berechnungen verwendeten Landesflächen

Abkürzung	Bedeutung	Fläche (km ²)
BB	Brandenburg	29.483,1
BW	Baden-Württemberg	35.751,5
BY	Bayern	70.550,1
HE	Hessen	21.114,9
MV	Mecklenburg-Vorpommern	23.190,8
NI	Niedersachsen	47.612,9
NW	Nordrhein-Westfalen	34.092,3
RP	Rheinland-Pfalz	19.854,1
SH	Schleswig-Holstein	15.799,3
SL	Saarland	2.568,8
SN	Sachsen	18.419,7
ST	Sachsen-Anhalt	20.449,5
TH	Thüringern	16.172,5
DE	Deutschland	355.059,3

In den Bundesländern Berlin, Bremen und Hamburg sind keine Vorkommen erfasst worden, sie sind daher in den Darstellungen nicht berücksichtigt.

4 Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

Das folgende Kapitel stellt die Inventurergebnisse bezüglich der Gesamtzahl der Vorkommen und Individuen, der Vitalität und den Verjüngungsanteilen sowie den Eigentumsverhältnissen und dem Schutzstatus vor. Aus der Gesamtbetrachtung dieser Parameter ergibt sich die „Erhaltungsfähigkeit“ eines Vorkommens als abschließende Bewertung.

Die genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen sollte zum einen die Abgrenzung von der Wildform zur Kulturform ermöglichen, und zum anderen genetische Variationen innerhalb sowie zwischen den verschiedenen Populationen (regionale Unterschiede) überprüfen.

4.1 Baumzahl, Anzahl und Lage der Vorkommen

Im gesamten Bundesgebiet wurden 227 Vorkommen der Wild-Birne mit insgesamt 15.734 Individuen nachgewiesen (mit *Ex-situ*-Beständen). Diese Zahlen stellen jedoch nur einen annähernden Wert dar, da es nicht möglich war alle Individuen bzw. Vorkommen zu erfassen und die Individuenanzahl größerer Bestände nur geschätzt werden konnte. Zudem muss von einer „Dunkelziffer“ kulturbestimmter Individuen ausgegangen werden, so dass gerade bei den großen Vorkommen die Anzahl tatsächlich „wilder“ Individuen niedriger sein kann. Die absolute Individuenanzahl in den Bundesländern kann auch dadurch höher liegen als in Tab. 4.1.1 angegeben, dass Vorkommen mit weniger als fünf Individuen im Rahmen des Projektes nicht erfasst wurden. Bei den genetisch charakterisierten Vorkommen wurde die Individuenanzahl bei Vorhandensein von kulturnahen Individuen prozentual korrigiert und in den folgenden Abbildungen, Tabellen und Berechnungen berücksichtigt.

Tabelle 4.1.1 fasst die Eckdaten der kartierten Vorkommen zusammen. Neben Anzahl der Vorkommen, Anzahl der Individuen und Gesamtfläche der Vorkommen je Bundesland sind die Anzahl der Individuen pro Hektar der Fläche des Genobjektes, die Anzahl der Vorkommen pro 1.000 km² Bundeslandfläche sowie die Anzahl der Individuen pro 1.000 km² Bundeslandfläche angegeben.

Tab. 4.1.1: Zusammenfassende Darstellung der Vorkommen über alle Bundesländer (ohne *Ex-situ*-Bestände)

BL	Anzahl Vorkommen	Anzahl Individuen	Gesamtfläche (ha)	Ind./ha Fläche des Vorkommens	Vorkommen/1.000 km ² Landesfläche	Individuen/1.000 km ² Landesfläche
BB	61	5785	56652,4	0,1	2,1	196,2
BW	36	870	626,5	1,4	1,0	24,3
BY	15	1833	864,0	2,1	0,2	26,0
HE	3	213	2144,8	0,1	0,1	10,1
MV	29	1594	74,4	21,4	1,3	68,7
NI	9	187	198,7	0,9	0,2	3,9
NW	15	102	38,5	2,6	0,4	3,0
RP	5	44	11,1	4,0	0,3	2,2
SH	0	0	0,0	0,0	0,0	0,0
SL	2	19	0,6	31,7	0,8	7,4
SN	6	158	1,2	131,7	0,3	8,6
ST	16	2730	6480,1	0,4	0,8	133,5
TH	24	601	354,4	1,7	1,5	37,2
DE	221	14136	67446,7	0,2	0,6	39,8

4.1.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Bundesländern

Die Abbildungen 4.1.1 und 4.1.2 zeigen die Anzahl der Vorkommen sowie die Anzahl der Individuen der Wild-Birne in den einzelnen Bundesländern. Um die natürlichen Verhältnisse nicht zu verzerren, wurden die *Ex-situ*-Bestände nicht mit berücksichtigt. Hierbei handelt es sich zumeist um Samenplantagen mit sehr hohen Individuenzahlen auf kleinen Flächen.

Die mit Abstand meisten Vorkommen der Wild-Birne liegen in Brandenburg, gefolgt von Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern und Thüringen. Hessen, Sachsen und das Saarland verfügen über sehr wenige Vorkommen. In Schleswig-Holstein wurden keine Vorkommen der Wild-Birne gefunden.

Auch bei der Individuenanzahl liegt Brandenburg weit vor den anderen Bundesländern, gefolgt Sachsen-Anhalt und Bayern. Sehr wenige Individuen befinden sich in Hessen, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Sachsen und dem Saarland.

Abbildung 4.1.3 zeigt die kartierten Genobjekte der Wild-Birne in den einzelnen Bundesländern getrennt nach Häufigkeit der Vorkommen und der Anzahl der Individuen. Hier werden die weiter oben genannten Beziehungen zwischen Anzahl der Vorkommen und Anzahl der Individuen graphisch dargestellt. Die Bundesländer wurden entsprechend ihrer Anzahl der Vorkommen eingestuft und flächig eingefärbt. Ein Balkensymbol weist mit seiner proportionalen Größe auf die Anzahl der Individuen hin.

Die exakte geographische Lage der erfassten Genobjekte ist in Abbildung 4.1.4 dargestellt. Über verschieden große Punktsymbole werden die Genobjekte klassifiziert nach der Individuenanzahl dargestellt. Zur besseren Deutung wurden *Ex-situ*-Bestände zusätzlich mit einem roten Stern gekennzeichnet.

Ein Großteil der Vorkommen zieht sich als Diagonale von Südwesten nach Nordosten. Im Nordwesten und im Südosten Deutschlands befinden sich dagegen relativ wenige Vorkommen. Die Wild-Birne ist in Schleswig-Holstein, Berlin, Bremen und Hamburg nicht vorgefunden worden. Eine große Anzahl von *Ex-situ*-Beständen wurde in den Bundesländern Thüringen und Rheinland-Pfalz angelegt.

Klumpungen von Vorkommen der Wild-Birne befinden sich im Nordosten Brandenburgs, in Sachsen-Anhalt im Bereich der Elbe, im Nordwesten Bayerns und im Nordosten Baden-Württembergs. Besonders erwähnenswert ist ein Vorkommen der Wild-Birne auf der Insel Vilm in Mecklenburg-Vorpommern mit ca. 800 Individuen.

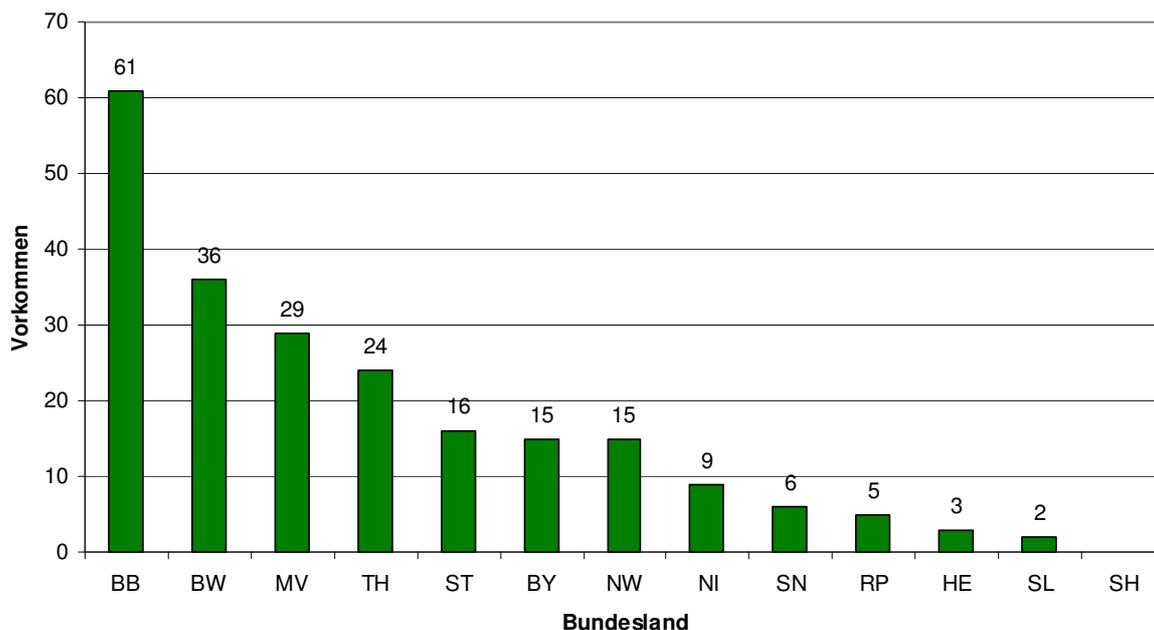


Abb. 4.1.1: Anzahl der Vorkommen der Wild-Birne in den einzelnen Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

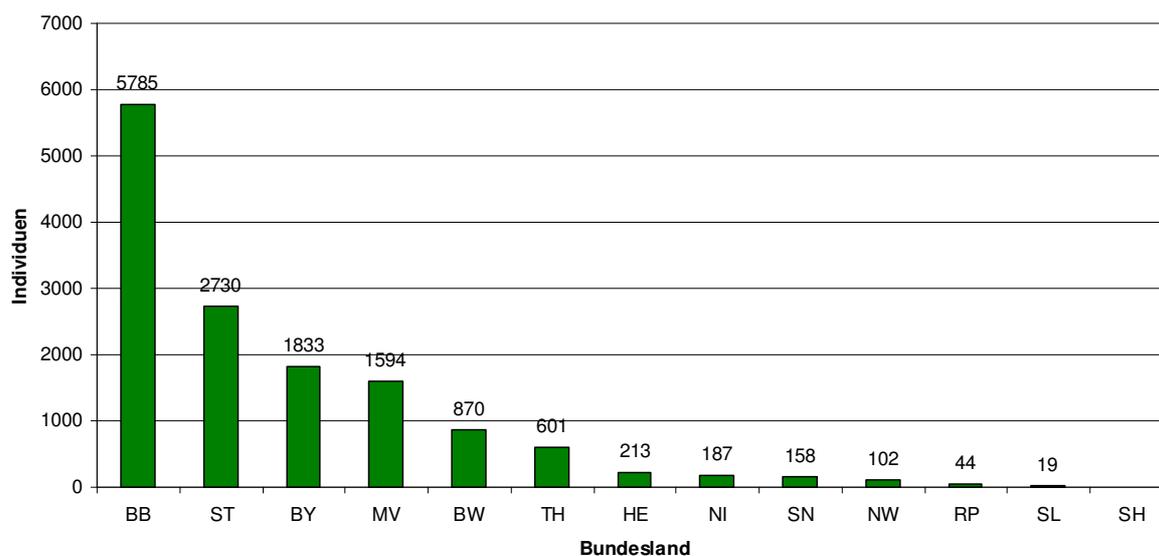


Abb. 4.1.2: Anzahl der Individuen der Wild-Birne in den einzelnen Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

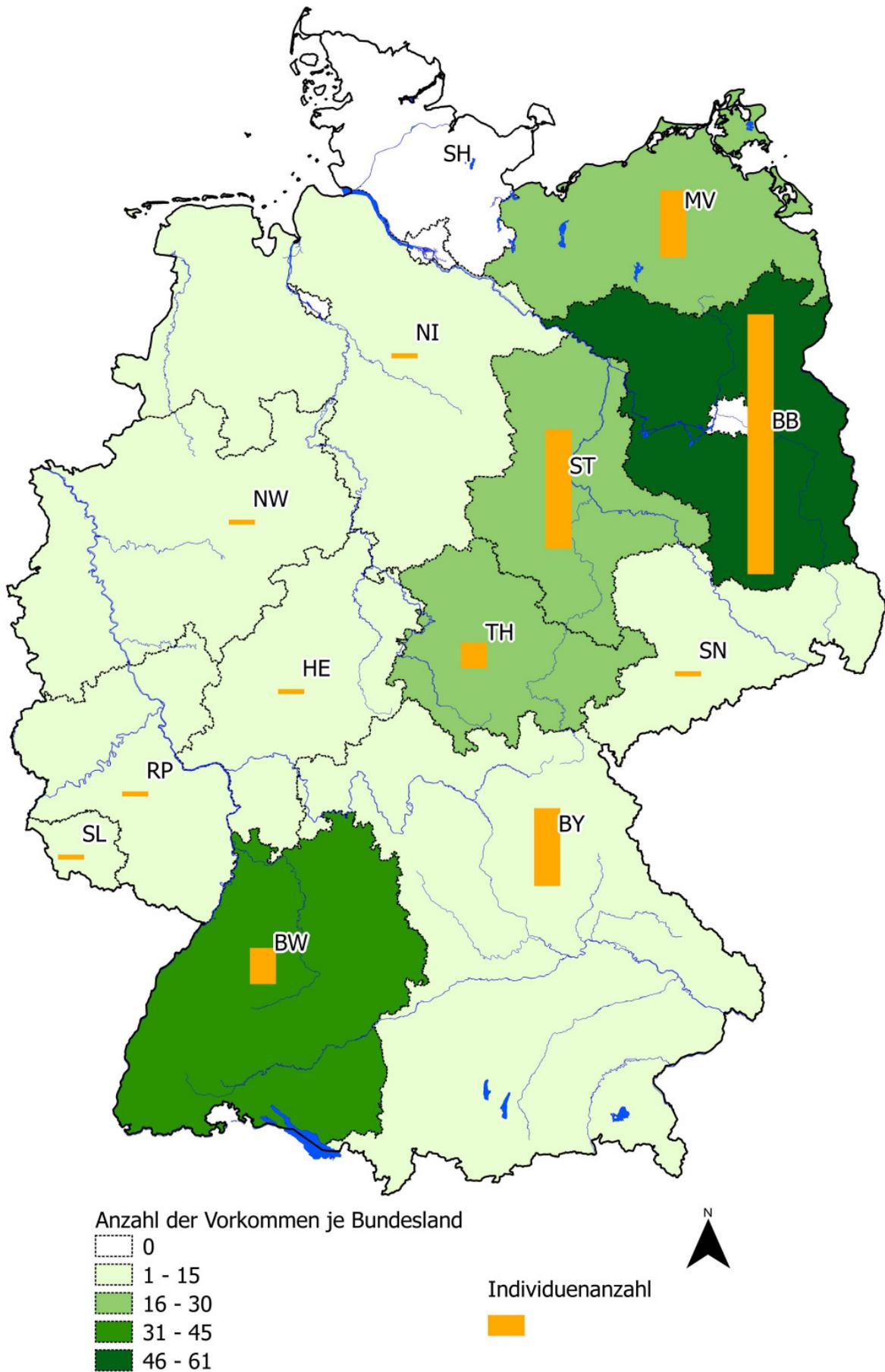


Abb. 4.1.3: Anzahl der Vorkommen und Individuenanzahl (ohne *Ex-situ*-Bestände) der Wild-Birne in den Bundesländern

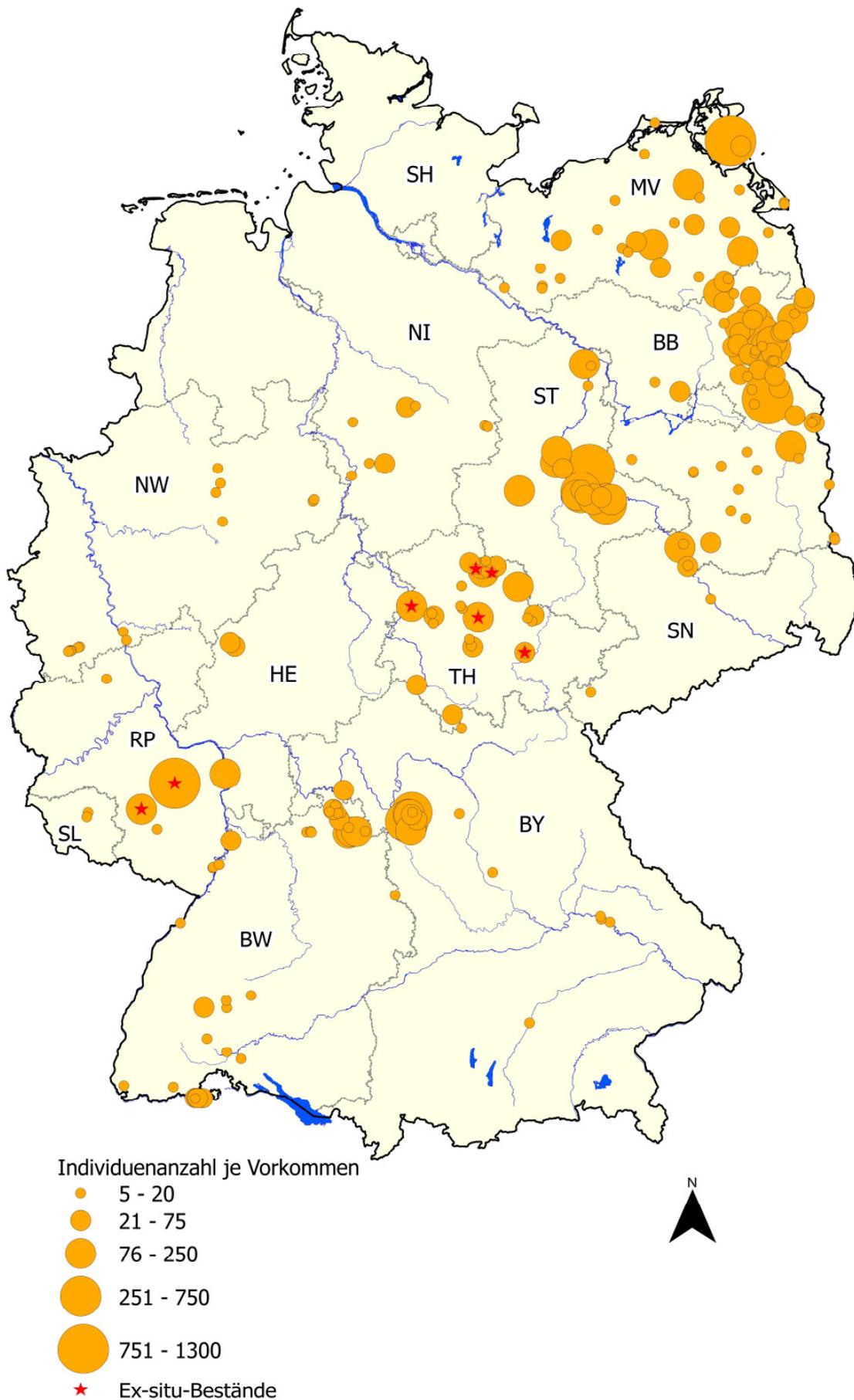


Abb. 4.1.4: Geographische Lage der Vorkommen der Wild-Birne, klassifiziert nach der Individuenanzahl

Einen besseren Vergleich der einzelnen Bundesländer erzielt man unter Berücksichtigung der Landesfläche. Berechnet wurden dazu die Anzahl der Vorkommen sowie die der Einzelindividuen pro 1.000m² Bundeslandfläche (Abbildungen 4.1.5 und 4.1.6).

Die Wild-Birne weist die höchste Vorkommensdichte mit etwa 2,1 Vorkommen je 1.000 km² Bundeslandfläche in Brandenburg auf, gefolgt von Thüringen und Mecklenburg-Vorpommern. Im Saarland und in Sachsen-Anhalt liegt der Wert bei etwa 0,8 Vorkommen. Die übrigen Bundesländer fallen mit Werten unter 0,5 Vorkommen je 1.000 km² Landesfläche dahinter zurück.

Mit knapp 200 Individuen je 1.000 km² verfügt Brandenburg über den höchsten Wert, gefolgt von Sachsen-Anhalt mit etwa 130 Individuen, Mecklenburg-Vorpommern mit ca. 70 Individuen und Thüringen mit knapp 40 Individuen. In den übrigen Bundesländern liegen die Werte jeweils bei 25 Individuen und weniger.

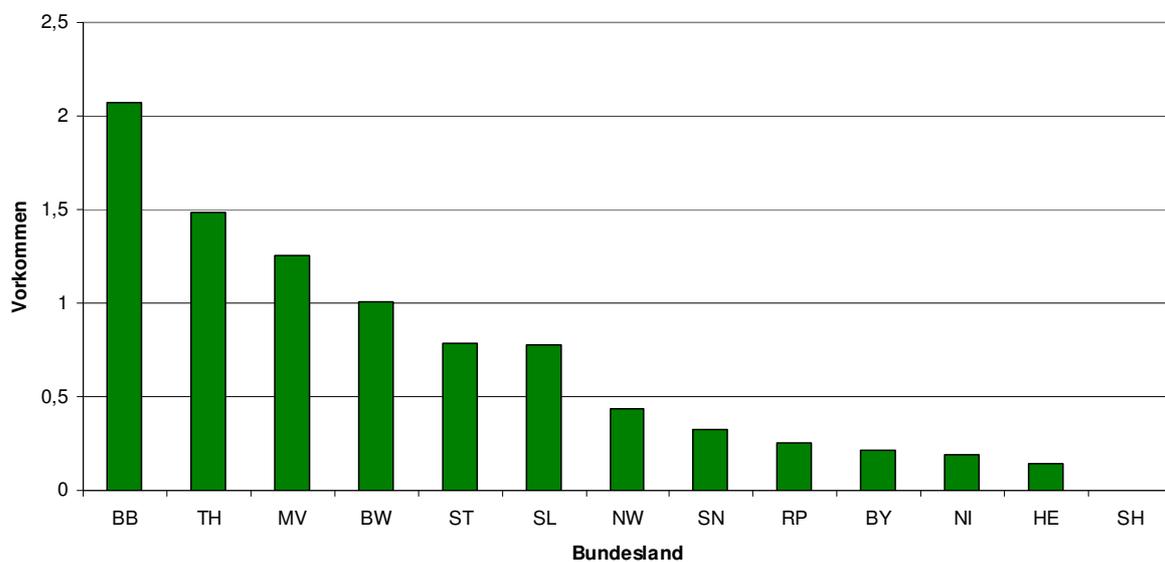


Abb. 4.1.5: Anzahl der Vorkommen der Wild-Birne je 1.000 km² Landesfläche (ohne *Ex-situ*-Bestände)

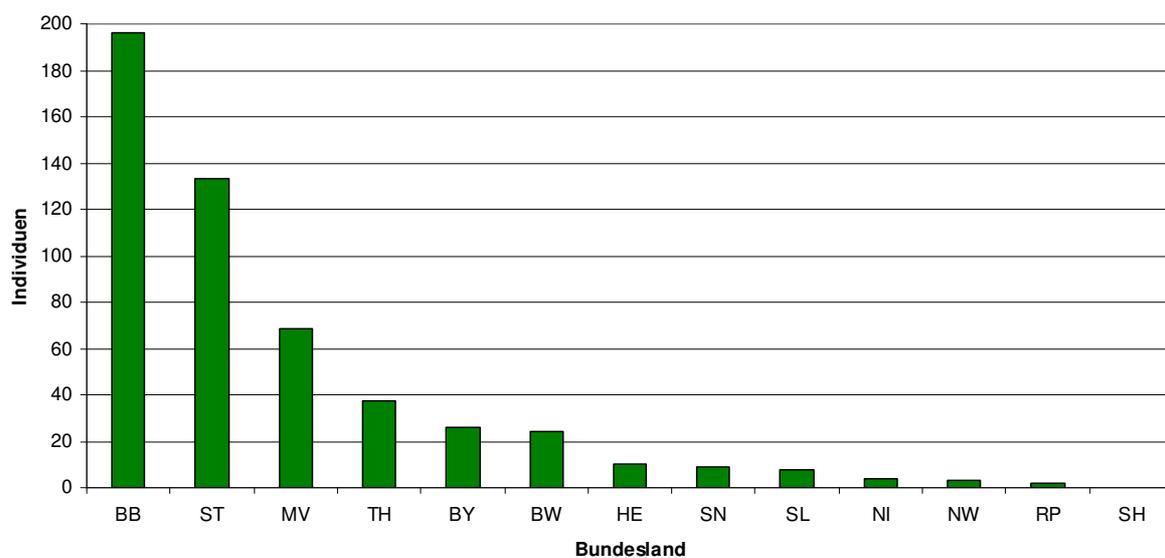


Abb. 4.1.6: Anzahl der Individuen der Wild-Birne je 1.000 km² Landesfläche (ohne *Ex-situ*-Bestände)

4.1.2 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten

Die Häufigkeit der Vorkommen in den verschiedenen Wuchsgebieten ist in der Abbildung 4.1.7 dargestellt. Eine Übersicht mit exakten Zahlen einschließlich *Ex-situ*-Beständen ist Tabelle 4.1.2 zu entnehmen.

Die meisten Vorkommen der Wild-Birne (24) befinden sich im Wuchsgebiet Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland gefolgt von 18 Vorkommen im Wuchsgebiet Nordostbrandenburger Jungmoränenland. Mittlere Häufigkeiten der Vorkommen findet man in den Wuchsgebieten Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland, Mittelbrandenburger Talsand- und Moränenland und Fränkische Platte. Die größte Gruppe bilden Wuchsgebiete mit einer Häufigkeit von 1 bis 10 Vorkommen. In 40 von 82 Wuchsgebieten wurden keine Vorkommen der Wild-Birne vorgefunden.

Tab. 4.1.2: Anzahl der Vorkommen und Anzahl der Individuen der Wild-Birne in den Wuchsgebieten

Nr.	Wuchsgebiet	Vorkommen	Individuen
1	Schleswig-Holstein Nordwest	0	0
2	Jungmoränenlandschaft Schleswig-Holstein Ost / Nordwest-Mecklenburg	0	0
3	Schleswig-Holstein Südwest	0	0
4	Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland	0	0
5	Ostholsteinisch-Westmecklenburger Jungmoränenland	6	194
6	(Mittel-) Mecklenburger Jungmoränenland	6	275
7	Ostmecklenburg-Vorpommersches Jungmoränenland	7	461
8	Ostvorpommersches Küstenland	4	800
9	Nordostbrandenburger Jungmoränenland (Mittelbrandenburger Jungmoränenland)	18	1838
10	Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nordbrandenburger Jungmoränenland)	24	3562
11	Ostniedersächsisch-Altmarkisches Altmoränenland (Westprignitz-Altmarkisches Altmoränenland)	2	119
12	Südost-Holsteinisch-Südwestmecklenburger Altmoränenland	4	46
13	Ostniedersächsisches Tiefland	3	87
14	Niedersächsischer Küstenraum	0	0
15	Mittelwestniedersächsisches Tiefland	0	0
16	Westfälische Bucht	4	33
17	Weserbergland	6	95
18	Nordwestdeutsche Berglandschwelle	1	11
19	Nordwestliches Harzvorland	1	27
20	Nordöstliche Harzvorländer	1	110
21	Sachsen-Anhaltinische Löß-Ebene	0	0
22	Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland	16	2599
23	Hoher Fläming	1	9
24	Mittelbrandenburger Talsand- und Moränenland	11	233
25	Düben-Niederlausitzer Altmoränenland	6	160
26	Lausitzer Löß-Hügelland	0	0
27	Zittauer Gebirge	0	0
28	Oberlausitzer Bergland	0	0
29	Elbsandsteingebirge	0	0
30	Westlausitzer Platte und Elbtalzone	1	9
31	Sächsisch-Thüringisches Löß-Hügelland	0	0
32	Leipziger Sandlöß-Ebene	0	0
33	Ostthüringisches Trias-Hügelland	4	79
34	Thüringer Becken	10	370
35	Nordthüringisches Trias-Hügelland	10	402
36	Harz	0	0
37	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	2	192
38	Nordwesthessisches Bergland	0	0
39	Nördliches hessisches Schiefergebirge	2	90
40	Sauerland	0	0
41	Bergisches Land	2	10
42	Niederrheinisches Tiefland	0	0
43	Niederrheinische Bucht	0	0
44	Nordwesteifel	7	66
45	Osteifel	2	12
46	Mittelrheintal	0	0
47	Westerwald	0	0
48	Taunus	0	0
49	Wetterau und Gießener Becken	0	0
50	Vogelsberg und östlich angrenzende Sandsteingebiete	0	0
51	Rhön	0	0
52	Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland	1	26
53	Thüringer Gebirge	0	0
54	Vogtland	1	7

55	Erzgebirgsvorland	0	0
56	Erzgebirge	0	0
57	Frankenwald, Fichtelgebirge und Steinwald	0	0
58	Oberpfälzer Wald	0	0
59	Oberpfälzer Becken- und Hügelland	0	0
60	Frankenalb und Oberpfälzer Jura	0	0
61	Fränkischer Keuper und Albvorland	10	1310
62	Fränkische Platte	13	1022
63	Spessart	0	0
64	Odenwald	2	16
65	Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene	8	233
66	Hunsrück	0	0
67	Moseltal	0	0
68	Gutland	0	0
69	Saarländisch-Pfälzisches Muschelkalkgebiet	0	0
70	Saar-Nahe Bergland	4	1116
71	Westricher Moorniederung	0	0
72	Pfälzerwald	1	9
73	Schwarzwald	3	42
74	Baar-Wutach	1	28
75	Neckarland	7	88
76	Schwäbische Alb	2	12
77	Südwestdeutsches Alpenvorland	5	130
78	Tertiäres Hügelland	2	30
79	Bayerischer Wald	0	0
80	Schwäbisch-Bayerische Schotterplatten- und Altmoränenlandschaft	1	5
81	Schwäbisch-Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge	0	0
82	Bayerische Alpen	0	0

In Abbildung 4.1.8 sind die Genobjekte nach ihrer geographischen Lage mit entsprechend der Individuenanzahl abgestuften Punktsymbolen dargestellt (einschließlich *Ex-situ*-Bestände). Die Wuchsgebiete sind nach der absoluten Individuenanzahl klassifiziert und eingefärbt (ohne *Ex-situ*-Bestände).

Die mit Abstand meisten Individuen der Wild-Birne wurden in den Wuchsgebieten Nordostbrandenburger Jungmoränenland (Nr. 9), Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nr. 10) und Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland (Nr. 22) kartiert. Hier liegen die Individuenzahlen deutlich über 1500. Auch die Wuchsgebiete 61 und 62 fallen mit hohen Individuenzahlen über 500 auf. In den meisten Wuchsgebieten liegt die Individuenanzahl in der Klasse 5 bis 100. Die Wuchsgebiete im Südosten und Nordwesten zeichnen sich durch wenige bis keine kartierten Exemplare der Wild-Birne aus.

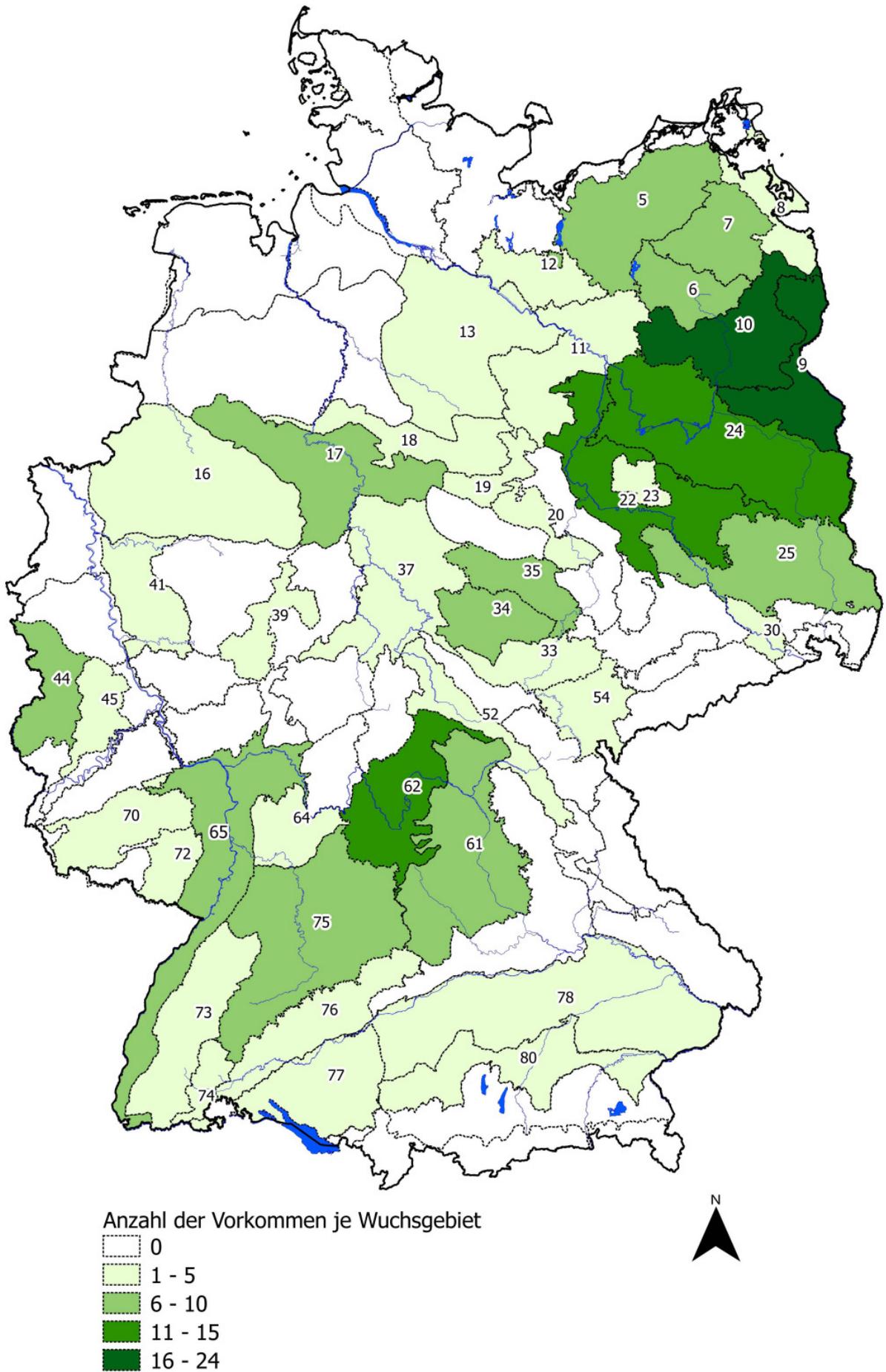


Abb. 4.1.7: Klassifikation der Wuchsgebiete nach Anzahl der Vorkommen der Wild-Birne

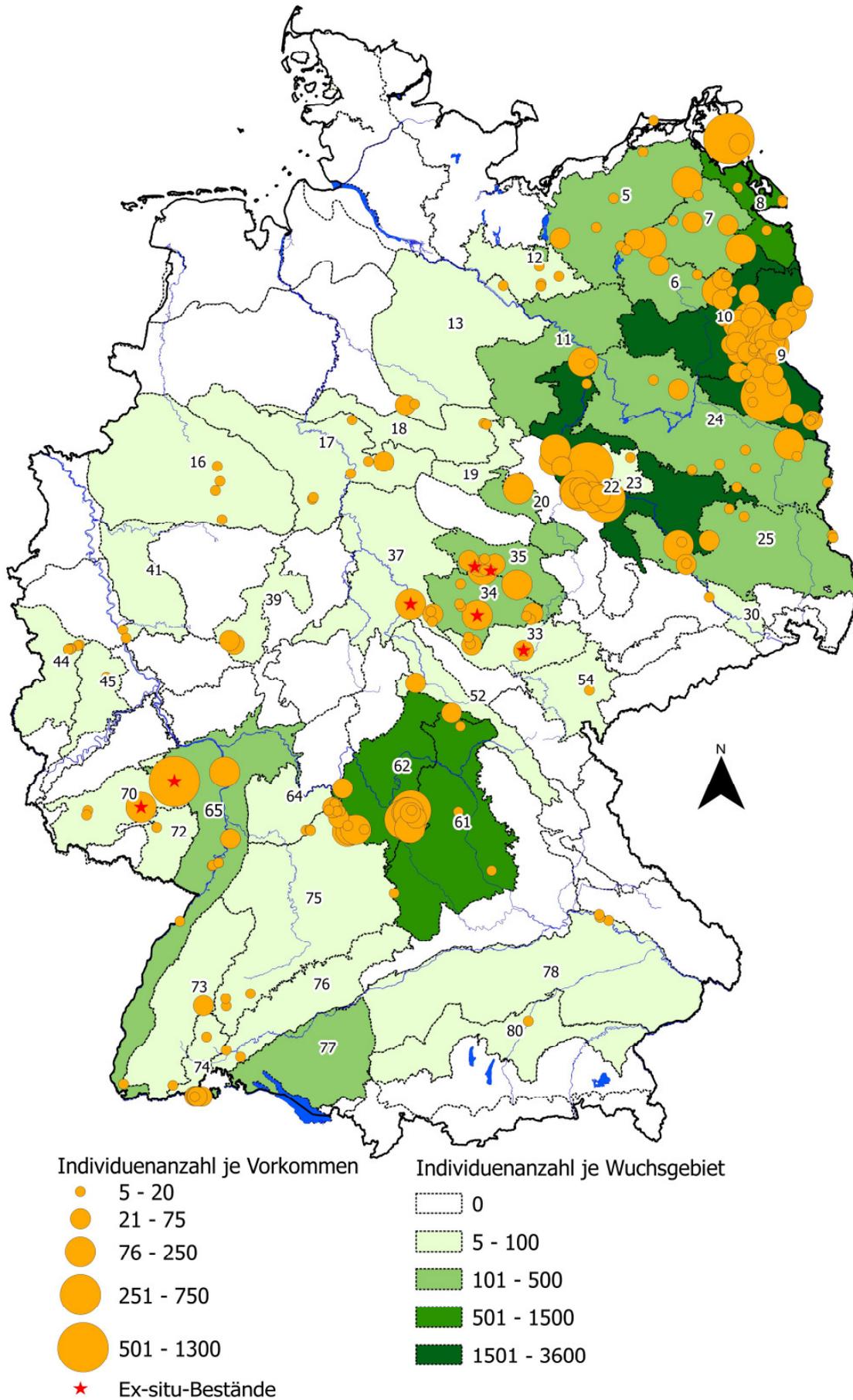


Abb. 4.1.8: Klassifikation der Vorkommen (mit *Ex-situ*-Beständen) und der Wuchsgebiete (ohne *Ex-situ*-Bestände) nach der Individuenanzahl der Wild-Birne

4.1.3 Potentielle natürliche Vegetation

Abbildung 4.1.9 zeigt die Anzahl der Vorkommen in den Haupteinheiten der Potentiellen natürlichen Vegetation. Ein Großteil der Vorkommen befindet sich in Buchenwaldgesellschaften (L., M., N.) der basenarmen bis basenreichen Standorte. Auch in Auwäldern (E.) und Hainbuchenwäldern (F., G.) ist eine erhöhte Anzahl von Vorkommen der Wild-Birne zu verzeichnen.

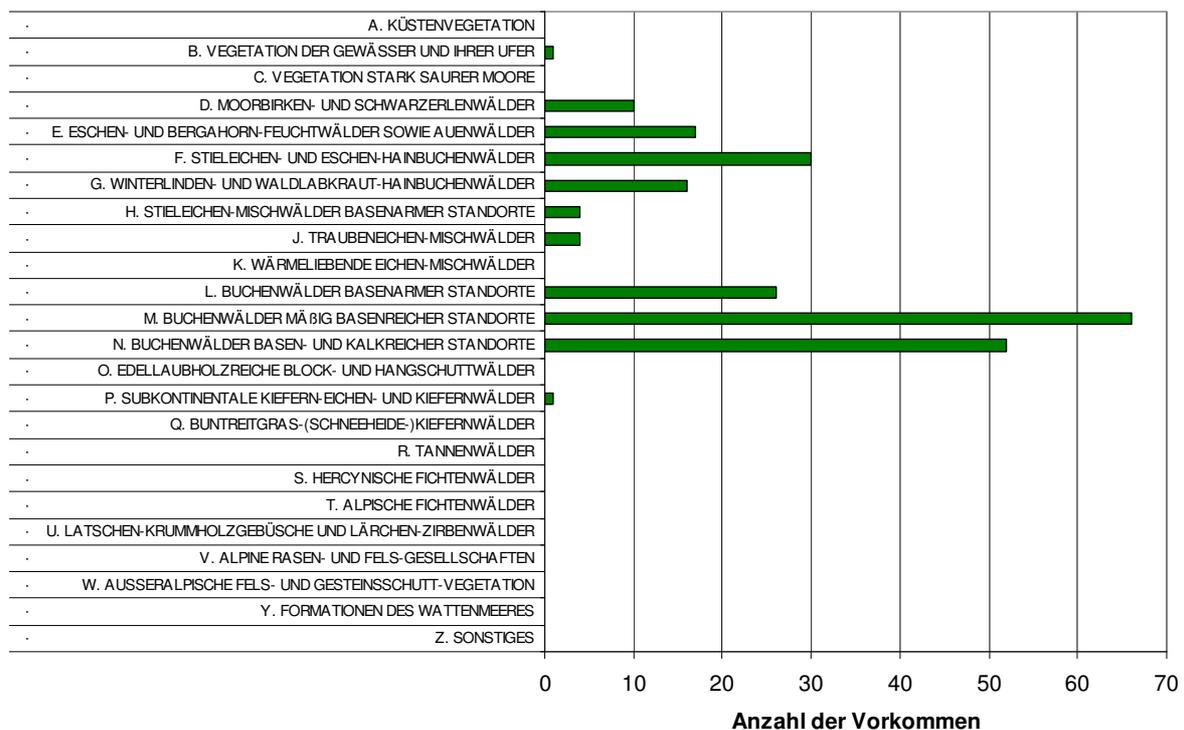


Abb. 4.1.9: Potentielle natürliche Vegetation der Vorkommen

4.2 Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl

Die Vorkommen der Wild-Birne besitzen deutschlandweit eine Durchschnittsfläche von 296 ha und eine durchschnittliche Individuenanzahl je Vorkommen von 69 Individuen.

Die höchste durchschnittliche Individuenanzahl der Vorkommen der Wild-Birne verzeichnet Sachsen-Anhalt mit ca. 170 Individuen gefolgt von Bayern mit ca. 120 Individuen und Brandenburg mit knapp 90 Individuen (Abb. 4.2.1). Im mittleren Bereich bewegen sich Hessen und Mecklenburg-Vorpommern mit durchschnittlich ca. 60 bis 70 Individuen pro Vorkommen. Die übrigen Bundesländer liegen im Bereich von unter 40 Individuen.

Brandenburg verfügt mit über 900 ha über die höchste durchschnittliche Größe der Vorkommen der Wild-Birne, gefolgt von Hessen mit etwa 700 ha und Sachsen-Anhalt mit etwa 400 ha (Abb. 4.2.2). Die übrigen Bundesländer liegen mit Werten von 50 ha und weniger deutlich darunter.

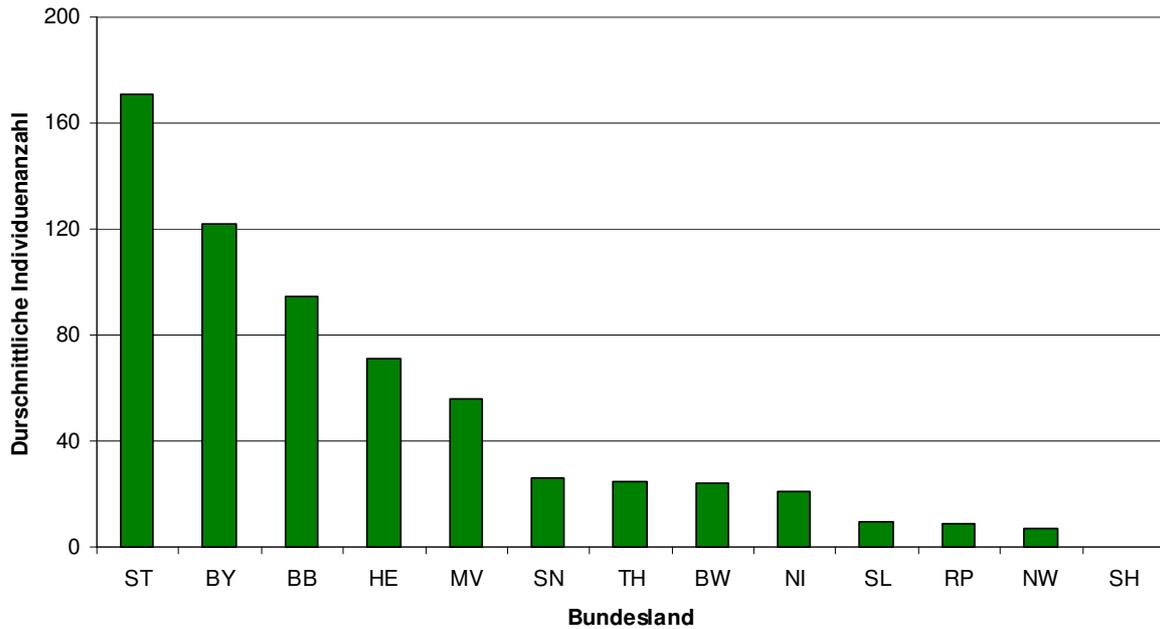


Abb. 4.2.1: Durchschnittliche Individuenanzahl der Vorkommen der Wild-Birne in den Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

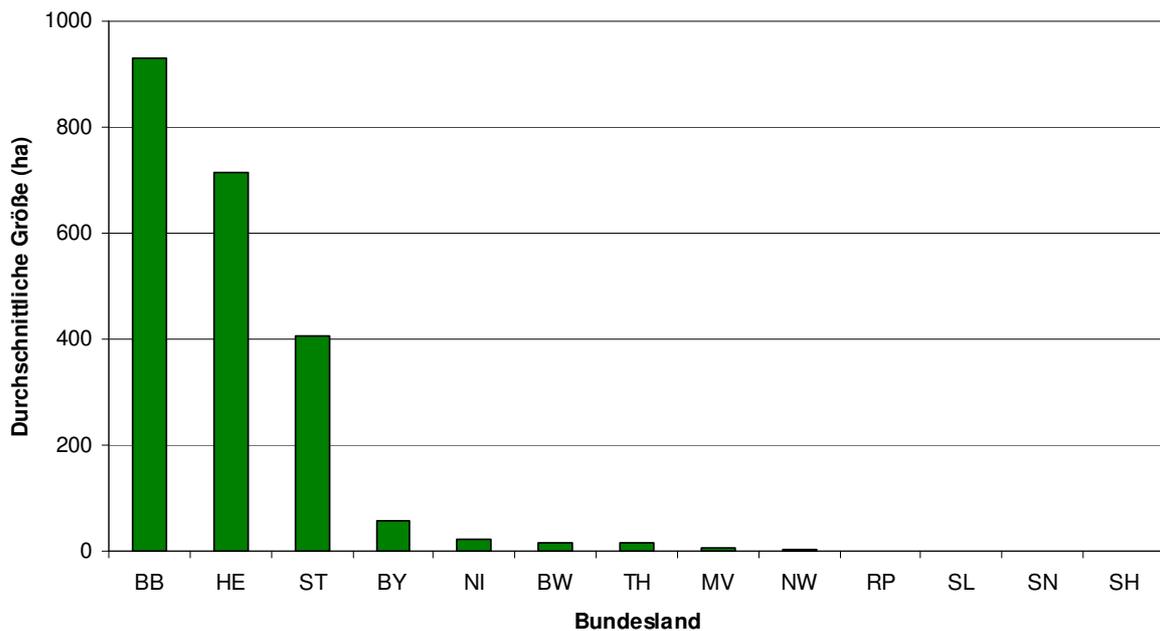


Abb. 4.2.2: Durchschnittliche Vorkommensgröße (ha) der Vorkommen der Wild-Birne in den Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

Der Mittelwert (arithmetisches Mittel) hat den Nachteil, dass einige wenige sehr hohe oder sehr niedrige Werte (Ausreißer) das Gesamtbild stark verzerren können, vor allem bei einer generell kleinen Anzahl von Werten. In den Abbildungen 4.2.3 bis 4.2.5 sind daher die wichtigen Kenngrößen (Individuenanzahl, Flächengröße, Individuen pro Fläche) als „Boxplot and Whisker“ Diagramme dargestellt.

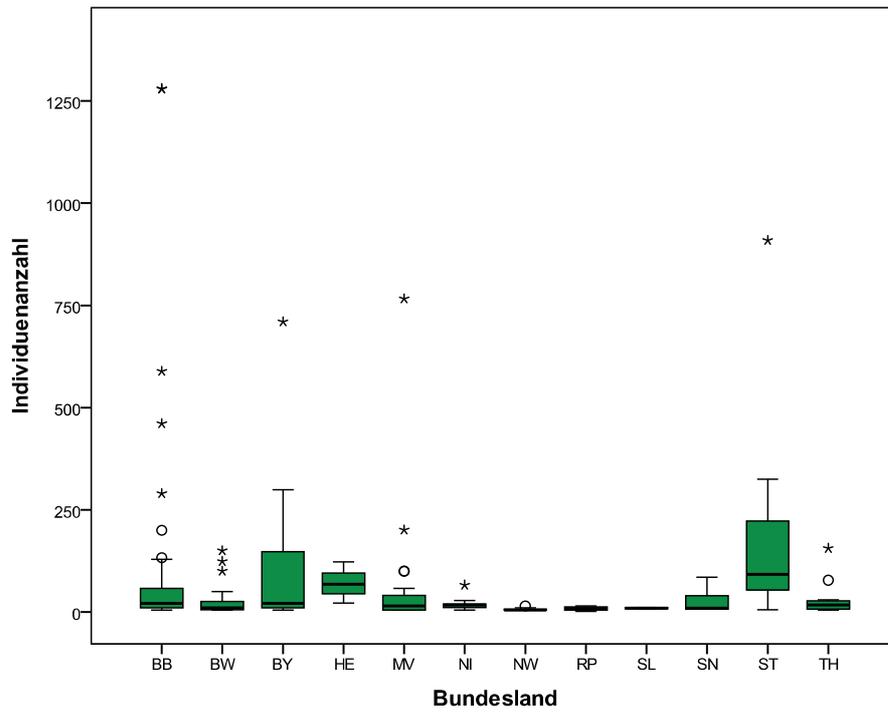


Abb. 4.2.3: Individuenanzahl der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

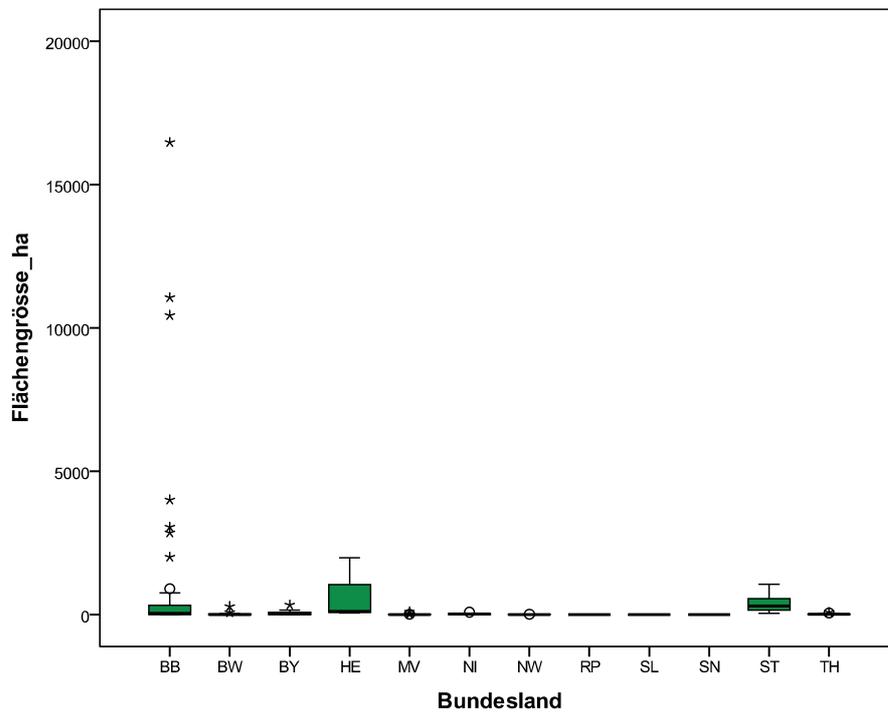


Abb. 4.2.4: Flächengröße der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

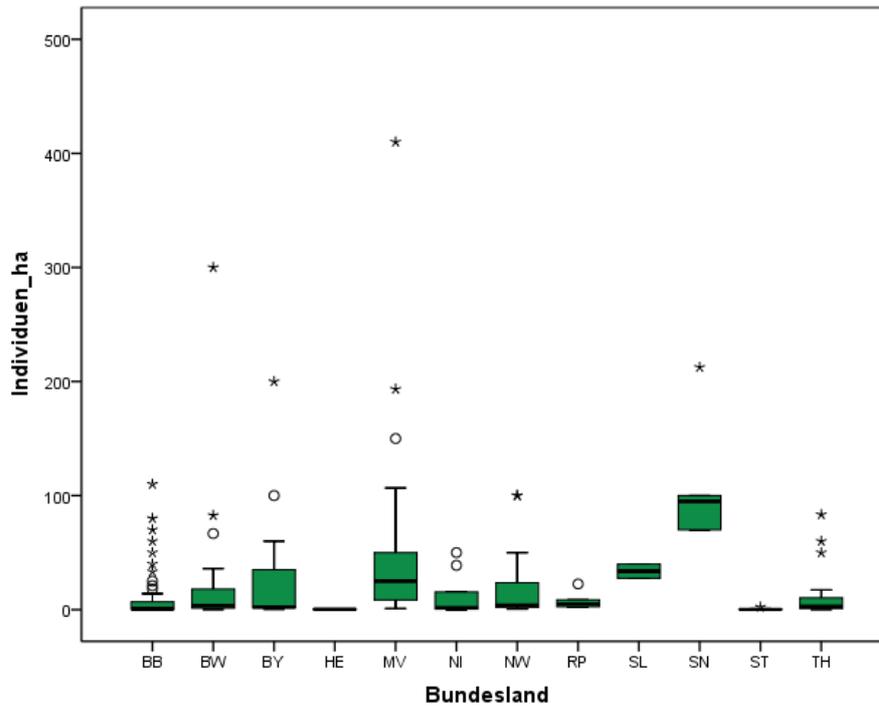


Abb. 4.2.5: Anzahl der Individuen pro Hektar Fläche der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

4.2.1 Abundanz

Die Gesamtzahl der Individuen eines Vorkommens wird als Abundanz bezeichnet. Zur Bewertung der Erhaltungsfähigkeit wurden die Vorkommen den in Kapitel 3.6.1 beschriebenen Abundanzklassen zugeordnet.

Die Mehrheit der Vorkommen befindet sich Abundanzstufe 1 mit 5 bis 10 Individuen. Die Klassen 2 und 3 sind mit einer niedrigeren, jedoch immer noch beachtlichen Anzahl von Vorkommen vertreten. In den Abundanzklassen 4 und höher nimmt die Anzahl der Vorkommen Arten drastisch ab. In der höchsten Abundanzklasse 10 mit Vorkommen über 400 Individuen finden sich 8 Vorkommen der Wild-Birne. Eine Übersicht zur Anzahl der Vorkommen in den verschiedenen Abundanzklassen enthält Tabelle 4.2.1.

Tab. 4.2.1: Anzahl der Vorkommen der Wild-Birne in den verschiedenen Abundanzstufen

Stufe	Individuenzahl	Anzahl	Anzahl %
1	5 - 10	85	37,4
2	11 - 20	43	18,9
3	21 - 50	47	20,7
4	51 - 75	11	4,9
5	76 - 100	11	4,9
6	101 - 150	8	3,5
7	151 - 200	6	2,7
8	201 - 300	7	3,0
9	301 - 400	1	0,5
10	> 400	8	3,5

4.3 Durchmesserstruktur und Altersstruktur

4.3.1 Anteile der demographischen Strukturen der Einzelvorkommen

Das genaue Alter der Bäume konnte im Rahmen des Projektes nicht bestimmt werden. Zur Einordnung der Altersstruktur wurden die Individuen daher nach drei Klassen des Brusthöhendurchmessers (BHD) erfasst (BHD < 7 cm, BHD 7 cm – 20 cm, BHD > 20 cm).

Abbildung 4.3.1 zeigt die deutschlandweiten Anteile der Durchmesserstufen der Wild-Birne dargestellt als Alterspyramide. Der Berechnung liegt die Anzahl der Einzelindividuen zugrunde.

Die Wild-Birne zeigt einen Überhang von Individuen in der Klasse 7 cm bis 20 cm mit 38 % der Individuen. Die Klasse > 20 cm ist ebenfalls mit 37 % der Individuen stark vertreten. Die Verjüngungsklasse (< 7 cm) ist mit 25 % am schwächsten vertreten. Hier wird die eine eingeschränkte Verjüngung der Wild-Birne ersichtlich.

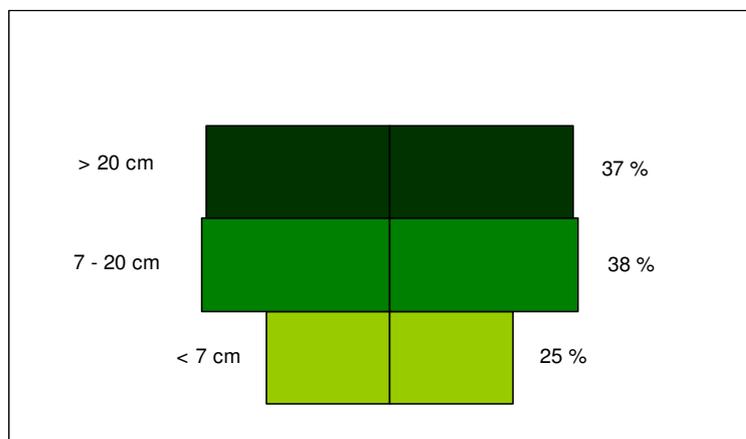


Abb. 4.3.1: Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet (ohne *Ex-situ*-Bestände)

Für die Einschätzung der Notwendigkeit von Generhaltungsmaßnahmen ist die Beschreibung der demografischen Strukturen (Alterspyramiden) hilfreich. So würde eine natürliche Alterspyramide mit einem hohen Verjüngungsanteil und einem hinreichend großen Baumanteil mit alten und mittelalten fruktifizierenden, vitalen Individuen kaum zusätzliche Generhaltungsmaßnahmen erfordern.

Abbildung 4.3.3 verdeutlicht neun vorhandene demographische Strukturen (links). Die jeweiligen Prozentangaben beziehen sich auf die bundesweit vorhandenen Durchmesseranteile. Zu jeder demografischen Struktur ist die dazugehörige Vorkommensanzahl (rechts) dargestellt.

Ein Großteil der Vorkommen wurde den Typen 5 und 6 zugeordnet, was einer sehr homogenen Altersstruktur mit über 80 % der Individuen in den Durchmesserklassen 7 – 20 cm bzw. > 20 cm entspricht. Ebenfalls häufig vertreten sind die Typen 2 und 3, was einer Mehrheit der Individuen in den Durchmesserklassen 7 cm – 20 cm bzw. > 20 cm entspricht. Weniger Vorkommen sind den Typen 1 und 4 zugeordnet, welche für eine starke Verjüngungsstufe stehen. Typ 7 mit einer Gleichverteilung der Individuen über alle drei Durchmesserstufen kommt mit 24 Vorkommen relativ häufig vor.

Abbildung 4.3.2 stellt die Anteile der Durchmesserstufen der Wild-Birne in den Bundesländern dar. Die größten Anteile von 50 % bis 60 % der Individuen in der Durchmesserstufe < 7cm finden sich in Baden-Württemberg und Mecklenburg-Vorpommern. In Bayern, Rheinland-Pfalz und Thüringen befindet sich die Mehrzahl der Individuen in der Durchmesserstufe 7 cm – 20 cm. Im Saarland sind ca. der 90 % der Bäume in der Durchmesserklasse > 20 cm.

Tabelle 4.3.1 fasst die Angaben zur Verteilung der Individuen auf die Durchmesserstufen abschließend zusammen.

Tab. 4.3.1: Absolute und relative Angaben zur Verteilung der Individuen auf die Durchmesserstufen

BL	Durchmesserstufe (Absolute Zahlen)				Durchmesserstufen (Angaben in %)		
	< 7 cm	7 - 20 cm	> 20 cm	Summe	< 7 cm	7 - 20 cm	> 20 cm
BB	1596	1939	2250	5785	27,6	33,5	38,9
BW	481	299	90	870	55,3	34,3	10,4
BY	385	1269	178	1833	21,1	69,2	9,7
HE	44	82	88	213	20,5	38,4	41,1
MV	511	168	168	848	60,3	19,8	19,9
NI	46	76	65	187	24,4	40,8	34,8
NW	11	37	53	102	10,9	36,8	52,3
RP	1	1125	18	1144	3,0	56,8	40,2
SH	0	0	0	0	0,0	0,0	0,0
SL	0	2	17	19	0,0	8,4	91,6
SN	30	81	47	158	19,0	51,4	29,6
ST	176	653	1901	2730	6,5	23,9	69,6
TH	531	507	40	1079	9,2	84,2	6,6

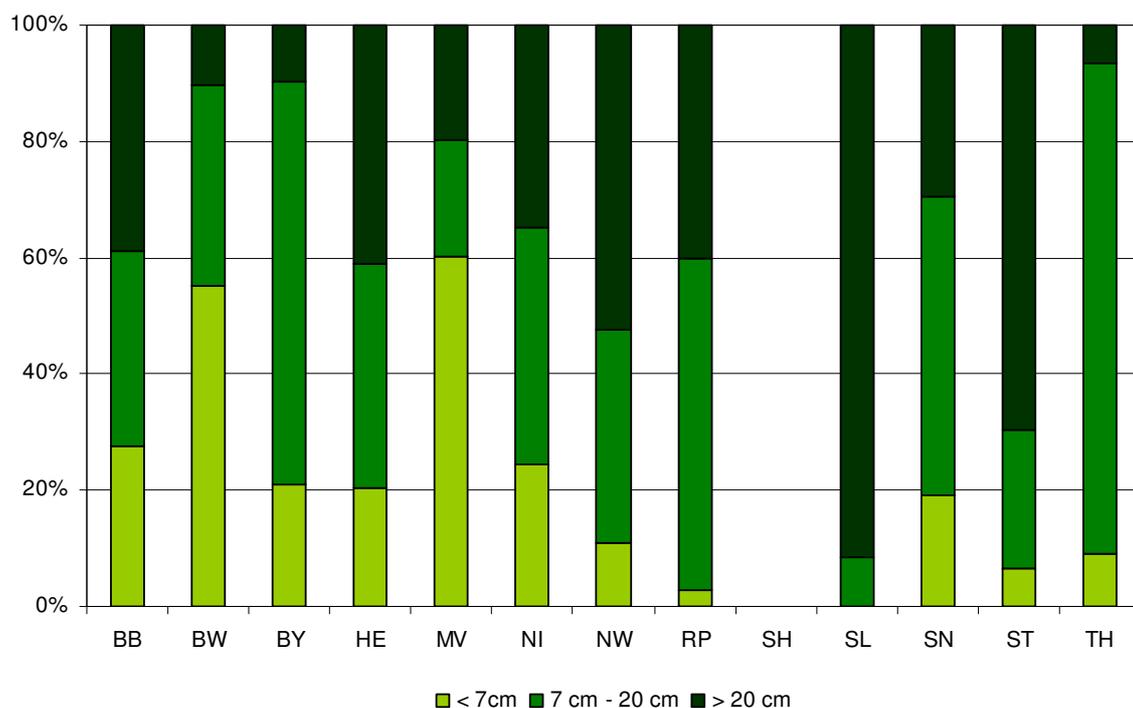


Abb. 4.3.2: Anteile der Durchmesserstufen in den Bundesländern (ohne *Ex-situ*-Bestände)

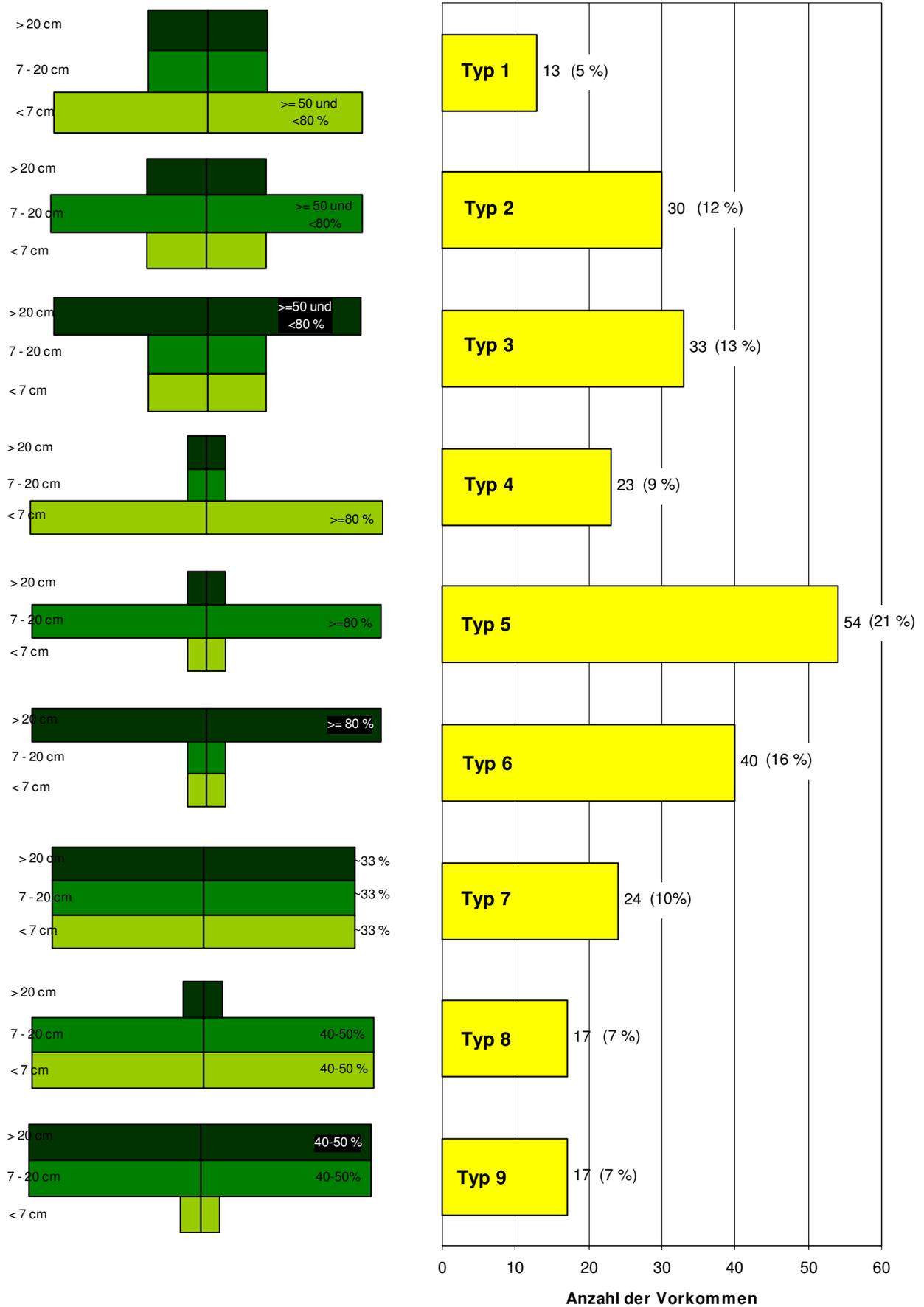


Abb. 4.3.3 Typisierung der Vorkommen anhand von demographischen Strukturen

4.3.2 Altersstrukturqualitätsklassen

Die Definition der Altersstrukturqualitätsklassen wurde in Kapitel 3.6.3 erläutert. Die Klassen dienen als Bewertungsschema für die demographische Struktur eines Bestandes. Eine potentiell überlebensfähige Population sollte sich durch eine große Verjüngungsstufe (Durchmesserstufe < 7 cm) auszeichnen. Je größer die Abweichung davon, desto schlechter erfolgte die Einstufung des Vorkommens. In Tabelle 4.3.2 sind die Häufigkeiten der Vorkommen der Wild-Birne in den fünf Klassen der Altersstrukturqualität wiedergegeben sowie in Abbildung 4.3.4 graphisch dargestellt.

Ein Großteil der Vorkommen wurde der Klasse „befriedigend“ (3) zugeordnet. Die Klassen „gut“ (2) und „schlecht“ (4) sind etwa gleichstark vertreten. In der besten Klasse (1) befinden sich mehr als fünfmal so viele Vorkommen wie in der schlechtesten Klasse (5).

Tab. 4.3.2: Häufigkeiten der Vorkommen in den Altersstrukturqualitätsklassen

Altersstrukturqualitätsklasse	Vorkommen	Vorkommen %
sehr gut (1)	54	23,9
gut (2)	22	9,7
befriedigend (3)	122	54,0
schlecht (4)	18	8,0
sehr schlecht (5)	10	4,4

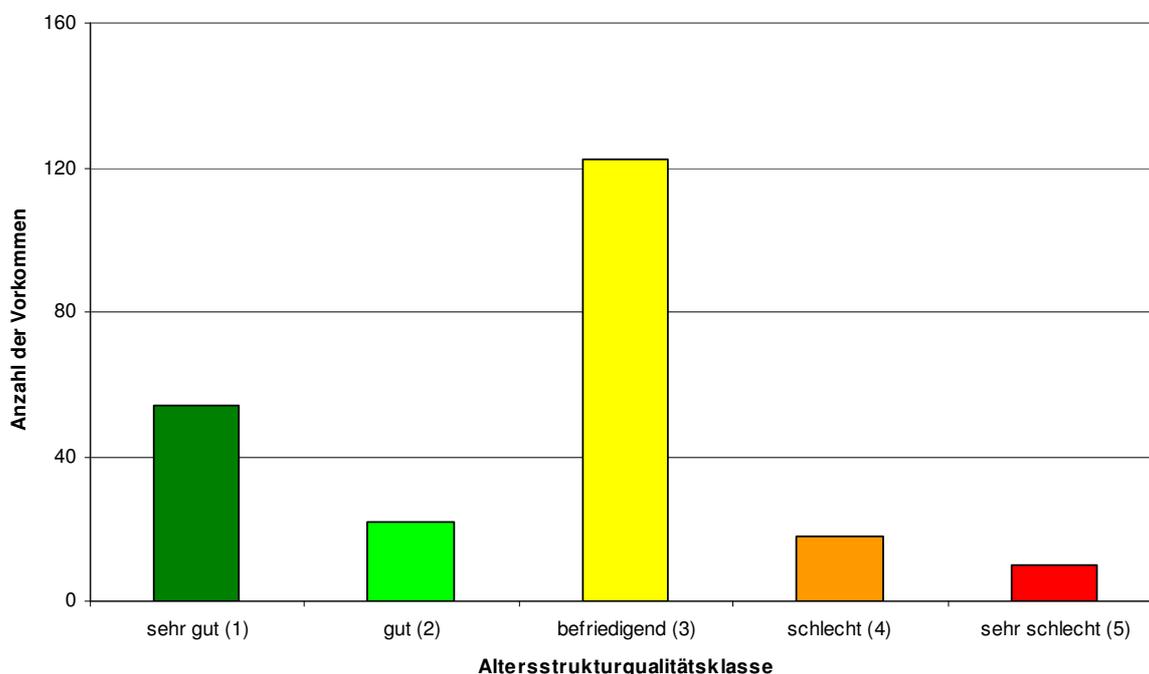


Abb. 4.3.4: Anzahl der Vorkommen in den Altersstrukturqualitätsklassen (bundesweit)

Abbildung 4.3.5 zeigt die Vorkommen der Wild-Birne mit Altbäumen, das heißt Individuen mit einem Brusthöhendurchmesser (BHD) größer als 50 cm.

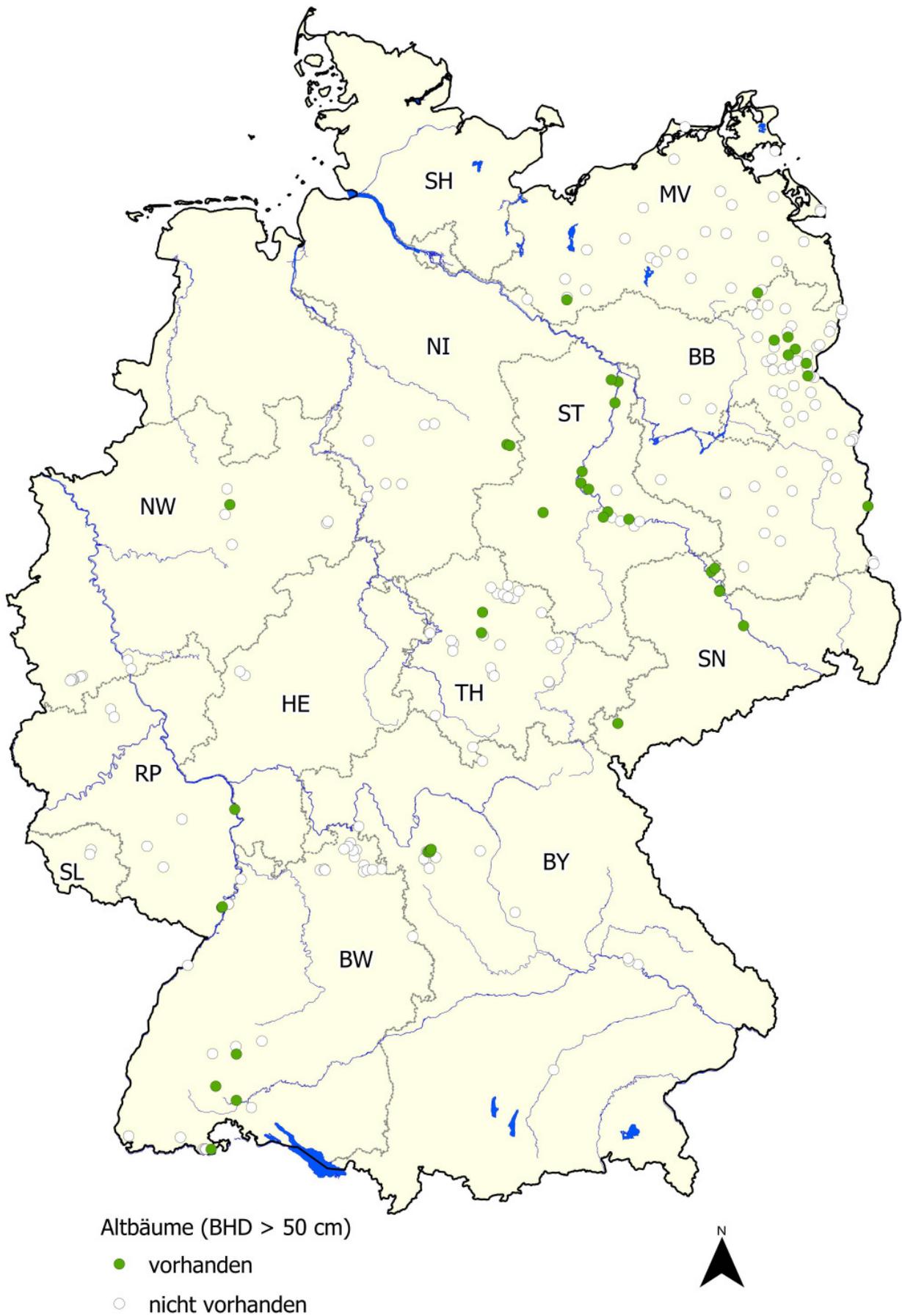


Abb. 4.3.5: Vorkommen der Wild-Birne mit Altbaumbestand

4.4 Vitalitätsklassen

Für die Bewertung eines Vorkommens in Bezug auf die Erhaltungsfähigkeit spielt die Vitalität der Bäume eine besondere Rolle. Zur Einstufung der Vitalität wurden für jeden Baum eine Stufe von 0 (sehr vital) bis 3 (absterbend) vergeben (vgl. Kapitel 3.5). Auf Grundlage der Einzelindividuen wurden die bundesweiten Anteile der Vitalität dargestellt (Abbildung 4.4.1).

Bei der Wild-Birne wurden 88 % der Individuen mit den Stufen 0 und 1 bonitiert. Lediglich 9 % der Individuen weisen stärkere Schäden auf und nur 3 % befinden sich in einem absterbenden Zustand.

Abbildung 4.4.2 zeigt die Verteilung der Vitalitätsstufen innerhalb der einzelnen Bundesländer. In den Bundesländern Brandenburg, Bayern, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz zeigt die Wild-Birne gute Vitalitäten von 80 % und mehr Individuen in den Stufen 0 und 1. Schlechtere Vitalitäten finden sich im Saarland mit einem Anteil der Individuen von über 60 % in den Stufen 2 und 3. In den übrigen Bundesländern liegen die Anteile der vitalstarken Stufen 0 und 1 bei 60 % bis 80 %.

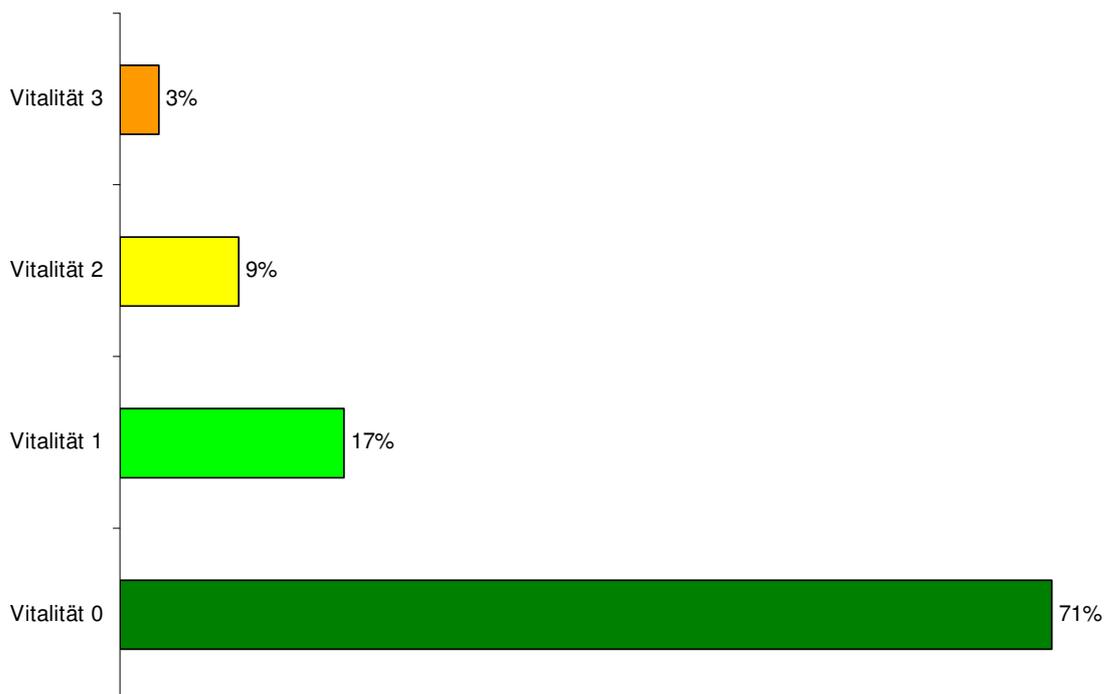


Abb. 4.4.1: Verteilung der Vitalitäten der Wild-Birne im Bundesgebiet

Abbildung 4.4.3 zeigt die durchschnittliche Vitalität der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern mit statistischen Kennzahlen, deren Berechnung auf der Vitalität der Einzelindividuen beruht.

Abbildungen 4.4.4 zeigt die geographische Lage der Vorkommen mit farblich abgestufter Klassifikation nach der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen.

Besonders viele Vorkommen mit guter Vitalität befinden sich in Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern und Bayern. Vorkommen mit schlechter Vitalität kommen vor allem in Thüringen und Baden-Württemberg vor.

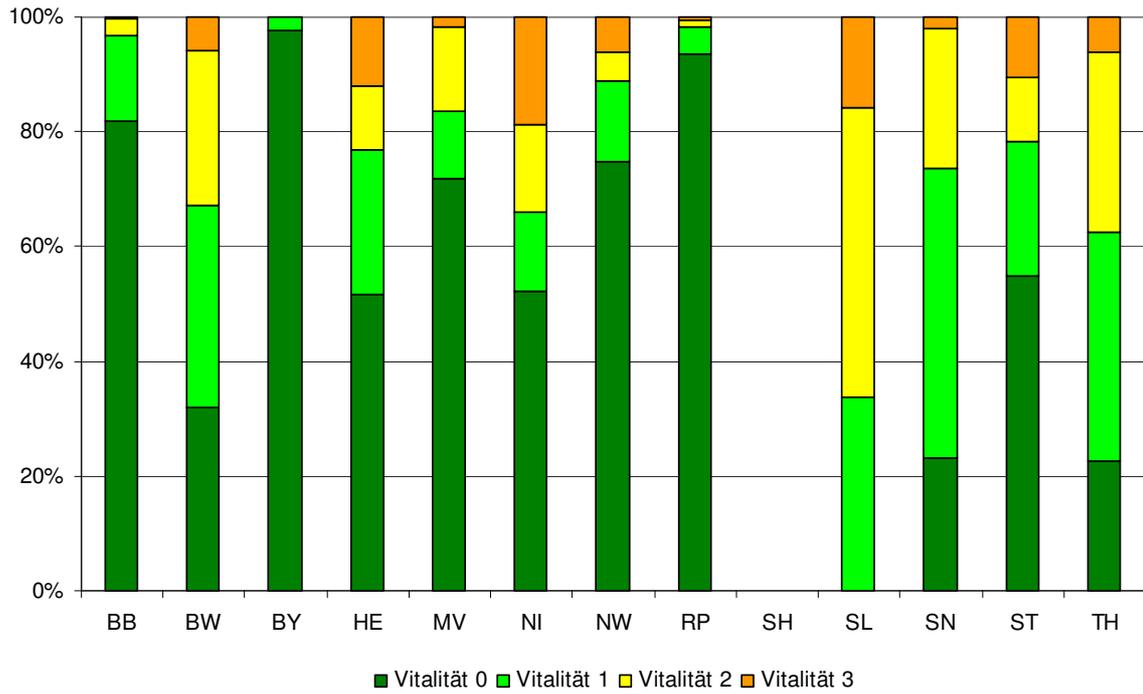


Abb. 4.4.2: Verteilung der Vitalitätsstufen der Wild-Birne in den Bundesländern

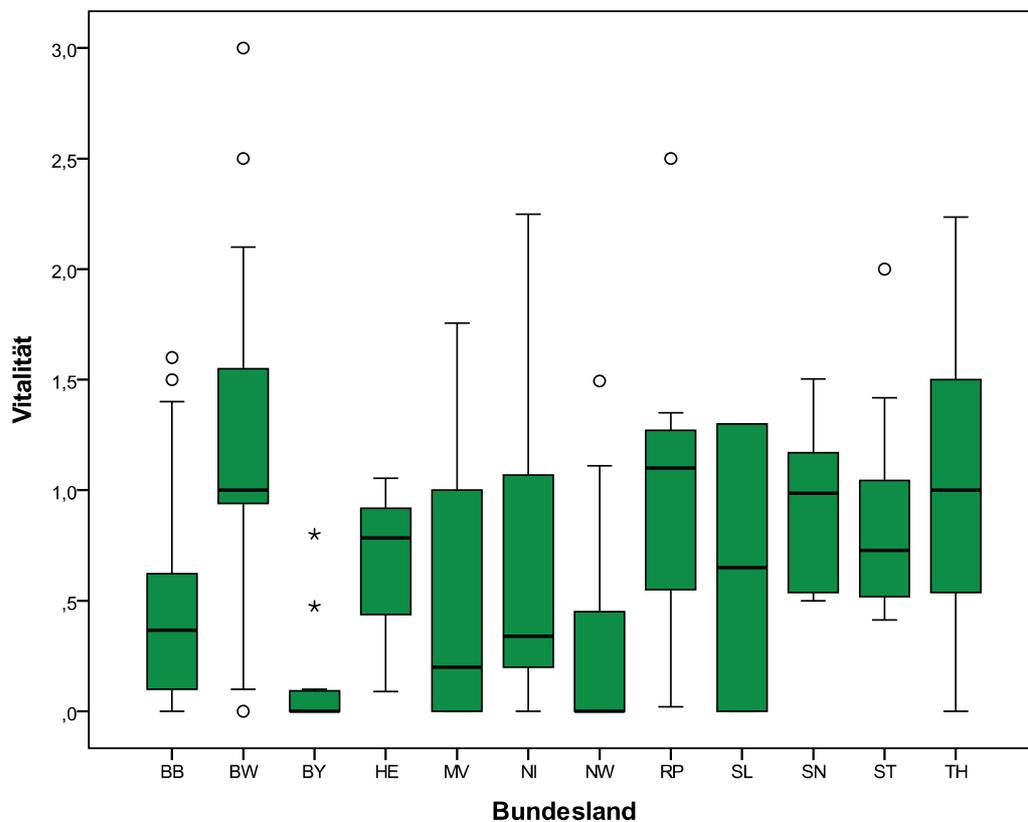


Abb. 4.4.3: Verteilung der mittleren Vitalität der Vorkommen in den Bundesländern als BoxPlot and Whisker Diagramm

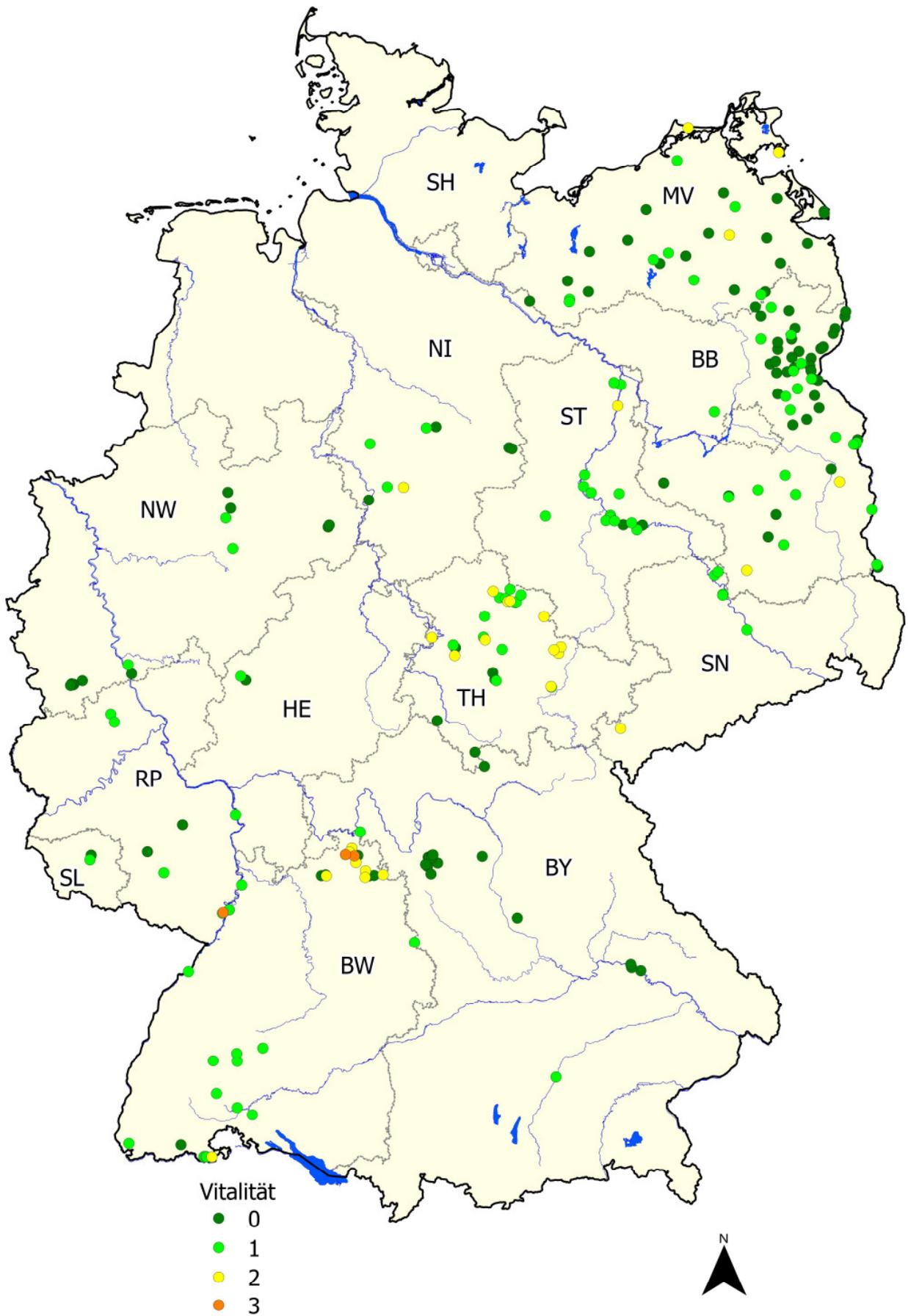


Abb. 4.4.4: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen der Wild-Birne

4.5 Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsklassen

Die folgenden zwei Abbildungen zeigen die Vitalitätsanteile in den Durchmesserklassen und die Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen der Vorkommen der Wild-Birne.

In Abbildung 4.5.1 ist eine deutliche Abnahme der Anteile der Vitalität 0 mit zunehmendem Alter der Wild-Birnen zu verzeichnen, während gleichzeitig der Anteil der Vitalitätsstufe 1 zunimmt. Die Vitalitätsstufe 2 ist über alle Durchmesserklassen etwa gleich stark vertreten. Der Anteil von Vitalitätsstufe 3 ist in der Durchmesserklasse 7 bis 20 cm am höchsten.

In Abbildung 4.5.2 ist zu erkennen, dass die Wild-Birne keine klaren Trends bezüglich der Verteilung der Durchmesserklassen in den einzelnen Vitalitätsstufen zeigt. Der Anteil der Durchmesserklasse 7 bis 20 cm ist in den Vitalitätsstufen 0 bis 2 in etwa gleich und erhöht sich in Vitalitätsstufe 3. Der Anteil der Durchmesserklasse < 7 cm schwankt periodisch. Die Vitalitätsstufe 1 besitzt den höchsten Anteil an Wild-Birnen der Durchmesserklasse > 20 cm.

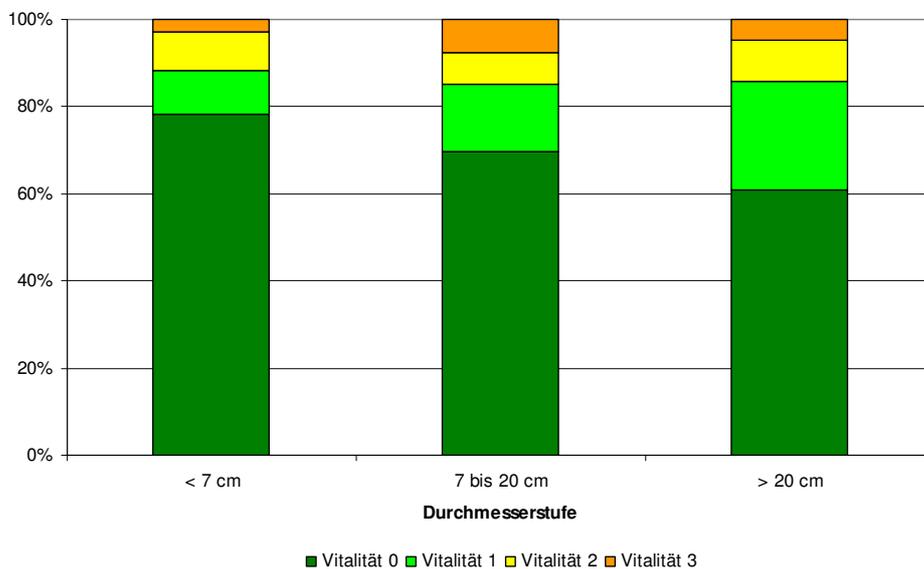


Abb. 4.5.1: Vitalitätsanteile der Wild-Birne in den Durchmesserklassen

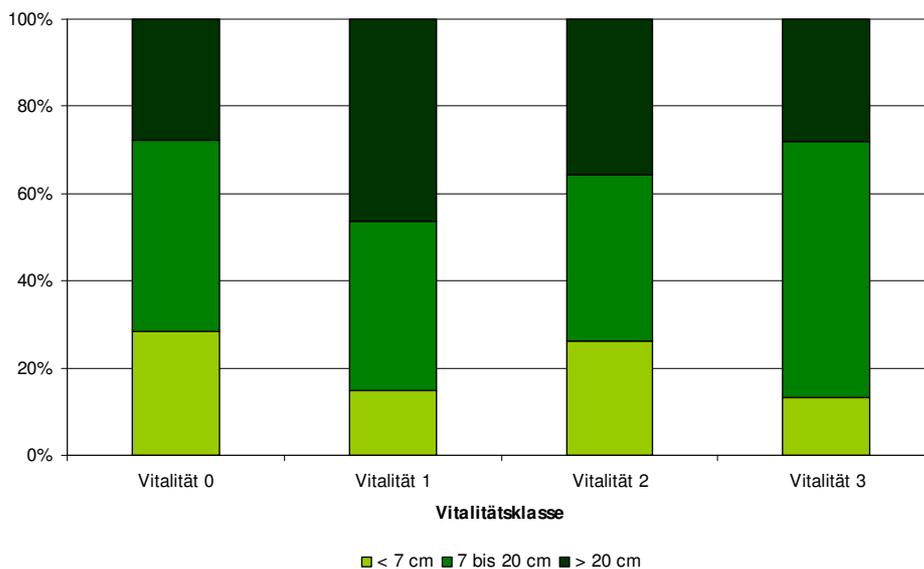


Abb. 4.5.2: Durchmesserverteilung der Wild-Birne in den Vitalitätsstufen

4.6 Naturverjüngung

Da die Naturverjüngung das Überleben einer Population über die Generationen hinweg sichert, wurde dieser Parameter bei der Kartierung mit aufgenommen. Die Erfassung erfolgte zweigestuft. Erfasst wurde das Vorhandensein von Naturverjüngung (bis ca. 3 m Höhe) und das Vorhandensein von Naturverjüngung kleiner 1,5 m. Deutschlandweit verfügen 69 der 227 Vorkommen der Wild-Birne über Naturverjüngung. Jedes Vorkommen mit Verjüngung enthält dabei auch über einen Anteil von Verjüngung kleiner 1,5 m.

Abbildung 4.6.1 zeigt das Vorhandensein von Naturverjüngung bei der Wild-Birne auf Ebene der Bundesländer. Als Extreme haben alle Vorkommen in Hessen Naturverjüngung, im Saarland dagegen keines. Hohe Anteile an Vorkommen mit Naturverjüngung finden sich in den Bundesländern Niedersachsen (ca. 75 %) und Sachsen-Anhalt (ca. 95 %). Im mittleren Bereich mit ca. 50 % und 35 % bewegen sich die Vorkommen in Brandenburg und Baden-Württemberg. In den übrigen Bundesländern liegt der Anteil an Vorkommen der Wild-Birne mit Naturverjüngung bei unter 20 %.

Abbildung 4.6.2 zeigt die geographische Lage der Vorkommen der Wild-Birne klassifiziert nach dem Vorhandensein oder Fehlen von Naturverjüngung, sowie Vorkommen mit Verjüngung kleiner 1,5 m. Häufungen von Vorkommen mit Naturverjüngung befinden sich in Nordostbrandenburg, in Sachsen-Anhalt an der Elbe, im Südosten Niedersachsens, im mittleren Teil von Thüringen und im Südwesten Baden-Württembergs.

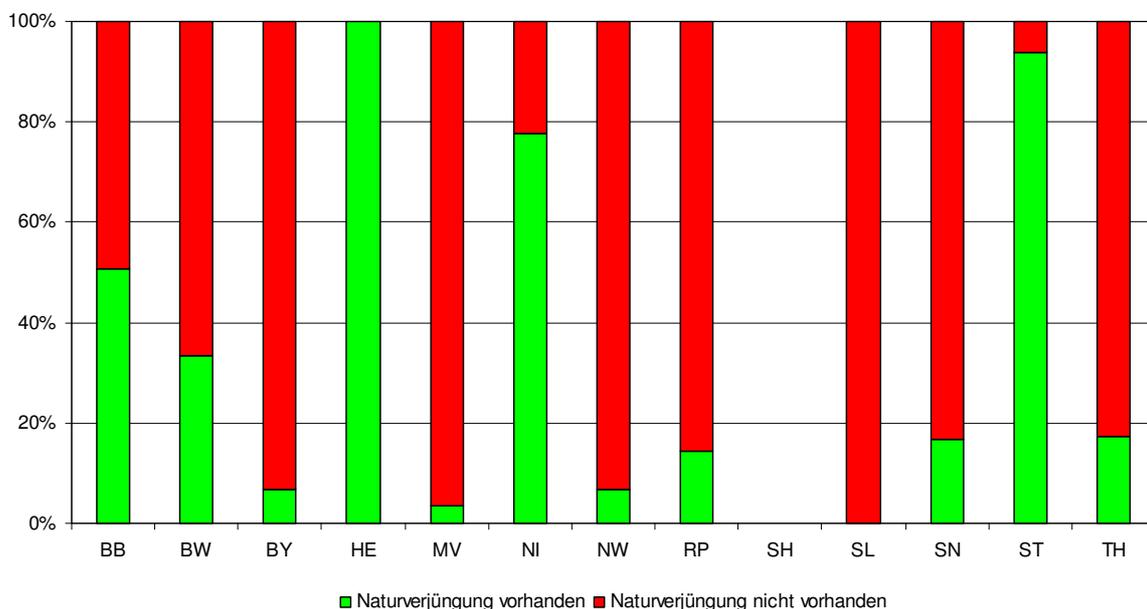


Abb. 4.6.1: Anteile der Vorkommen der Wild-Birne mit und ohne Naturverjüngung

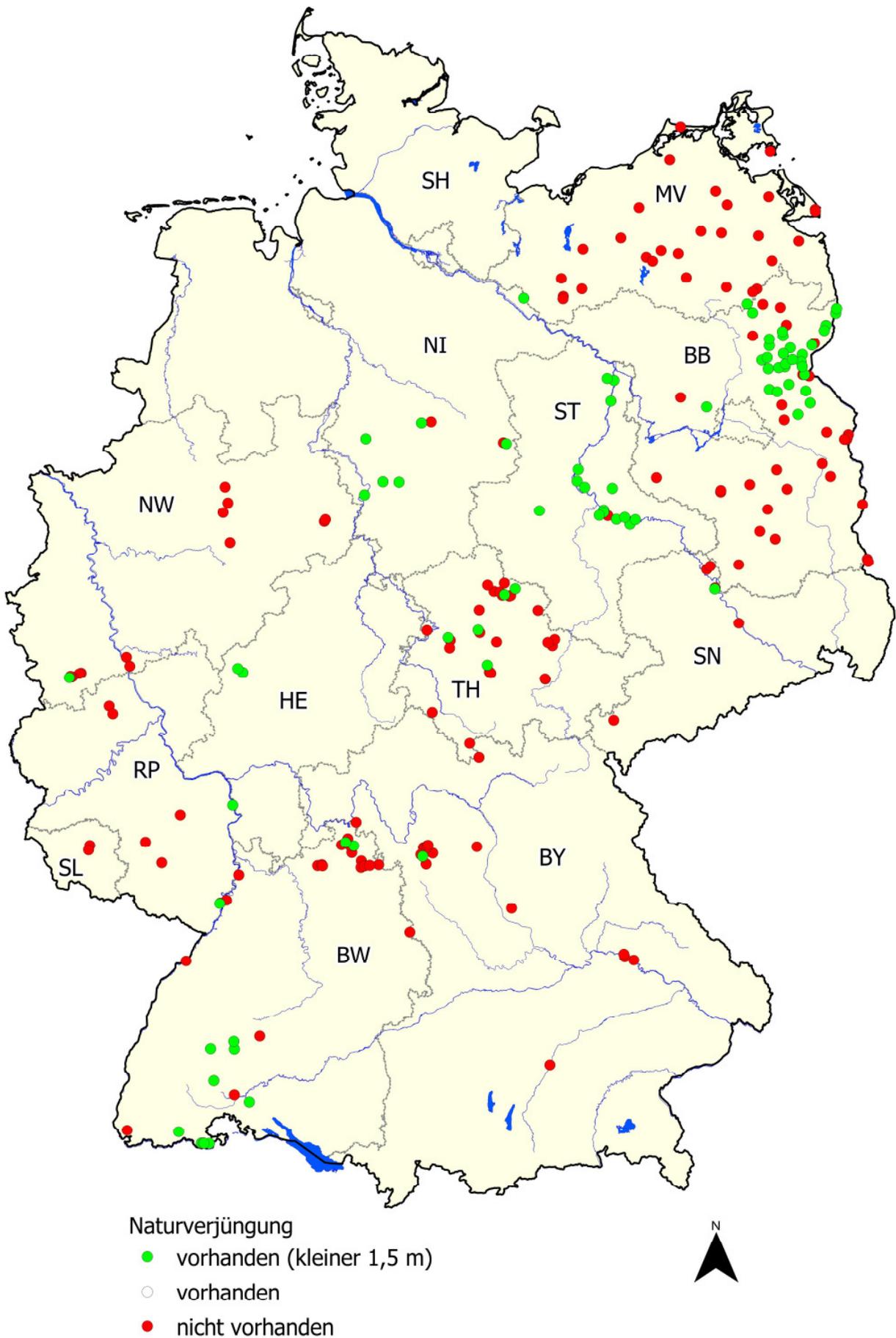


Abb. 4.6.2: Lage der Vorkommen der Wild-Birne mit und ohne Naturverjüngung

4.7 Eigentumsverhältnisse

Abbildung 4.7.1 zeigt die Eigentumsverhältnisse der Flächen mit Vorkommen der Wild-Birne aufgetragen nach deren absoluter Anzahl. Vorkommen, deren Fläche sich über verschiedene Eigentumsarten erstreckt, wurden der flächenmäßig größten Eigentumsart zugeordnet. Bei einigen Vorkommen konnte die Eigentumsart aufgrund von Problemen bei der Eigentumsbestimmung nicht benannt werden (Auegebiete, Deichvorland, etc.)

Die meisten Vorkommen der Wild-Birne liegen auf Flächen in Landeseigentum (101 Vorkommen), gefolgt von Flächen im Privatwald größer 200 ha (45 Vorkommen) und Flächen in Körperschaftseigentum (44 Vorkommen). Wenige Vorkommen befinden sich auf Flächen mit der Eigentumsart Privatwald kleiner 200 ha, Bund und Treuhand.

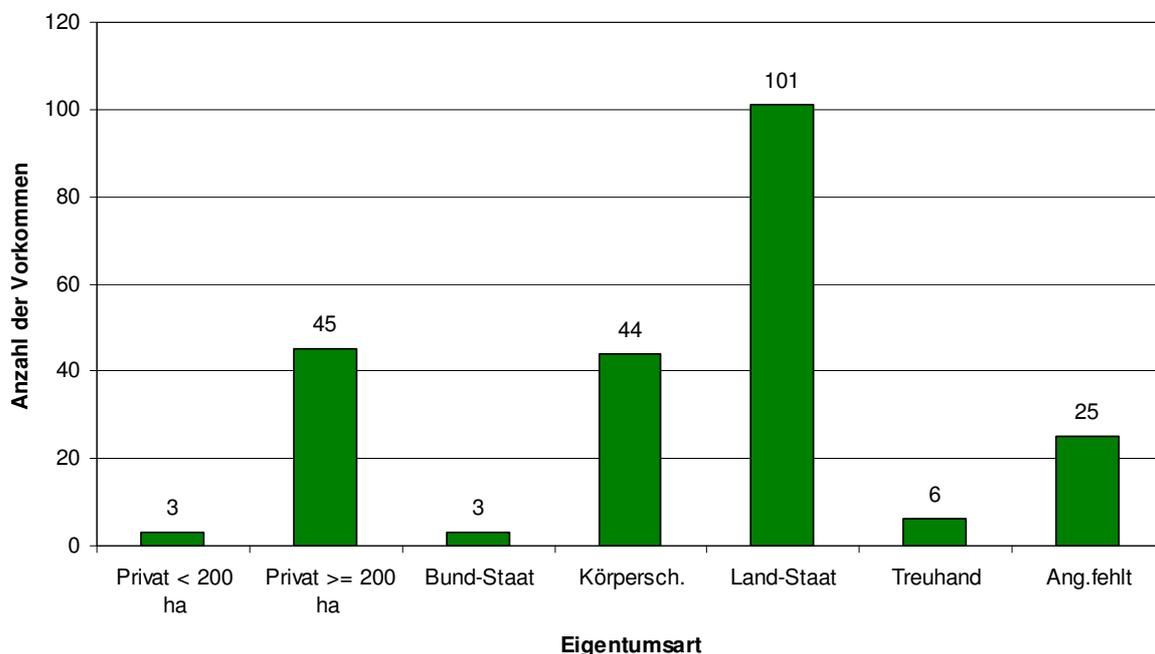


Abb. 4.7.1: Verteilung der Eigentumsarten in Deutschland (Vorkommensanzahl absolut)

Abbildung 4.7.2 zeigt die Eigentumsarten der Vorkommen der Wild-Birne in den einzelnen Bundesländern. Auf Flächen in Landeseigentum liegen ein Großteil der Vorkommen in den Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Rheinland-Pfalz und Sachsen-Anhalt. Hessen verfügt über einen hohen Anteil von Vorkommen im Körperschaftswald. In Nordrhein-Westfalen dominiert die Eigentumsart Privatwald größer 200 ha. Die übrigen Bundesländer zeigen ein sehr differenziertes Bild der Eigentumsverhältnisse.

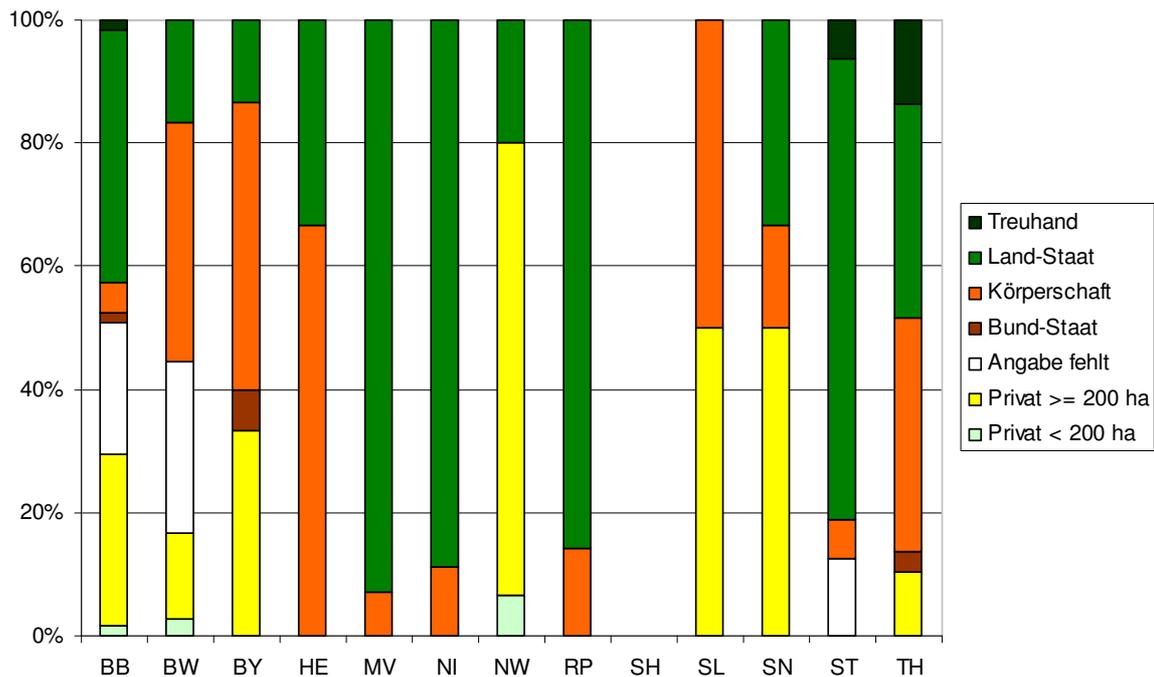


Abb. 4.7.2: Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern (Wild-Birne)

4.8 Naturschutz-Status

Um zu prüfen, ob die Vorkommen der Wildbirne auf Flächen mit Schutzstatus liegen, wurden vom Bundesamt für Naturschutz Shape-Dateien der Schutzgebiete Deutschlands angefordert. Diese konnten im GIS visualisiert werden und mit einer Verschneidung jedem Vorkommen, soweit vorhanden, eine oder mehrere Schutzkategorien zugeordnet werden. Da sich die Schutzgebietskategorien oft überlagern, vor allem im Bereich Europäisches- und Nationales Naturschutzrecht, wurde in den Abbildungen die Anzahl der Vorkommen getrennt nach Natura 2000 und übrigen Schutzkategorien dargestellt sowie zusätzlich eine Angabe bei Überschneidung mehrerer Schutzgebietskategorien gemacht. Bei den Schutzgebietskategorien Nationalpark, Biosphärenreservat, Naturschutzgebiet, Naturpark und Landschaftsschutzgebiet gibt ein grüner Balken die Anzahl der Vorkommen an, die ausschließlich dieser Schutzgebietskategorie zugeordnet wurden (Abb. 4.8.1). In Zahlen hinter den Balken wird die absolute Zahl der Vorkommen in der jeweiligen Schutzgebietskategorie angegeben und zusätzlich der Hinweis, wie viele dieser Vorkommen noch einen anderen Schutzstatus besitzen.

Etwa 80 % der Vorkommen der Wild-Birne befinden sich auf Flächen mit Schutzstatus (Abb. 4.8.1). 136 Vorkommen besitzen einen Schutzgebietsstatus der Kategorie Natura 2000. 62 dieser Vorkommen liegen sowohl im FFH-Gebiet als auch im Vogelschutzgebiet.

Die Abbildungen 4.8.2 und 4.8.3 zeigen die Verteilung der Vorkommen auf die Schutzgebietskategorien in den Bundesländern.

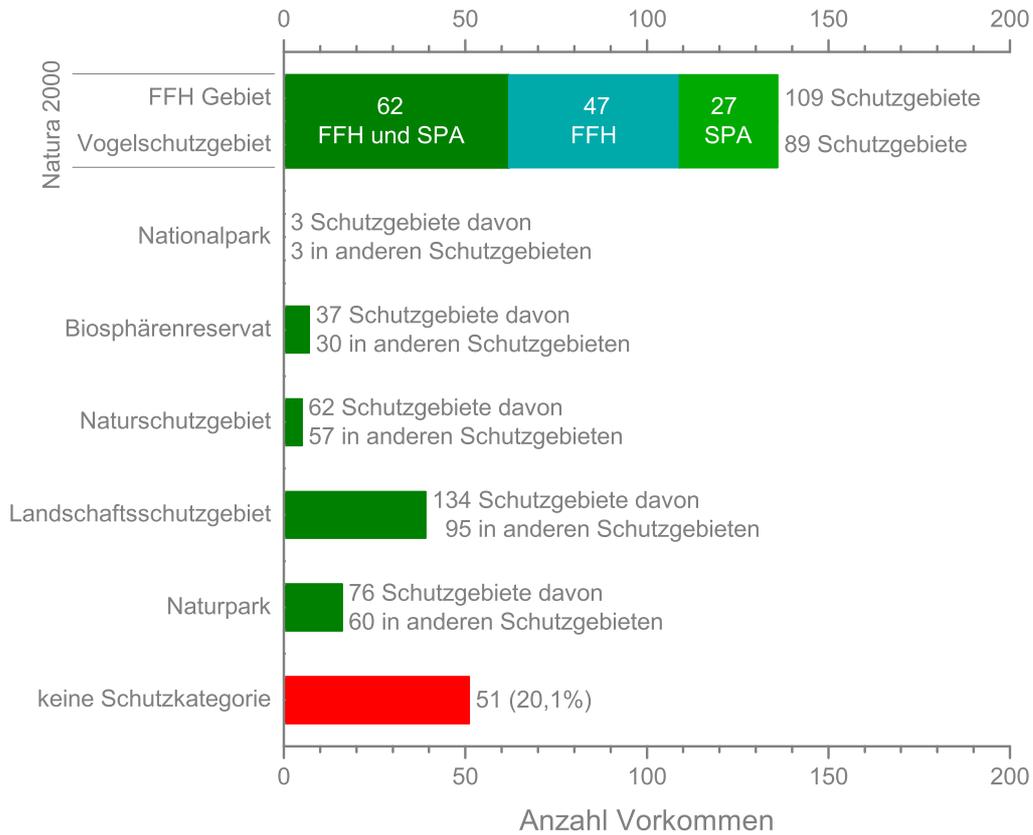


Abb. 4.8.1: Schutzstatus der Vorkommen der Wild-Birne

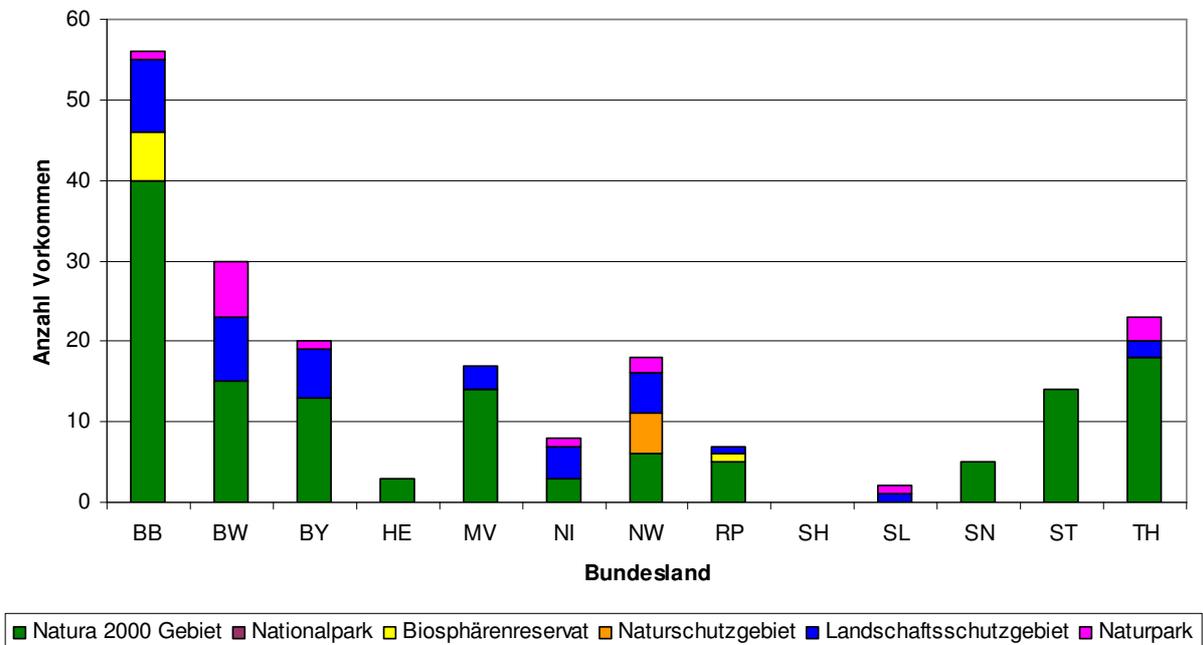


Abb. 4.8.2: Anteil der kartierten Vorkommen mit verschiedenem Schutzstatus nach Bundesländern. Dargestellt ist der höhere Schutzstatus in der Reihenfolge: Natura 2000-Gebiet - Nationalpark - Biosphärenreservat - Naturschutzgebiet - Landschaftsschutzgebiet - Naturpark.

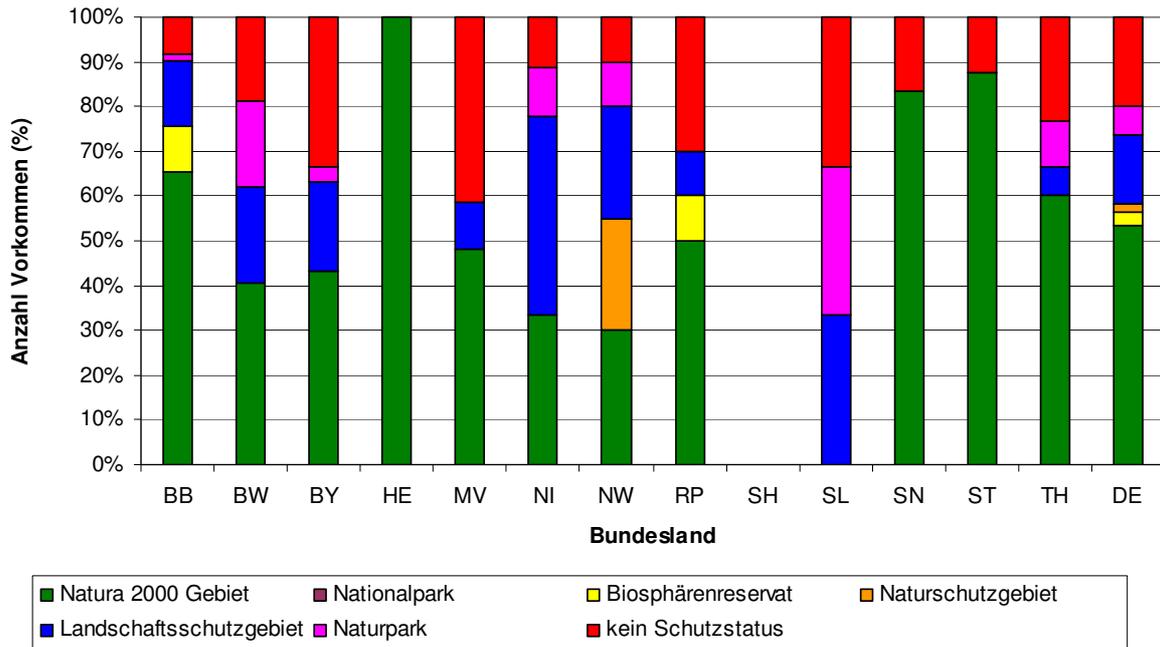


Abb. 4.8.3: Prozentuale Verteilung der kartierten Vorkommen mit verschiedenem Schutzstatus. Dargestellt ist der höhere Schutzstatus in der Reihenfolge: Natura 2000-Gebiet - Nationalpark - Biosphärenreservat - Naturschutzgebiet - Landschaftsschutzgebiet - Naturpark.

In allen Bundesländern liegt der Anteil an Vorkommen mit Schutzstatus über 50 %. In Hessen ist beiden dort kartierten Vorkommen eine Schutzgebietskategorie zugeordnet. Besonders hohe Anteile verzeichnen die Schutzgebietskategorien Natura 2000 und Landschaftsschutzgebiet. Betrachtet über das gesamte Bundesgebiet stehen etwa 80 % der Vorkommen unter Schutz, mit einem Anteil von über 50 % der Schutzgebietskategorie Natura 2000.

4.9 Genetische Charakterisierung ausgewählter Wild-Birnen-Vorkommen

4.9.1 Typisierbarkeit der Mikrosatelliten

Eine Analyse der Kern-Mikrosatelliten konnte an fast allen der 904 Proben durchgeführt werden. Bei Zweifeln an der Artzugehörigkeit wurde das Wild-Apfel-Protokoll angewandt. 25 Proben waren schließlich nur durch das Apfel-Protokoll darstellbar und wurden im Wild-Apfel-Projekt weiter bearbeitet. Lediglich drei Proben waren nicht analysierbar und gehören mit größter Wahrscheinlichkeit weder der Gattung *Malus* noch der Gattung *Pyrus* an. Alle sechs Marker wiesen Unterschiede zwischen den Fragmentlängen in Zwei-Basen-Abständen auf, so dass die Fragmentlängen gegebenenfalls gerundet werden konnten.

Die gefundenen Fragmentlängen liegen im Wesentlichen in dem in der Literatur genannten Längenbereichen (s. Tab. 3.7.2), obwohl sich die Literaturangaben bei fünf der sechs verwendeten Primer auf andere Baumarten (meist Apfel) beziehen.

Zwei Primer wurden sowohl bei der Charakterisierung von Wild-Apfel als auch von Wild-Birne im Rahmen dieses BLE-Projektes eingesetzt (ch02d12 und ch01h10).

Eine Besonderheit stellt der Primer ch02d12 dar, der einen sehr großen Fragmentlängenbereich von 116-250 bp abdeckt und damit die Literaturangabe von 175-219 bp sehr stark überschreitet, ebenso den bei den Wild-Äpfeln gefundenen Bereich von 178-232 bp. Allerdings kommt diese Spannbreite bei Wild-Birne im Wesentlichen durch ein besonders kurzes Fragment der Länge 116 zustande, das nur ein einziges Mal gefunden wurde. Das nächstlängere Fragment misst schon 214 bp. Auch die längsten Fragmente (244 und 250) wurden unter 752 Proben (1504 Fragmenten) nur je einmal gefunden. Ohne diese 3 privaten Allele läge der Fragmentlängenbereich von Wild-Birne am Genort ch02d12 bei 214-242 bp und damit deutlich eingeschränkter als die Vergleichsangaben.

4.9.2 Unterscheidung von Arten und von Wild- und Kulturbirne; Methodendiskussion

Es zeigte sich bei der angewandten Methode einer Hauptkomponentenanalyse („population assignment“ mit dem Program GENALEX 6 von PEAKALL & SMOUSE 2006), dass die Trennung der Kollektive bei weitem nicht so eindeutig möglich ist wie dies bei Wild-Apfel der Fall war (KLEINSCHMIT et al. 2011). Abb. 4.9.1 illustriert eine solche Gruppenbildung. Bei einer strengen Trennung wird derjenige Hauptachsenwert als Trennungskriterium angelegt, der von der am weitesten in Richtung Wild-Birnenschwerpunkt liegenden Kulturbirne angenommen wird. Bei der nicht unerheblichen Überlappung der beiden Gruppen führt dieses Kriterium aber zu einem sehr hohen Anteil von als kulturnah klassifizierten Individuen. Für die vorliegende Auswertung wird daher ein pragmatischer und eher vorsichtiger Ansatz gewählt, der das Trennungskriterium beim Hauptkomponentenwert 0 anlegt. Damit werden „nur“ 19 % der Individuen als kulturnah klassifiziert. Ein gewisser Anteil an kulturbeflügelten Individuen wird dabei möglicherweise nicht erkannt. Bei Anliegen des strengen Kriteriums, orientiert an der „wildnächsten“ Kultursorte (gestrichelte Linie in Abb. 4.9.1) läge der Wert bei 42 % an kulturnahen Proben.

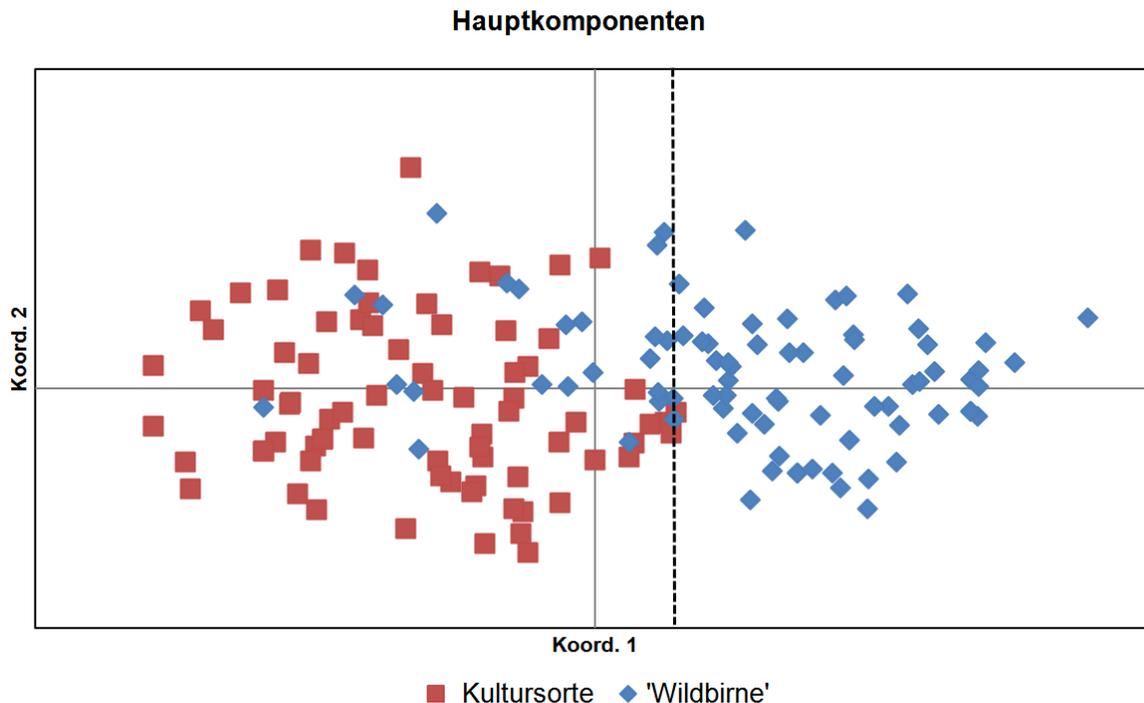


Abb. 4.9.1: Grafisches Beispiel für das Ergebnis der Hauptkomponentenanalyse zur Trennung von Wild- und Kulturbirnen

Braune Quadrate: bekannte Kultursorten als Referenz, blaue Rauten: als Wild-Birne erhaltene Proben zur Untersuchung. Gestrichelte senkrechte Linie: scharfes Trennkriterium zwischen Wild- und Kulturform. Nulllinie der Koord. 1: tatsächlich angewandtes Trennkriterium.

Gerade bei Wild- und Kulturbirne stellt sich auch die grundsätzliche Frage, ob diese beiden Formen überhaupt genetisch eindeutig trennbar sind. Verschiedene Autoren vermuten, dass es eine reine Wild-Birne (*Pyrus pyraeaster*) möglicherweise nur noch höchst selten oder gar nicht mehr geben dürfte (ENDTMANN 1999, ETHZ 2001). So spricht ENDTMANN (1999) von einem „hybridogenen Formenschwarm“ zwischen Wild- und Kulturbirne, „dessen einzelne Glieder morphologisch nahtlos zwischen *Pyrus pyraeaster* und *Pyrus communis* vermitteln“. Eine Durchdringung des Wild-Birnen-Genpools durch Kulturbirnen-Gene scheint hier viel intensiver stattgefunden zu haben als beim Wild-Apfel, was sich hier möglicherweise in einer weniger scharfen genetischen Gruppenbildung zeigt.

Dennoch sollte auch mit genetischen Methoden eine bessere Trennbarkeit der beiden Gruppen erreichbar sein. Hierbei ist an zusätzliche Marker zu denken, aber auch an mehr und größere Kollektive von eindeutig nach morphologischen Merkmalen identifizierte Gruppen von Wild-Birnen, die als Referenz zur Verfügung stehen. Die vorliegende Auswertung gibt einen Anhaltspunkt zur Ausscheidung von stark kulturverdächtigen Individuen, kann aber im Ernstfall noch keine kompetente morphologische Evaluierung ersetzen.

Die Ergebnisse der genetischen Charakterisierung hinsichtlich der Zugehörigkeit zu den Gattungen *Malus* und *Pyrus* sowie die Differenzierung der Birnenproben nach „wilden“ und „kulturnahen“ Formen sind in Tab. 4.9.1 dargestellt. Von den insgesamt 904 Proben waren 28 (3 %) nicht als Birne analysierbar, 25 davon konnten als Apfel analysiert werden. 3 Individuen waren auch bei Wiederholungen weder als Apfel noch als Birne analysierbar. Hier dürfte es sich um andere Gattungen handeln. Der „Beifang“ von Äpfeln in Birnenvorkommen scheint damit etwas geringer zu sein als der „Beifang“ von Birnen in Apfelnvorkommen.

Von den in Tab. 4.9.1 dargestellten 876 Birnenproben wurden 165 (19 %) als Kulturformen bzw. kulturnah eingestuft. Der Anteil der kulturnahen Birnenproben verteilt sich nicht gleichmäßig auf die Vorkommen. Ein Bestand (BB-5 Dannewitz) besteht größtenteils aus Kulturformen, bei zwei Beständen (NI-2 und MV-6) sind es etwa die Hälfte. Bei anderen Beständen fand sich keine (BB-2, MV-1) oder nur geringe Beimengung kulturnaher Formen (MV-3, MV-4). Letzteres gilt auch für den in Tab. 4.9.1 nicht enthaltenen zusätzlichen Bestand MV-8 (s.u.). Nur nachrichtlich wird in Tab. 4.9.1 in der Spalte „Schnittmenge“ diejenige Anzahl an Individuen mitgeteilt, die bei Verwendung des „strengen“ Trennungskriterium (gestrichelte Linie in Abb. 4.9.1) zusätzlich von „wild“ in „kulturbeeinflusst“ umklassifiziert werden müssten.

Abbildung 4.9.2a zeigt die Ergebnisse der genetischen Analyse der Wild-Birne in Bezug auf die Wildnähe. Für jedes genetisch untersuchte Vorkommen zeigt ein Kreisdiagramm, platziert nach der geographischen Lage des Vorkommens, die prozentualen Anteile an wildnahen (blauschwarz; Zahlenangabe) und kulturnahen Individuen (orange). Bei einigen Genobjekten wurden Proben genommen, die nicht die Zielbaumart zugeordnet werden konnten. Diese Anteile sind in den Kreisdiagrammen gelb dargestellt.

Lediglich zwei von 39 untersuchten Vorkommen bestehen zu 100 % aus wildnahen Individuen. „Totalausfälle“ mit 0 % Anteil der Wildform gibt es nicht. Lediglich zwei Vorkommen weisen einen Anteil der Wildform von weniger als 50% auf. Der größte Anteil der Vorkommen hat eine „Trefferquote“ zwischen 75 % und 97 %. In 13 der 39 untersuchten Vorkommen wurden neben der Wild-Birne auch fälschlicherweise Proben anderer Arten gewonnen.

Abbildung 4.9.2b zeigt die Vorkommen der Wild-Birne klassifiziert nach dem Vorhandensein kreuzbarer Arten. Vor allem bei generativen Vermehrungsmaßnahmen sollte der mögliche Einfluss von Kultursorten berücksichtigt werden.

Tab. 4.9.1: Klassifizierung der untersuchten Proben aus Wild-Birnen-Vorkommen

Ort / Region	Bez.	GO Nr.	Anz. insg.	Art: Malus	Art: unbek.	kultur-nah	Wild-birne	Schnittmenge
Rassmannsdorf	BB-1	1	30			1	29	2
Müllerberge	BB-2	2	15				15	
Parsteiner See	BB-3	3	33			3	30	9
Kasel-Golzig	BB-4	4	15			3	12	3
Dannewitz	BB-5	5	15			12	3	3
Paulinenaue	BB-6	6	18			2	16	7
Märk. Schweiz	BB-7	7	20			2	18	5
N.N.	BW-1	60	10	2		2	6	2
Küssaberg	BW-2	37-39	30			8	22	7
Uttingshof	BW-3	646	17			3	14	1
Kitzingen	BY-1	11	30			4	26	4
Uffenheim	BY-2	13	30			1	29	9
Kühkopf	HE-1	1	25		1	2	22	5
Weißehöll	HE-2	2	15	1		2	12	4
Rügen	MV-1	2	21				21	3
Feldberg	MV-2	12	17			4	13	4
Insel Vilm	MV-3	n.n	30	1		2	27	15
Gäd. Feuerb.	MV-4	24	24			2	22	7
Gäd. Baumsch.	MV-5	30	30			5	25	8
Nossent. Heide	MV-6	5	15			9	6	1
NP Müritz	MV-7	13	26	1		9	16	2
Ölper Wald	NI-1	8	16	2		4	10	7
Siebenbergen	NI-2	9	23		1	10	12	1
Beckum	NW-1	12-14	26	1		5	20	10
Mechernich	NW-2	7-10	41	10		10	21	5
Hördt	RP-1	3	15			4	11	3
Virneburg	RP-2	6	7			5	2	2
Tholey	SL-1	2	13			2	11	3
Voigts Busch	SN-1	3	30			4	26	5
Seydewitz	SN-2	4	30		1	2	27	7
Altmark	ST-1	14	31	3		5	23	10
Hakel	ST-2	1	30	3		4	23	13
Großer Busch	ST-3	5	30			4	26	7
Steckby	ST-4	6	30			5	25	
Marienquell	TH-1	20	30			4	26	7
Filsberg	TH-2	21	30			5	25	6
Hörselberg	TH-3	37	16			5	11	5
Ostramonda	TH-4	26	20			5	15	4
Straufhain	TH-5	47	20	1		6	13	5
Summen			904	25	3	165	711	201

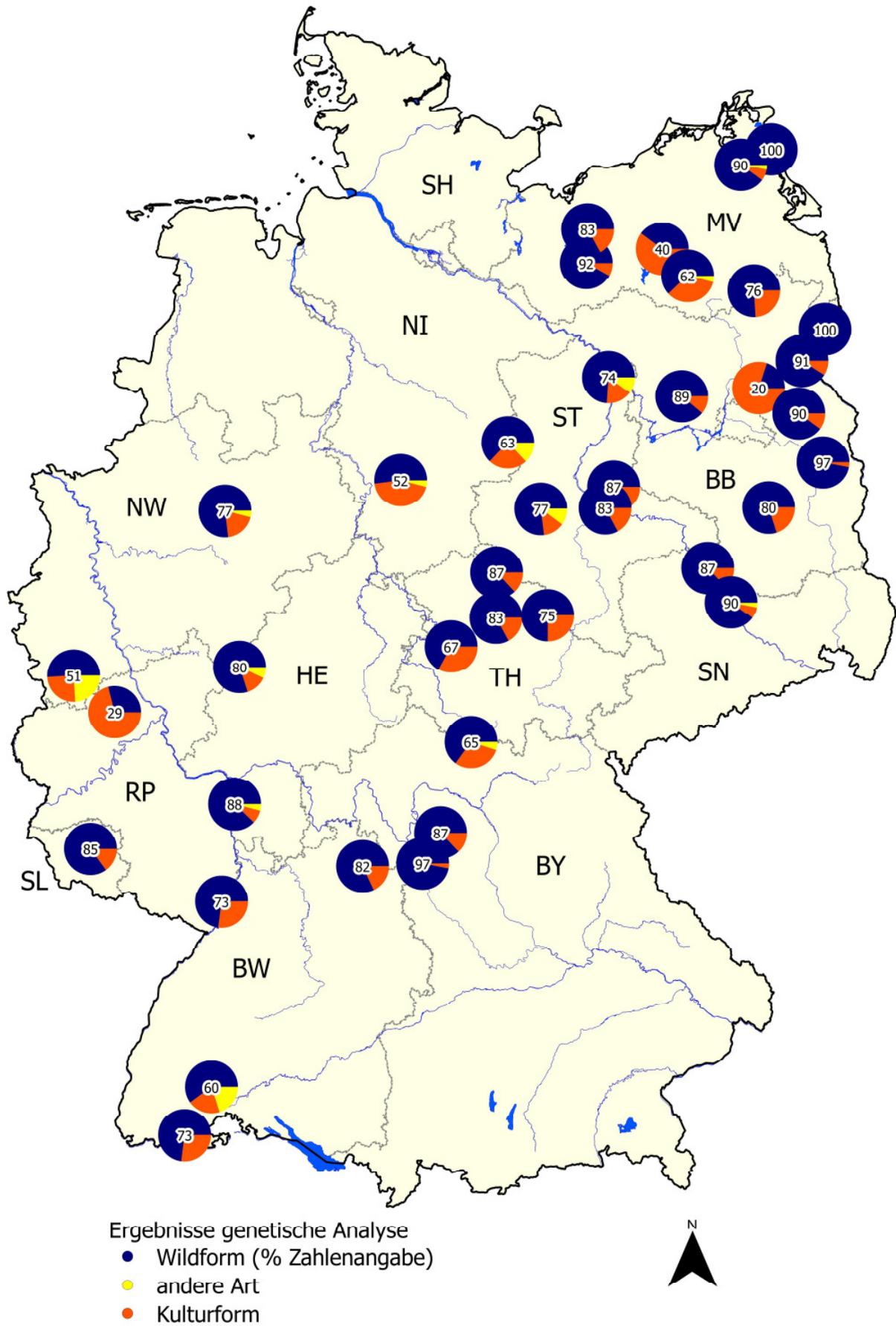


Abb. 4.9.2a: Ergebnisse der genetischen Analyse der Wild-Birne zur Einstufung der Wildnähe

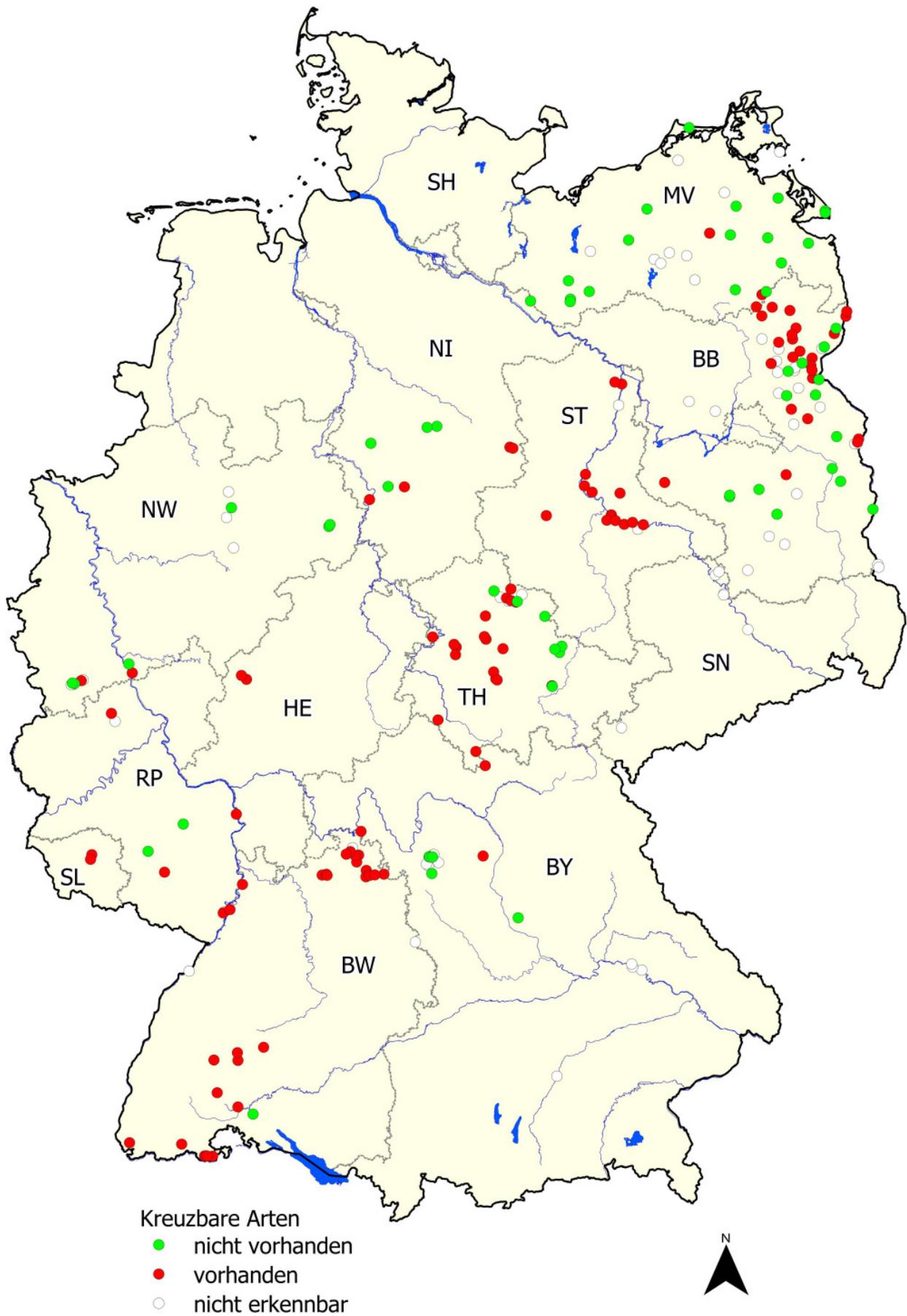


Abb. 4.9.2b: Vorkommen der Wild-Birne klassifiziert nach dem Vorhandensein kreuzbarer Arten

4.9.3 Bildung der Auswertungskollektive

Nach der Klassifizierung der untersuchten Proben als wild bzw. kulturnah wiesen 4 Vorkommen (BB-5, BW-1, MV-6 und RP-2) weniger als 10 Individuen auf und werden damit nicht mehr als eigenständige Vorkommen in der Untersuchung berücksichtigt. Es verbleiben aus der Birnenbeprobung damit 35 Vorkommen mit 694 Proben.

Um für die allgemeine genetische Charakterisierung der Wild-Birne in Deutschland auch diejenigen Birnen zu berücksichtigen, die in diesen zu kleinen Populationen verblieben sind (insgesamt 17), wird aus ihnen ein fiktives Sammelkollektiv DE-1 gebildet. Damit gehen die Informationen für die Gesamtcharakterisierung und für die Differenzierung der verbliebenen Populationen nicht verloren. Die für DE-1 erhaltenen Populations-Kenngrößen sind jedoch nicht mit denen realer Populationen vergleichbar.

Zwei weitere Kollektive ergeben sich aus den Proben, die ursprünglich als Apfel eingesandt wurden. Hierunter waren 49 Individuen, die sich als Birne herausstellten. Davon stammten 25 Individuen aus einem als Apfelvorkommen deklarierten Bestand von der Insel Rügen (Apfel-Notation: MV-4), davon wurden 24 als Wild-Birnen klassifiziert. Er wurde als zusätzliches Untersuchungsobjekt in diese Untersuchung aufgenommen mit der Birnen-Notation MV-8. Die restlichen 24 Individuen fanden sich in kleinen Anzahlen (max. 6) in verschiedenen Apfelvorkommen. Hier lässt sich keine weitere eigene Auswertungseinheit mehr bilden. Auf Grund der räumlichen Entfernung zum jeweils nächsten untersuchten Vorkommen war auch eine Zuordnung dieser Zufallsfunde zu einem vorhandenen Vorkommen nicht sinnvoll möglich. Nach der Klassifizierung verblieben 17 Wild-Birnen, die ebenfalls in einem fiktiven Sammelkollektiv (DE-2) zusammengefasst. Für DE-2 gilt ebenfalls das für DE-1 Gesagte.

Insgesamt stehen damit 752 Wild-Birnen zur Auswertung zur Verfügung: 34 Populationen mit 718 Individuen sowie zwei Sammelkollektive DE-1 und DE-2 mit je 17 Individuen (s. Tab. 4.9.2).

Tab. 4.9.2: Übersicht über die für die Auswertung verfügbaren Individuen und Kollektive von Wild-Birnen

Nr.	Ort / Region	Bez.	GO-Nr.	Wild-Birne
1	Rassmannsdorf	BB-1	1	29
2	Müllerberge	BB-2	2	15
3	Parsteiner See	BB-3	3	30
4	Kasel-Golzig	BB-4	4	12
5	Paulinenaue	BB-6	6	16
6	Märk. Schweiz	BB-7	7	18
7	Küssaberg	BW-2	37-39	22
8	Uttingshof	BW-3	646	14
9	Kitzingen	BY-1	11	26
10	Uffenheim	BY-2	13	29
11	Kühkopf	HE-1	1	22
12	Weißehöll	HE-2	2	12
13	Rügen	MV-1	2	21
14	Feldberg	MV-2	12	13
15	Insel Vilm	MV-3	n.n	27
16	Gäd. Feuerb.	MV-4	24	22
17	Gäd. Baumsch.	MV-5	30	25
18	NP Müritz	MV-7	13	16
19	Rügen	MV-8	n.n.	24
20	Ölper Wald	NI-1	8	10
21	Siebenbergen	NI-2	9	12
22	Beckum	NW-1	12-14	20
23	Mechernich	NW-2	7-10	21
24	Hördt	RP-1	3	11
25	Tholey	SL-1	2	11
26	Voigts Busch	SN-1	3	26
27	Seydewitz	SN-2	4	27
28	Altmark	ST-1	14	23
29	Hakel	ST-2	1	23
30	Großer Busch	ST-3	5	26
31	Steckby	ST-4	6	25
32	Marienquell	TH-1	20	26
33	Filsberg	TH-2	21	25
34	Hörselberg	TH-3	37	11
35	Ostramonda	TH-4	26	15
36	Straufhain	TH-5	47	13
37	„Reste“	DE-1	div.	17
38	„Irrläufer“	DE-2	div.	17
Summen				752

Nr.: Nummer der Auswertung; „neue“ Kollektive farblich unterlegt

4.9.4 Variation allgemein und innerhalb der Vorkommen

An den einzelnen Genloci wurden zwischen 11 und 22 Varianten (Allele) gefunden. Die Häufigkeitsverteilungen der Allele an den einzelnen Genorten über alle untersuchten und als wildnah klassifizierten Individuen hinweg befinden sich grafisch illustriert im Anhang (Diagramme Abb. A1 bis A6). Die allelischen Verteilungen innerhalb der 38 Kollektive befinden sich in Tabellenform ebenfalls im Anhang (Tab. A1 bis A6).

Eine stärker zusammenfassende Darstellung der allelischen Strukturen findet sich in Tab. 4.9.3. Neben der absoluten Anzahl n von Allelen wird deren effektive Anzahl (Diversität ν) für jeden Genort angegeben und für jedes Vorkommen sowie für die Gesamtheit aller Vorkommen dargestellt. Bei der Multilocus-Betrachtung werden die mittlere Diversität $\bar{\nu}$ und die hypothetische gametische Multilocus-Diversität ν_{gam} angegeben.

Eine grafische Darstellung der mittleren Diversität $\bar{\nu}$ über alle sechs Genloci zeigt Abbildung 4.9.3.

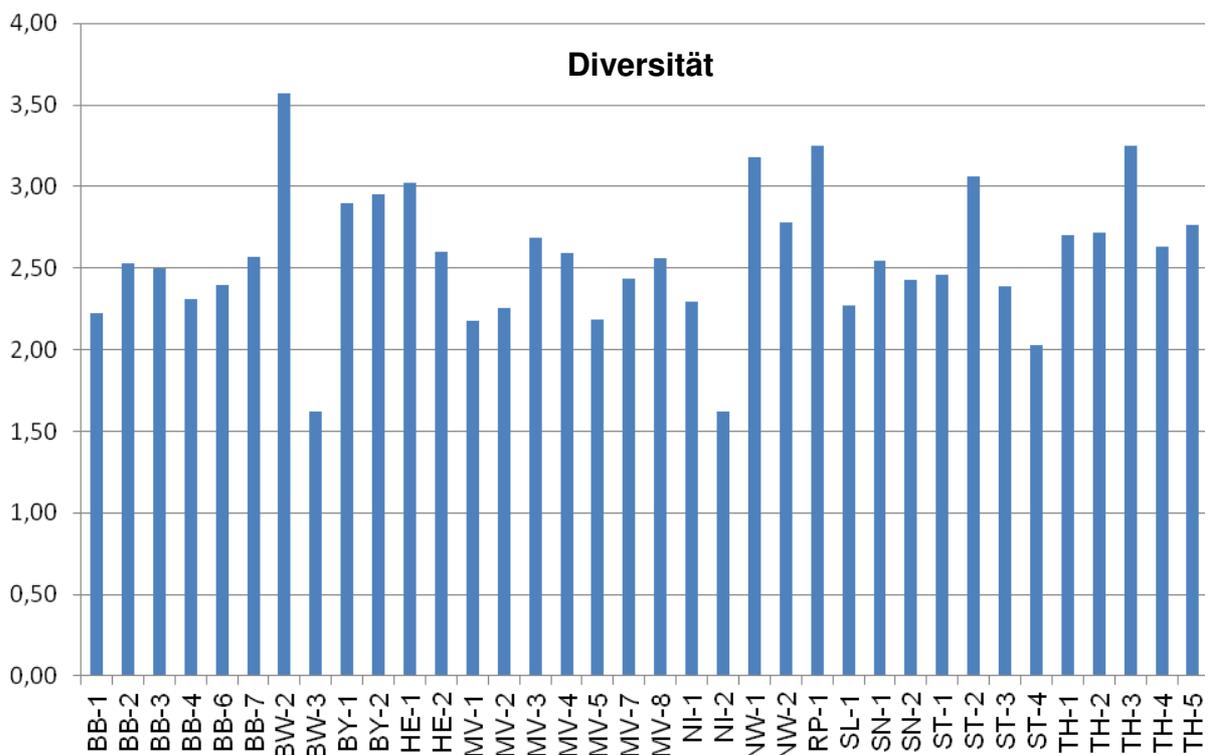


Abb. 4.9.3: Allelische Diversität (mittlere Diversität $\bar{\nu}$ über sechs Genloci) für 36 Vorkommen der Wild-Birne

Tab. 4.9.3: Anzahl der beobachteten Allele und ihre Diversität an sechs Mikrosatelliten-Genorten von Wild-Birne in ausgewählten Vorkommen

Nr.	Vork.	(n)	ch01h10		mss05		ch01f02		ch02d12		empc116		ms14h03		alle Loci		
			n	v	n	v	n	v	n	v	n	v	n	v	n	\bar{v}	V_{gam}
1	BB-1	29	4	1,19	4	1,43	10	4,43	10	4,43	5	2,91	8	2,78	41	2,2	269
2	BB-2	15	4	1,53	4	1,64	8	3,78	8	3,72	5	2,74	6	4,74	35	2,5	458
3	BB-3	30	4	1,40	7	1,86	10	2,51	12	7,59	5	2,69	6	4,04	44	2,5	539
4	BB-4	12	2	1,09	3	1,67	6	4,72	6	4,80	5	2,32	7	4,36	29	2,3	418
5	BB-6	16	4	1,38	5	2,46	5	2,21	8	5,45	6	2,56	5	2,84	33	2,3	298
6	BB-7	18	3	1,48	5	1,95	7	3,66	9	4,35	4	2,17	8	5,45	36	2,5	541
7	BW-2	22	5	1,89	7	4,82	9	4,46	9	3,69	8	4,34	7	4,61	45	3,5	3.003
8	BW-3	14	2	1,07	4	1,35	4	2,99	6	1,59	3	2,07	6	1,73	25	1,6	25
9	BY-1	26	3	1,08	7	3,96	12	6,09	9	3,67	7	3,82	8	5,12	46	2,9	1.875
10	BY-2	29	6	1,34	7	2,52	9	4,71	10	6,23	7	3,43	7	4,49	46	2,9	1.520
11	HE-1	22	5	1,27	6	3,72	8	3,00	8	5,63	6	5,12	8	4,50	41	3,0	1.835
12	HE-2	12	3	1,41	6	3,31	7	5,88	7	3,65	3	2,13	6	2,59	32	2,6	554
13	MV-1	21	4	1,22	4	1,48	9	2,30	9	7,00	5	2,91	6	2,95	37	2,1	249
14	MV-2	13	2	1,08	6	3,45	4	2,10	6	3,84	4	2,24	6	3,84	28	2,2	258
15	MV-3	27	10	2,65	4	1,41	9	2,50	9	5,59	4	3,08	7	4,08	43	2,6	657
16	MV-4	22	1	1,00	8	2,20	8	5,50	11	4,59	9	4,15	10	4,52	47	2,5	1.043
17	MV-5	25	4	1,79	5	2,74	7	4,34	7	2,74	5	2,93	2	1,13	30	2,1	192
18	MV-7	16	2	1,06	4	2,25	5	3,61	5	4,41	5	2,67	6	4,92	27	2,4	499
19	MV-8	24	8	2,02	5	1,56	9	3,20	7	4,88	5	2,59	4	3,32	38	2,5	423
20	NI-1	10	4	1,53	3	1,50	8	6,25	6	1,96	6	4,35	6	2,53	33	2,2	310
21	NI-2	12	2	1,09	3	1,29	5	3,20	3	1,29	5	3,03	4	1,68	22	1,6	30
22	NW-1	20	5	1,61	4	3,32	8	4,65	6	4,85	6	3,00	7	4,79	36	3,1	1.733
23	NW-2	21	3	1,21	5	2,58	9	6,58	8	3,80	5	3,25	6	4,45	36	2,7	1.137
24	RP-1	11	3	1,58	5	3,51	6	3,90	8	4,94	8	5,76	5	3,36	35	3,2	2.071
25	SL-1	11	2	1,20	3	2,49	6	2,05	6	5,38	5	2,57	4	2,92	26	2,2	247
26	SN-1	26	4	1,44	6	1,44	11	6,79	9	5,37	8	2,94	5	3,35	43	2,5	744
27	SN-2	27	7	2,39	4	1,41	6	3,64	6	5,05	3	2,27	8	2,33	34	2,4	327
28	ST-1	23	5	2,15	6	1,45	8	2,65	7	4,01	5	2,54	5	3,81	36	2,4	320
29	ST-2	23	5	1,86	6	2,16	9	4,39	8	5,54	7	3,47	6	3,82	41	3,0	1.294
30	ST-3	26	3	1,12	6	2,71	8	2,91	6	3,86	8	2,36	6	4,39	37	2,3	354
31	ST-4	25	3	1,13	2	1,37	8	3,83	8	2,82	4	2,40	8	3,20	33	2,0	128
32	TH-1	26	4	1,38	6	1,73	9	5,28	10	5,03	7	3,75	7	3,85	43	2,7	913
33	TH-2	25	4	1,63	5	1,87	9	4,03	10	4,73	7	2,87	7	3,91	42	2,7	655
34	TH-3	11	3	1,60	3	2,69	8	5,26	8	5,38	7	4,94	5	3,67	34	3,2	2.208
35	TH-4	15	4	1,32	4	1,64	7	5,42	6	4,02	6	4,17	6	4,25	33	2,6	832
36	TH-5	13	5	1,78	5	2,41	9	5,45	7	3,98	6	3,48	5	2,11	37	2,7	685
37	DE-1	17	3	1,20	7	3,25	6	3,83	9	5,35	6	4,59	8	4,41	39	2,9	1.611
38	DE-2	17	5	1,55	7	1,93	9	4,55	8	5,50	9	5,61	7	4,74	45	3,0	2.001
alle	752	15	1,45	11	2,20	22	4,97	16	6,16	11	3,82	18	8,07	93	3,0	1.897	

Abkürzungen: (n): Anzahl untersuchter Bäume; n: absolute Anzahl der Allele; v: effektive Anzahl der Allele (Diversität); \bar{v} : mittlere Diversität über alle Loci; V_{gam} : hypothetische gametische Multilocus-Diversität.

Die Variabilität der Wild-Birne scheint insgesamt deutlich geringer als die des Apfels. Dies gilt sowohl für die Anzahl insgesamt gefundenen Allele (93 bei Birne gegenüber 134 bei Apfel) als auch für die Diversitätsmaße. So beträgt die mittlere Diversität über sechs Loci bei Birne 3,05, bei Apfel ist sie mehr als doppelt so hoch (6,20). Dies mag auch an den untersuchten Loci liegen, die Vorauswahl zielte bei beiden Arten aber gleichermaßen auf hohe Variabilität ab. Zwei Primerpaare (*ch01h10* und *ch02d12*) wurden bei beiden Arten eingesetzt. Bei *ch01h10* zeigen sich besonders prägnante Unterschiede in der Variabilität. So liefert dieser Genort bei Wild-Birne mit einer Diversität von nur 1,45 (Wild-Apfel: 7,52) den geringsten Beitrag zur Gesamtdiversität, während er bei Apfel die zweithöchste Einzellocus-Diversität aufweist.

Es fallen einige extrem niedrige Werte der hypothetischen gametischen Multilocus-Diversität von nur 25 bzw. 30 auf. Hier konnte gezeigt werden, dass das Vorkommen klonaler Strukturen eine Erklärung bieten kann. Von den 14 Wild-Birnen in BW-3 weisen 10 denselben Multilocus-Genotyp auf, NI-2 weist ebenfalls einen hohen Verklonungsgrad auf. Klonale Strukturen wurden im Rahmen dieser Auswertung nicht weiter untersucht, die beiden genannten Bestände weisen diesbezüglich eine Ausnahmestellung auf. Insgesamt scheinen klonale Strukturen bei Birne etwas häufiger zu sein als bei Apfel.

Die Spitzenwerte der Diversität nehmen die Populationen BW-2 und TH-3 ein. Dies überrascht insofern, als TH-3 mit nur 11 Wild-Birnen den geringsten Stichprobenumfang aufweist. Die anderen drei TH-Vorkommen zeigen dagegen unterdurchschnittliche Werte. Ein ähnliches Bild zeichnen die vier ST-Bestände: eine Bestand mit hoher, die anderen drei Bestände mit geringer Diversität.

Die höchste allelische Vielfalt zeigt MV-4, mit 47 Allelen fast genau die Hälfte aller insgesamt in allen Vorkommen beobachteten Allele. In diesem Vorkommen finden sich auch vier der insgesamt zwölf privaten Allele, was diesem Vorkommen eine gewisse Sonderstellung verschafft. Vgl. hierzu Tab. 4.9.4.

Bei den privaten und fast privaten Allelen fällt auf, dass sie zwar insgesamt sehr selten vorkommen, in ihren „Heimatpopulationen“ aber nicht nur als einzelne Allele, sondern häufig in Anzahlen von zwei bis vier vorkommen. Dies könnte ein Hinweis auf Familienstrukturen sein.

Tab. 4.9.4: Anzahlen privater und „fast privater“ Allele an sechs Mikrosatelliten-Genorten in 38 Demen von Wild-Birne

Nr.	Dem	(n)	ch01h10	mss05	ch01f02	ch02d12	empc116	ms14h03	alle Genorte
1	BB-1	29							
2	BB-2	15	1					(1)	1+(1)
3	BB-3	30							
4	BB-4	12							
5	BB-6	16							
6	BB-7	18						1	1
7	BW-2	22						1	1
8	BW-3	14							
9	BY-1	26							
10	BY-2	29			1				1
11	HE-1	22							
12	HE-2	12							
13	MV-1	21			1				1
14	MV-2	13							
15	MV-3	27							
16	MV-4	22			(1)	1	1	2	4+(1)
17	MV-5	25	(1)						(1)
18	MV-7	16							
19	MV-8	24							
20	NI-1	10							
21	NI-2	12							
22	NW-1	20							
23	NW-2	21	1						1
24	RP-1	11							
25	SL-1	11							
26	SN-1	26					(1)		(1)
27	SN-2	27							
28	ST-1	23	(1)						(1)
29	ST-2	23		(1)					(1)
30	ST-3	26		(1)					(1)
31	ST-4	25							
32	TH-1	26							
33	TH-2	25			(1)		(1)	(1)	(3)
34	TH-3	11	(1)						(1)
35	TH-4	15			1				1
36	TH-5	13	(1)			1			1+(1)
37	DE-1	17							
38	DE-2	17							
Su. (fast) privater			2+(2)	(1)	3+(1)	2	1+(1)	4+(1)	12+(6)
Su. aller Allele			15	11	22	16	11	18	93

Zahlen ohne Klammer: Anzahl privater Allele für den jeweiligen Locus im jeweiligen Vorkommen.
 Zahlen in Klammern: Anzahl von Allelen, die genau in zwei Vorkommen auftreten („fast privat“).
 Klammerwerte treten daher pro Locus-Spalte doppelt auf, werden in der Summe aber nur einmal gezählt.

4.9.5 Differenzierung zwischen Vorkommen

Die Abstandsmatrix der paarweisen genetischen (allelischen) Abstände der 36 Vorkommen über alle sechs Genorte ist in Tab. 4.9.5 dargestellt. Es fallen die insgesamt sehr hohen Werte auf, der niedrigste liegt bei 0,18, der höchste bei 0,60.

Der Diversitäts-Spitzenreiter BW-2 zeigt hier überdurchschnittliche hohe Abstandswerte. Neben BW-2 und MV-5 mit sehr hohen Abstandswerten fallen auch hier wieder die Sonderfälle BW-3 und NI-2 mit ihren klonalen Strukturen mit erhöhten Werten auf, ebenso SL-1.

Eine Gruppe aus den sächsischen, sachsen-anhaltinischen und zwei thüringischen Beständen scheint sich recht homogen zu verhalten, mit geringen Abständen zueinander aber auch zur „Brandenburger Gruppe“.

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

Tab. 4.9.6 enthält die Differenzierungswerte D_j für alle Vorkommen und Genorte sowie für alle Genorte gemeinsam. An der Subpopulationsdifferenzierung δ erkennt man auch, dass die Beiträge der einzelnen Genorte für die durchschnittliche Differenzierung über alle Loci unterschiedlich stark sind. Die Einzellocus-Werte für δ variieren zwischen 0,16 und 0,33. Hierin spiegelt sich die unterschiedliche Variabilität der sechs untersuchten Marker wider.

Die beiden fiktiven Kollektive DE-1 und DE-2 sind Tab. 4.9.6 ebenfalls enthalten, obwohl sie nicht als Populationen existieren und Populations-Kennwerte daher nicht aussagekräftig sind. Da sie aber als Teil des gesamten Genpools der Art bei der Berechnung der jeweiligen Komplemente zu jeder Population berücksichtigt werden, sind sie auch in Tab. 4.9.6 aufgenommen, um die Berechnungsgrundlage in ihrer Gesamtheit darzustellen.

Eine grafische Darstellung der Differenzierung in Form eines Balkendiagramms findet sich in Abb. 4.9.4.

Tab. 4.9.5: Paarweise allelische Abstände (d_0) von 36 Wild-Birnen-Vorkommen; Farbcode: grün-gelb-rot für höchste, mittlere, niedrigste Werte

	BB-1	BB-2	BB-3	BB-4	BB-6	BB-7	BW-2	BW-3	BY-1	BY-2	HE-1	HE-2	MV-1	MV-2	MV-3	MV-4	MV-5	MV-7	MV-8	NI-1	NI-2	NW-1	NW-2	RP-1	SL-1	SN-1	SN-2	ST-1	ST-2	ST-3	ST-4	TH-1	TH-2	TH-3	TH-4	TH-5				
BB-1	0.32																																							
BB-2	0.29	0.27																																						
BB-3	0.29	0.36	0.32																																					
BB-4	0.29	0.37	0.25	0.35																																				
BB-6	0.28	0.28	0.26	0.36	0.28																																			
BB-7	0.52	0.53	0.45	0.48	0.47	0.49																																		
BW-2	0.40	0.39	0.40	0.38	0.48	0.41	0.60																																	
BW-3	0.40	0.42	0.41	0.41	0.46	0.44	0.43	0.45																																
BY-1	0.33	0.33	0.31	0.39	0.40	0.37	0.46	0.44	0.21																															
BY-2	0.41	0.38	0.33	0.39	0.36	0.38	0.38	0.46	0.27	0.30																														
HE-1	0.41	0.43	0.38	0.42	0.42	0.40	0.45	0.47	0.38	0.39	0.36																													
HE-2	0.28	0.33	0.26	0.36	0.28	0.30	0.48	0.42	0.44	0.38	0.35	0.47																												
MV-1	0.33	0.31	0.26	0.34	0.27	0.34	0.51	0.39	0.38	0.35	0.33	0.43	0.31																											
MV-2	0.33	0.33	0.27	0.42	0.36	0.33	0.45	0.45	0.45	0.35	0.35	0.46	0.23	0.38																										
MV-3	0.28	0.37	0.28	0.33	0.34	0.31	0.45	0.44	0.41	0.35	0.36	0.40	0.29	0.39	0.33																									
MV-4	0.51	0.47	0.50	0.46	0.49	0.44	0.55	0.60	0.47	0.47	0.45	0.44	0.59	0.54	0.57	0.46																								
MV-5	0.37	0.35	0.30	0.29	0.34	0.37	0.45	0.43	0.35	0.35	0.33	0.40	0.39	0.37	0.42	0.35	0.42																							
MV-7	0.32	0.32	0.26	0.37	0.32	0.30	0.47	0.46	0.51	0.43	0.41	0.47	0.20	0.36	0.25	0.33	0.56	0.40																						
MV-8	0.41	0.37	0.38	0.43	0.41	0.34	0.53	0.52	0.50	0.47	0.47	0.43	0.38	0.49	0.42	0.36	0.48	0.44	0.38																					
NI-1	0.44	0.46	0.48	0.45	0.59	0.49	0.58	0.28	0.45	0.46	0.49	0.40	0.51	0.50	0.53	0.49	0.50	0.47	0.54	0.50																				
NI-2	0.43	0.38	0.33	0.36	0.38	0.38	0.39	0.52	0.38	0.38	0.34	0.37	0.45	0.39	0.43	0.38	0.43	0.34	0.43	0.45	0.55																			
NW-1	0.38	0.37	0.35	0.39	0.38	0.38	0.48	0.49	0.34	0.34	0.32	0.30	0.43	0.39	0.42	0.37	0.42	0.29	0.48	0.42	0.48	0.33																		
NW-2	0.42	0.41	0.36	0.41	0.41	0.41	0.30	0.50	0.31	0.31	0.25	0.38	0.41	0.39	0.39	0.40	0.47	0.37	0.42	0.47	0.49	0.35	0.40																	
RP-1	0.47	0.49	0.42	0.47	0.42	0.46	0.47	0.50	0.43	0.46	0.35	0.48	0.40	0.46	0.46	0.48	0.52	0.40	0.45	0.51	0.52	0.43	0.43	0.41																
SN-1	0.21	0.32	0.24	0.31	0.33	0.28	0.48	0.39	0.37	0.31	0.36	0.37	0.23	0.36	0.28	0.28	0.51	0.32	0.27	0.36	0.38	0.37	0.33	0.37	0.44															
SN-2	0.30	0.35	0.28	0.34	0.34	0.36	0.49	0.41	0.47	0.39	0.40	0.46	0.33	0.33	0.30	0.37	0.52	0.36	0.35	0.47	0.52	0.42	0.44	0.40	0.53	0.27														
ST-1	0.29	0.28	0.26	0.35	0.31	0.28	0.48	0.37	0.40	0.36	0.35	0.39	0.27	0.31	0.28	0.36	0.50	0.34	0.28	0.38	0.44	0.37	0.40	0.39	0.41	0.25	0.26													
ST-2	0.28	0.29	0.23	0.33	0.30	0.27	0.44	0.40	0.36	0.30	0.30	0.39	0.28	0.29	0.28	0.29	0.45	0.30	0.28	0.35	0.46	0.32	0.34	0.34	0.41	0.20	0.27													
ST-3	0.34	0.31	0.22	0.31	0.25	0.33	0.44	0.36	0.34	0.32	0.29	0.41	0.29	0.21	0.35	0.32	0.49	0.26	0.33	0.39	0.45	0.33	0.36	0.35	0.38	0.28	0.28													
ST-4	0.21	0.30	0.27	0.31	0.27	0.23	0.51	0.40	0.45	0.40	0.40	0.44	0.23	0.34	0.30	0.26	0.46	0.34	0.25	0.33	0.47	0.42	0.40	0.41	0.44	0.22	0.29													
TH-1	0.24	0.28	0.24	0.29	0.33	0.32	0.43	0.38	0.26	0.23	0.28	0.31	0.29	0.34	0.33	0.40	0.45	0.29	0.32	0.36	0.36	0.33	0.30	0.27	0.41	0.18	0.32													
TH-2	0.31	0.30	0.22	0.33	0.29	0.31	0.42	0.36	0.34	0.31	0.31	0.36	0.33	0.31	0.33	0.34	0.48	0.30	0.32	0.43	0.42	0.34	0.35	0.32	0.39	0.23	0.28													
TH-3	0.44	0.43	0.39	0.43	0.42	0.41	0.43	0.47	0.33	0.35	0.33	0.36	0.42	0.41	0.45	0.40	0.42	0.36	0.43	0.43	0.42	0.31	0.35	0.30	0.39	0.33	0.48													
TH-4	0.27	0.32	0.33	0.31	0.34	0.27	0.51	0.44	0.40	0.33	0.38	0.45	0.33	0.37	0.36	0.31	0.45	0.31	0.32	0.34	0.47	0.42	0.37	0.39	0.47	0.27	0.37													
TH-5	0.39	0.31	0.37	0.41	0.42	0.42	0.43	0.47	0.35	0.33	0.32	0.36	0.43	0.42	0.39	0.39	0.42	0.37	0.43	0.45	0.44	0.36	0.37	0.28	0.46	0.40	0.40													

Tab. 4.9.6: Allelische Differenzierung D_j und Subpopulationsdifferenzierung δ für 38 Wild-Birnen-Kollektive und sechs Genloci

Vork. (n)	ch01h10	mss05	ch01f02	ch02d12	empc116	ms14h03	alle Loci	
BB-1	29	0,1060	0,2560	0,3359	0,2549	0,2165	0,3592	0,2547
BB-2	15	0,1213	0,2292	0,2642	0,2989	0,4075	0,2654	0,2644
BB-3	30	0,1018	0,1036	0,2655	0,2495	0,2228	0,2566	0,2
BB-4	12	0,1608	0,1568	0,4151	0,2919	0,3635	0,3725	0,2934
BB-6	16	0,0965	0,2629	0,4164	0,3662	0,2147	0,3696	0,2877
BB-7	18	0,1175	0,1023	0,1929	0,4183	0,2647	0,4653	0,2601
BW-2	22	0,2366	0,4040	0,3424	0,5435	0,4649	0,3283	0,3866
BW-3	14	0,1404	0,2846	0,4037	0,5653	0,2773	0,6868	0,393
BY-1	26	0,1515	0,3567	0,3743	0,3737	0,1970	0,3872	0,3067
BY-2	29	0,1045	0,2127	0,4114	0,2945	0,2111	0,2522	0,2477
HE-1	22	0,0806	0,2750	0,2703	0,2638	0,3471	0,2910	0,2546
HE-2	12	0,0953	0,3218	0,4836	0,4410	0,2705	0,4106	0,3371
MV-1	21	0,1347	0,2956	0,3547	0,1316	0,3203	0,3565	0,2656
MV-2	13	0,1536	0,2815	0,4357	0,3706	0,2660	0,3196	0,3045
MV-3	27	0,2581	0,2713	0,3430	0,3026	0,3145	0,1998	0,2816
MV-4	22	0,1788	0,0969	0,2895	0,3807	0,2517	0,3255	0,2539
MV-5	25	0,2876	0,2152	0,4804	0,4970	0,4675	0,7268	0,4457
MV-7	16	0,1454	0,1257	0,3499	0,3166	0,3920	0,2541	0,2639
MV-8	24	0,1797	0,2200	0,3155	0,2665	0,4357	0,3363	0,2923
NI-1	10	0,1171	0,1690	0,5315	0,5406	0,2732	0,5310	0,3604
NI-2	12	0,1340	0,2257	0,7628	0,6446	0,2236	0,5937	0,4307
NW-1	20	0,1321	0,4089	0,2682	0,2781	0,3660	0,3070	0,2934
NW-2	21	0,1635	0,1892	0,4347	0,4395	0,3276	0,2410	0,2992
RP-1	11	0,1922	0,2479	0,2671	0,2872	0,2386	0,4196	0,2754
SL-1	11	0,1606	0,2656	0,4005	0,4698	0,5558	0,4998	0,392
SN-1	26	0,0923	0,1960	0,2890	0,0953	0,2347	0,2326	0,19
SN-2	27	0,3228	0,1871	0,3123	0,2167	0,2904	0,4333	0,2938
ST-1	23	0,2738	0,1990	0,2901	0,3014	0,2091	0,2115	0,2475
ST-2	23	0,1907	0,0947	0,2347	0,1894	0,1115	0,1927	0,169
ST-3	26	0,1261	0,1958	0,2914	0,2650	0,2473	0,2504	0,2293
ST-4	25	0,1230	0,2242	0,2382	0,3823	0,2331	0,3966	0,2662
TH-1	26	0,0923	0,1430	0,2406	0,1314	0,0775	0,1751	0,1433
TH-2	25	0,1520	0,1394	0,1947	0,2718	0,1744	0,2018	0,189
TH-3	11	0,1706	0,3612	0,4673	0,2086	0,2572	0,3600	0,3042
TH-4	15	0,1152	0,1268	0,4314	0,3466	0,2366	0,3323	0,2648
TH-5	13	0,2354	0,2716	0,2814	0,2762	0,2136	0,4675	0,291
DE-1	17	0,1034	0,3004	0,3098	0,3154	0,1915	0,1968	0,2362
DE-2	17	0,1195	0,1339	0,2413	0,1018	0,2107	0,2632	0,1784
δ	752	0,1565	0,2206	0,3337	0,3114	0,2723	0,3332	0,2713

Berechnung von D_j mit Gewichtung nach Größe der Deme (Stichprobenumfang).

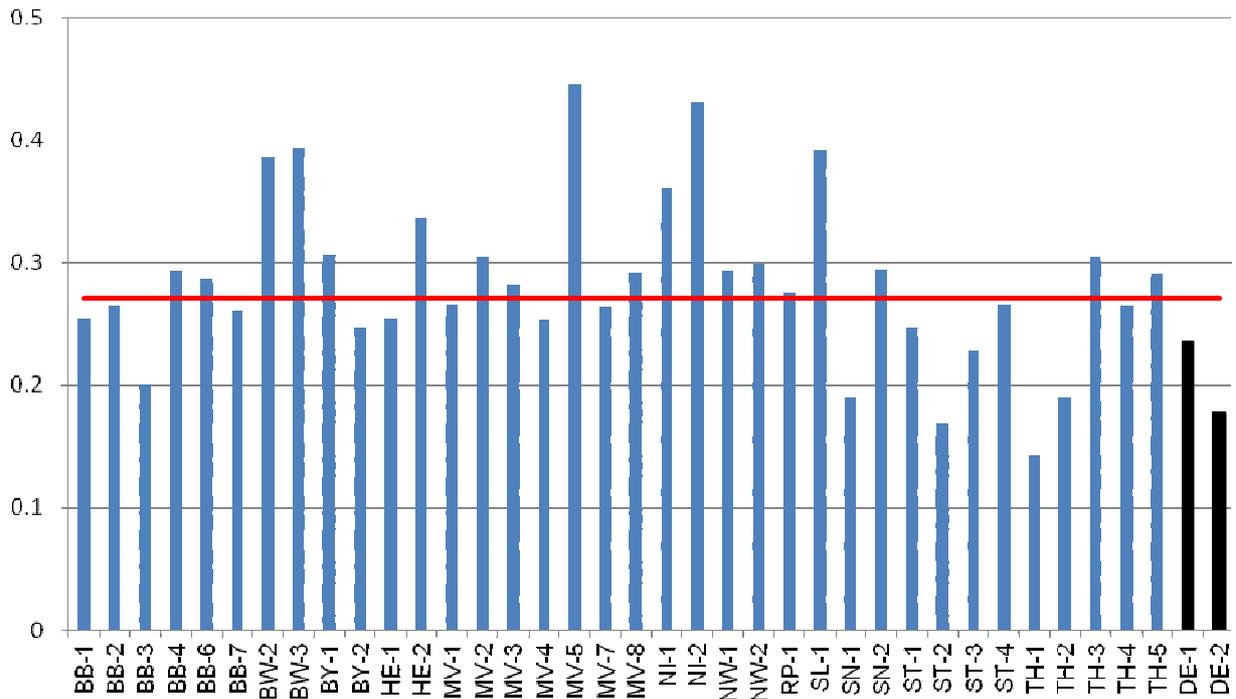


Abb. 4.9.4: Differenzierung D_j von 36 Wild-Birnenvorkommen

(blaue Säulen) sowie Subpopulationsdifferenzierung $\delta = 0,2713$ (rote Linie). Die schwarz markierten Vorkommen DE-1 und DE-2 stellen nur fiktive Populationen dar, gehen aber in die Berechnung der Subpopulationsdifferenzierung mit ein.

Die Differenzierung kann auch grafisch in Form sogenannter Differenzierungsschnecken dargestellt werden. In Abb. 4.9.5a-c sind exemplarisch die Differenzierungen der beiden Genorte mit dem niedrigsten (*ch01h10*) und dem höchsten (*ch01f02*) Beitrag zur Differenzierung sowie alle sechs Genorte gemeinsam dargestellt. Die Nummern der Populationen entsprechen denen aus Tab. 4.9.4 bis Tab. 4.9.6. Der Radius jedes Segments stellt das Ausmaß der Differenzierung von allen anderen Populationen dar, der Öffnungswinkel repräsentiert die Populationsgröße (Stichprobengröße). Der blaue Kreis repräsentiert die durchschnittliche Differenzierung δ . Die Populationen sind im Uhrzeigersinn nach abnehmender Differenzierung angeordnet. Die einzelnen Abbildungen sind im gleichen Maßstab dargestellt. Aus technischen Gründen sind in diesen Darstellungen wiederum die künstlichen Kollektive DE-1 (Nr. 37) und DE-2 (Nr. 38) enthalten. Die Differenzierungsschnecken aller Genloci sowie des Genpools befinden sich auch im Anhang (Abb. A7-A13).

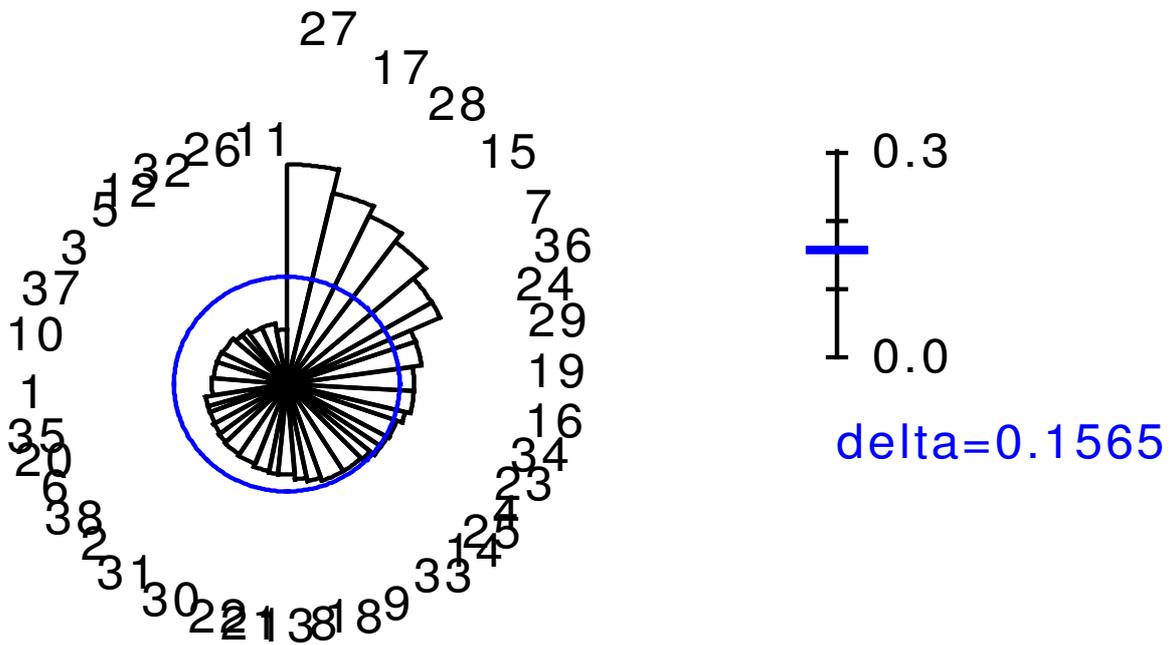


Abb. 4.9.5a: Differenzierung von 38 Wild-Birnen-Kollektiven am Genort *ch01h10*

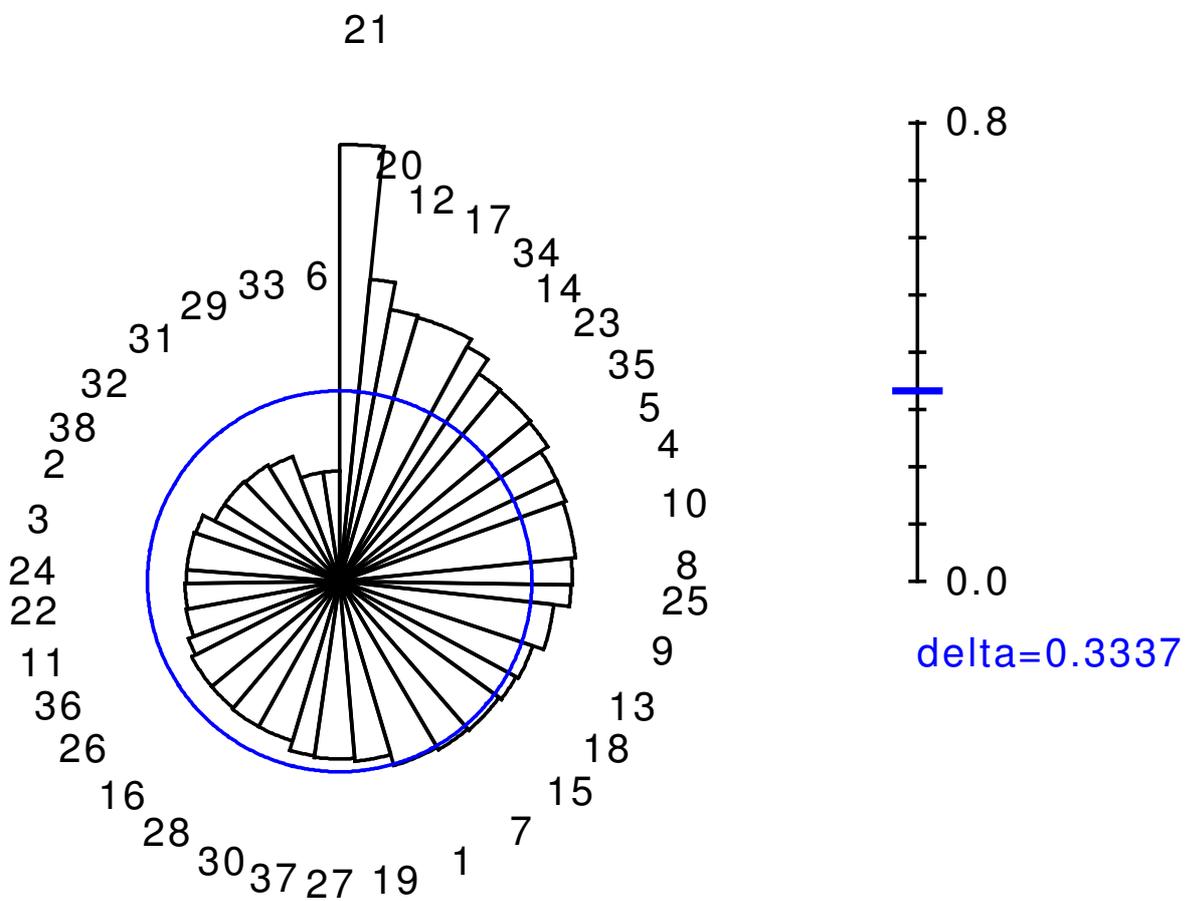


Abb. 4.9.5b: Differenzierung von 38 Wild-Birnen-Kollektiven am Genort *ch01f02*

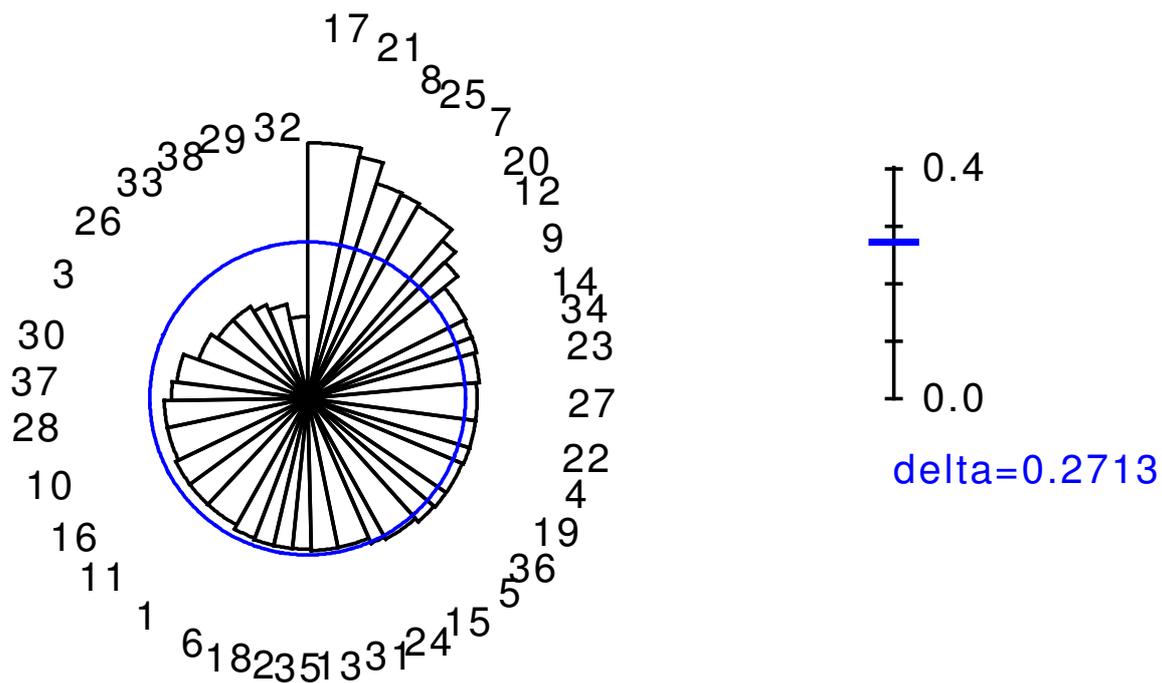


Abb. 4.9.5c: Differenzierung von 38 Wild-Birnen-Kollektiven über alle Genloci

Am markantesten fällt bei der „Genpool-Betrachtung“ die starke Differenzierung des Vorkommens MV-5 „Gädebehn Baumschule“ (Nr. 17) auf, gefolgt von den „Klonbeständen“ NI-2 (Nr. 21) und BW-3 (Nr. 8).

Die geringste Differenzierung weisen Bestände aus ST, SN und TH. Sechs Vorkommen aus diesen Ländern (32: TH-1, 29: ST-2, 33: TH-2, 26: SN-1, 30: ST-3, 28: ST-1) finden sich fast geschlossen (nur Nr. 3: BB-3 findet sich als einziges natürliches Vorkommen noch dazwischen) am Ende der Differenzierungsschnecke und repräsentieren damit den Wild-Birnen-Genpool insgesamt am besten.

Nach der Betrachtung der paarweisen Abstände und der Differenzierung vom Komplement bleibt noch die Frage nach einer hierarchischen Gliederung der Vorkommen nach genetischer Ähnlichkeit. Dazu wird aus den genetischen Abständen ein UPGMA-Dendrogramm erstellt. Es ist für alle 31 Vorkommen in Abb. 4.9.6 gezeigt.

Im Dendrogramm fallen zunächst zwei große Gruppen auf (63 und 64), die sich auch geografisch abgrenzen lassen (Abb. 4.9.7), wobei die Grenze zwischen der nordöstlichen Gruppe (63) und der westlichen Gruppe (64) zwischen den Thüringer Vorkommen verläuft. Neben diesen beiden großen Gruppen fallen eine Reihe besonderer, erst sehr spät zugruppierter Vorkommen auf. Bei MV-5 dürfte es sich nach Aktenlage (60 Individuen auf 0,3 ha, „Baumschule“) um kein natürliches Vorkommen handeln. NI-2 und BW-3 wurden schon wegen ihres hohen Anteils an Verklonung angesprochen. Diese drei Vorkommen sind in Abb. 4.9.6 und 4.9.7 farblich (pink) hervorgehoben und dürfen nicht als „normale“ Vorkommen angesehen werden. So verbleiben die beiden am südwestlichen Rand liegenden Vorkommen SL-1 und BW-2 sowie das relativ zentral liegende NI-1 als „Einzelgänger“ ohne deutliche Gruppenzugehörigkeit.

Innerhalb der Großgruppen lassen sich auch teilweise genetisch-geografische Zusammenhänge erkennen. So clustern innerhalb der westlichen Gruppe die jeweils relativ benachbarten Paare BY-1 / BY-2, HE-1 / RP-1 und NW-2 / HE-2 zusammen. Auch in der nordöstlichen Gruppe gibt es dieses, z.B. die drei Inselvorkommen MV-1, MV-3 und MV-8 (Cluster 47), aber es clustern auch nicht direkt benachbarte Population miteinander (z.B. MV-7 / BB-4, MV-2 / ST-3).

Innerhalb der nordöstlichen Gruppe 63 lässt sich noch ein größeres Cluster (48) erkennen, das innerhalb der „Großgruppe 63“ eher den südlichen und südwestlichen Teil besiedelt. Die Trennung ist aber nicht sehr deutlich, die entsprechenden Vorkommen sind in Abb. 4.9.6 und 4.9.7 gelb markiert. Auffallend ist, dass dieses Cluster 48 auf der nächsten Aggregationsebene den drei nördlichsten Vorkommen (Cluster 47) am ähnlichsten ist und mit diesem Cluster 50 bildet. Erst danach werden die restlichen Populationen (in Abb. 4.9.7 grün markiert) zugruppiert.

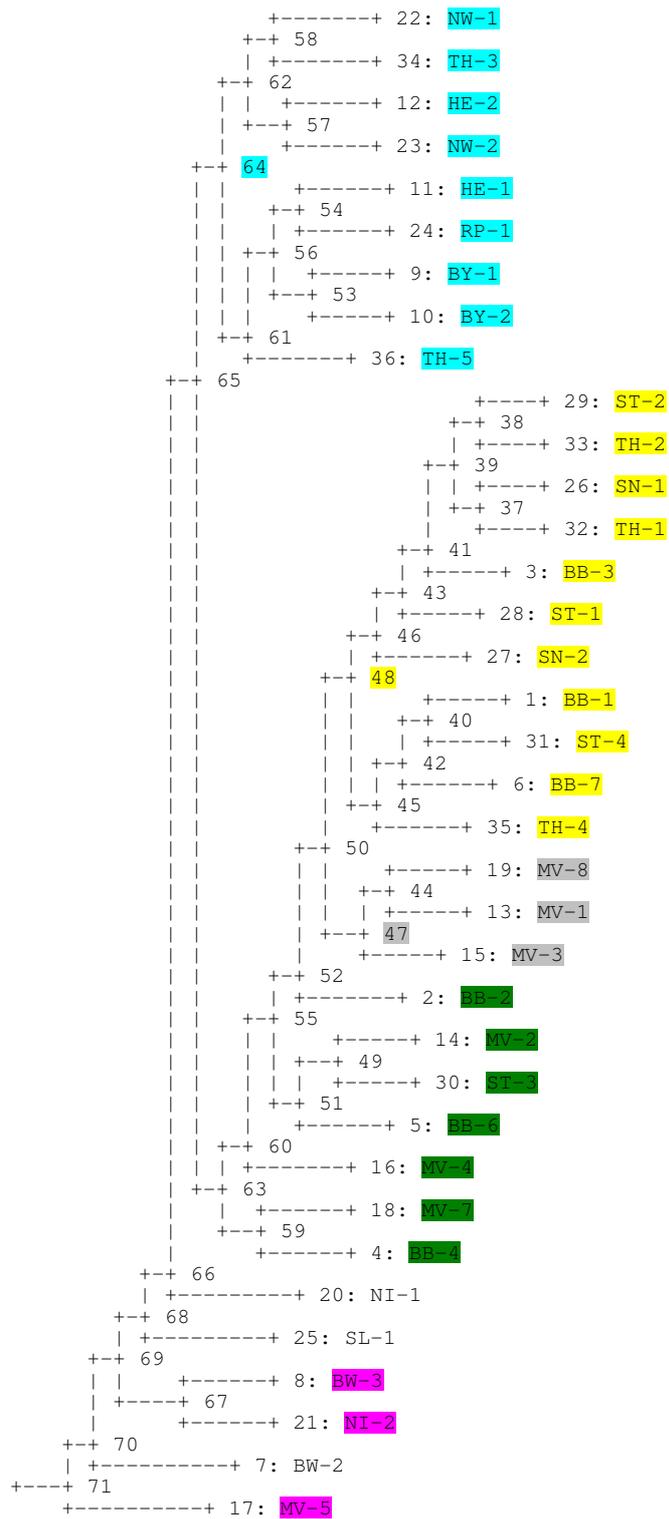


Abb. 4.9.6: Dendrogramm von 36 Vorkommen der Wild-Birne

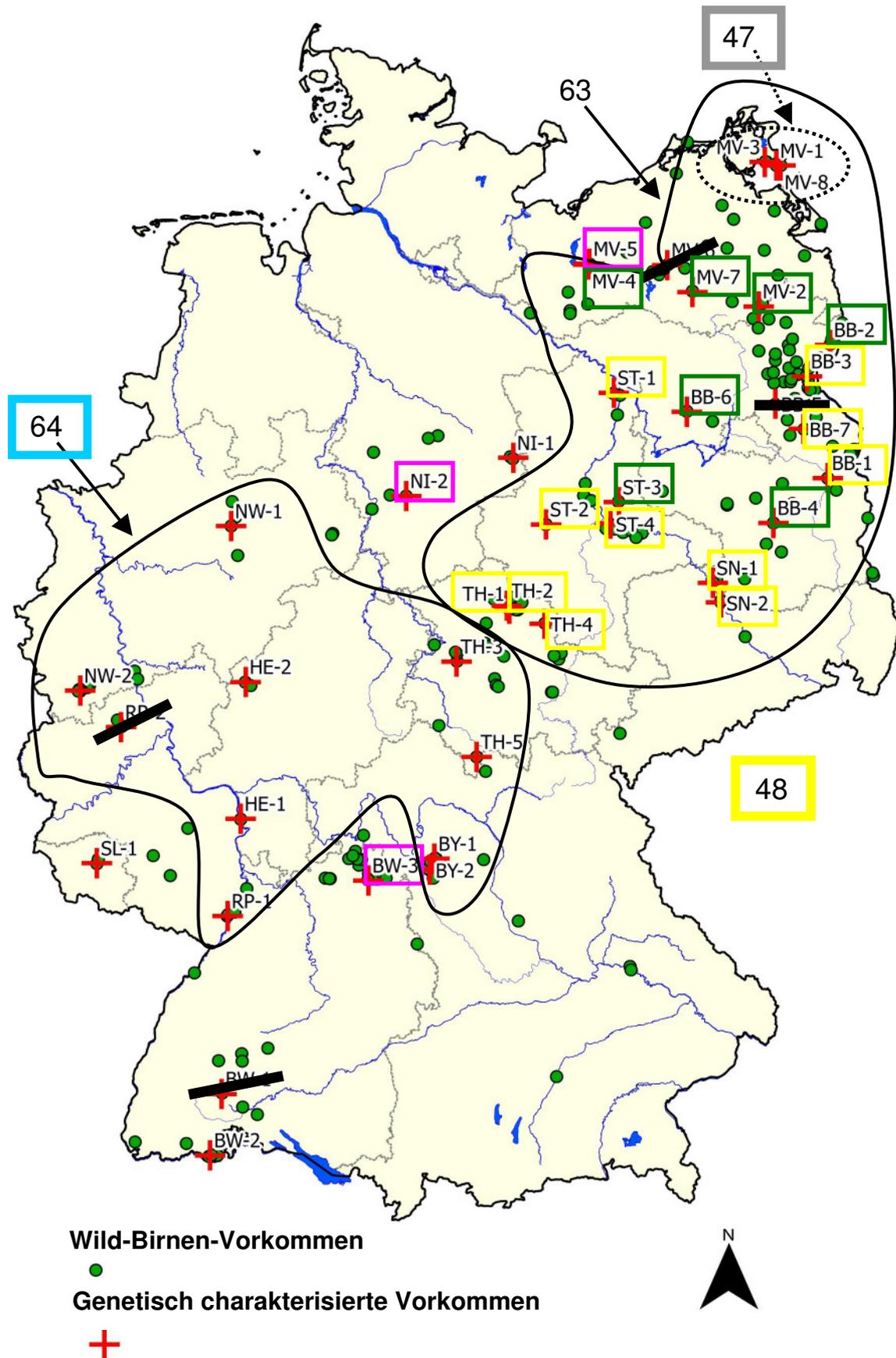


Abb. 4.9.7: Gruppenbildung von 36 Wild-Birnen-Vorkommen auf der Basis von sechs Mikrosatelliten-Genmarkern (schwarzer Balken: Genobjekt aussortiert wegen zu geringem Stichprobenumfang)

4.9.6 Schlussbetrachtung

Insgesamt kann festgestellt werden, dass relativ großräumige genetisch-geografische Strukturen vorkommen, was Auswirkungen auf die Erhaltung dieser Baumart haben wird.

Die Unterscheidung wilder und kulturnaher Formen mit genetischen Methoden ist bei der Birne noch unbefriedigend.

Die Untersuchung zeigt auch, dass Besonderheiten wie das Vorkommen klonaler Strukturen bei der Auswertung berücksichtigt werden müssen. Unter diesem Aspekt sind die Daten noch einmal kritisch zu prüfen.

Die Stichprobengrößen im Birnenprojekt waren deutlich besser als beim Apfel und boten deutlich weniger Anlass für die Spekulation über stichprobenbedingte Artefakte.

5 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Die im Rahmen des Projektes erfolgten Untersuchungen bieten erstmalig einen Gesamtdeutschen Überblick der genetischen Ressourcen der Baumart Wild-Birne, welche nach einheitlichen Methoden erfasst und bewertet wurden. Im Vordergrund der Untersuchung stand neben der zahlenmäßigen und flächenmäßigen Erfassung der Populationen vor allem die Bewertung ihrer Vitalität und Altersstruktur sowie des Verjüngungspotentials, um daraus Maßnahmen aus populations- und erhaltungsbiologischer Sicht abzuleiten. Die Erfassung von Eigentumsart und Schutzstatus ermöglicht zudem eine bessere Einschätzung der „Machbarkeit“ künftiger Generhaltungsmaßnahmen.

Die genetischen Analysen bieten in Hinblick auf die Einstufung der Wildnähe der Vorkommen sowie die genetische Variation innerhalb der Populationen und untereinander eine Grundlage zur Bewertung nach den Kriterien Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit.

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. Nutzung der erarbeiteten Methoden (Kartieranleitung, Recherchequellen, Datenbank, Auswerteroutinen) sowie der entwickelten Informationsnetzwerke (Behörden, Institutionen, Hochschulen, NGO's) für weitere Erfassungsprojekte für andere seltene oder gefährdete Gehölzarten,
5. Ableitung des Forschungsbedarfs für die Erhaltung der Baumart.

5.1 Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit

Bevor die vorliegenden Ergebnisse für die Planung und Durchführung von Generhaltungsmaßnahmen genutzt werden können, müssen die Ziele und Grundsätze der Generhaltung kurz reflektiert werden.

Im Unterschied zu vegetationskundlichen Erhebungen, z. B. zur Artenerfassung und Biotopkartierung, sind die Kartierungen zur Generhaltung nicht auf die reine Erfassung von Vorkommen ausgerichtet. Nicht jedes *Vorkommen* einer Art erfüllt die Anforderungen an die Kategorie einer *genetischen Ressource*. Im Übereinkommen über die biologische Vielfalt (ÜBV) 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 und 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 diejenigen, die mit der Erhaltung genetischer Ressourcen beauftragt sind, 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 Generhaltungsobjekten sind die Bundesländer bzw. die von ihnen beauftragten Forstlichen Versuchsanstalten 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. 5.1.1).

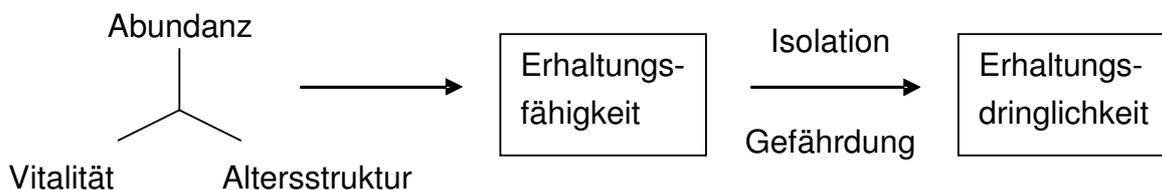


Abb. 5.1.1: Bewertungsparameter zur Auswahl des Grades der Erhaltungsfähigkeit sowie Erhaltungsdringlichkeit

Der Grad der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit kann zunächst abstrakt aus der Datenanalyse erfolgen, wie sie bereits im Kapitel 3.6.9 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 dem Nutzen gemessen werden. Diese Entscheidungen müssen dann aufgrund der regionalen Bedingungen die vor Ort zuständigen Versuchsanstalten treffen.

Da das bundesweite Konzept zur Erhaltung forstgenetische Ressourcen die Erhaltung „*In-situ*“ präferiert, sind nur Populationen geeignet, die über eine ausreichende Individuenanzahl, eine gute Vitalität und eine gute Altersstruktur möglichst mit Verjüngung verfügen. Entsprechend dieser Kriterien erfolgte die Bewertung der Erhaltungsfähigkeit.

Abbildung 5.1.2 zeigt die „*In-situ* Erhaltungsfähigkeit“ der Vorkommen der Wild-Birne. Insgesamt 16 Vorkommen befinden sich in den Stufen „sehr gut“ (1) / „gut“ (2), gefolgt von 20 Vorkommen in der Stufe „geschwächt“ (3). Die Masse der Vorkommen (178) befindet sich in einem „bedrohten“ Zustand. 11 Vorkommen gelten als „absterbend“.

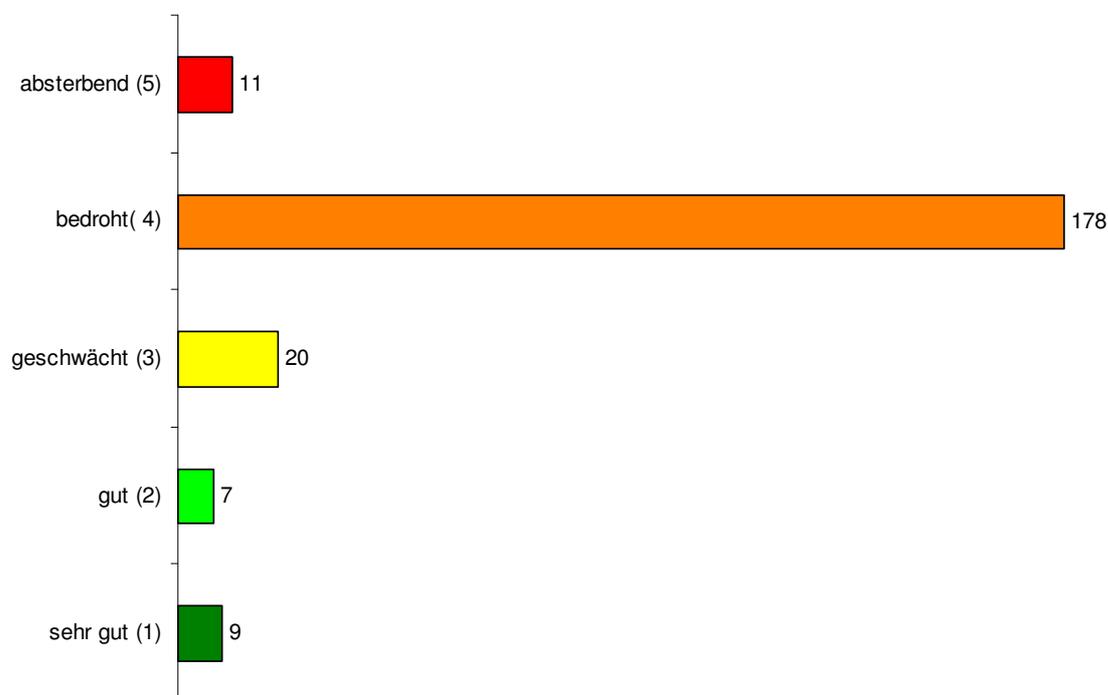


Abb. 5.1.2: Stufen der „*In-situ*-Erhaltungsfähigkeit“ mit der Anzahl der Vorkommen der Wild-Birne im Bundesgebiet

Die Vorkommen der Wild-Birne mit den Stufen der Erhaltungsfähigkeit „sehr gut“ / „gut“ befinden sich in Brandenburg, Bayern, Hessen und Sachsen-Anhalt (Abb. 5.1.3). In den übrigen Bundesländern dominieren die Anteile von Vorkommen in den Stufen „bedroht“ (4) und „absterbend“ (5).

Die Lage der Vorkommen der Wild-Birne klassifiziert nach dem Grad der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit ist in Abbildung 5.1.4 aufgezeigt. Ein Großteil der Vorkommen mit dem Status „sehr gut“ / „gut“ befindet sich in Nordostbrandenburg und in Sachsen-Anhalt im Elbbereich. Zwei weitere Vorkommen mit diesem Status liegen in Hessen am Rhein und in Nordwestbayern. In den übrigen Bundesländern finden sich überwiegend Vorkommen mit dem Status „geschwächt“ und / oder „bedroht“. Wie bereits erwähnt befindet sich ein großes und bedeutendes Vorkommen der Wild-Birne in Mecklenburg-Vorpommern auf der Insel Vilm. Laut Aussage des zuständigen Forstamtes spielt die Wild-Birne dort sogar eine Rolle bei der Waldsukzession. Aufgrund der späten Meldung konnte dieses potentielle Generhaltungsobjekt noch nicht in der Auswertung der Erhaltungsfähigkeit berücksichtigt werden. Hier sollte im Nachgang unbedingt geprüft werden, ob dieses Vorkommen in die Stufen „sehr gut“ oder „gut“ eingeordnet werden kann.

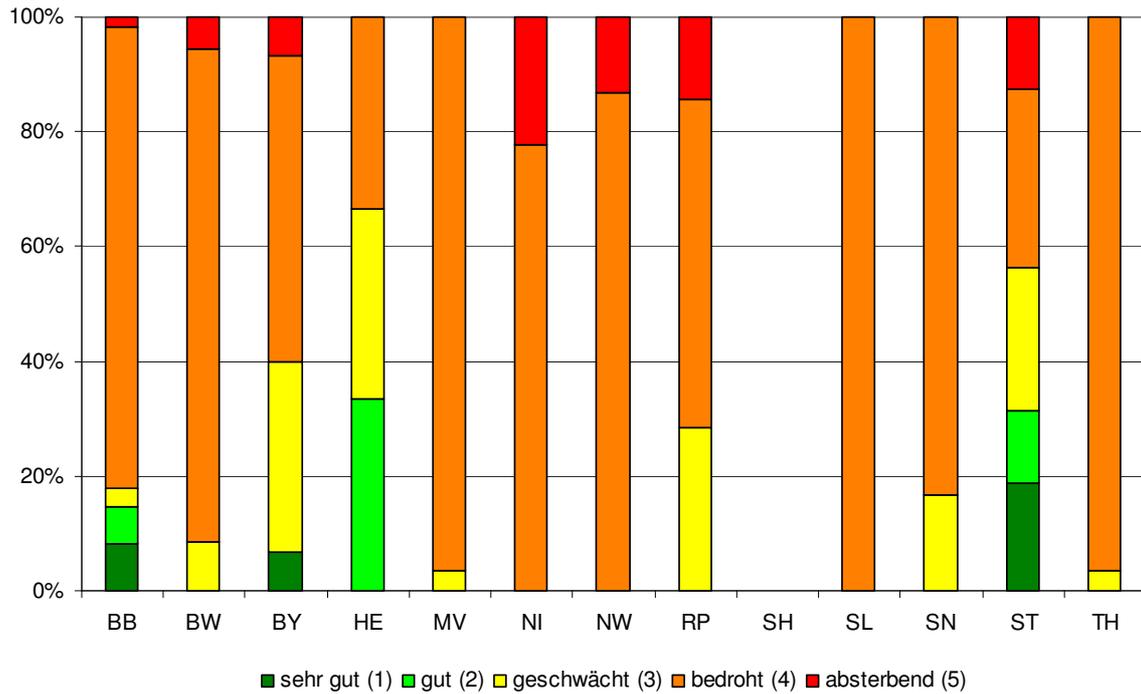


Abb. 5.1.3: *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen der Wild-Birne in den Bundesländern

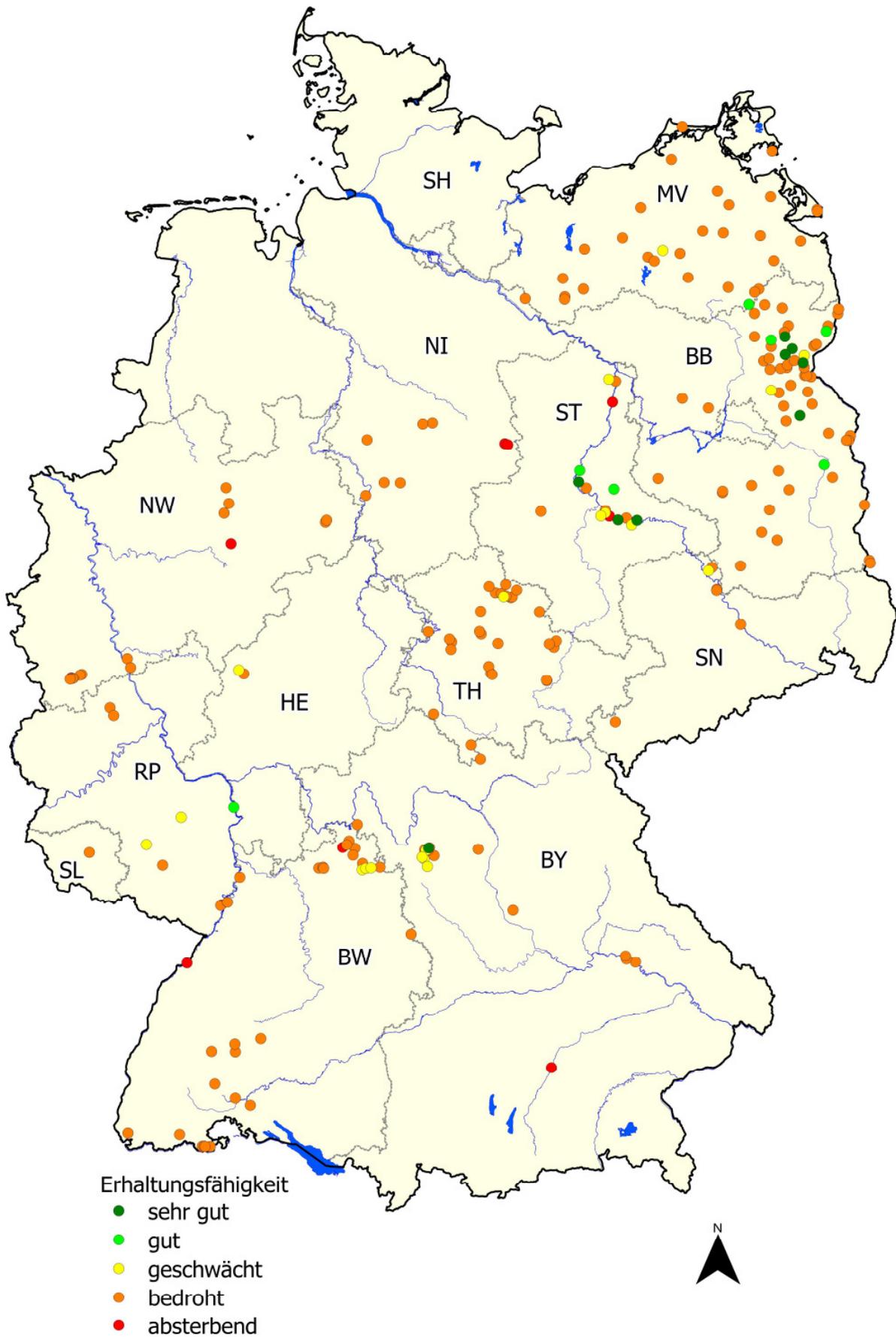


Abb. 5.1.4: Wild-Birnen-Vorkommen klassifiziert nach dem Grad der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit

Die vorangegangenen Ausführungen und Abbildungen machen deutlich, dass in Deutschland nur noch sehr wenige in sich erhaltungsfähige Vorkommen der Wild-Birne vorhanden sind. Für diese Vorkommen ist dringend anzuraten, sie auch durch die zuständigen Institutionen in den Bundesländern als erhaltungsdringliche Genobjekte anzuerkennen. Erhaltungsdringliche Genobjekte sind per Definition von einem besonders hohen Gefährdungsgrad betroffen. Ihr Verlust führt unweigerlich zur genetischen Isolation von zusammenhängenden Populationen durch das Verschwinden von „Trittsteinen“. Ob diese erhaltungsdringlichen Genobjekte auch auf „administrativer Ebene“ als solche behandelt werden können, hängt von verschiedenen zu berücksichtigenden Faktoren ab:

- Ressourcen (finanzielle und personelle),
- Eigentumsverhältnisse der Flächen,
- bereits vorhandener Schutzstatus,
- Abwägung naturschutzfachlicher und wirtschaftlicher Ziele.

Die „Generhaltung“ hat grundsätzlich das Ziel, große, vitale und genetisch vielfältige Populationen zu erhalten oder diese aus kleineren zu erschaffen. Unbedingt zu vermeiden ist die Isolation von bedeutenden Vorkommen und eine damit einhergehende „genetische Verarmung“. Bevor aufwendige *Ex-situ*-Maßnahmen geplant werden, sollte der Grad der Isolation vorher bestimmt werden. Zwei mögliche Szenarien stehen als Erhaltungsmaßnahmen zur Verfügung:

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.

Für beide Strategien ist es wichtig, die „Genzentren“ der Wild-Birne in Deutschland länderübergreifend zu erkennen. Die Abbildungen 5.1.5 bis 5.1.7 zeigen derartige Verbreitungsschwerpunkte der Wild-Birne in Deutschland, basierend auf der räumlichen Dichte der Vorkommen. Anhand der Darstellung der *Kerneldichte* mittels GIS werden einerseits die Zentren von genetischen Ressourcen der Wild-Birne und andererseits isolierte Vorkommen erkennbar. Die Darstellung der Kerneldichte der Populationen kann mit und ohne Berücksichtigung der Individuenzahl erfolgen sowie unter Berücksichtigung der Individuenanzahl pro Hektar („Dichte der Vorkommen“).

Diese Darstellungen sind für die Analyse der Erhaltungsdringlichkeit und die Planung künftiger Generhaltungsflächen sinnvoll. In Abbildung 5.1.5 ist die Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl der Vorkommen gezeigt. Hier werden Populationen insbesondere mit hoher Baumzahl, aber auch enger Nachbarschaft hervorgehoben. Tabelle 5.1.1 fasst die für die Wild-Birne ausgewiesenen Vorkommensschwerpunkte (Genzentren) zusammen.

Insgesamt lassen sich fünf Schwerpunktregionen mit jeweils ein bis zwei Teilbereichen bilden (Abb. 5.1.5). Die Schwerpunktregionen sind das Küstengebiet in Mecklenburg-Vorpommern mit der Insel Vilm (1a), die Regionen Uckermark-Barnim und Märkische Schweiz in

Brandenburg (2a und 2b), die Mittlere Elbe in Sachsen (3a), Thüringen (4a), die Regionen Heilbronn-Franken (5a) in Baden-Württemberg und die Region Mittelfranken (5b) in Bayern.

Tab. 5.1.1: Großflächig zusammenhängende Populationen (Genzentren) der Wild-Birne

Genzentrum	Bezeichnung des Genzentrums	Teilbereich	Bezeichnung des Teilbereichs
1	Küstenregion Mecklenburg-Vorpommern	1a	Insel Vilm
2	Nordbrandenburg	2a	Uckermark-Barnim
		2b	Märkische Schweiz
3	Sachsen-Anhalt	3a	Mittlere Elbe
4	Thüringen	4a	Nord- und Mittel-Thüringen
5	Süddeutschland	5a	Franken
		5b	Mittelfranken

Ohne Berücksichtigung der Baumzahl grenzen sich Regionen mit Schwerpunktorkommen der Wild-Birne nicht so deutlich ab wie mit Berücksichtigung der Baumzahl (Abb. 5.1.6). Die zuvor unter Berücksichtigung der Baumzahl gebildeten fünf Genzentren lösen sich dabei in sechs kleinere Schwerpunktregionen auf (Tab. 5.1.2). Die Kernregionen bleiben dabei jedoch erhalten und zeigen keine Veränderung.

Unter Berücksichtigung der Individuenanzahl pro Fläche des Genobjektes stechen deutlich einzelne Vorkommen heraus (Abb. 5.1.7). Hier kann nun nicht mehr von Genzentren gesprochen werden, sondern eher von „Verdichtungsräumen“. Tabelle 5.1.3 stellt die sechs „Verdichtungsräume“ der Wild-Birne zusammen. Diese weichen von den Genzentren zum Teil ab (Verdichtungsräume 4 und 6).

Tab. 5.1.2: Genzentren der Wild-Birne ohne Berücksichtigung der Baumzahl

Genzentrum	Bundesland	Bezeichnung des Genzentrums
1	Brandenburg	Uckermark-Barnim
2	Sachsen-Anhalt	Mittlere Elbe
3	Thüringen	Nord- und Mittel-Thüringen
4	Nordrhein-Westfalen Rheinland-Pfalz	Eifel-Mittelrhein- Westerwald
5	Baden-Württemberg Bayern	Franken
6	Baden-Württemberg Rheinland-Pfalz	Oberrhein

Tab. 5.1.3: Verdichtungsräume der Wild-Birne mit hoher Individuendichte pro Fläche

Verdichtungsraum	Bundesland	Bezeichnung des Verdichtungsraumes
1	Mecklenburg-Vorpommern	Mecklenburgische Seenplatte
2	Sachsen	Mittlere Elbe
3	Thüringen	Saale-Holzland
4	Nordrhein-Westfalen	Eifel-Mittelrhein
5	Baden-Württemberg	Franken
6	Bayern	Regensburg-Donau

Aus einem Vergleich der Abbildungen 5.1.5 bis 5.1.7 wird der Handlungsbedarf und die Erhaltungsdringlichkeit ersichtlich.

In den Abbildungen werden gleichfalls die isolierten Vorkommen in Teilen von Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg, Bayern, Nordrhein-Westfalen, Saarland, Rheinland-Pfalz, Niedersachsen und Hessen deutlich. Isolierte Populationen sind hier Vorkommen, die nicht in die genannten Genzentren fallen (vgl. Abb. 5.1.5). Sie sind erhaltungsdringlich, wenn sie einen guten Grad der Erhaltungsfähigkeit aufweisen. Mit welcher Intensität diese Vorkommen verjüngt und erhalten werden, muss in der Verantwortung der Bundesländer entschieden werden.

Aus bundesdeutscher Sicht sind

- langfristig die fünf Zentren mit ihren Hauptpopulationen zu sichern,
- mittelfristig die Lücken zwischen isolierten Populationen über Biotop- und Populationsverbünde auf standörtlich geeigneten Flächen soweit zu schließen, dass ein Genaustausch (wieder) möglich wird.

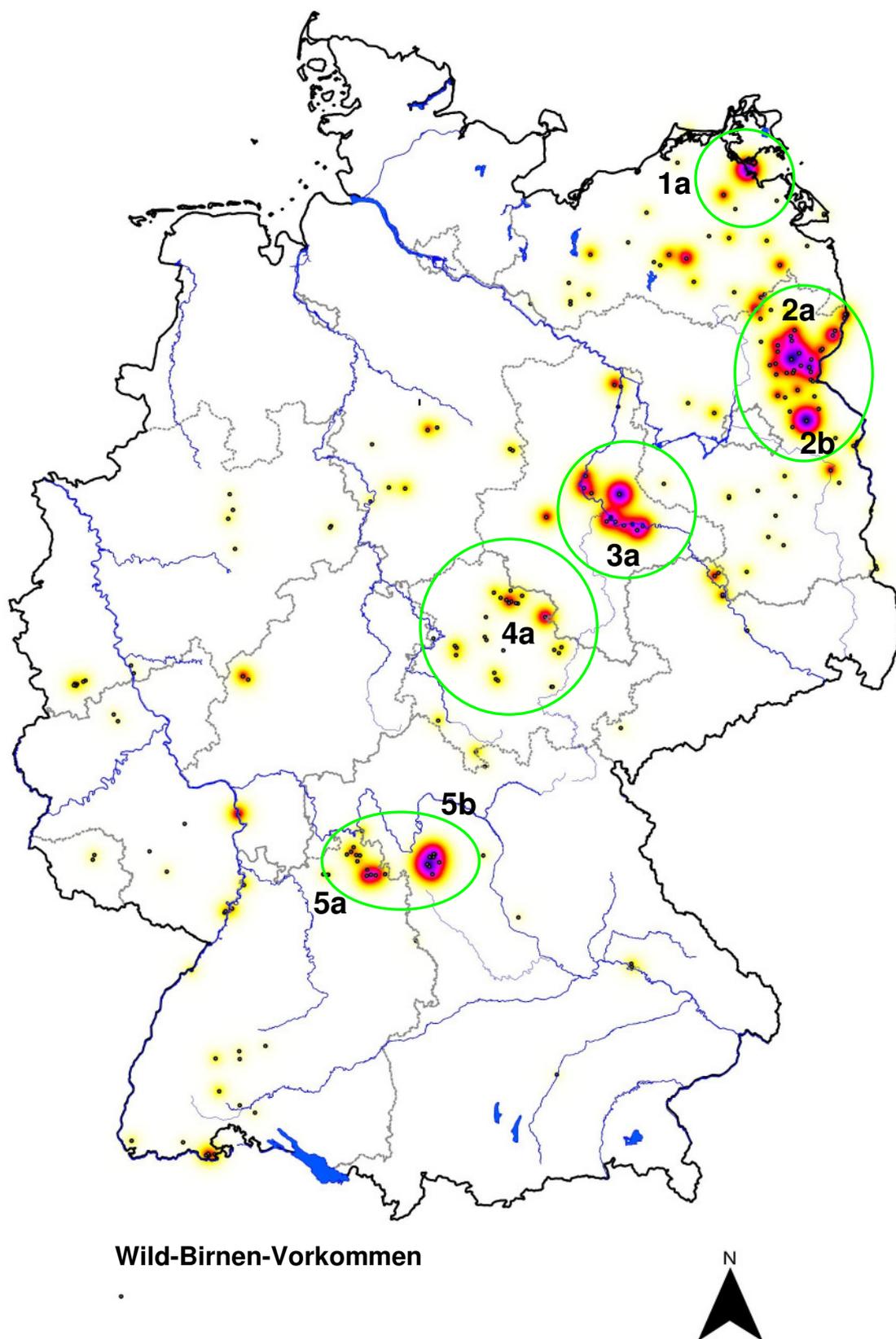


Abb. 5.1.5: Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl (ohne *Ex-situ*-Bestände) mit gekennzeichneten Genzentren

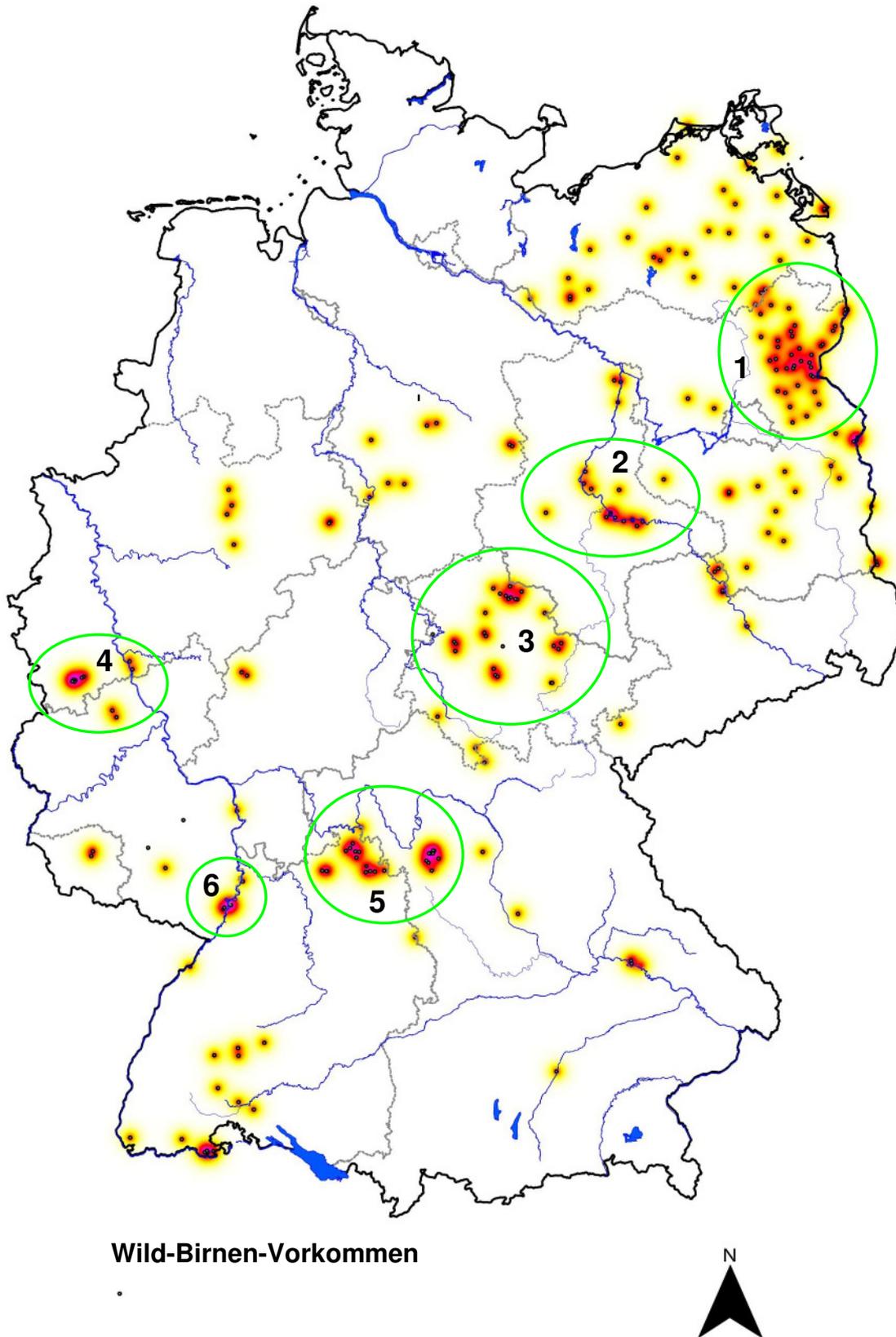


Abb. 5.1.6: Darstellung der Kerneldichte ohne Berücksichtigung der Baumzahl (ohne *Ex-situ*-Bestände) mit gekennzeichneten Genzentren

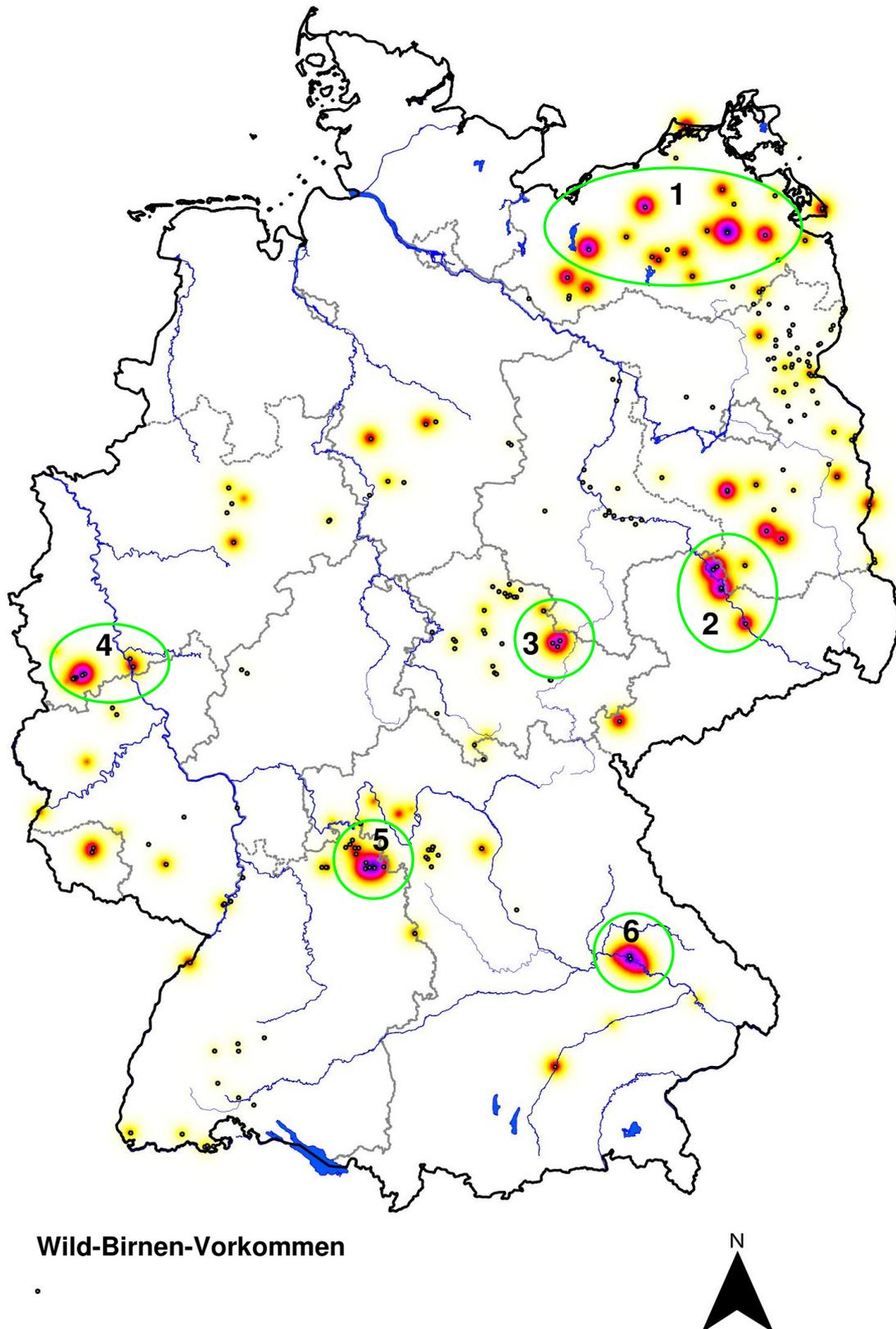


Abb. 5.1.7: Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl pro Hektar Genobjektfläche (ohne *Ex-situ*-Bestände) mit gekennzeichneten Verdichtungsräumen

5.2 Empfehlungen von Monitoringmaßnahmen

Im Kapitel 5.1 wurden die Schwerpunkte künftiger Generhaltungsmaßnahmen ausgewiesen. Angesichts des hohen Gefährdungsgrades der Wild-Birne müssen Generhaltungsmaßnahmen von Monitoringmaßnahmen zum Vitalitätszustand und zur Funktionsweise des Genetischen Systems begleitet werden. Dies ist insbesondere von Bedeutung, da die Wild-Birne im Rasternetz der Forstlichen Umweltkontrolle (Level 1) nicht vorkommt, Vitalitätsverluste somit kaum bemerkt werden und Zeitreihen nicht existieren.

Zur Überwachung des genetischen Systems wurde im Auftrag der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen“ ein Konzept zum Genetischen Monitoring entwickelt. Ein entsprechender Handlungsleitfaden zur Umsetzung des Konzeptes wurde erarbeitet und im Herbst 2007 veröffentlicht. Die bisherigen Studien und Umsetzungsaktivitäten konzentrieren sich allerdings auf die Rot-Buche und die Vogel-Kirsche.

Die Entwicklung eines Monitoringprogramms, das auf mindestens ein bis zwei Flächen pro Genzentrum (vgl. Abb. 5.1.5) durchgeführt wird, ist dringend zu empfehlen. Obwohl die Wild-Birne regelmäßig fruktifiziert, stellt sich eine natürliche Verjüngung nicht flächendeckend ein. Hier sollte gezielt nach den Ursachen geforscht und ggf. die Verjüngung durch geeignete Maßnahmen gefördert werden. Ein Unterbleiben würde unweigerlich zu einer weiteren Überalterung der Bestände führen, welche mit Verlusten und voranschreitender genetischer Verarmung einhergehen würde.

5.3 Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung

Die Erfassung der Wild-Birne im Rahmen des Projektes ermöglicht zum ersten Mal einen Gesamtüberblick über die genetischen Ressourcen der Baumart in Deutschland. Erfassungsprojekte, die wie hier mit einheitlichen Methoden und nach abgestimmten Kriterien durchgeführt werden, erlauben eine weitaus sicherere Bewertung des Gefährdungspotenzials als Kartierarbeiten in kleineren Einheiten (z. B. Bundesländer, Schutzgebiete). Handlungsempfehlungen für effiziente Erhaltungsarbeiten erreichen somit eine neue Qualität, die auch für europaweite Erhaltungsstrategien dringend erforderlich sind. Es ist daher zu empfehlen, auf der Grundlage der vorhandenen Erfahrungen derartige Erhebungen auch auf andere europäische Länder zu übertragen und in einen Kontext zum gesamten Verbreitungsgebiet der Wild-Birne zu stellen.

Kartierarbeiten in Folgeprojekten sollten unbedingt wieder über zwei Vegetationsperioden ausgedehnt werden. Dabei sollten nicht nur alle Bundesländer/Versuchsanstalten als Projektpartner einbezogen werden, sondern auch Naturschutzorganisationen und Vereine. Andere Erhebungen, wie z. B. die Biotopkartierung, die Bundeswaldinventur oder vegetationskundliche Erhebungen, erwiesen sich als wenig brauchbar, wenn die Erhaltungsfähigkeit und die Erhaltungsdringlichkeit von Populationen seltener Arten bewertet werden sollen. Angesichts des Aufwandes von Freilandkartierungen ist dies bedauerlich. Eine Berücksichtigung populationsbiologischer Parameter z. B. in der Biotopkartierung hätte die Recherche nach Verdachtsflächen wesentlich erleichtert. Gleichzeitig zeigte sich die Notwendigkeit, spezielle Kartierungen wie in diesem Projekt durchzuführen. Das im Rahmen

des Projektes entwickelte Methodenspektrum zur Erfassung, Auswertung und Datenhaltung ist mit geringfügigen Änderungen auch für weitere Gehölzarten zu verwenden.

Im konkreten Fall der Wild-Birne war zunächst die große Anzahl der nachgewiesenen Vorkommen und Individuen überraschend. Nur sehr wenige Populationen sind allerdings *In-situ* erhaltungsfähig und langfristig überlebensfähig. Erhaltungsmaßnahmen - im Wesentlichen einzuleitende künstliche Verjüngungen - sind, wie im Kap. 5.1 beschrieben, dringend geboten und sollten sich (soweit mit Bundesmitteln finanziert) auf die ausgewiesenen fünf Genzentren konzentrieren. Hierfür müssen notwendige finanzielle Mittel akquiriert werden.

Es liegen bis heute keine langfristigen Untersuchungen zur Vermehrung der Wild-Birne unter *In-situ*-Bedingungen vor. Daher sollten einige wenige Monitoringplots ausgewählt und in einem speziellen Monitoring, das Parameter des forstlichen und des genetischen Monitorings integriert, die Überlebensfähigkeit der Populationen in ihrer zeitlichen Dynamik erfasst werden.

Die Erhaltung der Wild-Birne ist grundsätzlich an geeignete Standorte geknüpft. Bevorzugt werden Auwälder, lichte Waldbestände, Waldränder und Feldgehölze. Generhaltungsmaßnahmen werden nur dann langfristig erfolgreich sein, wenn sie auf optimalen Standorten durchgeführt werden. Maßnahmen des Naturschutzes und der Generhaltung müssen künftig besser aufeinander abgestimmt werden. Die Potenziale von entsprechenden Lebensraumtypen in FFH-Gebieten bieten hier bisher ungenutzte Möglichkeiten. Durch Flurbereinigung und Waldumbau schwindet der Lebensraum der Wild-Birne kontinuierlich.

Die Wild-Birne keimt nur, wenn das Kerngehäuse entfernt wird. Eine mehrmonatige Ruhe im Exkrement wirkt zusätzlich keimungsfördernd. Angesichts dieser Tatsache ist die Wild-Birne auf die Verbreitung durch Säugetiere und Vögel angewiesen. Überhöhte Wildbestände sorgen aber zugleich dafür, dass die Verjüngung kaum eine Überlebenschance hat. Reine Zäunungsmaßnahmen wären aufgrund der Vermehrungsbiologie der Wild-Birne nicht zielführend. Empfohlen werden angepasste Jagdstrategien für die fünf Genzentren. Ein gezieltes Einbringen von („echten“) Wild-Birnen in Feldgehölze und die Verwendung als Straßenbegleitgrün sollten angestrebt und finanziell gefördert werden.

Bezüglich der Überlebensfähigkeit der Wild-Birne bestehen einige Kenntnislücken, die weiterer Untersuchungen bedürfen. Dies betrifft insbesondere die natürliche Verjüngung der Baumart. Bundesweit fehlen Bäume jüngeren Alters. Selbst unter scheinbar optimalen Standortbedingungen (Rohboden, Feuchtigkeit, fehlende Konkurrenzvegetation) bleibt die Naturverjüngung aus ungeklärten Gründen zum Teil aus. Die Wild-Birne hat, im Gegensatz zum Wild-Apfel, durch ihre starke Bedornung in der juvenilen Phase jedoch deutlich bessere Überlebenschancen.

Unter genetischen Gesichtspunkten sind die derzeit verwendeten Marker noch nicht hinreichend erprobt worden. Hier besteht weiterer Forschungsbedarf, vor allem in Bezug auf die Abgrenzung zwischen Wildform und Kulturform. Wünschenswert wäre darüber hinaus eine Methode, die in der Lage ist, nicht nur zwischen Wildform und Kulturform zu

unterscheiden, sondern eine noch stärkere Bewertung bezüglich des Grades der Wildnähe von Einzelindividuen vorzunehmen.

Schwerpunktmäßig sollten in den ausgewiesenen Genzentren Bestände zur Gewinnung von Vermehrungsgut ausgewiesen und anerkannt werden. Besonders zu berücksichtigen sind dabei Fragen der genetischen Qualität des Ausgangsmaterials (Bestätigte Wildform, genetische Variation innerhalb der Vorkommen), um Klonfamilien und interspezifische Introgression auszuschließen. Zusätzlich könnten von diesen Ausgangspopulationen Klonarchive und Mutterquartiere angelegt werden, um entsprechende Erhaltungsmaßnahmen nach den zwei dargestellten Strategien durchführen zu können. Die Entwicklung effizienter Vermehrungsstrategien ist grundsätzlich zu empfehlen. Dabei zu beachten ist, dass eine generative Vermehrung immer die Gefahr der Verunreinigung durch Kulturformen birgt. Empfohlen wird eine vegetative Vermehrung von genetisch überprüften Altbäumen.

Der Wild-Apfel wird 2013 Baum des Jahres sein und dementsprechend eine hohe mediale Präsenz erfahren. Diese sollte auch genutzt werden, um die Wild-Birne, die bereits 1998 Baum des Jahres war, als verwandte Art wieder mit in den Fokus zu rücken und möglichst artübergreifenden Projekte zum langfristigen Erhalt des Wildobstes zu initiieren.

6 Zusammenfassung

Die Wild-Birne (*Pyrus pyraster* (L.) Burgsd.) ist in ihrem Bestand bundesweit als gefährdete Baumart einzustufen. Die Gründe für ihre Seltenheit und Gefährdung liegen zum einen in ihrer Konkurrenzschwäche gegenüber forstlichen Wirtschaftsbaumarten, durch die sie – auch wegen mangelnder waldbaulicher Förderung - aus genutzten Wäldern auf Randlagen und Extremstandorte verdrängt wird. Eine zweite Bedrohung ist die genetische Vermischung mit Kulturbirnen, die im Zuge der generativen Vermehrung auftreten kann. Schließlich trägt auch der Verlust geeigneter Habitats (Feldgehölze, lichte Waldränder, Auengebiete) zur Seltenheit der Wild-Birne bei.

Eine von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung in Auftrag gegebene Erfassung und Charakterisierung zehn seltener Baumarten hat zum Ziel erstmals bundesweit nach einheitlichem Standard Informationen zur Lage, Populationsgröße, Vitalitätszustand und zur Altersstruktur von Wild-Birnen-Vorkommen sowie über deren genetische Diversität zu erlangen. Die erfassten Vorkommen sollten dokumentiert, hinsichtlich ihrer *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit bewertet und kartographisch dargestellt werden. Auf dieser Grundlage waren Empfehlungen zur räumlichen Ausrichtung und inhaltlichen Umsetzung von Maßnahmen zur Erhaltung und langfristigen Sicherung genetischer Ressourcen dieser Baumart zu formulieren.

Zur Umsetzung dieser Zielstellung wurden mit leichten Anpassungen die Kartieranleitung, Datenbank und Auswerterroutinen verwendet, die bereits in vorangegangenen Projekten zum Beispiel zur Erfassung von Ulmenarten und der Schwarzpappel entwickelt worden waren. Die Projektdurchführung erfolgte in drei Phasen. In der ersten Bearbeitungsphase wurde nach möglichen Vorkommen in verschiedenen Quellen der forstlichen Versuchsanstalten, Forstbetriebe, Naturschutzbehörden, Botanischen Vereine, der Bundeswaldinventur, Betriebsinventuren, Biotopkartierungen, Bundesforsten, Forstsaatgutstellen sowie bei Privatwaldbesitzern recherchiert. Am ergiebigsten erwiesen sich dabei die Rückmeldungen aus den Forstbetrieben und den Forstlichen Versuchsanstalten. In der zweiten Projektphase schloss sich die bundesweite Vor-Ort-Erfassung der identifizierten Vorkommen nach einheitlichen phänotypischen Kriterien an. Neben den räumlichen Lageparametern wurden auch die Anzahl der Bäume, die Durchmesserstruktur, die Begründungsart und die Vitalität erfasst und in die Datenbank übertragen. Die dritte Phase umfasste die genetische Charakterisierung ausgewählter Populationen, die Auswertung und Analyse der Daten sowie deren kartographische Darstellung. Auf Basis von Altersstruktur-Analysen wurde das Verjüngungspotenzial der Vorkommen eingeschätzt. Die Aggregation von Daten zu Populationsgröße, Vitalität und Altersstruktur mündete in die Ableitung der spezifischen *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit. Die Verbreitungsschwerpunkte (Genzentren) der Wild-Birne in Deutschland sowie Regionen und Vorkommen mit besonderem Erhaltungsbedarf wurden mit Hilfe GIS-gestützter Kernel-Dichteanalysen herausgearbeitet. Zur genetischen Charakterisierung kamen DNA-Marker (Kernmikrosatelliten) auf Basis von Blattproben für sechs Genloci zur Anwendung. Neben der genetischen Variation innerhalb der Vorkommen und zwischen ihnen sollte damit vor allem der mögliche Einfluss von Kulturbirnen auf das Genmaterial der Wild-Birne geprüft werden.

Insgesamt wurden im Rahmen des Projekts 15.734 Bäume in 227 Vorkommen als geographisch abgrenzbare, vermehrungsfähige Populationen mit mindestens fünf Individuen erfasst. Bei Ausschluss der künstlichen *Ex-situ*-Bestände ergibt sich für die verbleibenden 14.136 Wild-Birnen in 221 Vorkommen eine mittlere Flächengröße je Vorkommen von rund 305 ha mit einer durchschnittlichen Individuenzahl von 64 Bäumen. Die mit Abstand meisten Vorkommen liegen in Brandenburg, Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen-Anhalt, nur wenige dagegen in Hessen, Sachsen und im Saarland. In Schleswig-Holstein und den Stadtstaaten konnten keine Wild-Birnen gefunden werden. Die mittleren Individuenzahlen je Vorkommen sind am größten in Sachsen-Anhalt, Bayern und Brandenburg, die flächenmäßig größten Vorkommen befinden sich in Brandenburg, Hessen und Sachsen-Anhalt. Verbreitungsschwerpunkte der Wild-Birne sind dementsprechend der Nordosten Brandenburgs, die mittlere Elbe in Sachsen-Anhalt, die Mecklenburgische Seenplatte bis nach Vorpommern hinein sowie die Region zwischen Neckar und Main im Norden Bayerns und Baden-Württembergs. Die deutschlandweit vorkommensreichsten Wuchsgebiete sind das „Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland“, das „Mittlere nordostdeutsche Altmoränenland“ und „Mittelbrandenburger Jungmoränenland“.

Die genetische Charakterisierung erfolgte für 39 Populationen mit insgesamt 904 Probestämmen. Für 28 Bäume stellte sich eine abweichende Gattungszugehörigkeit heraus, 165 Individuen (19 %) der verbleibenden Proben wurden als Kulturbirnen eingeordnet. An den sechs untersuchten Genorten ließen sich jeweils zwischen 11 und 22 Allele nachweisen, insgesamt traten 93 verschiedene Allele auf. In neun der untersuchten Populationen wurden insgesamt zwölf Allele gefunden, die nur in diesen Beständen auftreten (private Allele), in weiteren neun Populationen waren „fast private“ Allele festzustellen, die jeweils nur in zwei Vorkommen auftraten. Aus der Differenzierung zwischen den Vorkommen lassen sich regionale Beziehungen bzw. Ähnlichkeiten ableiten, die den identifizierten geographischen Verbreitungsschwerpunkten entsprechen. Die relativ hohen genetischen Abstände zwischen den Populationen sind ein Hinweis auf die Isolation der Vorkommen. In einigen Fällen liegen Anhaltspunkte für klonale und Familienstrukturen vor. Die höchste allelische Vielfalt zeigt ein Vorkommen aus Mecklenburg-Vorpommern (Forstamt Gädebehn).

Die Einschätzung der Erhaltungsfähigkeit von Wild-Birnen-Vorkommen ergab Risiken vor allem als Folgen von Verinselung und Überalterung bei zu geringer Verjüngung. In Nordrhein-Westfalen, im Süden Baden-Württembergs, in Rheinland-Pfalz und in Südbrandenburg sind eine Reihe von Populationen durch ihre geringe Größe und die räumliche Isolation gefährdet. Im Bundesmaßstab sind die meisten Vorkommen außerdem durch einen Überhang stärkerer, das heißt älterer Bäume geprägt, nur bei rund einem Viertel aller erfassten Bäume war der Durchmesser geringer als 7 cm. Bei etwa zwei Dritteln der Vorkommen bundesweit war keine natürliche Verjüngung zu verzeichnen. Hohe Anteile von Vorkommen mit Naturverjüngung finden sich in Sachsen-Anhalt, Niedersachsen und Brandenburg. Die Vitalität der Wild-Birnen ist überwiegend als sehr gut einzustufen, 71 % aller Bäume fielen in die beste Vitalitätsklasse, nur drei Prozent in die Stufe „absterbend“. In der Gesamtbewertung der *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit als Kombination von Abundanz, Altersstruktur und Vitalität sind trotzdem knapp 80 % aller Vorkommen als „bedroht“ klassifiziert, nur 15 von 224 Vorkommen weisen eine gute bis sehr gute Erhaltungsfähigkeit auf.

Aus bundesdeutscher Sicht sollten langfristig die mit der Analyse der Kerneldichte identifizierten Verbreitungszentren mit ihren Hauptpopulationen gesichert und mit Monitoringmaßnahmen überwacht werden. Dazu sind eine Reihe waldbaulicher Maßnahmen von der Freistellung existierender Bäume bis zur Förderung der natürlichen Verjüngung zu empfehlen. Darüber hinaus müssen mittelfristig die Lücken innerhalb der und vor allem zwischen den Populationen über Biotop-/Populationsverbünde auf standörtlich geeigneten Flächen soweit geschlossen werden, dass ein Genaustausch gewährleistet ist. Der Gefahr der Einkreuzung von Kulturbirnen-Genmaterial könnte durch einen forcierten künstlichen Anbau mit geprüftem Vermehrungsgut begegnet werden. Mit welcher Intensität die als besonders erhaltungsfähig ausgewiesenen Vorkommen verjüngt und erhalten werden, muss in der Verantwortung der Bundesländer entschieden werden. Um dies zu unterstützen, gibt der Projektbericht Empfehlungen für weitere Erhebungen, zu Maßnahmen zur Erhaltung sowie zum Monitoring und zu künftigen Forschungsschwerpunkten.

7 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen

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

In der ersten Projektphase wurden die Generhaltungsdatenbanken bei den zuständigen forstlichen Versuchsanstalten recherchiert. Die Herausgabe der Daten bereitete teilweise Schwierigkeiten. Die Daten lagen in heterogenen Strukturen vor und ihre Herausgabe wurde teilweise verzögert.

Die Datenbanken der Biotopkartierungen, Betriebsinventuren, FFH-Gebiete, Groß-Schutzgebiete, Naturwaldreservate und Bundeswaldinventuren lagen oft nicht in den forstlichen Versuchsanstalten vor, so dass in weiteren Institutionen recherchiert werden musste. Es war ein ständiger Informationsaustausch mit anderen Personen notwendig. Da die Daten kartografisch ausgewertet wurden, war die Angabe von Koordinaten bzw. die Übersendung von GIS-shapes notwendig, was oft zu einer zusätzlichen Verzögerung führte. Die Projektbearbeitung erfolgte darüber hinaus in einer Phase der bundesweiten Umstrukturierung der Forstverwaltungen mit teilweise fehlenden Zuständigkeiten. Herauszustellen sind die Umstrukturierungen in Brandenburg und Thüringen. Die damit einhergehende organisatorische Unsicherheit und die zusätzlichen Belastungen der örtlichen Bewirtschafter reduzierten die Möglichkeiten und zum Teil auch den Willen zur optimalen Zusammenarbeit.

In der zweiten Projektphase erfolgte die Kartierung der Vorkommen bundesweit mit zuvor geschulten Kartierern der Landesversuchsanstalten und privaten Kartierbüros auf Auftragsbasis. Die in den Vorgängerprojekten zur Schwarz-Pappel und den Ulmen-Arten geforderte Ausdehnung der Kartierungen auf zwei Vegetationsperioden konnte realisiert werden und erwies sich als sehr zweckdienlich.

Nachmeldungen von Genobjekten und Fehler in der Datenbank verursachten in der Phase der Auswertung zum Teil Verzögerungen.

Um die Ergebnisse des Gesamtprojektes und auch der Vorgängerprojekte länderübergreifend weiter zu nutzen wäre es sinnvoll, die gewonnenen Daten an zentraler Stelle zu bündeln und deren Aktualisierung und Erweiterung sicherzustellen.

Für die Zukunft wäre es empfehlenswert, die bestehende Access-Datenbank in eine Web-basierte und online verfügbare Version zu überführen. Eine von Personal und Ort unabhängige Nutzung durch einen breiten Personenkreis wäre wünschenswert.

8 Literaturverzeichnis

- BORNMANN, L., & WALTMAN, L. (2011): The detection of "hot regions" in the geography of science: A visualization approach by using density maps. arXiv:1102.3862
- EDWARDS, J. (2012): Simple UPGMA clustering. <http://bioware.soton.ac.uk/upgma.html>
- ENDTMANN, K.J. (1999): Taxonomie und Naturschutz der Wild-Birne (*Pyrus pyraeaster*) und mit ihr verwandter Sippen. Beitr. Forstw. Landsch.ökol 33, 123-131
- ETHZ/BUWAL (Hrsg.) (2001): Wildbirne. Holzbirne. *Pyrus pyraeaster* (L.) Burgsd. 8 S.
- FERNÁNDEZ-FERNÁNDEZ, F., HARVEY, N.G., JAMES, C.M. (2006): Isoation and characterization of polymorphic microsatellite markers from European pear (*Pyrus communis* L.). Mol. Ecol. Notes 6, 1039-1041
- GIANFRANCESCHI, L., SEGLIAS, N., TARCHINI, R., KOMJANC, M., GESSLER, C. (1998): Simple sequence repeats for the genetic analysis of apple. Theor. Appl. Genet. 96, 1069-1076
- GILLET, E. (2010): GSED – "Genetic Structures from Electrophoresis Data". <http://www.uni-goettingen.de/de/95607.html>
- GREGORIUS, H.-R. (1978): The concept of genetic diversity and its formal relationship to heterozygosity and genetic distance. Math. Biosciences 41: 253-271
- GREGORIUS, H.-R. (1987): The relationship between the concepts of genetic diversity and differentiation. Theor. Appl. Genet. 74: 397-401
- GREGORIUS, H.-R.; DEGEN, B. (2007): Monitoring genetischer Ressourcen – Prinzipien und Methoden. In: BEGEMANN, F.; SCHRÖDER, S.; WENKEL, K.-O.; WEIGEL, H.-J. (Hrsg.) (2007): Monitoring und Indikatoren der Agrobiodiversität. Tagungsband, Schriftenreihe des Informations- und Koordinationszentrums für Biologische Vielfalt, Bd. 27, Bonn, 39-65.
- GUILFORD, P., PRAKASH, S., ZHU, J.M., RIKKERINK, E., GARDINER, S., BASSETT, H., FORSTER, R. (1997): Microsatellites in *Malus x domestica* (apple): abundance, polymorphism and cultivar identification. Theor. Appl. Genet. 94, 249-254
- HOKANSON, S.C., LAMBOY, W.F., SZEWC-MCFADDEN, A.K., MCFERSON, J.R. (2001): Microsatellite (SSR) variation in a collection of *Malus* (apple) species and hybrids. Euphytica 118, 281-294
- KLEINSCHMIT, J., HOSIUS, B., LEINEMANN, L. (2011): Gefährdung von Wildapfelsamenplantagen durch Genfluss (Risk of gene flow in wild apple seed orchards). Forstarchiv 83, 19-25
- LIEBHARD, R., GIANFRANCESCHI, L., KOLLER, B., RYDER, C.D., TARCHINI, R., VAN DE WEG, E., GESSLER C. (2002): Development and characterisation of 140 new microsatellites in apple (*Malus x domestica* Borkh.). Mol. Breed. 10, 217-241
- OUDDOU-MURATORIO, S., ALIGON, C., DECROOCQ, C., PLOMION, S., LAMANT, T., MUSH-DEMESURE, B. (2001): Microsatellite primers for *Sorbus torminalis* and related species. Mol. Ecol. Notes 1: 297-299
- PEAKALL, R., SMOUSE, P.E. (2006): GenAIEx 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Mol. Ecol. Notes 6, 288-295
- QUANTUM GIS DEVELOPMENT TEAM (2012): GNU General Public License. <http://qgis.osgeo.org>
- ROLOFF, A. (2001): Baumkronen – Verständnis und praktische Bedeutung eines komplexen Naturphänomens. Verlag E. Ulmer, Stuttgart, 164 S.
- WAGNER, I. (2009): *Pyrus pyraeaster* (L.) BURGSDORF, 1787. In: Enzyklopädie der Holzgewächse, 52. Erg.Lfg. 04/09

weiterführende Literatur:

- BÜTTNER, R. (1997): Erkennungsmerkmale des Wild-Apfels. Thüringer Landesanstalt für Umwelt und Herbarium Haussknecht der Friedrich-Schiller-Universität Jena Nr. 13
- HEYDER, J. (1996): Wildapfel und Wildbirne in Wäldern erhalten. In: Landwirtschaftliches Wochenblatt Westfalen-Lippe. - 153 (1996) 46, S. 42-43 : Ill.
- HEYMANN, P.; DAUTZENBERG, H. (1988): Wildapfel und Wildbirne. Erhaltungs- und Vermehrungsmöglichkeiten beim heimischen Wildobst. Forst und Holz, Nr. 19, 483-486
- KÄTZEL, R. (2002): Erhaltung forstlicher Genressourcen als Beitrag zur Sicherung der biologischen Vielfalt im Land Brandenburg. Beitr. f. Forstwirtschaft und Landschaftsökologie 36 (2), 61-64
- KÄTZEL, R.; SCHNECK, D.; MÜLLER, K. (1999): Arbeitsrichtlinie zur Erfassung und Sicherung forstlicher Genressourcen im Land Brandenburg. Potsdam und Eberswalde, 30 S.
- KLEINSCHMIT, J.; SOPPA, B.; FELLEBERG, U. (1999): Die Wildbirne (*Pyrus pyraeaster* L. Burgsd.). Tagung zum Baum des Jahres am 17./18.3.1998. Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt, Band 125
- KÜHN, R. (1996): Holzapfel und Holzbirne - zwei vergessene Baumarten. Baum-Zeitung 50-73
- KÜHN, R. (1996): Holzapfel und Holzbirne – wie man sie erkennt, sucht, schützt und vermehrt. Heft Nr. 3 des Bundes-Naturschutz Alb-Neckar, Reutlingen
- LEITERT, H. (1999): Vegetationsökologische und morphologische Untersuchungen zur Verbreitung der Wildbirne (*Pyrus pyraeaster*) am Parsteiner See (Bundesland Brandenburg). Dipl.-Arbeit FH Eberswalde, FB Forstwirtschaft
- LOOS, G.H. (1992): Hybriden bei Wildbirnen und Wildäpfeln. Floristische Rundbriefe Nr. 26, 1, 45-47
- LUCKE, R. (1989): Wilde Birn- und Apfelbäume für die Landespflege. Obst und Garten, Nr. 10
- PAUL, M.; HINRICHS, T.; JANßEN, A.; SCHMITT, H.P.; SOPPA, B.; STEPHAN, B.R.; DÖRFLINGER, H.; ARENHÖVEL, W.; FRANKE, A.; KÄTZEL, R.; KLEINSCHMIT, J.; MUHS, H.-J.; NATZKE, E.; RUETZ, W.; SCHILLING, W.; TABEL, U. (2000): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (Neufassung), 2000, 66 S.
- SÄCHSISCHE LANDESANSTALT FÜR FORSTEN GRAUPA (1995): Erhaltung und Förderung forstlicher Genressourcen. Schriftenreihe, Heft 3, 36 S.
- SCHUTZGEMEINSCHAFT DEUTSCHER WALD (1998): Die Wildbirne. Merkblatt Nr. 13
- STEPHAN, B.R.; WAGNER, I.; KLEINSCHMIT, J. (2003): EUFORGEN Technical Guidelines for genetic conservation and use of wild apple and pear (*Malus sylvestris* and *Pyrus pyraeaster*). Intern. Plant Genetik Res. Inst. Rome, Italy
- TABEL, U.; MAURER, W.D.; REMMY, K. (2000): Wildapfel und Wildbirne – Taxation der „Wildformnähe“ in Klonsamenplantagen. AFZ/Der Wald 55, 16-17
- WAGNER, I. (1995): Identifikation von Wildapfel (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) und Wildbirne (*Pyrus pyraeaster* L. Burgsd.). Forstarchiv 66, Nr. 2, S. 39-47
- WAGNER, I. (1996): Zusammenstellung morphologischer Merkmale und ihrer Ausprägungen zur Unterscheidung von Wild- und Kulturformen des Apfel- und des Birnbaumes. Mitt. DDG Nr. 82, Ulmer Verlag, S. 87-108
- WOLF, G. (1981): Zum Anbau der Wildbirne im Wald. AFZ Nr. 36/37, S 949 -952

Weblinks:

<http://www.baum-des-jahres.de>

<http://www.blag-fgr.genres.de>

<http://www.ble.de>

<http://www.bmelv.de>

<http://www.euforgen.org>

<http://www.floraweb.de>

<http://www.lwf.bayern.de/veroeffentlichungen/lwf-wissen/23-wildbirne/index.php>

<http://www.wald-in-not.de/download13/wildbirne.pdf>

9 Anhang

1	Kartieranleitung.....	110
2	Anlagen Kartieranleitung.....	118
3	Tab. A1 bis A6: Allelfrequenzen (in %) an sechs Genorten der Wild-Birne.....	121
4	Abb. A1 bis A6: Allelische Strukturen von 752 Wild-Birnen an sechs Genorten.....	127
5	Abb. A7 bis A13: Allelische Strukturen von 38 Wild-Birnen-Kollektiven an sechs Genorten.....	129

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 1: Kennziffern der Bundesländer

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

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

Laufende Nummer des Genobjektes

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

Artbezeichnung/ Artdetermination

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

Etabliertes Generhaltungsobjekt

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

Koordinaten

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

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

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

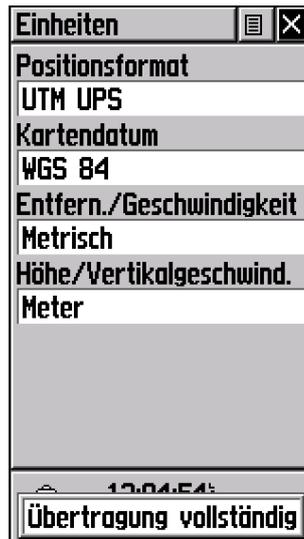


Abbildung 1.: Einstellungen des GPS-Empfängers, hier Garmin eTrex-Reihe im UTM Format

Falls Koordinaten bereits in anderen Bezugssystemen vorliegen, sind diese umzurechnen. Weiterhin ist anzugeben, wie die Koordinaten ermittelt wurden. Zur Auswahl stehen die Optionen „GPS“, „aus Karte entnommen“ oder „aus Unterlagen übernommen“.

Zur Erläuterung der Erhebung der Koordinaten steht ein optionales Bemerkungsfeld zur Verfügung.

Forstbehörde

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

Reviername/ Reviernummer

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

Landkreis/ Gemeinde

Falls bekannt, sollte hier eine entsprechende Eintragung erfolgen. Ansonsten werden die Eintragungen mittels Verschneidung der erhobenen Koordinaten des Genobjektes und der

entsprechenden Geometrie des Parameters rechnerisch ermittelt. Bei Bedarf kann eine Schlüsselliste für das jeweilige Bundesland als Bericht ausgedruckt werden.

Bundeswuchsgebiet/ Bundeswuchsbezirk

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

Eigentumsart

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

Angaben zum Genobjekt

Gesamtfläche

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

Anzahl

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

Isoenzym-/ DNA-Untersuchungen

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

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

Bestandesbeschreibung

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

Durchmesserstruktur

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

Begründungsart

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

Verjüngung

Hier wird dokumentiert, ob das Vorkommen eine Verjüngung der kartierten Zielbaumart aufweist. Dazu ist das Vorhandensein von Mutterbäumen zwingend erforderlich. Eine *Ex-situ*-Anpflanzung einer der Zielbaumarten zählt nicht zur Verjüngung im Sinne dieser Kartieranleitung. Die Oberhöhe der Verjüngung beträgt 3 Meter, höhere Individuen werden hier nicht als Verjüngung angesprochen, ihre Erfassung erfolgt über die Durchmesserstufen. Zunächst wird der Anteil der Verjüngungsfläche an der Fläche des Genobjektes eingestuft. Zur Beurteilung der weiteren Entwicklung der Naturverjüngung müssen außerdem die Anteile der Höhenstufen unter 1,50 Meter an der Fläche der gesamten Verjüngung geschätzt werden.

Altbäume

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

Anteil der Zielbaumart

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

- 80 – 100 %
- 30 – 79 %
- < 30 %

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

Mischbaumarten

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

Vitalität

Um Sommer- und Winterkartierungen zu ermöglichen, kann mit Hilfe der im Anhang dieser Kartieranleitung enthaltenen Tafel 1 die Vitalität eines Genobjektes angesprochen werden. In der Vegetationsperiode wird dazu der geschätzte Blattverlust herangezogen, im Winterhalbjahr erfolgt die Ansprache nach der Verzweigung bzw. dem Feinstanteil. Zu

beachten ist, dass die Vitalitätsstufe 1 bei jungen, wüchsigen und gesunden Exemplaren keine Anwendung finden sollte. Durch das rasche Jugend-Wachstum können die für die Vitalitätsstufe 1 abgebildeten, länglichen Kronenstrukturen ebenfalls entstehen (ROLOFF 2001). Die Vitalitätsstufe 4 dokumentiert den Anteil abgestorbener Bäume.

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

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

Anteil der kreuzbaren Arten

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

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

Beschreibung

An dieser Stelle erfolgt eine textliche Beschreibung des Genobjektes. Alle Angaben, die nicht verschlüsselt werden konnten, dem Kartierer aber wichtig erscheinen, können hier textlich erfasst werden. Als Beispiel wäre der auffällige Befall durch Schaderreger, Gefährdung der Verjüngung durch Wild oder zu starker Überschildung, 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 hervor

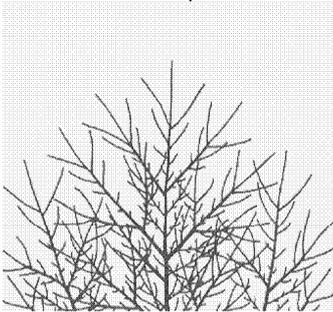
Kartierung genetischer Ressourcen in Deutschland Erfassungsbogen <small>Stand: 11. Februar 2010 Bearbeiter: F. Becker, LFE</small>		Aufnahmezeitpunkt: _____ Datum: <table border="1" style="display: inline-table; text-align: center; width: 100px; height: 20px;"> <tr><td>T</td><td>T</td><td>M</td><td>M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

Anlage 2

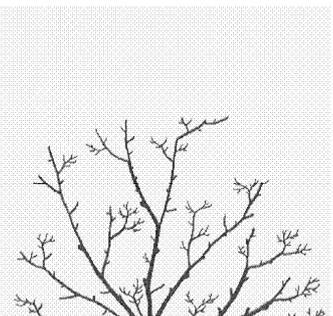
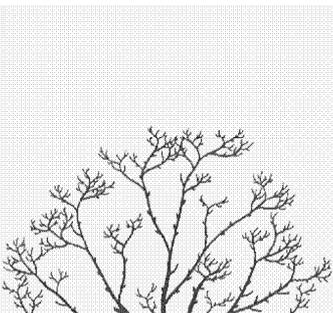
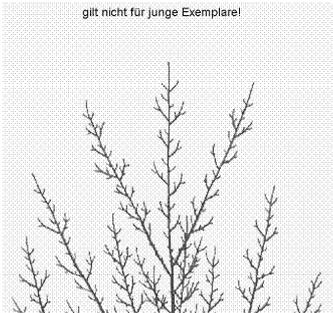
Erfassung forstgenetischer Ressourcen

Bearbeiter: F. Becker, LFE

Winteransprache



gilt nicht für junge Exemplare!



Vitalitätstufen

0
vital

Netzartige,
gleichmäßige,
dichte
Verzweigung.

1
geschwächt

Spieß- oder
flaschenbürstenartige
oder längliche
Kronenstrukturen

2
merklich
geschädigt

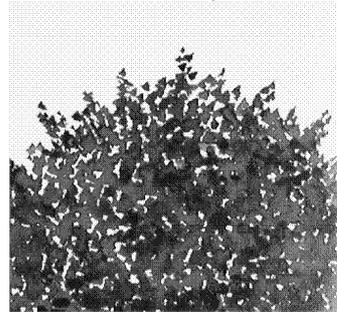
Pinselfartige
Kronenstrukturen, in
der Regel
Kronenabwölbung

3
stark geschädigt,
absterbend

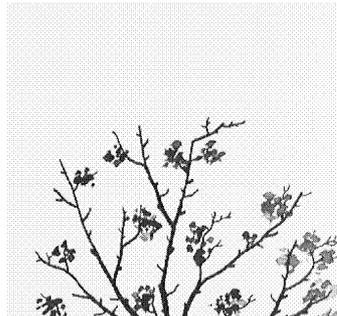
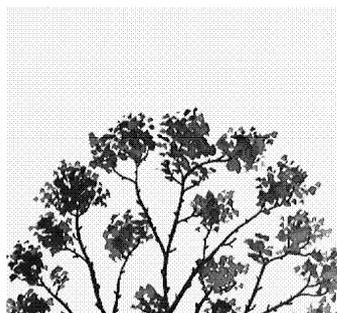
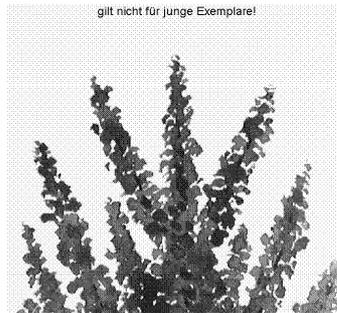
Absterben von
Hauptästen,
skelettartiger
Habitus

4
abgestorben

Sommeransprache



gilt nicht für junge Exemplare!



entnommen aus: Roloff, A. 2001: Baumkronen.

Stand 11.02.2010

Anlage3_ZaehhilfeVital_2010_02_11.xls

Bestandesnummer: _____

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

Tab. A1: Allelfrequenzen (in %) am Genort *ch01f02* in 36 Vorkommen und 2 sonstigen Kollektiven von Wild-Birne

	89	93	99	101	103	105	107	109	111	113	115	117	119	123	125
BB-1			5		91		2		2						
BB-2	7		7		80			7							
BB-3			13		83				2				2		
BB-4					96				4						
BB-6			9		84				3		3				
BB-7			17		81			3							
BW-2	2				71	2		11	14						
BW-3			4		96										
BY-1	2			2	96										
BY-2	2	3	3		86		2				3				
HE-1	2	5	2		89			2							
HE-2		8			83			8							
MV-1	5			2	91				2						
MV-2					96			4							
MV-3	2	6	2		59	4	2	11	7	4	4				
MV-4					100										
MV-5					70	26					2				2
MV-7		3			97										
MV-8	4	10	8		69		2	2	2	2					
NI-1	5	10	5		80										
NI-2		4			96										
NW-1		13			78			3		5			3		
NW-2					91					5				5	
RP-1					77			5	18						
SL-1					91				9						
SN-1	4	10	4		83										
SN-2		2			61	4		19		7	4		4		
ST-1		9			65					15	2	9			
ST-2	9	11	4		72					4					
ST-3		4			94	2									
ST-4	2	4			94										
TH-1	4	8	4		85										
TH-2		18			76	2		4							
TH-3		14			77										9
TH-4	7	3	3		87										
TH-5					73			4			4	15	4		
DE-1		6			91				3						
DE-2	3	6	3		79		9								
Summe	0	1	6	1	83	1	0	2	2	1	1	1	0	0	0

Zahlen auf ganze Prozentwerte gerundet

Geschriebene Null: abgerundeter Wert (>0); fehlender Eintrag: kein Allel beobachtet (=0)

Tab. A2: Allelfrequenzen (in %) am Genort *ch01f02* in 36 Vorkommen und 2 sonstigen Kollektiven von Wild-Birne

	115	117	121	123	125	127	129	133	135	137	139
BB-1			12	3	83	2					
BB-2					77	3		13	7		
BB-3		2	2	13	72	5		5	2		
BB-4				17	75	8					
BB-6			6	34	53			3		3	
BB-7				14	69	3		6	8		
BW-2		2	27	18	27	7		5	14		
BW-3	4				86				7		4
BY-1		2	14	6	40	17		2	19		
BY-2			3	2	59	19		3	12		2
HE-1			7	25	41	16		2	9		
HE-2			33	8	42	8		4	4		
MV-1					81			14	2		2
MV-2		4		15	46	4		12	19		
MV-3				2	83			11	4		
MV-4	5		2	9	66	7		2	5		5
MV-5				28	52	8		2	10		
MV-7				19	63	13			6		
MV-8			2	6	79			10	2		
NI-1				15	80				5		
NI-2				8	88				4		
NW-1				38	35	13			15		
NW-2			17	17	57				7		2
RP-1			9	18	46	14			14		
SL-1				23	55	23					
SN-1		2	4	8	83			2	2		
SN-2				11	83	4			2		
ST-1			2	9	83	2		2		2	
ST-2			2	15	65	4	2		11		
ST-3				25	54	10	2	2	8		
ST-4				16	84						
TH-1			8	8	75	6			2		2
TH-2			4	20	70	4				2	
TH-3				36	46				18		
TH-4				13	77	3			7		
TH-5			8		58	27			4		4
DE-1			27	6	47	9		6	3		3
DE-2	3	3		9	71	9		3	3		
Summe	0	0	5	13	65	6	0	3	6	0	1

Zahlen auf ganze Prozentwerte gerundet

Geschriebene Null: abgerundeter Wert (>0); fehlender Eintrag: kein Allel beobachtet (=0)

Tab. A3: Allelfrequenzen (in %) am Genort *ch2d12* in 36 Vorkommen und 2 sonstigen Kollektiven von Wild-Birne

	152	154	156	158	162	164	166	168	170	172	174	176	180	182	184	186	190	204	206	208	210	220	
BB-1	5				2		7	3		33	3	10	3	31				2					
BB-2	3	3			3		7		17	20	3			43									
BB-3	3					2	12			15	2	2	2	60				2		2			
BB-4					25		17	8			17	4		29									
BB-6			3		3					31				59			3						
BB-7					8		11			22	3	6	6	44									
BW-2		5	7		5		9	5			23		5	39				5					
BW-3					11		11		36					43									
BY-1	2	4			4		31		4	12	8	6		19	4		2	6					
BY-2							33		5	22	7	3		21				5		2		2	
HE-1		7			7		11	2		9	2	7		55									
HE-2		17		4	13		25			17	17			8									
MV-1	2	2	2		5					10	7			64	2							5	
MV-2								4	4	31				62									
MV-3	2	2		7	11		4			7	2	4		61									
MV-4		7			21		11			16	7			30		2	7						
MV-5				2	26		28			26	2		4	12									
MV-7					3		22			9			28	38									
MV-8	2		6		15		2	2		19				50	2						2		
NI-1		25		5	10	10	5			10	20			15									
NI-2					4	17		38		38	4												
NW-1		5			28	3	15			15	3	3		30									
NW-2		2		5	7		26			10	7	14	14	14									
RP-1			9				23	5		14	9			41									
SL-1					5		9			5		5	68					9					
SN-1	8		4		6	2	17		2	8	8	6	14	27									
SN-2			11		7					20	4		13	44									
ST-1		7			4		7			13	2	2	7	59									
ST-2	11			4	11	4	7			15	2	4		41									
ST-3			8		8	6	4		4	12	4			56									
ST-4	6		10	2	8		8			20	2			44									
TH-1	4				4	4	23		8	15	8	4		31									
TH-2	10		4		8		14		4	12	2			44		2							
TH-3	5				18	5	32		9		9		5	18									
TH-4	20				10		7		3	27		13		20									
TH-5		12			4		8	8	8	15	8			35					4				
DE-1			21		18		6			12	3			41									
DE-2					3	6	21	3		21	3	3	6	35									
Su.	2	2	2	1	8	1	13	1	3	15	5	3	3	39	0	0	0	1	0	0	0	0	0

Zahlen auf ganze Prozentwerte gerundet

Geschriebene Null: abgerundeter Wert (>0); fehlender Eintrag: kein Allel beobachtet (=0)

Tab. A4: Allelfrequenzen (in %) am Genort *empc116* in 36 Vorkommen und 2 sonstigen Kollektiven von Wildbirne

	116	214	216	220	222	224	226	228	230	232	234	236	238	240	242	244	250
BB-1		2	3	3			2		3	35	29	7	9	7			
BB-2			7	3	3			3		43	23		13			3	
BB-3			20	7	5	7	5	2		23	8	3	8	3	8		
BB-4			4	21						29	21		17	8			
BB-6			16	16					6	31	3	13		13	3		
BB-7			6	3					6	42	8	14	14	6	3		
BW-2			48	11	2	5	5		2	9	9	9					
BW-3			7							4	79	4		4	4		
BY-1		2	19	4				10		4	46		2	8	6		
BY-2			12	5			3	10		5	31	3	7	9	14		
HE-1			14				5	2		18	25	2		21	14		
HE-2			13	4		4				17	13	4		46			
MV-1			14	12				2		21	19	5	10	7	10		
MV-2							4			19	42		12	15	8		
MV-3			24			2		13		24	15	2	4	2	15		
MV-4			9	7		2	5	2		41	5	7	5		16	2	
MV-5			6	14				2		56		4	16		2		
MV-7			16	28				9		28	19						
MV-8	2		17	19		6		2		31	17		6				
NI-1			10	5	5	5				70			5				
NI-2				4						8	88						
NW-1			30	8						25	13		10	15			
NW-2			10	2					2	31	5	2		38	10		
RP-1			32	5		5	9			18	23			5	5		
SL-1	9		23	18	9						23			18			
SN-1			14	8			2			25	29	2	10	6	6		
SN-2			19							22	28		15	6	11		
ST-1			13	4		2				20	39		20		2		
ST-2			11	11						20	30	2	11	4	11		
ST-3			17	10						17	42		4		10		
ST-4			4	14			2			56	12		4	2	6		
TH-1	2		15	8	2	2				23	33		4	6	6		
TH-2			16	14			2	2		8	38	2	2	6	10		
TH-3			18	14						14	32	5	5	9	5		
TH-4			7	27						37	17		10		3		
TH-5			27	4			4			35	23				4	4	
DE-1			29	3		6		3		12	24	6		15	3		
DE-2			12	9				3		27	27		6	9	9		
Summe	0	0	15	8	1	1	1	2	0	25	24	3	6	7	6	0	0

Zahlen auf ganze Prozentwerte gerundet

Geschriebene Null: abgerundeter Wert (>0); fehlender Eintrag: kein Allel beobachtet (=0)

Tab. A5: Allelfrequenzen (in %) am Genort *ms14h03* in 36 Vorkommen und 2 sonstigen Kollektiven von Wildbirne

	142	146	148	150	152	154	156	158	160	162	176
BB-1				40	7	10	41		2		
BB-2			37	10		3	47			3	
BB-3		2	15	25	5		53				
BB-4				13	13	8	63				4
BB-6			3	25	9	3	56		3		
BB-7			3	56	3		39				
BW-2		7	2	21	11		14		5	2	39
BW-3				39			57		4		
BY-1			10	15	6	2	42		21		4
BY-2		2	26	22	5		41		2		2
HE-1			14	18	11		23		27		7
HE-2				42			54		4		
MV-1			7	52	10		21				10
MV-2			12	23			62		4		
MV-3			19	46	9		26				
MV-4	2	7	5	39	14		25		2	2	5
MV-5		14		4	2		40		40		
MV-7		6		6	13		56		19		
MV-8			13	58	6		10				13
NI-1			5	25	10		30		5	25	
NI-2		8		42			38		8	4	
NW-1		5	5	13			50			3	25
NW-2		5	19	12			48		17		
RP-1			9	27	5	5	23		9	14	9
SL-1		5		36		5	5		50		
SN-1		2		46	6	2	35	4	2	4	
SN-2				26	15		59				
ST-1				37	4		50		2		7
ST-2			2	30	11	2	41		11		2
ST-3		2	4	19	8	2	62		2	2	
ST-4				50	8	2	40				
TH-1			8	29	4	8	40		8		4
TH-2			6	30	2	4	50	4	4		
TH-3		5	9	32			23		14	14	5
TH-4				30	20	3	30		13	3	
TH-5			15	19			46		8	4	8
DE-1			21	29	9		27		9		6
DE-2		6	9	29	15	3	21		12	3	3
Summe	0	2	7	30	7	2	39	0	7	1	4

Zahlen auf ganze Prozentwerte gerundet

Geschriebene Null: abgerundeter Wert (>0); fehlender Eintrag: kein Allel beobachtet (=0)

Tab. A6: Allelfrequenzen (in %) am Genort *mss05* in 36 Vorkommen und 2 sonstigen Kollektiven von Wildbirne

	102	104	106	110	112	114	116	118	120	122	124	128	130	132	136	140	142	146
BB-1			5	2	2		3	55	21	9								3
BB-2			23				17	17	30		10							3
BB-3			15	7			18	38	20					2				
BB-4			4				33	29	13	8		4						8
BB-6				3			6	47	34									9
BB-7			6	11			8	11	33					6		17	8	
BW-2			32		2	11		27	7								14	7
BW-3		4	11				75	4	4									4
BY-1			29		19		2	15	12			2		2				19
BY-2			24		3		3	26	14					2				28
HE-1			39		2	2	11	18	9			7						11
HE-2			58			4	8	8	17	4								
MV-1			2	5			7	43	38									5
MV-2			4			8	19	35	31									4
MV-3		2	19				4	37	22	2								15
MV-4	11		9	2	7		5	39	21	2		2			2			
MV-5			94															6
MV-7			22	3		25	9	22	19									
MV-8			8				21	35	35									
NI-1			10	10				10	60		5							5
NI-2			75				17	4	4									
NW-1		25	25		3	5		20	20			3						
NW-2		14	31			2	7	21	24									
RP-1			41				5	23				5						27
SL-1		18	32					5	46									
SN-1			17				10	44	25			4						
SN-2			13		6		11	63	2			2	2					2
ST-1			22				9	22	39									9
ST-2		2	20		4		9	35	30									
ST-3			14	12	2		14	31	29									
ST-4			6				2	46	30			6	4	4				2
TH-1			39		4	2	8	27	17									4
TH-2			32			2	10	34	16		2		4					
TH-3			41			18	5	14	23									
TH-4			7				10	23	23					3				33
TH-5			65					19	4	4								8
DE-1		3	15			3	6	32	29					3				9
DE-2		3	32				18	24	9			9						6
Su.	2	2	2	1	8	1	13	1	3	15	5	3	3	39	0	0	0	1

Zahlen auf ganze Prozentwerte gerundet

Geschriebene Null: abgerundeter Wert (>0); fehlender Eintrag: kein Allel beobachtet (=0)

Abb. A1 – A6: Allelische Strukturen von 752 Wildbirnen an 6 Genorten

Abb. A1:
Genort *ch01h10*
Allelverteilung von
752 Wildbirnen
(15 Allele)

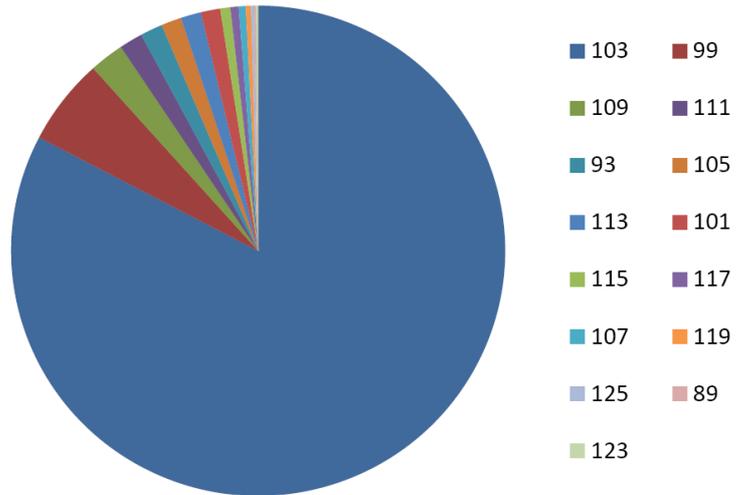


Abb. A2:
Genort *mss05*
Allelverteilung von
752 Wildbirnen
(11 Allele)

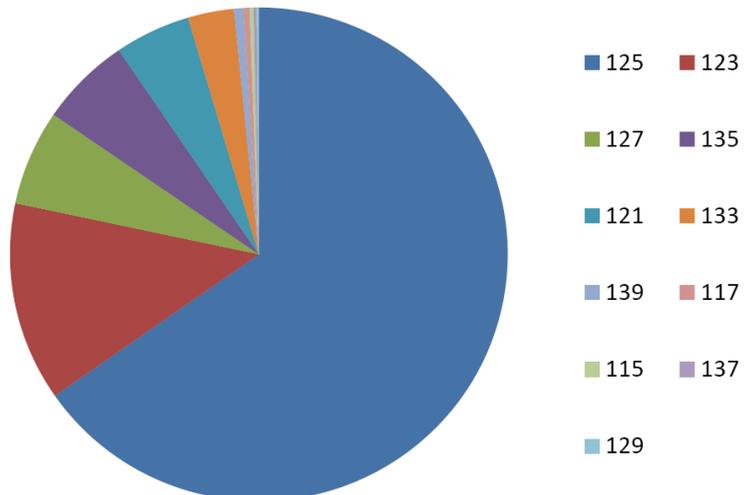


Abb. A3:
Genort *ch01f02*
Allelverteilung von
752 Wildbirnen
(22 Allele)

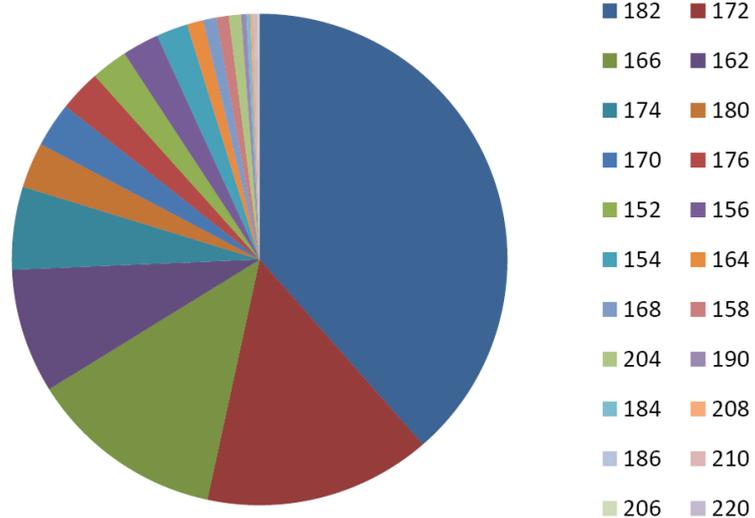


Abb. A4:
Genort *ch02d12*
Allelverteilung von
752 Wildbirnen
(16 Allele)

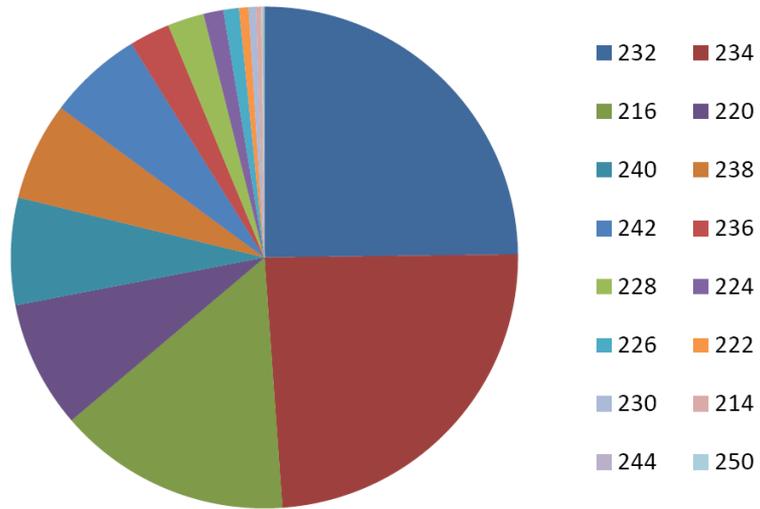


Abb. A5:
Genort *empc116*
Allelverteilung von
752 Wildbirnen
(11 Allele)

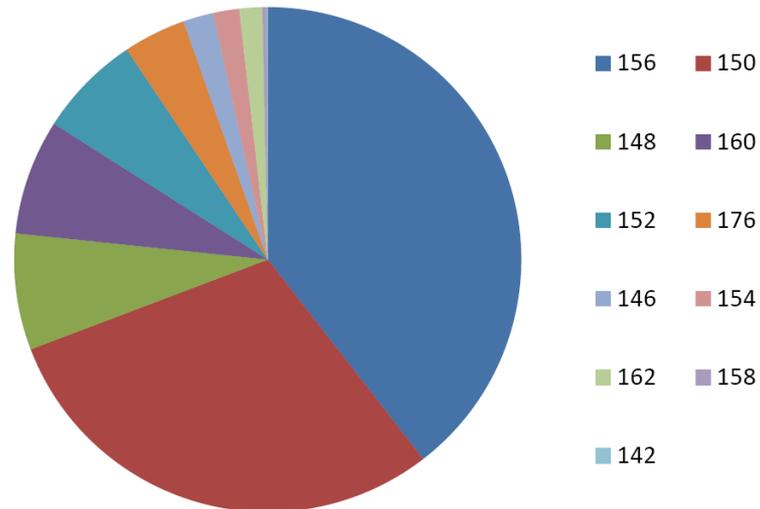


Abb. A6:
Genort *ms14h03*
Allelverteilung von
752 Wildbirnen
(18 Allele)

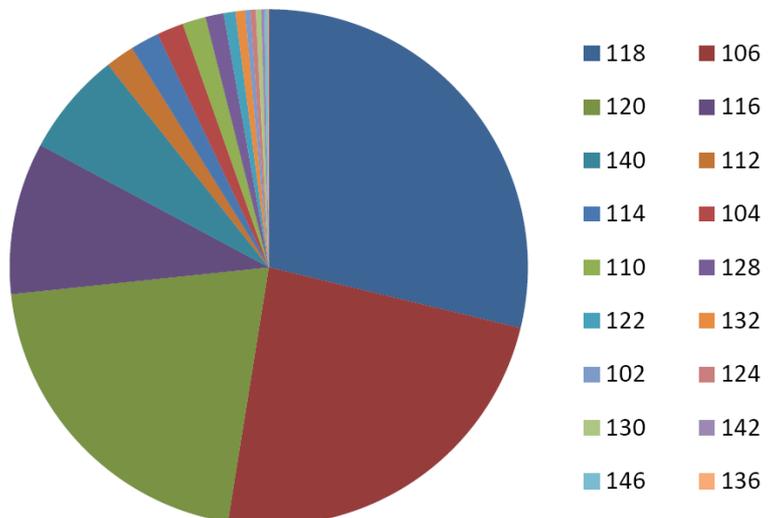
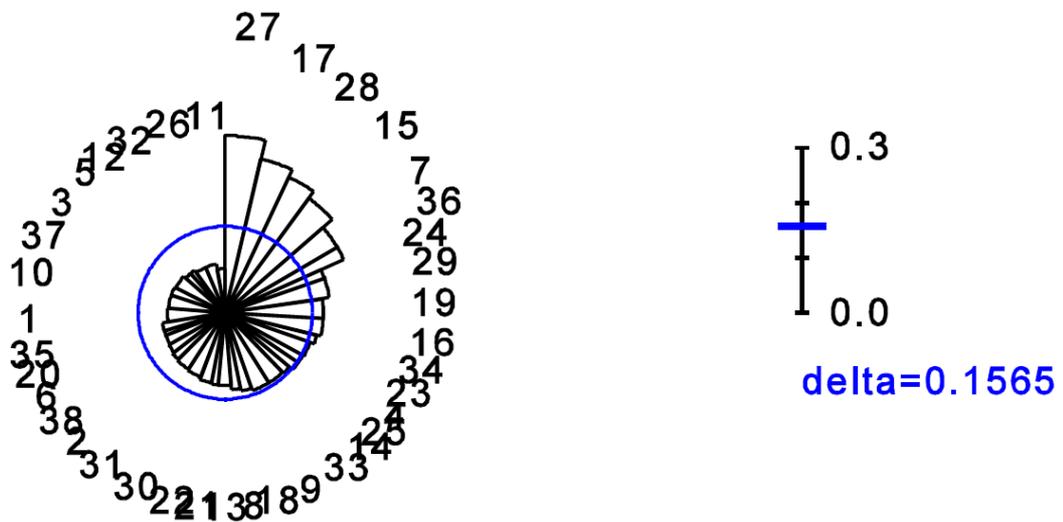
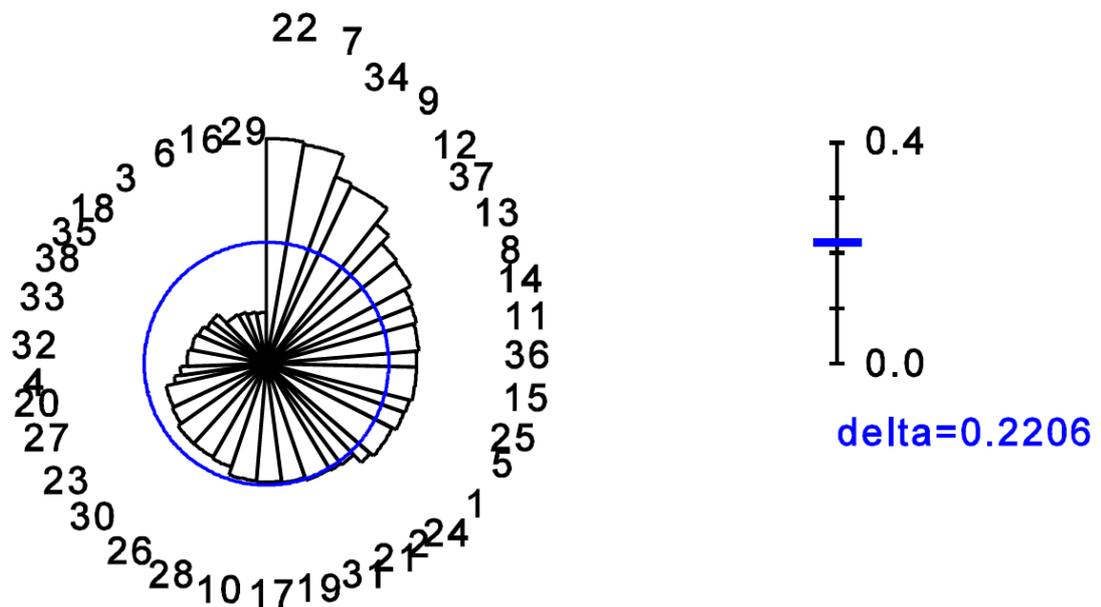


Abb. A7 – A13: Allelische Strukturen von 38 Wildbirnen-Kollektiven an 6 Genorten

Abb. A7: Differenzierung von 38 Wildbirnen-Kollektiven am Genort *ch01h10*Abb. A8: Differenzierung von 38 Wildbirnen-Kollektiven am Genort *mss05*

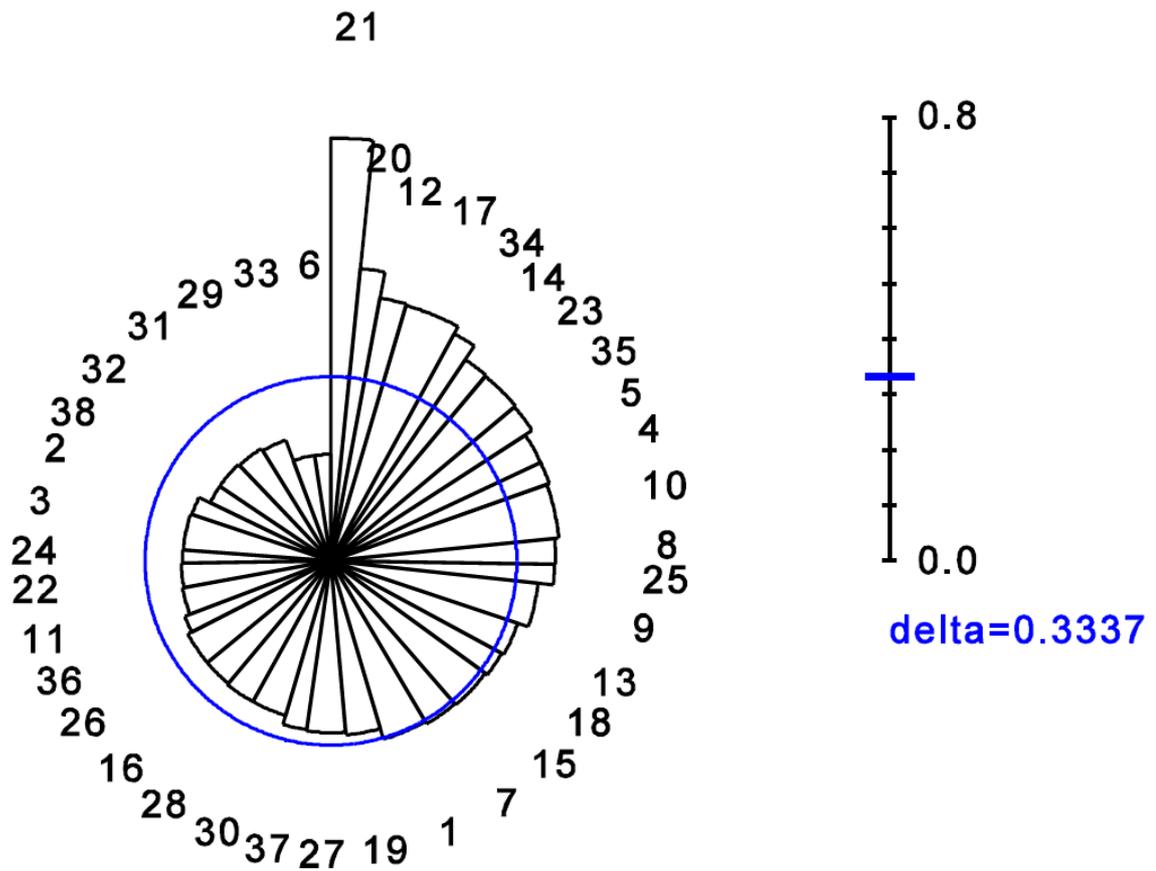


Abb. A9: Differenzierung von 38 Wildbirnen-Kollektiven am Genort *ch01f02*

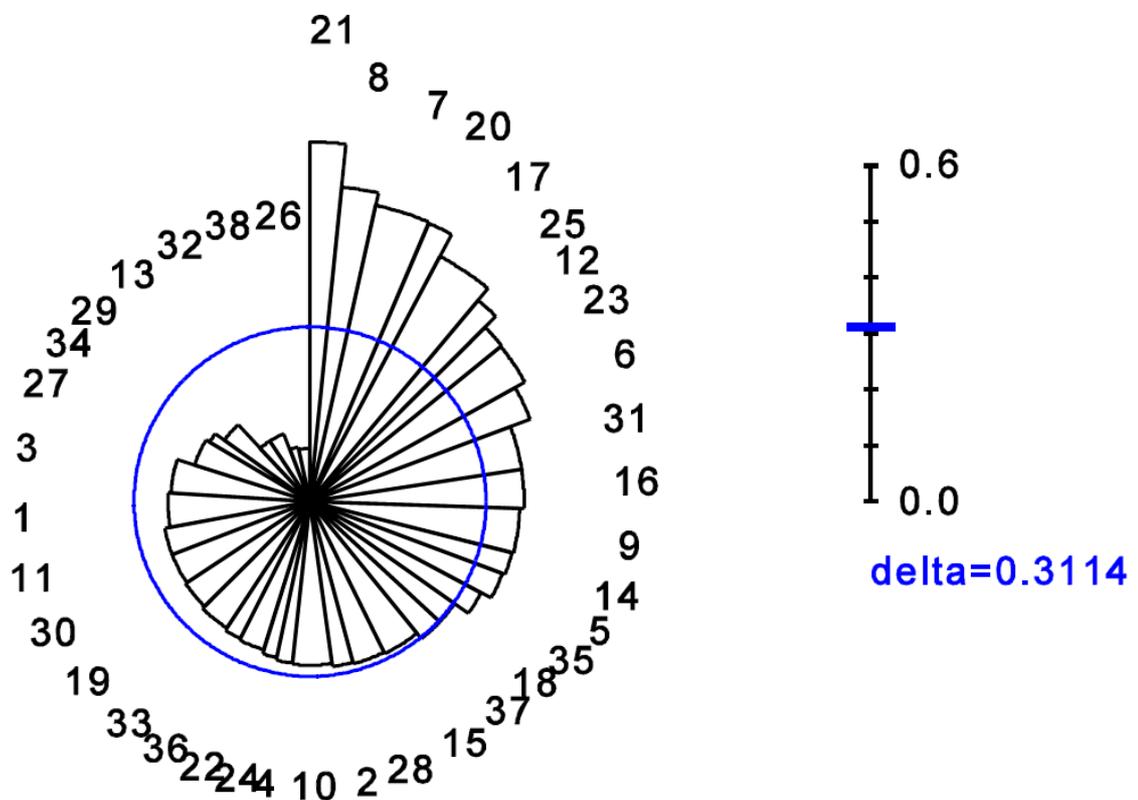


Abb. A10: Differenzierung von 38 Wildbirnen-Kollektiven am Genort *ch02d12*

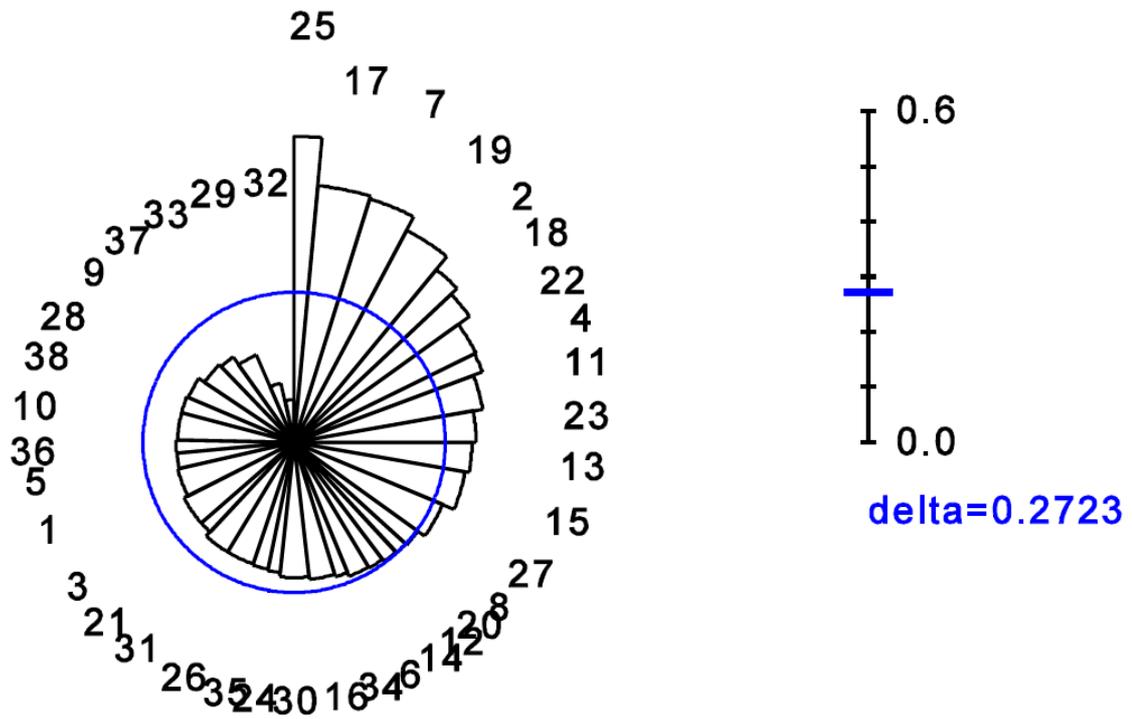


Abb. A11: Differenzierung von 38 Wildbirnen-Kollektiven am Genort *empc116*

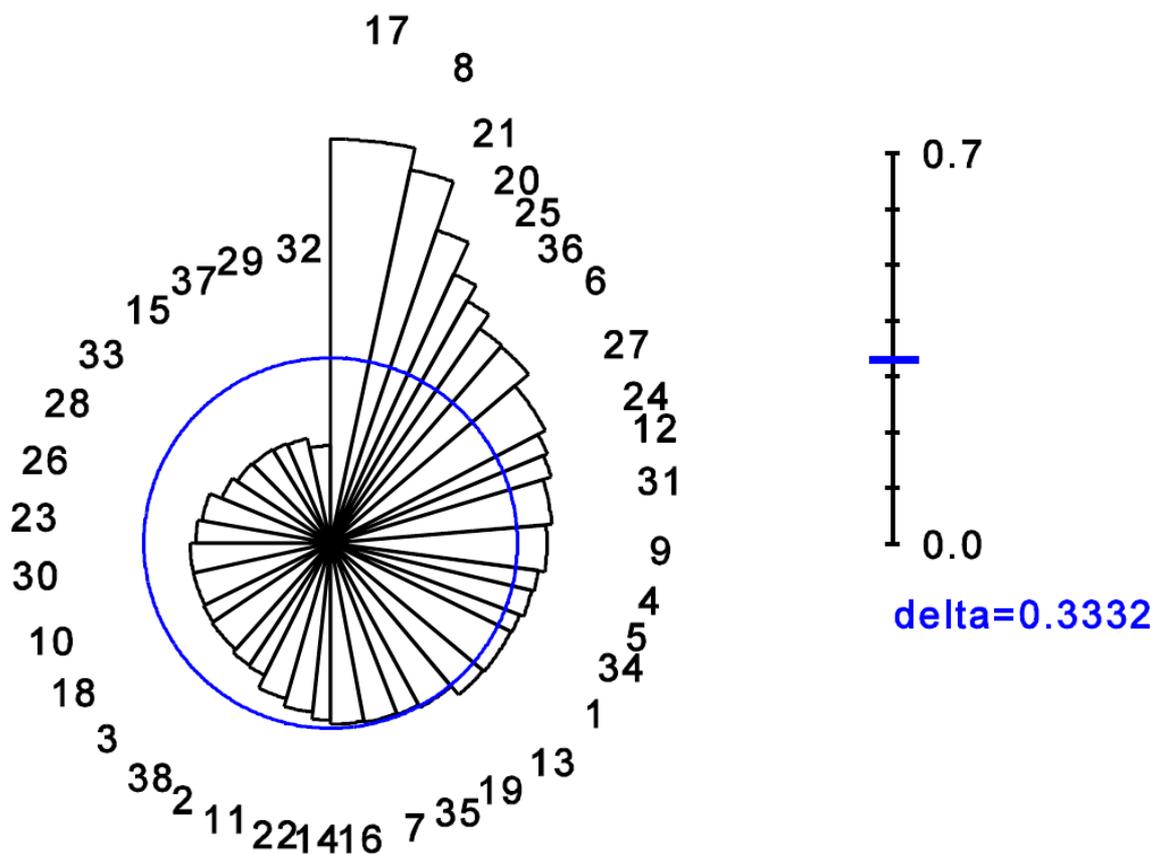


Abb. A12: Differenzierung von 38 Wildbirnen-Kollektiven am Genort *ms14h03*

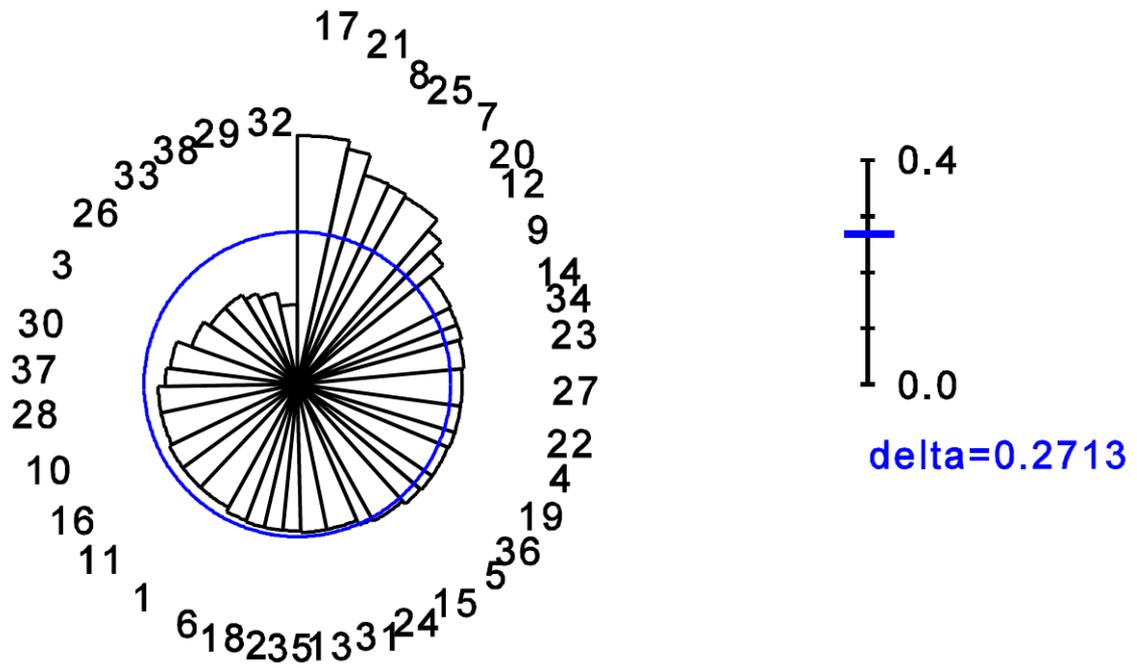


Abb. A13: Differenzierung von 38 Wildbirnen-Kollektiven an 6 Genorten