

Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen des Feld-Ahorns (*Acer campestre*) und der Eibe (*Taxus baccata*) in Deutschland

AZ 114-02.05-20.0074/09-E - Los 3

Untersuchungen zum Feld-Ahorn



Endbericht

08. März 2013 - korrigierte Fassung 23. Oktober 2014

Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen des Feld-Ahorns (*Acer campestre*) und der Eibe (*Taxus baccata*) in Deutschland

AZ 114-02.05-20.0074/09-E - Los 3

Untersuchungen zum Feld-Ahorn

Berichtszeitraum: November 2009 – Oktober 2012

Laufzeit: 13. Oktober 2009 – 13. Oktober 2012

Endbericht

Endversion, 08. März 2013 - korrigierte Fassung 23. Oktober 2014

Auftraggeber:



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung

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

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

Auftragnehmer:



FORSTBÜRO OSTBAYERN

Sachverständigenbüro für Wald- und Forstwirtschaft

Forstbüro Ostbayern
Deschermühlweg 19
93453 Neukirchen b. Hl. Blut

Tel.: 09947 1729

Fax: 09947 2550

Email: forstbuero-ostbayern@t-online.de

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

Bearbeiter:

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

Inhalt

1 Einleitung	1
1.1 Ökologie und Verbreitung	1
2 Ziele und Aufgabenstellung des Projektes	4
2.1 Ablauf und Planung des Projektes	4
2.1.1 Weiterentwicklung der Datenbank	6
2.1.2 Erfassung von Vorkommen	6
2.1.3 Schematische Übersicht des Projektverlaufes	6
2.2 Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde	8
3 Material und Methoden	9
3.1 Projektmanagement	9
3.2 Datenrecherche	11
3.3 Auswertung der Quellenabfrage	11
3.4 Kartierung	12
3.5 Datenbank und GIS-Anwendungen	14
3.6 Auswertung der Datenbank	16
3.6.1 Bundeswuchsgebiete	16
3.6.2 Potentielle natürliche Vegetation	16
3.6.3 Schutzstatus	16
3.6.4 Abundanz	17
3.6.5 Altersstruktur	17
3.6.6 Naturverjüngung	18
3.6.7 Vitalität	18
3.6.8 Demografische Strukturen	18
3.6.9 Ermittlung der Erhaltungsfähigkeit nach phänotypischen Kriterien	19
3.6.10 Dichteanalysen	20
3.7 Auswahl von Genobjekten für die genetischen Analysen	20
3.8 Beprobung ausgewählter Genobjekte	20
3.9 Genetische Untersuchungen	21
3.9.1 Beprobung	21
3.9.2 Methodik der DNA-Analyse	21
3.9.3 Parameter zur Beschreibung der genetischen Variation	22
3.10 Statistische Auswertungen	23
4 Darstellung der wichtigsten Ergebnisse	25
4.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen	25
4.1.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in Deutschland und in den Bundesländern	25
4.1.2 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten	29
4.1.3 Potentielle natürliche Vegetation	32
4.2 Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl	33
4.2.1 Abundanz	36
4.3 Durchmesserstruktur und Altersstruktur	37
4.3.1 Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen	37
4.3.2 Altersstrukturqualitätsklassen	40
4.4 Vitalitätsstufen	42
4.5 Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen	45
4.6 Naturverjüngung	47
4.7 Eigentumsverhältnisse	48

4.8	Schutzstatus	50
4.9	Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen	53
4.9.1	Eigenschaften der getesteten Mikrosatelliten-Genmarker	54
4.9.2	Genetische Variation innerhalb der Bestände	54
4.9.3	Heterozygotie	58
4.9.4	Genetische Differenzierung zwischen den einzelnen Beständen	59
4.9.4.1	Genetische Abstände zwischen den Beständen	59
4.9.4.2	Genetische Gesamtdifferenzierung	59
4.9.5	Schlußfolgerungen	60
5	Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse	61
5.1	Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltensdringlichkeit	61
5.2	Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen	69
5.3	Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung	70
6	Zusammenfassung	72
7	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den erreichten Zielen	74
8	Literatur	75
9	Anhang	

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1-1: Verbreitungskarte des Feld-Ahorns (<i>Acer campestre</i>) nach EUFORGEN 2009, (http://www.euforgen.org , Datenstand: 05.01.2005).....	2
Abbildung 2-1: Geplanter Zeitplan der einzelnen Projektschritte.	7
Abbildung 3-1: Schematische Darstellung der Projektstruktur (Quelle: LFE).....	9
Abbildung 3-2: Kartierperiode mit Anzahl der untersuchten Vorkommen / Tag.	13
Abbildung 3-3: Eingabemaske zur Erfassung der erhobenen Daten (Erfassungsbogen).....	14
Abbildung 3-4: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Abundanzklassen in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".....	15
Abbildung 3-5: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Altersstrukturklassen in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".	15
Abbildung 3-6: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Erhaltungsfähigkeit in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".	15
Abbildung 3-7: Beispiele für drei Alterspyramiden.	19
Abbildung 3-8: Darstellung eines BoxPlot (auch Box-Whisker-Plot) mit Benennung der Kennwerte.	24
Abbildung 4-1: Lage der kartierten Bestände mit Größenklassen der kartierten Baumzahlen.....	26
Abbildung 4-2: Anzahl der kartierten Bestände nach Bundesländern.....	27
Abbildung 4-3: Anzahl der kartierten Bäume nach Bundesländern.....	27
Abbildung 4-4: Anzahl der kartierten Bestände bezogen auf die Fläche (in 1.000 km ²) der Bundesländer.	28
Abbildung 4-5: Anzahl der kartierten Bäume bezogen auf die Fläche (in 1.000 km ²) der Bundesländer.	28
Abbildung 4-6: Anzahl kartierter Vorkommen und Baumzahlen bezogen auf die Landesfläche (in 1.000 km ²) der Bundesländer.	29
Abbildung 4-7: Anzahl der kartierten Bestände und Anzahl der kartierten Bäume nach Wuchsgebieten.....	30
Abbildung 4-8: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen.....	32
Abbildung 4-9: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen.....	33
Abbildung 4-10: Anzahl der kartierten Baumzahlen je Vorkommen nach Bundesland.....	34
Abbildung 4-11: Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern.	34
Abbildung 4-12: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen bezogen auf eine Fläche von 1 ha.....	35
Abbildung 4-13: Baumzahlen pro Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern.	35
Abbildung 4-14: Lage und Größenklassen (Baumzahlen pro Hektar Bestandesfläche) der kartierten Vorkommen.	36
Abbildung 4-15: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen in Deutschland.	37
Abbildung 4-16: Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet.....	38
Abbildung 4-17: Altersstrukturen der kartierten Vorkommen und ihre Anzahl in Deutschland.....	38
Abbildung 4-18: Prozentuale Verteilung der drei Durchmesserstufen in den Bundesländern und in Deutschland.....	39
Abbildung 4-19: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Qualitätsklassen der Altersstrukturen in Deutschland.....	40

Abbildung 4-20: Anzahl der kartierten Bestände mit unterschiedlichen Qualitätsklassen der Altersstrukturen in den einzelnen Bundesländern.....	41
Abbildung 4-21: Prozentuale Verteilung der Altersstrukturklassen in den Bundesländern und in Deutschland.....	42
Abbildung 4-22: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Vitalitätsstufen in Deutschland.....	43
Abbildung 4-23: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen in den Bundesländern und in Deutschland.....	43
Abbildung 4-24: Verteilung der mittleren Vorkommensvitalität in den Bundesländern.....	44
Abbildung 4-25: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen.....	45
Abbildung 4-26: Vitalitätsanteile in den Durchmesserstufen.....	46
Abbildung 4-27: Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen.....	46
Abbildung 4-28: Anteile der Vorkommen mit Naturverjüngung.....	47
Abbildung 4-29: Übersicht der Vorkommen mit oder ohne Naturverjüngung.....	48
Abbildung 4-30: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen innerhalb Deutschlands.....	49
Abbildung 4-31: Prozentuale Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern und in Deutschland.....	49
Abbildung 4-32: Anzahl der kartierten Vorkommen in Deutschland mit Schutzstatus.....	51
Abbildung 4-33: Anzahl der kartierten Bestände mit verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern.....	51
Abbildung 4-34: Prozentuale Verteilung der verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern.....	52
Abbildung 4-35: Lage der ausgewählten und beprobten Bestände innerhalb Deutschland...	53
Abbildung 4-36: Allelhäufigkeiten am Genort MAP2.....	55
Abbildung 4-37: Allelhäufigkeiten am Genort MAP9.....	56
Abbildung 4-38: Allelhäufigkeiten am Genort MAP33.....	57
Abbildung 4-39: Genetische Differenzierung D_j der einzelnen Bestände (nach GREGORIUS & ROBERTS 1986) und im Mittel \bar{d} über alle Bestände.....	60
Abbildung 5-1: Bewertungsparameter zur Bestimmung des Grades der Erhaltungsfähigkeit und der Erhaltungsdringlichkeit (Quelle: LFE).....	62
Abbildung 5-2: Stufen der Erhaltungsfähigkeit mit den Anteilen der Vorkommen im Bundesgebiet.....	63
Abbildung 5-3: In-situ-Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen in den Bundesländern.....	63
Abbildung 5-4: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen im Bundesgebiet.....	64
Abbildung 5-5: Darstellung der Kerneldichte des Feld-Ahorns mit Berücksichtigung der Baumzahl.....	66
Abbildung 5-6: Darstellung der Kerneldichte des Feld-Ahorns ohne Berücksichtigung der Baumzahl.....	67
Abbildung 5-7: Darstellung der Kerneldichte des Feld-Ahorns bezogen auf die Baumzahlen pro Hektar Vorkommensfläche.....	68

Tabellenverzeichnis

Tabelle 2-1: Übersicht der Arbeitsschritte im Projektverlauf.	7
Tabelle 3-1: Abstimmungsgespräche zur Sichtung vorhandener Daten der zu untersuchenden Baumarten in den Bundesländern.	10
Tabelle 3-2: Übersicht der verwendeten Abundanzklassen und zugeordneten Individuenzahlen.....	17
Tabelle 3-3: Einteilung und Bewertung der Qualitätsklassen der Altersstrukturen anhand der Durchmesserstufen.	17
Tabelle 3-4: Einteilung und Beschreibung der Vitalitätsstufen.	18
Tabelle 3-5: Gesamtbewertung der Vorkommen.	19
Tabelle 3-6: Darstellung zur Klassifizierung in Erhaltungsfähigkeit aus Abundanz, Altersstrukturqualitätsklasse (AQK) und durchschnittlicher Vitalität.	19
Tabelle 3-7: In Graphiken und Tabellen verwendete Kürzel für die Bundesländer (BL) und die Bundesrepublik Deutschland, sowie die für Berechnungen verwendeten Landesflächen.	24
Tabelle 4-1: Anzahlen der kartierten Vorkommen, Baumzahlen in den kartierten Vorkommen und Flächengröße der kartierten Vorkommen, sowie abgeleitete Parameter (Anzahl Bäume / ha Fläche, Anzahl Vorkommen / 1.000 km ² Landesfläche, Baumzahlen / 1.000 km ² Landesfläche).	25
Tabelle 4-2: Anzahl der kartierten Bestände und Anzahl der kartierten Bäume in den Wuchsgebieten Deutschlands.	31
Tabelle 4-3: Verteilung der Vorkommen in den Abundanzstufen.	37
Tabelle 4-4: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen (<7 cm, 7-20 cm, >20 cm) in den kartierten Vorkommen.	40
Tabelle 4-5: Absolute und relative Angaben für die Qualitätsklassen der Altersstrukturen der Vorkommen in den einzelnen Bundesländern und in Deutschland.	42
Tabelle 4-6: Vitalitätsstufen der kartierten Vorkommen.	44
Tabelle 4-7: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen.	50
Tabelle 4-8: Namen der beprobten Vorkommen.	54
Tabelle 4-9: Bezeichnung der verwendeten Kern-Mikrosatelliten, Primer-Sequenzabfolgen, Anlagerungs-Temperatur der Primer, Amplifikationserfolg (ja/nein: ✓/×), Variabilität (Polymorphie bzw. Monomorphie des Markers) sowie gefundene Minimal- und Maximallängen der gefundenen Allele.	54
Tabelle 4-10: Anzahl gefundener Allele an drei SSR-(Mikrosatelliten-) Genorten sowie Gesamtanzahl an Allelen über alle Loci.	58
Tabelle 4-11: Genetische Diversität an drei SSR-(Mikrosatelliten-) Genorten sowie im Mittel über alle Loci.	58
Tabelle 4-12: Der Fixierungsindex F für die jeweiligen Bestände an den drei untersuchten SSR-(Mikrosatelliten-) Genorten sowie im Mittel über alle Loci bzw. Bestände.	58
Tabelle 4-13: Paarweise genetische Abstände d ₀ zwischen den einzelnen Beständen im Mittel über alle Loci.	59
Tabelle 5-1: Absolute Zahlen der Stufen der Erhaltungsfähigkeit nach Ländern.	62
Tabelle 5-2: Anteile der Stufen der Erhaltungsfähigkeit nach Ländern.	63
Tabelle 5-3: Genzentren mit hoher Baumzahl und großflächigem Zusammenhang.	69

1 Einleitung

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

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

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

In dem Verbundvorhaben unter Beteiligung mehrerer Fachinstitutionen in Deutschland war das Forstbüro Ostbayern u.a. für die Kartierung der Eibe (*Taxus baccata*) und des Feld-Ahorns (*Acer campestre*) zuständig. In dem Vorhaben war die genetische Analyse ausgewählter Vorkommen vorgesehen. Die genetischen Untersuchungen an Eibe wurden durch das Bayerische Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) in Teisendorf, die des Feld-Ahorns durch die Plant Genetic Diagnostics GmbH (PGD) in Großhansdorf ausgeführt.

Im vorliegenden Bericht sind die Untersuchungen zum *Feld-Ahorn* dargestellt.

1.1 Ökologie und Verbreitung

Der Feld-Ahorn, auch Maßholder genannt, kommt natürlich von Mittelspanien über Mitteleuropa, den Balkan, Teile der britischen Inseln, Dänemark und Südschweden bis ins westliche Rußland und den nördlichen Iran vor. Vereinzelt, kleinere Vorkommen sind auch in Algerien bekannt. Die Abbildung 1-1 zeigt das Verbreitungsgebiet des Feld-Ahorns.

In den Bayerischen Alpen ist er bis etwa 800 m Meereshöhe anzutreffen. In der Südschweiz erreicht er bis 1400 m Höhe, im Kaukasus sind Vorkommen bis 1800 m über dem Meeresspiegel beschrieben.

Nach Karte auf FLORAWEB ist er fast überall in der Bundesrepublik anzutreffen. Bei dieser Kartierung wurden jedoch keine Populationen, sondern Individuen erfasst. Er gilt in der Bundesrepublik nicht als gefährdet und nicht geschützt nach BArtSchV. Nur in Brandenburg und Berlin wurde er 1993 in die Rote-Liste-Kategorie 3 (gefährdet) eingestuft, in Berlin seit 2001 in die Kategorie R (extrem selten).

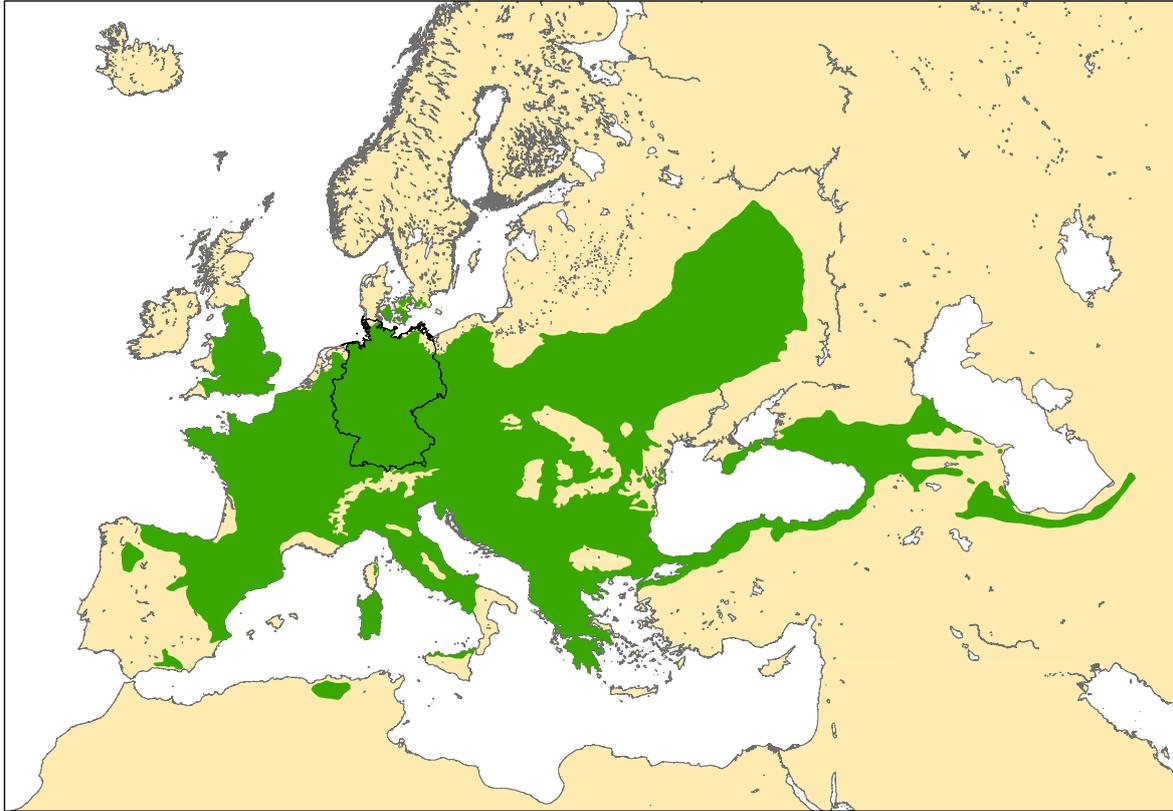


Abbildung 1-1: Verbreitungskarte des Feld-Ahorns (*Acer campestre*) nach EUFORGEN 2009, (<http://www.euforgen.org>, Datenstand: 05.01.2005).

In der Literatur ist er überwiegend als Baum zweiter Ordnung mit Höhen von 15 bis maximal 20 m und Durchmesser bis 60 cm (meist nur bis 40 cm) beschrieben. Unter günstigen Bedingungen sind aber deutlich bessere Wachstumsleistungen mit Höhen über 25 m möglich. Das mögliche Alter des Feld-Ahorns wird mit 200 Jahren angegeben. Die Rinde ist meist hellgrau und im Alter rechteckig gefeldert. Charakteristisch sind Korkleisten an jungen Zweigen.

Das natürliche Vorkommen des Feld-Ahorns liegt in der Hartholzaue außerhalb der Überschwemmungsgebiete in (Sternmieren-)Eichen-Hainbuchenwäldern, daneben in wärmebegünstigten Lagen oftmals vergesellschaftet mit Elsbeere. Hier bildet er eine charakteristische Baumart der Feldgehölze, Hecken und Waldränder. Der Feld-Ahorn ist wärmeliebend und meidet Gebiete mit harten Wintern oder Spätfrösten.

Der Feld-Ahorn bevorzugt nährstoff- und basenreiche Böden, er kommt oft auf kalkhaltigen Standorten vor. Aufgrund seines intensiven Wurzelwerks kann er zur Festigung von steilen Schutthängen beitragen.

Als Folge seines guten Stockausschlagsvermögens wurde er in den vergangenen Jahrhunderten durch die Mittel- und Niederwaldwirtschaft begünstigt. In den noch bestehenden Resten von Mittelwäldern in Deutschland ist der Feld-Ahorn überall vorhanden.

Im Garten- und Landschaftsbau ist er eine beliebte Pflanze zur Begrünung und zur Gestaltung von Hecken und Alleen, da er Rückschnitt verträgt und gegenüber Streusalz tolerant ist.

Das Holz ist hell bis rötlichweiß oder hellbraun mit oftmals schöner Maserung. Von den einheimischen Ahornarten besitzt der Feld-Ahorn das dunkelste Holz. Das Holz schwindet nur mäßig, ist elastisch und von hoher Dichte. Es wird gerne für Drechslerarbeiten und Möbelproduktion verwendet, entsprechende starke Stämme werden auch zu Furnier verarbeitet.

2 Ziele und Aufgabenstellung des Projektes

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

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

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

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

2.1 Ablauf und Planung des Projektes

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

Die vier Lose untergliedern sich wie folgt:

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

2.1.1 Weiterentwicklung der Datenbank

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

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

Alle Kartierer wurden in die Benutzung der Datenbank eingewiesen.

2.1.2 Erfassung von Vorkommen

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

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

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

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

2.1.3 Schematische Übersicht des Projektverlaufes

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

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

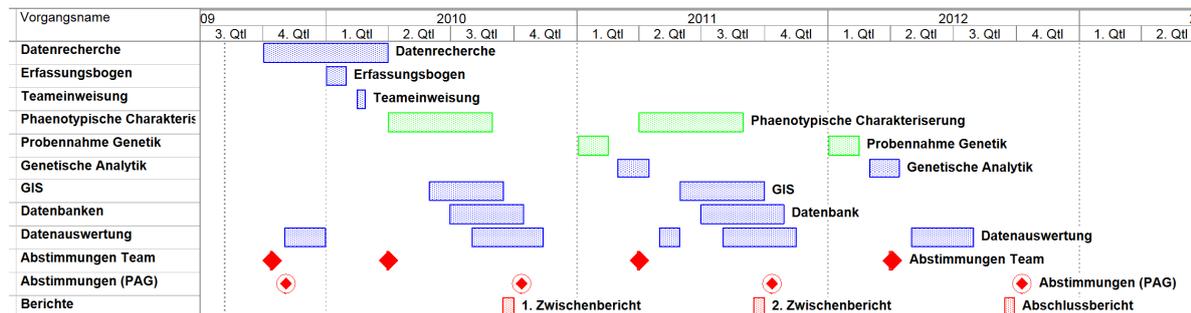


Abbildung 2-1: Geplanter Zeitplan der einzelnen Projektschritte.

Tabelle 2-1: Übersicht der Arbeitsschritte im Projektverlauf.

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

Folgende Büros wurden in das Projekt mit eingebunden:

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

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

2.2 Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

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

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

Für den Feld-Ahorn lagen bisher überhaupt keine Arbeiten zu genetischen Charakterisierungen vor. Aufbauend auf Arbeiten über den Berg-Ahorn wurden von der Firma Plant Genetic Diagnostics GmbH (PGD) innerhalb des Projektes die Methoden entwickelt und Marker identifiziert, mit der auch in Zukunft routinemäßige Analysen dieser Baumart vorgenommen werden können.

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

Die Struktur der verwendeten Datenbank⁵ wurde ebenfalls aus den beiden Vorgängerprojekten übernommen und vom AG zur Verfügung gestellt. Notwendige Anpassungen an neue Baumarten und geänderte Erfassungsbögen wurden zu Projektbeginn durch die IDaMa GmbH durchgeführt. Innerhalb des Projektverlaufes wurden mehrere Weiterentwicklungen vorgenommen.

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

3 Material und Methoden

3.1 Projektmanagement

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

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

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

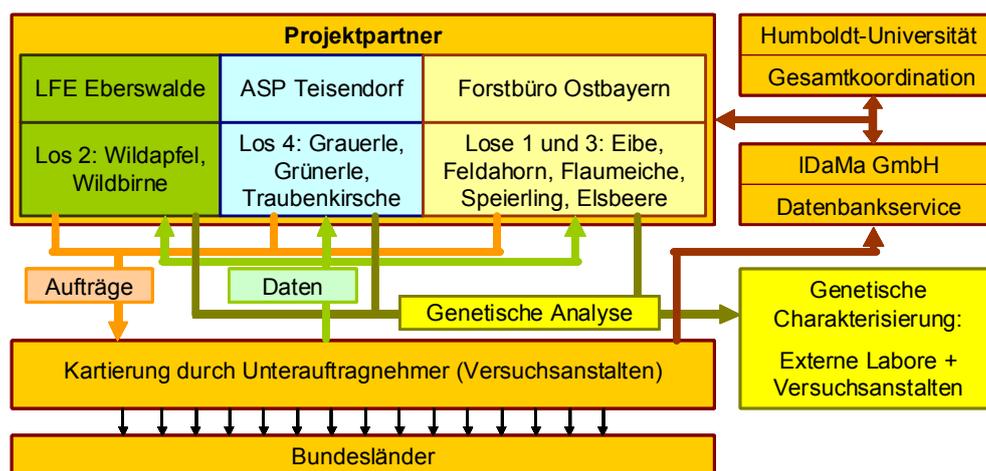


Abbildung 3-1: Schematische Darstellung der Projektstruktur (Quelle: LFE).

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

3.2 Datenrecherche

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

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

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

3.3 Auswertung der Quellenabfrage

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

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

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

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

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

3.4 Kartierung

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

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

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

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

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

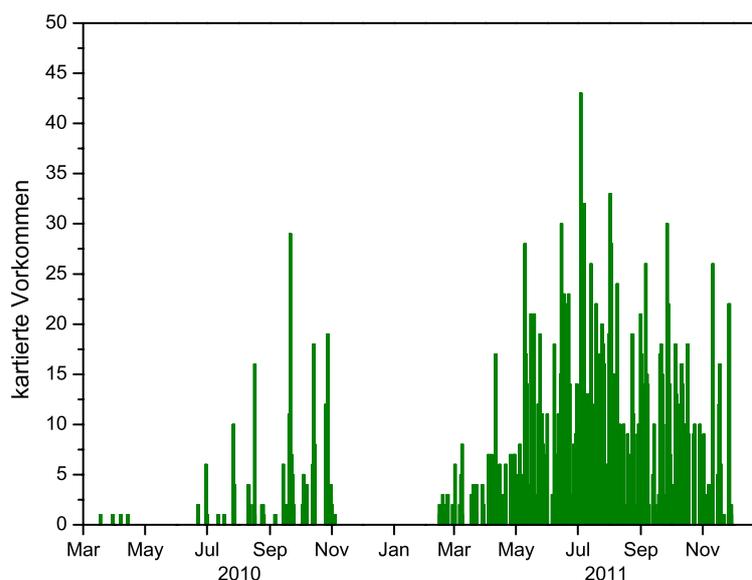


Abbildung 3-2: Kartierperiode mit Anzahl der untersuchten Vorkommen / Tag.
Die dargestellten Daten beziehen sich auf Kartierarbeiten des Forstbüros Ostbayern und aller beauftragten Kartierer zu allen Baumarten der Lose 1 und 3.

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

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

Weitere Angaben zu Weiterverarbeitung / Auswertung sind:

- Bearbeitungsstand
- EDV
- Schutzstatus
- Kartenausschnitt

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

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

3.5 Datenbank und GIS-Anwendungen

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

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

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

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

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

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

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

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

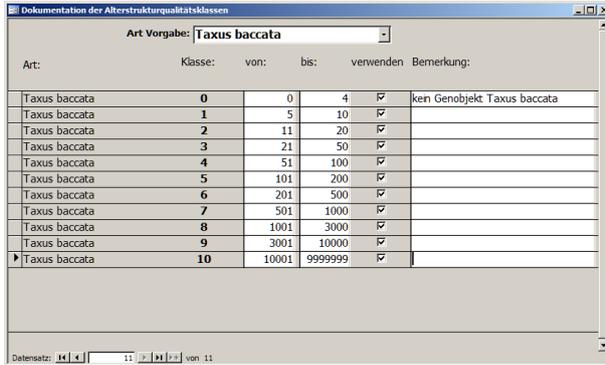


Abbildung 3-4: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Abundanzklassen in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".

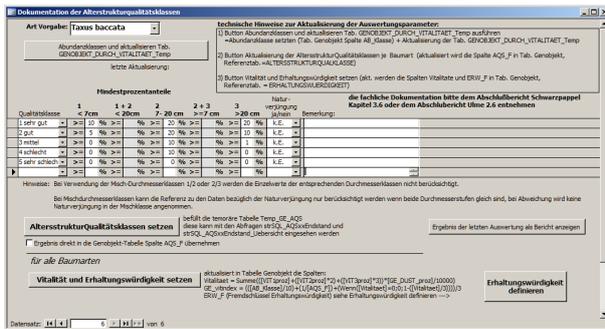


Abbildung 3-5: Eingabemaske zur Einstellung der Parameter für die Altersstrukturklassen in der MS-Access Routine "fgr_auswertung.mdb".



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

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

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

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

3.6 Auswertung der Datenbank

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

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

3.6.1 Bundeswuchsgebiete

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

- Wuchsgebiete 2011 (Version vom 20.03.2012)

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

3.6.2 Potentielle natürliche Vegetation

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

- PNV500 Deutschland (Version vom 23.03.2011)

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

3.6.3 Schutzstatus

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

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

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

3.6.4 Abundanz

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

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

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

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

3.6.5 Altersstruktur

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

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

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

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

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

3.6.6 Naturverjüngung

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

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

3.6.7 Vitalität

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

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

Tabelle 3-4: Einteilung und Beschreibung der Vitalitätsstufen.

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

3.6.8 Demografische Strukturen

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

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

3.6.10 Dichteanalysen

Zur Visualisierung von Konzentrationen oder Isolationen von Vorkommen wurden Dichteanalysen⁸ durchgeführt und als Dichteoberflächen oder auch Kernel-Dichten (Kernel Density Maps) veranschaulicht. Als Radius wurde in allen Fällen 15 km eingestellt.

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

3.7 Auswahl von Genobjekten für die genetischen Analysen

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

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

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

3.8 Beprobung ausgewählter Genobjekte

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

Die Beprobung wurde möglichst rasterförmig über das gesamte Vorkommen durchgeführt. Jeder einzelne beprobte Baum wurde per GPS eingemessen und durch digitale Photoaufnahmen dokumentiert. Entnommen wurden 3 bis 5 grüne, ausgefärbte und gesunde Blätter von, je nach Gegebenheiten und Möglichkeiten, bis zu 30 Individuen je Vorkommen.

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

⁸ ESRI® ArcGIS Desktop 10 SR3 mit Toolbox "Spatial Analyst"

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

3.9 Genetische Untersuchungen

Ziel der Untersuchung war es, die genetische Variation des Feld-Ahorns im Untersuchungsgebiet zu beschreiben und eventuelle regionale Unterschiede in den genetischen Strukturen zu erfassen.

Die Analysen und die Interpretation der Ergebnisse übernahm die Firma PLANT GENETIC DIAGNOSTICS GmbH in Großhansdorf.

Da bislang in der Literatur kaum Erkenntnisse zu DNA-Analysen des Feld-Ahorns vorliegen, bestand die Aufgabe zunächst in der Etablierung und dem Test von kodominanten Genmarkern. Dafür wurden die von PANDEY et al. (2004) und PANDEY (2005) am Bergahorn (*Acer pseudoplatanus* L.) entwickelten Mikrosatelliten-Marker herangezogen. Diese wurden zwar schon an verschiedenen Arten der Gattung *Acer* ausprobiert, allerdings mit geringen technischen Möglichkeiten und somit auch einer sehr spärlichen Ausbeute an Information (GUARINO et al. 2008). Diese Arbeit stellt somit eine erste umfassende molekulargenetische Untersuchung des Feld-Ahorns dar.

3.9.1 Beprobung

Aus 12 Feld-Ahornvorkommen wurden im Sommer 2011 Blattproben entnommen. Bei der Beprobung wurden die UTM-Koordinaten jedes beprobten Baumes erfasst. Insgesamt wurden 362 Einzelbäume beprobt.

3.9.2 Methodik der DNA-Analyse

DNA-Extraktion

Die DNA wurde ausschließlich nach dem Protokoll von DUMOLIN et al. (1995) extrahiert (Lysispuffer: ATMA B (Alkyltrimethylammoniumbromid)-PVP; Dichlormethan zur Fällung von Verunreinigungen). Isolierte DNA wurde bis zur Analysedurchführung bei -20°C gelagert. Die Endkonzentration der DNA-Lösungen für die PCR-Analytik wurde auf 10 ng/µl eingestellt.

DNA-Marker

Zur Genotypisierung der Bäume wurden sog. Mikrosatelliten (auch SSRs = simple sequence repeats genannt) verwendet. Mikrosatelliten sind kurze, nicht kodierende DNA-Abschnitte, die Sequenzwiederholungen von Di- (z.B. TA_n), Tri- (z.B. GAC_n) oder Tetranukleotiden (z.B. GACA_n) enthalten. Aufgrund der Variabilität in der Anzahl solcher Sequenzwiederholungen (Längenvariabilität) und wegen des kodominanten Vererbungsschemas dieses Markertyps, sind Mikrosatelliten ideal für populationsgenetische und –biologische Untersuchungen geeignet.

Insgesamt wurden sechs Kern-Mikrosatelliten im Hinblick auf eine spätere Verwendbarkeit zur Kalkulation populationsgenetischer Parameter getestet (MAP2, MAP9, MAP10, MAP12, MAP33, und MAP40, siehe Tabelle 4-9). Die Amplifikation der Mikrosatellitensequenzen mittels PCR-Reaktion erfolgte anhand folgender Protokolle: 15 µl Reaktionsvolumen enthielten

1,5 µl 10X PCR-Puffer, 0,8 mM dNTPs, 0,2 µM Primer, 2,5 mM MgCl₂ und 0,6 U Taq-Polymerase (Fa. Cloning Service). Die PCR selbst wurde auf einem Cycler der Firma SensoQuest (Göttingen) durchgeführt. Das Programm bestand aus folgenden Schritten: Denaturierung für 4 min. bei 94°C, 35 Zyklen Denaturierung für 45 s, Annealing (Temperatur siehe Tabelle 4-9) für 1 min und Elongation für 45 sec sowie eine abschließende Elongation von 15 min.

Die Bestimmung der Fragmentlängen wurde an einem ABI3730 DNA-Analyser durchgeführt. Die Fragmentlängenbestimmung erfolgte unter Verwendung des Softwareprogrammes GeneMapper 4.1 (Hard- und Software: Applied Biosystems, Life Technologies).

3.9.3 Parameter zur Beschreibung der genetischen Variation

Genetische Vielfalt

Als Maß für die genetische Vielfalt innerhalb einer Population wurden in jeder Population für jeden der verwendeten Mikrosatelliten-Loci die Anzahl der beobachteten Allele $n_{(a)}$ und die effektive Anzahl der Allele $v_{(a)}$ [1] berechnet.

$$v_{(a)} = \frac{1}{\sum_i p_{i(a)}^2}, \text{ wobei } 1 \leq v_{(a)} \leq n_{(a)} \quad [1]$$

$p_{i(a)}$ = Häufigkeit von Allel i am Genort a

Ist $v_{(a)} = 1$ (Minimalwert), so ist die Population auf ein Allel fixiert und somit monomorph. $v_{(a)}$ nimmt seinen Maximalwert $n_{(a)}$ dann an, wenn die beobachteten Allele gleichhäufig verteilt sind (HATTEMER et al. 1993). $v_{(a)}$ wird durch unterschiedliche Stichprobengrößen weniger beeinflusst, da neben der absoluten Anzahl der Allele auch deren relative Häufigkeiten mit einbezogen werden.

Fixierungsindex

Der Fixierungsindex F gibt an, in welchem Maße sich der Anteil an beobachteten Heterozygoten eines Kollektivs von dem der erwarteten, also dem der korrespondierenden Hardy-Weinberg-Proportionen, unterscheidet. Dieser berechnet sich nach $F = 1 - (H_b/H_e)$, wobei H_e der erwartete und H_b der tatsächlich beobachtete Heterozygotenanteil ist.

Die Fixierungsindices mehrerer Genloci lassen unter anderem Schlüsse auf das Paarungssystem zu. Panmixie (Zufallspaarung kann vorliegen, wenn F für alle Loci nahe Null liegt. Liegt F aber deutlich über Null, so existiert ein Homozygotenüberschuss und es kann Inzucht vermutet werden. Ist der Fixierungsindex an allen Genorten negativ, so liegt ein Heterozygotenüberschuss vor. Hier kann Selektion mit Heterozygotenvorteil die genotypischen Strukturen verändert haben.

Genetische Differenzierung

Als ein Maß der genetischen Differenzierung wurde zunächst der genetische Abstand d_0 bestimmt (GREGORIUS 1974). d_0 quantifiziert, wie stark sich die genetischen Strukturen zweier Populationen unterscheiden [2]. Dieses Maß misst sozusagen den relativen Anteil derjenigen Allele, die ausgetauscht werden müssen, um identische genetische Strukturen zwischen Populationen (= allelische Häufigkeiten) zu erhalten.

$$d_{0(a)}(j,k) = \frac{1}{2} \sum_i |p_{i(a)}(j) - p_{i(a)}(k)|, \text{ wobei } 0 \leq d_{0(a)} \leq 1 \quad [2]$$

$$p_{i(a)}(j) = \text{Häufigkeit von Allel } i \text{ am Genort } a \text{ in Population } j$$

$$p_{i(a)}(k) = \text{Häufigkeit von Allel } i \text{ am Genort } a \text{ in Population } k$$

Um den Grad der Differenzierung einer Population zu allen anderen zu bestimmen, wurde das genetische Differenzierungsmaß D_j [3] bestimmt. Dieses Maß vergleicht jedes einzelne Kollektiv von Individuen mit dem Komplement der restlichen Populationen (GREGORIUS 1987).

$$D_{j(a)} = \frac{1}{2} \sum_i |p_{i(a)}(j) - p_{i(a)}(\bar{j})|, \text{ wobei } 0 \leq D_{j(a)} \leq 1 \quad [3]$$

$$p_{i(a)}(j) = \text{Häufigkeit von Allel } i \text{ am Genort } a \text{ in Population } j$$

$$p_{i(a)}(\bar{j}) = \text{Häufigkeit von Allel } i \text{ am Genort } a \text{ im Komplement zu Population } j$$

Ist $D_j = 0$, so repräsentiert die Population das gesamte Kollektiv in idealer Weise. Ist $D_j = 1$, so sind alle in der Population auftretenden Allele in keiner der anderen Populationen zu finden.

Gesamtdifferenzierung

Als Maß der absoluten Gesamtdifferenzierung δ wurde der gewichtete Mittelwert [4] aus den einzelnen D_j gebildet [4]. Dieses Maß ist grundsätzlich unabhängig von der Variation in den einzelnen Populationen.

$$\delta = \sum_j \frac{1}{N_p} D_j, \text{ wobei } 0 \leq \delta \leq 1 \quad [4]$$

N_p = Anzahl der untersuchten Populationen

3.10 Statistische Auswertungen

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

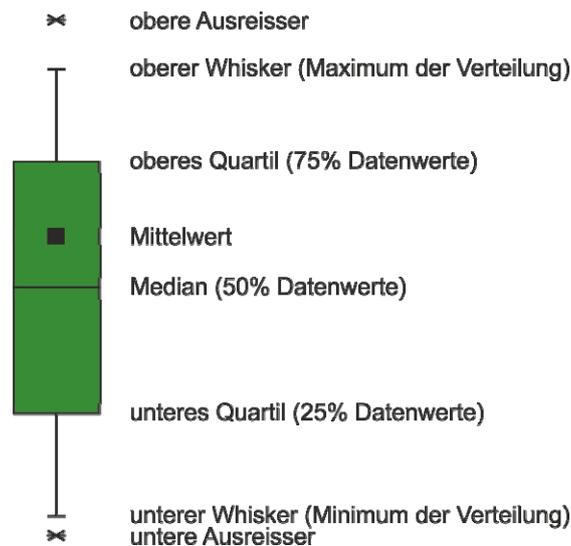


Abbildung 3-8: Darstellung eines BoxPlot (auch Box-Whisker-Plot) mit Benennung der Kennwerte. Zusätzlich ist der Mittelwert des Datensatzes angegeben.

Für die Vergleichbarkeit der Erhebungen zwischen den Bundesländern ist ein Bezug zur Landesfläche notwendig. In der Tabelle 3-7 sind die im Bericht verwendeten Abkürzungen für die Bundesländer und die für Berechnungen verwendeten Flächengrößen angegeben.

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

Tabelle 3-7: In Graphiken und Tabellen verwendete Kürzel für die Bundesländer (BL) und die Bundesrepublik Deutschland, sowie die für Berechnungen verwendeten Landesflächen.

Abk.	Bedeutung	Flächengröße (km ²)
BB	= Brandenburg	29.482
BW	= Baden-Württemberg	35.752
BY	= Bayern	70.550
HE	= Hessen	21.115
MV	= Mecklenburg-Vorpommern	23.189
NI	= Niedersachsen	47.635
NW	= Nordrhein-Westfalen	34.088
RP	= Rheinland-Pfalz	19.854
SH	= Schleswig-Holstein	15.799
SL	= Saarland	2.569
SN	= Sachsen	18.420
ST	= Sachsen-Anhalt	20.449
TH	= Thüringen	16.172
DE	= Deutschland	355.073

4 Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

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

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

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

Neben der Genotypisierung der einzelnen Individuen sollten zur Beurteilung der Erhaltungswürdigkeit der einzelnen Vorkommen auch verschiedene populationsgenetische Parameter berechnet werden. Dazu zählen die gefundene Anzahl an genetischen Varianten, die Diversität (effektive Anzahl an Allelen) sowie auch die Differenzierung der einzelnen Bestände.

4.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen

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

Insgesamt wurden 676 Feld-Ahornvorkommen mit über 630.000 Bäumen aufgenommen. Die meisten kartierten Vorkommen (251) liegen in Bayern, in Schleswig-Holstein wurde kein Bestand gefunden.

Tabelle 4-1: Anzahlen der kartierten Vorkommen, Baumzahlen in den kartierten Vorkommen und Flächengröße der kartierten Vorkommen, sowie abgeleitete Parameter (Anzahl Bäume / ha Fläche, Anzahl Vorkommen / 1.000 km² Landesfläche, Baumzahlen / 1.000 km² Landesfläche).

BL	Anzahl Vorkommen	Anzahl Bäume	Gesamtfläche aller Vorkommen	Anzahl Bäume / ha Fläche	Anzahl Vorkommen / 1.000 km ² Landesfläche	Anzahl Bäume / 1.000 km ² Landesfläche
BB	40	4.527	130,9	34,6	1,4	153,6
BW	55	40.054	1.974,5	20,3	1,5	1.120,4
BY	251	427.347	3.155,0	135,5	3,6	6.057,4
HE	64	11.727	325,5	36,0	3,0	555,4
MV	22	79.124	57,7	13.225,7	0,9	3.412,1
NI	34	2.293	78,7	29,1	0,7	48,1
NW	22	1.080	200,0	5,4	0,7	31,7
RP	67	2.332	44,8	52,0	3,4	117,5
SH	0	0	0,0			
SL	6	150	34,1	4,4	2,3	58,4
SN	14	361	94,3	3,8	0,8	19,6
ST	21	1.588	55,0	28,9	1,0	77,7
TH	80	66.520	699,2	95,1	5,0	4.113,2
DE	676	637.103	6.849,7	93,0	1,9	1.794,3

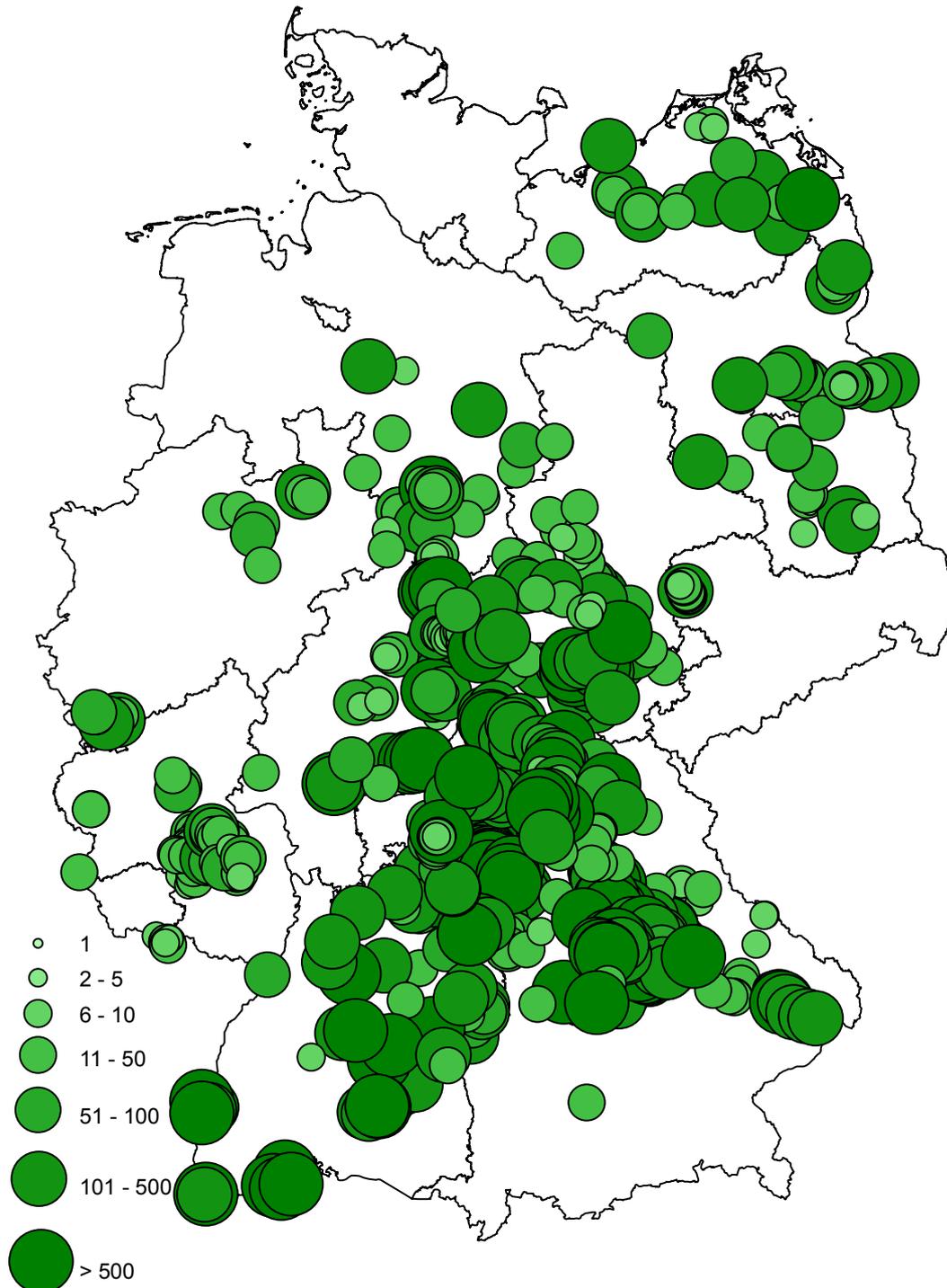


Abbildung 4-1: Lage der kartierten Bestände mit Größenklassen der kartierten Baumzahlen.

Die Karte Abbildung 4-1 zeigt die Lage und Größenklasse der Vorkommen im bundesweiten Überblick. Die individuenreichsten Vorkommen liegen v.a. in Baden-Württemberg, Bayern und Thüringen.

Die höchste Anzahl an Individuen mit rund 430.000 Bäumen wurde in Bayern erfasst, gefolgt von Mecklenburg-Vorpommern mit knapp 80.000 Bäumen und Thüringen mit knapp 67.000

Bäumen. Im Saarland wurden nur 150, in Sachsen 361 Bäume kartiert. Die Abbildung 4-2 und die Abbildung 4-3 stellen die Ergebnisse grafisch dar.

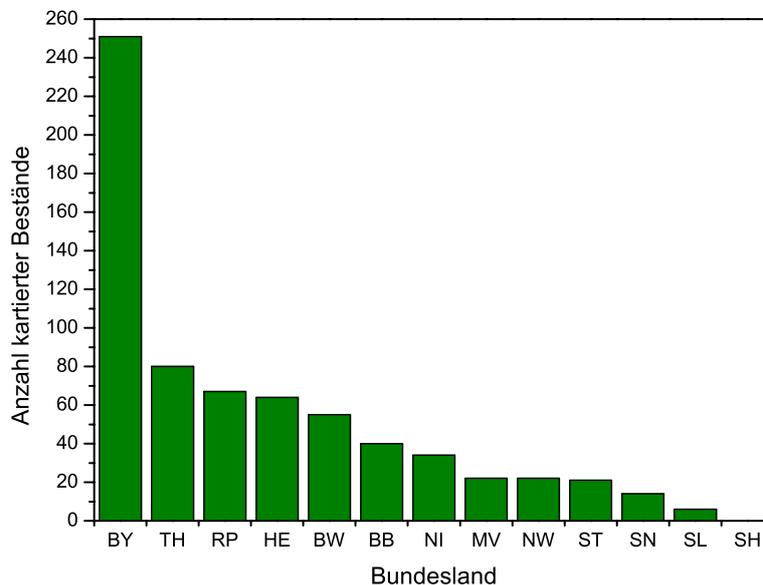


Abbildung 4-2: Anzahl der kartierten Bestände nach Bundesländern.

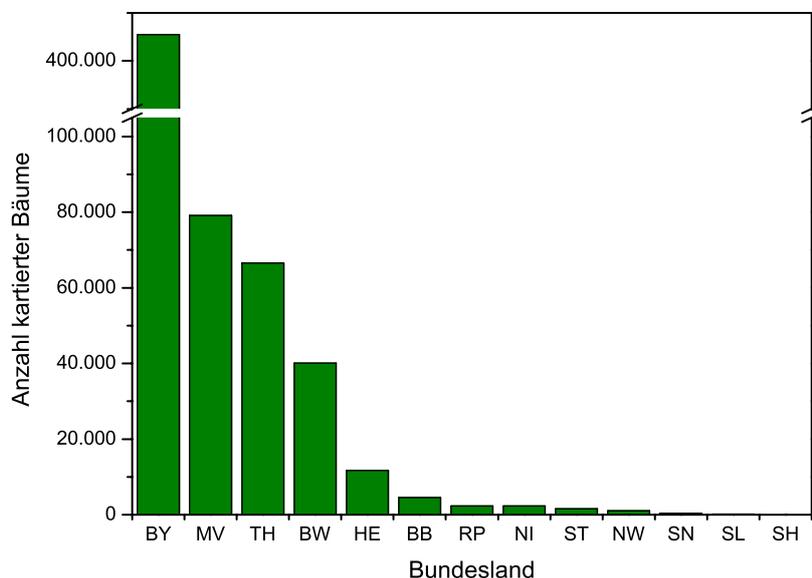


Abbildung 4-3: Anzahl der kartierten Bäume nach Bundesländern.

Bezogen auf die Landesfläche wurden die meisten Vorkommen in Thüringen, Bayern und Rheinland-Pfalz mit 4,95 bzw. 3,56 und 3,37 Vorkommen je 1.000 km² Landesfläche aufgenommen. Die geringste Dichte an Vorkommen weisen Niedersachsen und Sachsen mit 0,71 bzw. 0,76 Vorkommen je 1.000 km² Landesfläche auf. Die meisten Bäume je 1.000 km² Landesfläche weist Bayern mit rund 6.000 Stück auf, gefolgt von Thüringen mit mehr als

4.000 und Mecklenburg-Vorpommern mit etwa 3.400 Stück. Die Abbildung 4-2 und Abbildung 4-3 zeigen diese Ergebnisse im Überblick.

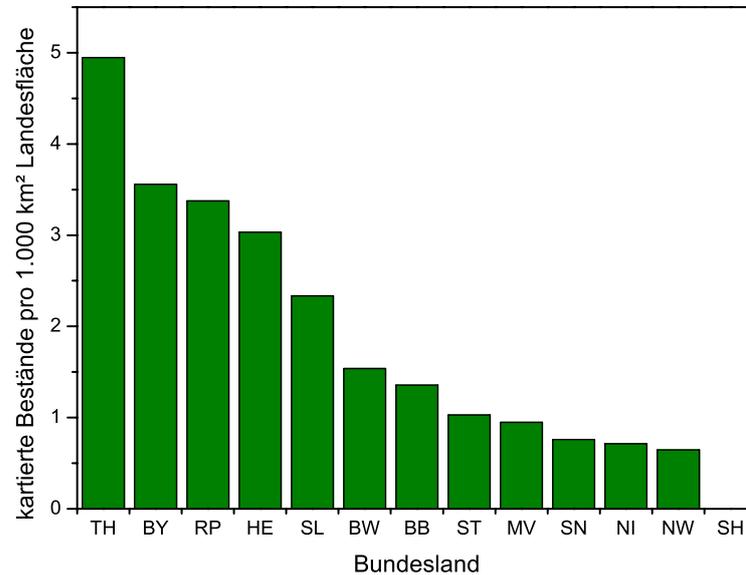


Abbildung 4-4: Anzahl der kartierten Bestände bezogen auf die Fläche (in 1.000 km²) der Bundesländer.

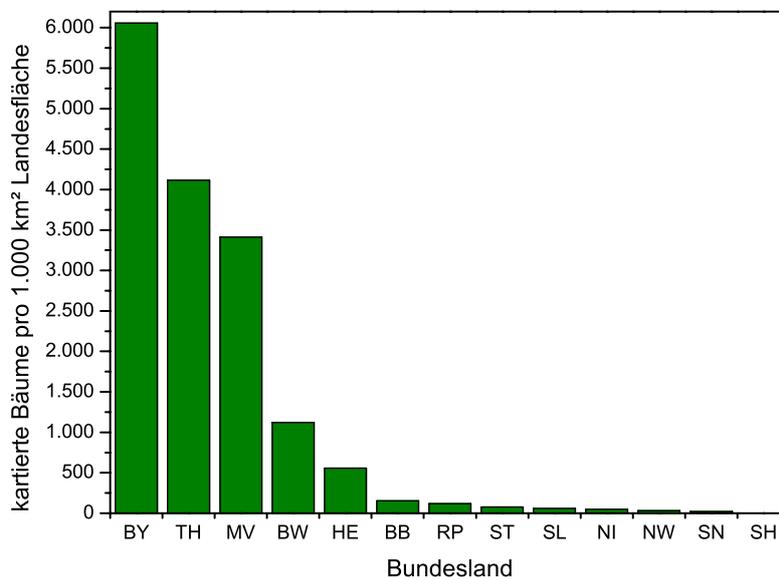


Abbildung 4-5: Anzahl der kartierten Bäume bezogen auf die Fläche (in 1.000 km²) der Bundesländer.

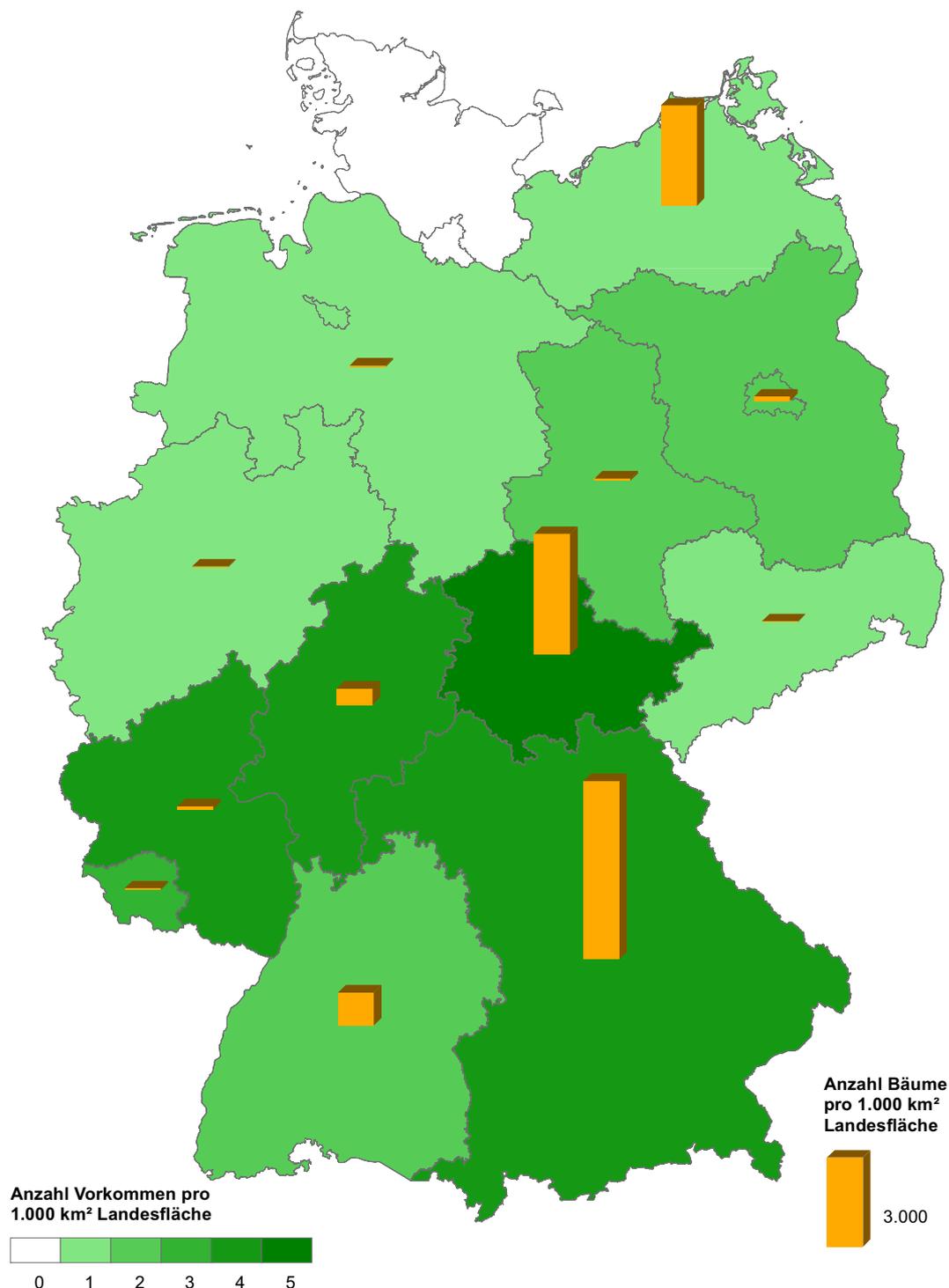


Abbildung 4-6: Anzahl kartierter Vorkommen und Baumzahlen bezogen auf die Landesfläche (in 1.000 km²) der Bundesländer.

4.1.2 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen in den Wuchsgebieten

Die kartierten Vorkommen wurden nach Wuchsgebieten gegliedert untersucht. Die meisten Vorkommen (84) liegen im Wuchsgebiet 60 Frankenalb und Oberpfälzer Jura, gefolgt von den Wuchsgebieten 61 Fränkischer Keuper und Albvorland und 62 Fränkische Platte mit 72

bzw. 65 Beständen. In diesen drei Wuchsgebieten wurden auch die meisten Individuen mit zusammen rund 420.000 Bäumen gezählt.

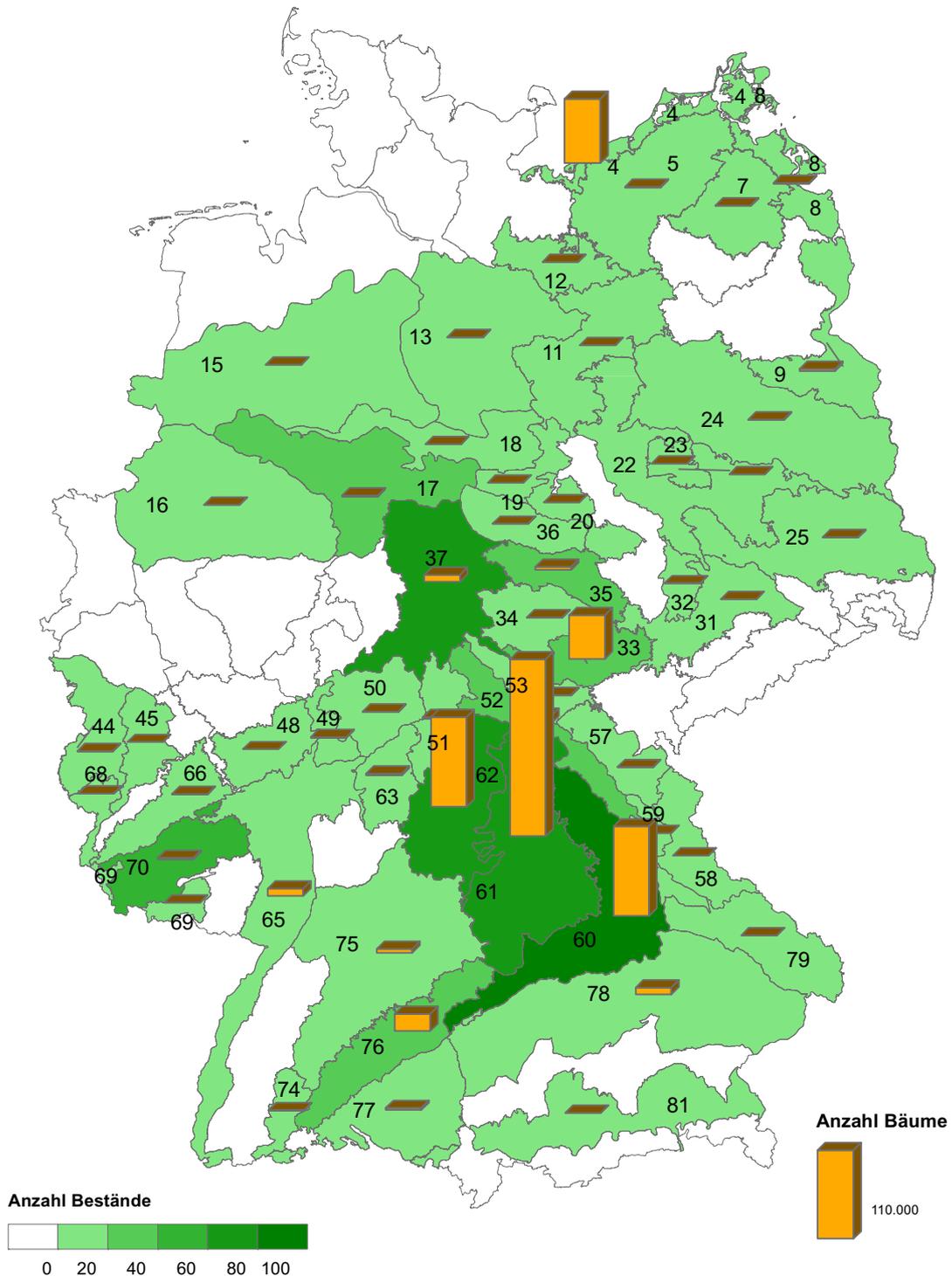


Abbildung 4-7: Anzahl der kartierten Bestände und Anzahl der kartierten Bäume nach Wuchsgebieten.

In zahlreichen Wuchsgebieten fehlt der Feld-Ahorn völlig. Die Karte Abbildung 4-7 und die Tabelle 4-2 zeigen die Verteilung der Bestände und Baumzahlen auf die Wuchsgebiete. Der

Schwerpunkt der Verbreitung liegt in einem Streifen vom Weserbergland bis zur Schwäbisch-Fränkischen Alb sowie im Saar-Nahe-Bergland.

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

Nr	Wuchsgebiet	Bestände	Baumzahl
1	Schleswig-Holstein Nordwest	0	0
2	Jungmoränenlandschaft Schleswig-Holstein Ost / Nordwest-Mecklenburg	0	0
3	Schleswig-Holstein Südwest	0	0
4	Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland	2	76.251
5	Ostholsteinisch-Westmecklenburger Jungmoränenland	12	971
6	(Mittel-) Mecklenburger Jungmoränenland	0	0
7	Ostmecklenburg-Vorpommersches Jungmoränenland	5	722
8	Ostvorpommersches Küstenland	1	1.000
9	Nordostbrandenburger Jungmoränenland (Mittelbrandenburger Jungmoränenland)	19	2.545
10	Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nordbrandenburger Jungmoränenland)	0	0
11	Ostniedersächsisch-Altmarkisches Altmoränenland (Westprignitz-Altmarkisches Altmoränenland)	1	100
12	Südost-Holsteinisch-Südwestmecklenburger Altmoränenland	1	22
13	Ostniedersächsisches Tiefland	1	180
14	Niedersächsischer Küstenraum	0	0
15	Mittelwestniedersächsisches Tiefland	2	128
16	Westfälische Bucht	5	169
17	Weserbergland	21	1.562
18	Nordwestdeutsche Berglandschwelle	3	92
19	Nordwestliches Harzvorland	2	33
20	Nordöstliche Harzvorländer	3	96
21	Sachsen-Anhaltinische Löß-Ebene	0	0
22	Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland	5	123
23	Hoher Fläming	1	300
24	Mittelbrandenburger Talsand- und Moränenland	11	881
25	Düben-Niederlausitzer Altmoränenland	4	736
26	Lausitzer Löß-Hügelland	0	0
27	Zittauer Gebirge	0	0
28	Oberlausitzer Bergland	0	0
29	Elbsandsteingebirge	0	0
30	Westlausitzer Platte und Elbtalzone	0	0
31	Sächsisch-Thüringisches Löß-Hügelland	1	47
32	Leipziger Sandlöß-Ebene	14	361
33	Osthüringisches Trias-Hügelland	28	51.890
34	Thüringer Becken	4	680
35	Nordthüringisches Trias-Hügelland	21	3.838
36	Harz	6	81
37	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	62	8.348
38	Nordwesthessisches Bergland	0	0
39	Nördliches hessisches Schiefergebirge	0	0
40	Sauerland	0	0
41	Bergisches Land	0	0
42	Niederrheinisches Tiefland	0	0
43	Niederrheinische Bucht	0	0
44	Nordwesteifel	10	630
45	Osteifel	1	27
46	Mittelrheintal	0	0
47	Westerwald	0	0
48	Taunus	1	50
49	Wetterau und Gießener Becken	3	950
50	Vogelsberg und östlich angrenzende Sandsteingebiete	6	488
51	Rhön	9	2.088
52	Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland	25	8.990
53	Thüringer Gebirge	1	273

54	Vogtland	0	0
55	Erzgebirgsvorland	0	0
56	Erzgebirge	0	0
57	Frankenwald, Fichtelgebirge und Steinwald	3	150
58	Oberpfälzer Wald	6	93
59	Oberpfälzer Becken- und Hügelland	2	78
60	Frankenalb und Oberpfälzer Jura	84	105.978
61	Fränkischer Keuper und Albvorland	72	210.162
62	Fränkische Platte	65	106.609
63	Spessart	4	2262
64	Odenwald	0	0
65	Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene	11	8713
66	Hunsrück	4	310
67	Moseltal	0	0
68	Gutland	3	89
69	Saarländisch-Pfälzisches Muschelkalkgebiet	6	150
70	Saar-Nahe Bergland	57	1811
71	Westlicher Moorniederung	0	0
72	Pfälzerwald	0	0
73	Schwarzwald	0	0
74	Baar-Wutach	1	600
75	Neckarland	18	4409
76	Schwäbische Alb	22	20.270
77	Südwestdeutsches Alpenvorland	3	2.600
78	Tertiäres Hügelland	19	7.930
79	Bayerischer Wald	4	192
80	Schwäbisch-Bayerische Schotterplatten- und Altmoränenlandschaft	0	0
81	Schwäbisch-Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge	1	45
82	Bayerische Alpen	0	0

4.1.3 Potentielle natürliche Vegetation

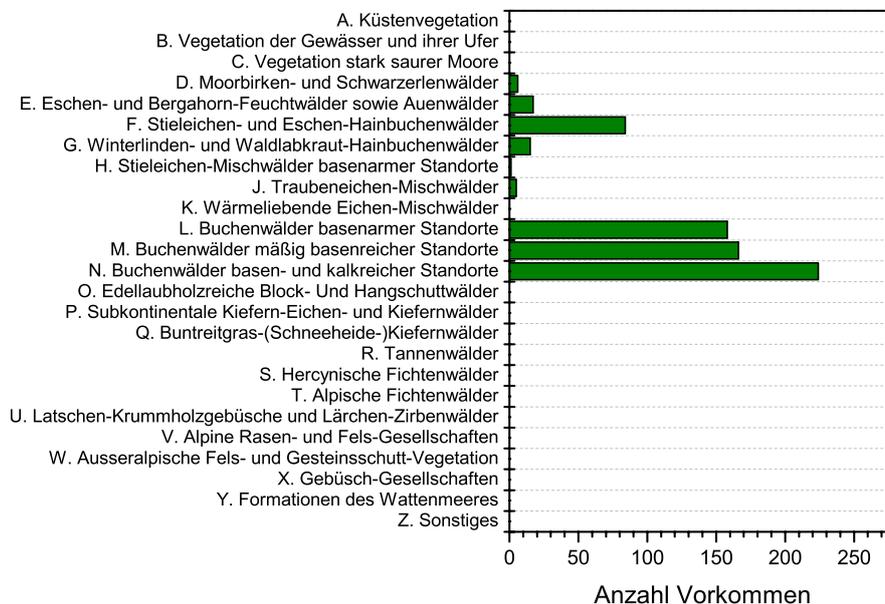


Abbildung 4-8: Potentielle natürliche Vegetation der kartierten Vorkommen

Die meisten Feld-Ahornbestände kommen in Gebieten vor, in denen Buchenwaldgesellschaften die potentielle natürliche Vegetation (pnV) bilden. Es ist zu beachten, dass die Waldgesellschaften der pnV gerade in wärmebegünstigten Lagen oft durch Eichenwaldge-

sellschaften als Folge Bewirtschaftung im Nieder- und Mittelwald abgelöst wurden. So kommt der Feld-Ahorn – ohne eine Art der Buchenwaldgesellschaften zu sein – auf Flächen vor, die unter natürlichen Bedingungen von der Buche eingenommen wären. Daneben liegt ein kleineres Maximum der Vorkommen in Gebieten, die unter natürlichen Bedingungen mit Stieleichen- und Eschen-Hainbuchenwäldern, also Waldgesellschaften der Auen, bestockt wären. In diesen Wäldern ist der Feld-Ahorn eine Baumart der natürlichen Waldgesellschaft. Die Abbildung 4-8 zeigt die Verteilung der Vorkommen nach der pnV.

4.2 Durchschnittliche Größe der Vorkommen in Bezug auf Fläche und Baumzahl

Die kartierten Vorkommen des Feld-Ahorns besitzen im bundesdeutschen Mittel eine Fläche von rund 10 ha mit einer Baumzahl von etwa 940 Bäumen. Die Mediane liegen bei 1,8 ha und rund 75 Bäumen je Vorkommen.

Die durchschnittliche Flächengröße bewegt sich zwischen 0,7 ha (Median 0,2 ha) in Rheinland-Pfalz und 35,9 ha (Median 12 ha) in Baden-Württemberg. Die durchschnittliche Baumzahl je Vorkommen schwankt zwischen 25 (Median 15) Bäumen im Saarland bzw. 26 (Median 15,5) Bäumen in Sachsen und fast 3.600 (Median 71,5) Bäumen in Mecklenburg Vorpommern. In Abbildung 4-10 und Abbildung 4-11 sind die Baumzahlen und Flächengrößen je Bundesland mit den statistischen Kennzahlen dargestellt. Die Abbildung 4-13 zeigt die Verteilung der Baumzahl je Vorkommen im Vergleich der Bundesländer.

Bezogen auf die Fläche der Vorkommen liegt die Mehrheit der Vorkommen in Beständen zwischen 10 und 500 Feld-Ahornen je ha Bestandesfläche. Siehe dazu Abbildung 4-9.

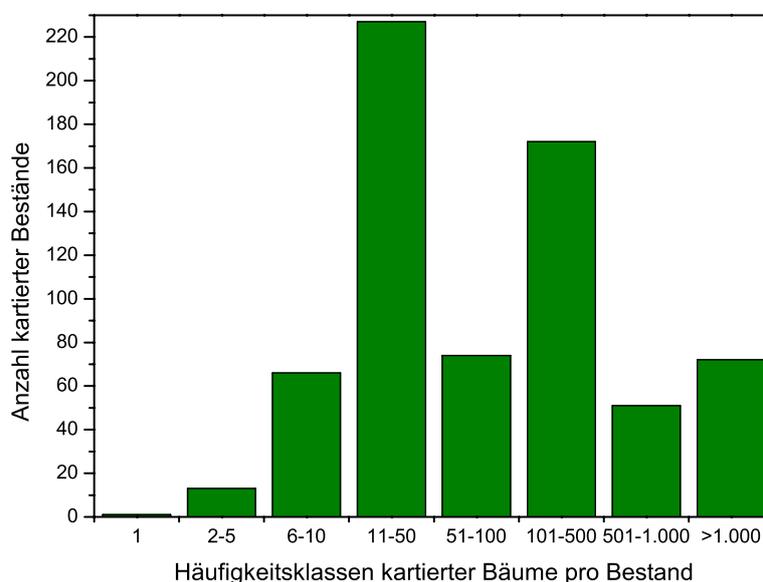


Abbildung 4-9: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen.

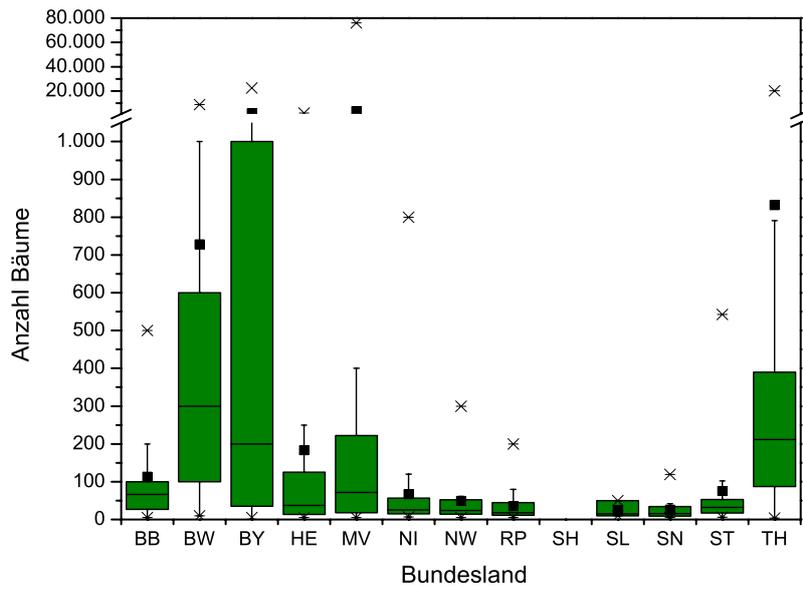


Abbildung 4-10: Anzahl der kartierten Baumzahlen je Vorkommen nach Bundesland. (BoxPlot mit Darstellung von Mittelwert (▪), Median (—), Quartile (□), Whisker (┌) und Ausreißern (x)).

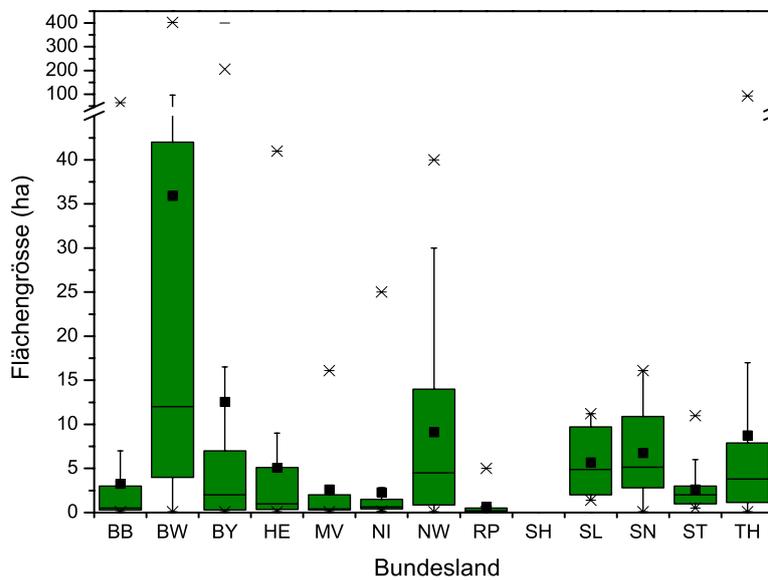


Abbildung 4-11: Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern. (BoxPlot mit Darstellung von Mittelwert (▪), Median (—), Quartile (□), Whisker (┌) und Ausreißern (x)).

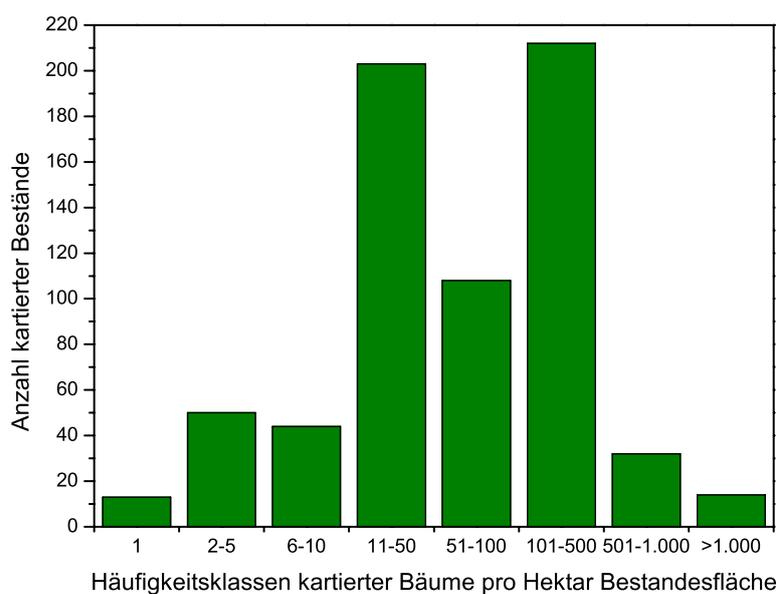


Abbildung 4-12: Anzahl der kartierten Vorkommen nach Häufigkeitsklassen der Baumzahlen pro Vorkommen bezogen auf eine Fläche von 1 ha.

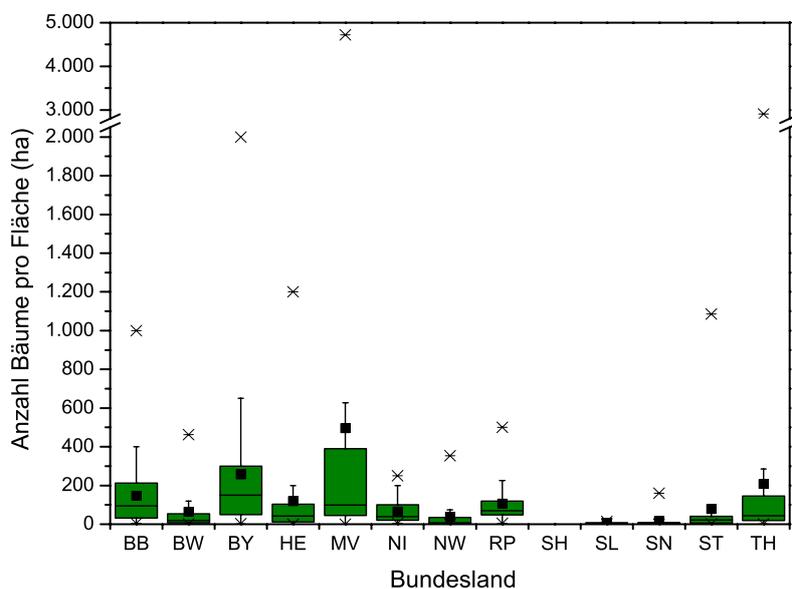


Abbildung 4-13: Baumzahlen pro Flächengröße der kartierten Vorkommen nach Bundesländern. (BoxPlot mit Darstellung von Mittelwert (*), Median (—), Quartile (□), Whisker (┌┐) und Ausreißern (x)).

Die Verteilung der Individuenzahlen auf die einzelnen Flächen zeigt die Karte Abbildung 4-14. Die Abundanzklassen der Bestände sind annähernd gleich verteilt und weisen keine deutlichen Schwerpunkte auf. Die Karte Abbildung 4-6 zeigt die Vorkommen und Baumzahlen je 1000 km² Landesfläche. Die Schwerpunkte liegen in Thüringen, Rheinland-Pfalz, Hessen und Bayern.

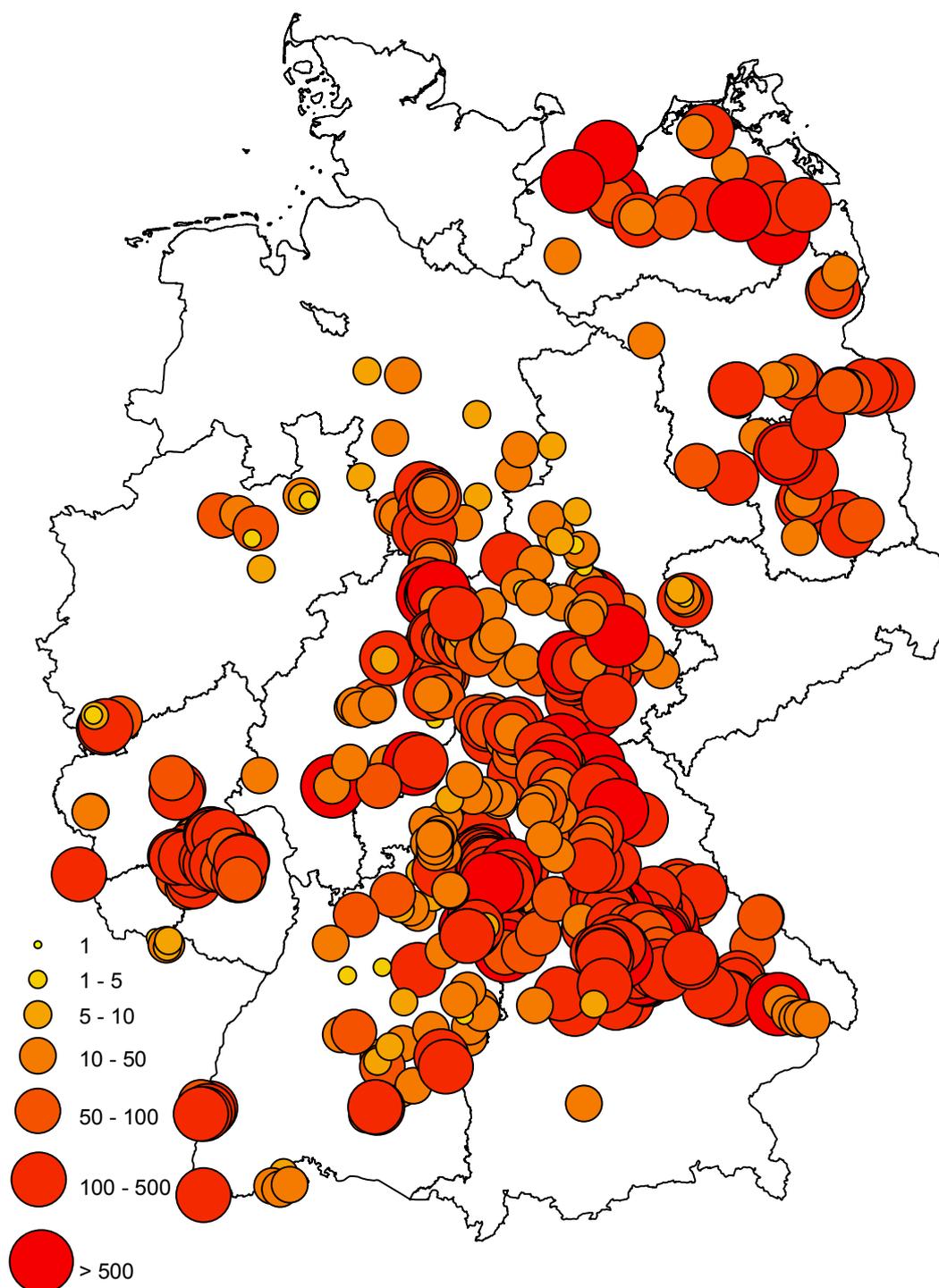


Abbildung 4-14: Lage und Größenklassen (Baumzahlen pro Hektar Bestandesfläche) der kartierten Vorkommen.

4.2.1 Abundanz

Rund 56 % der Vorkommen weisen Individuenzahlen unter 50 Bäumen auf (Klassen 0, 1, 2 und 3). Etwa 32 % der Bestände umfassen 101 bis 1.000 Individuen (Klassen 5, 6 und 7).

Knapp 10 % der Genobjekte liegen in den Abundanzklassen 8 und 9 zwischen 1.001 und 10.000 Bäumen und 1 % der Vorkommen weisen mehr als 10.000 Individuen auf (Klasse 10). Die Tabelle 4-3 zeigt die Verteilung der Abundanzklassen im Überblick.

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

Klasse	Individuenzahl	Anzahl	Anzahl (%)
0	0-4	3	0,4
1	5-10	77	11,4
2	11-20	92	13,6
3	21-50	135	20,0
4	51-100	74	10,9
5	101-200	73	10,8
6	201-500	99	14,6
7	501-1.000	51	7,5
8	1.001-3.000	32	4,7
9	3.001-10.000	33	4,9
10	>10.001	7	1,0

4.3 Durchmesserstruktur und Altersstruktur

4.3.1 Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen

Rund 63 % der kartierten Feld-Ahorne in der Bundesrepublik Deutschland sind schwächer als 7 cm Brusthöhendurchmesser (BHD). Etwa 25 % der Bäume weisen Durchmesser zwischen 7 und 20 cm auf, rund 12 % der Individuen haben einen BHD über 20 cm. Die Abbildung 4-15 und Abbildung 4-16 stellen diese Verteilung als Säulendiagramm und als Altersstrukturpyramide dar.

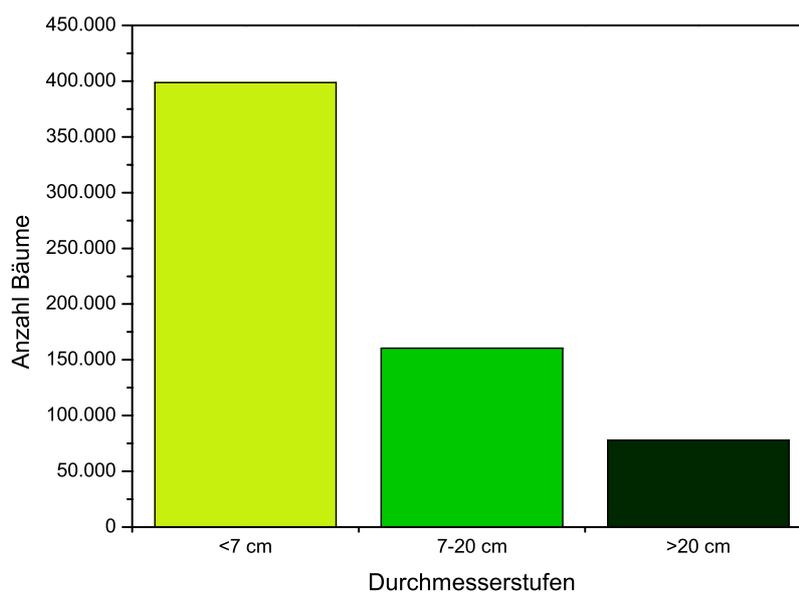


Abbildung 4-15: Baumzahlen der drei Durchmesserstufen in Deutschland.



Abbildung 4-16: Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet.

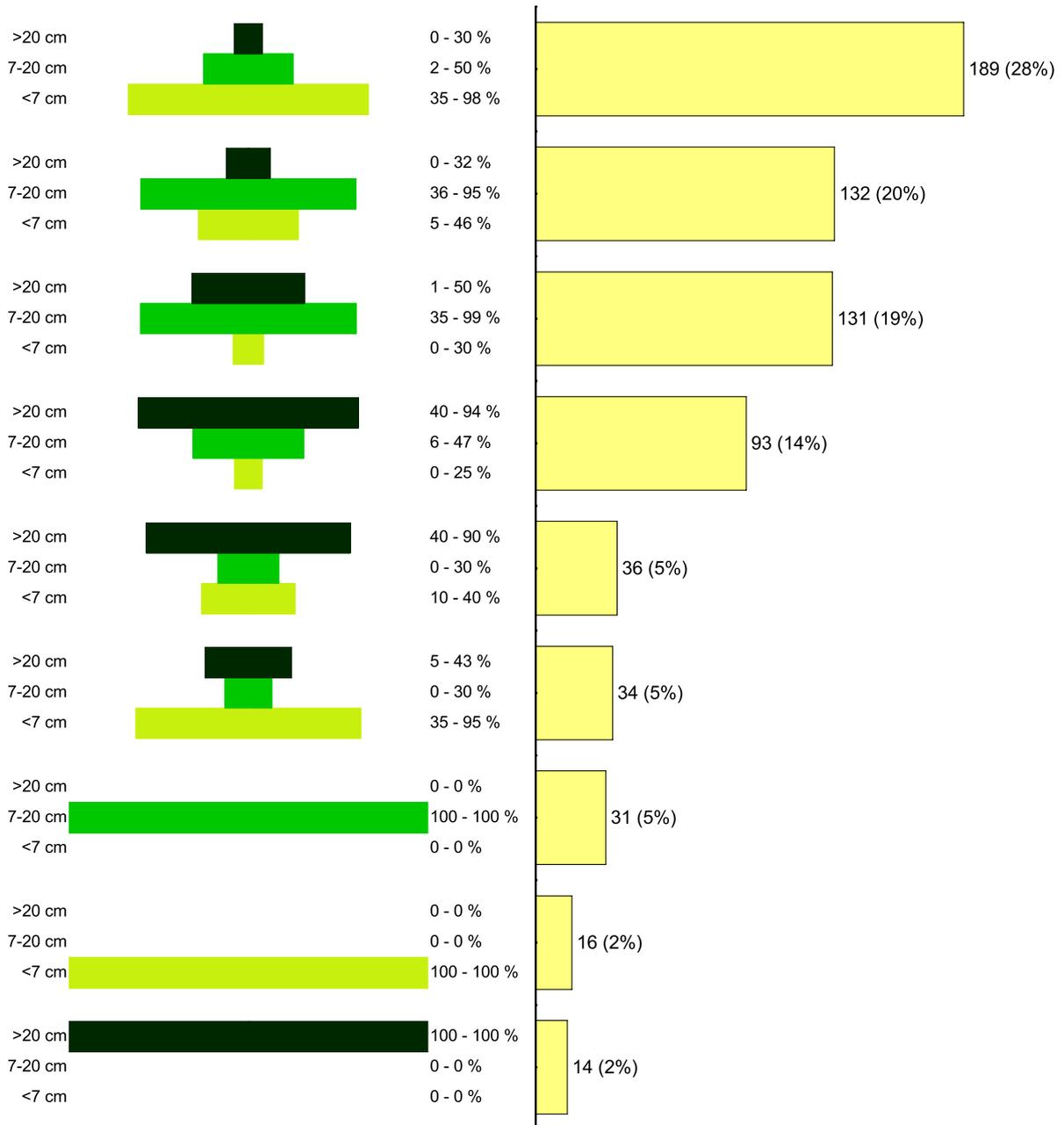


Abbildung 4-17: Altersstrukturen der kartierten Vorkommen und ihre Anzahl in Deutschland.

Die Anteile der Durchmesserstufen in den Bundesländern variieren stark. In Mecklenburg-Vorpommern haben die Bäume unter 7 cm BHD einen Anteil von 98,5 %, Im Saarland fehlt diese Durchmesserstufe völlig. Einen hohen Anteil an Bäumen über 20 cm BHD weist Niedersachsen mit über 60 % auf, in Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg liegt deren Anteil nur bei 0,7 % bzw. 6 %. Die Abbildung 4-18 verdeutlicht diese Zahlen.

Die Erfassung und Beschreibung der Altersstrukturpyramiden ist für die Beurteilung von Generhaltungsmaßnahmen notwendig. Beispielsweise erfordert ein Bestand mit breiter Verjüngungsbasis und einer ausreichenden Zahl an fruktifizierenden Altbäumen keine zusätzlichen Maßnahmen zur Generhaltung. Im Gegensatz dazu können bei einem Bestand mit nicht oder nur gering vorhandener Verjüngungsschicht Maßnahmen wie eine Kronenumlichtung zur Förderung der Fruktifikation und Zaunbau zur Verringerung des Verbisses sinnvoll sein.

Die Abbildung 4-17 veranschaulicht neun verschiedene Populationsstrukturen und ihre jeweilige absolute und prozentuale Häufigkeit im deutschlandweiten Vergleich. 189 Bestände (28 %) weisen eine typische Pyramidenstruktur mit zahlreicher Verjüngung, mäßigem Anteil an mittelalten und einer geringen Zahl an alten, starken Bäumen auf. In 131 (19 %) bzw. 93 (14 %) Beständen dominieren die mittelalten bzw. alten Bäume, während die Verjüngung fast fehlt.

Weitere 14 (2 %) bzw. 31 (5 %) der Bestände weisen nur alte bzw. mittelalte Bäume auf. Die Verjüngung fehlt hier völlig. In 16 Beständen (2 %) kommen nur Bäume unter 7 cm BHD vor, ältere Bäume fehlen hier. In 132 Beständen (20 %) dominieren die mittelalten Bäume, junge und alte Bäume sind jedoch ausreichend vorhanden.

Die Abbildung 4-18 zeigt die prozentuale Verteilung der Durchmesserstufen auf die Bundesländer, die Tabelle 4-4 zeigt die absolute Verteilung der Durchmesserstufen auf die Bundesländer.

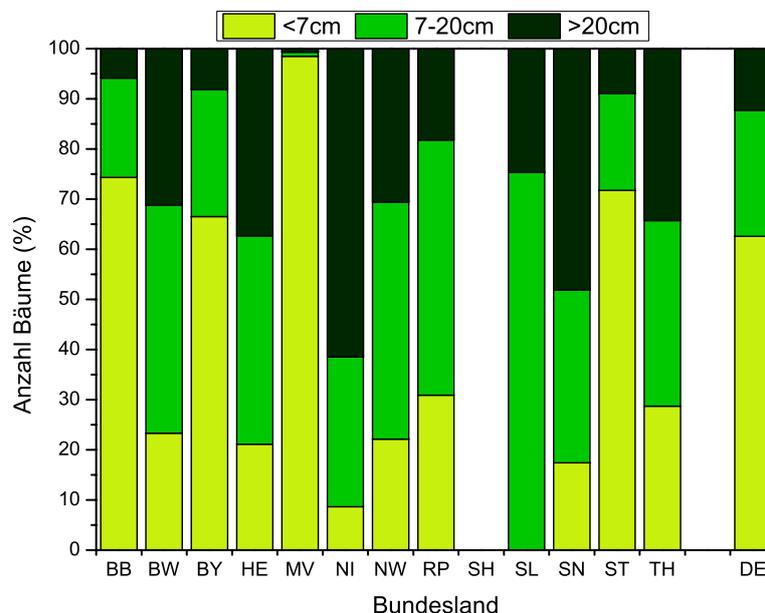


Abbildung 4-18: Prozentuale Verteilung der drei Durchmesserstufen in den Bundesländern und in Deutschland.

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

BL	Durchmesserstufen (absolute Angaben)				Durchmesserstufen (relative Angaben in Prozent)		
	<7 cm	7-20 cm	>20 cm	∑	<7 cm	7-20 cm	>20 cm
BB	3.364	898	265	4.527	74,3	19,8	5,8
BW	9.340	18.209	12.505	40.054	23,3	45,5	31,2
BY	284.272	108.199	34.876	427.347	66,5	25,3	8,2
HE	2.480	4.870	4.376	11.727	21,2	41,5	37,3
MV	77.919	688	517	79.124	98,5	0,9	0,7
NI	198	686	1.409	2.293	8,6	29,9	61,5
NW	239	511	330	1.080	22,2	47,3	30,5
RP	721	1.186	425	2.332	30,9	50,9	18,2
SH				0			
SL	0	113	37	150	0,0	75,3	24,7
SN	63	125	174	361	17,4	34,5	48,1
ST	1.140	307	142	1.588	71,8	19,3	8,9
TH	19.087	24.624	22.809	66.520	28,7	37,0	34,3
DE	398.824	160.415	77.864	637.103	62,6	25,2	12,2

4.3.2 Altersstrukturqualitätsklassen

Etwa 47 % der Bestände weisen sehr gute oder gute Altersstrukturen auf. Bei etwa 30 % der Bestände wurde die Altersstruktur als mittel beurteilt. Als schlecht bzw. sehr schlecht wurde die Altersstruktur bei 12 % bzw. 11 % der Bestände erfasst. In Tabelle 4-5 sind die Qualitätsklassen nach Bundesländern gegliedert, Abbildung 4-19 zeigt die absoluten Zahlen der Altersstrukturklassen.

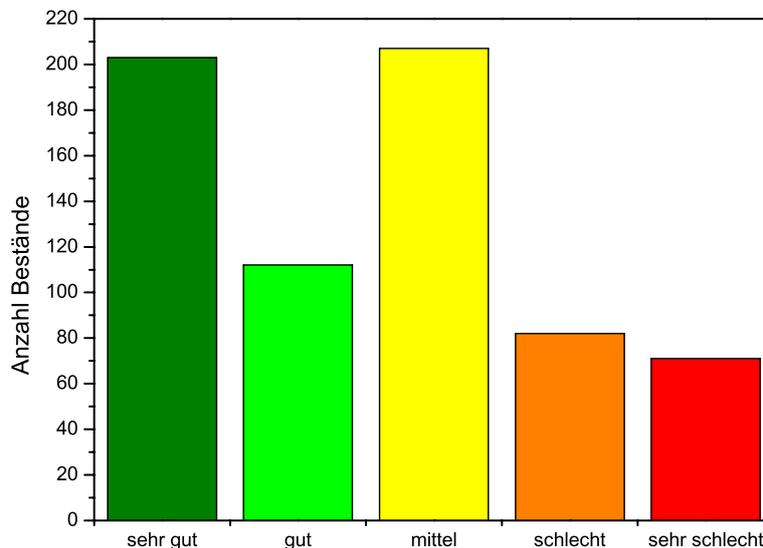


Abbildung 4-19: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Qualitätsklassen der Altersstrukturen in Deutschland.

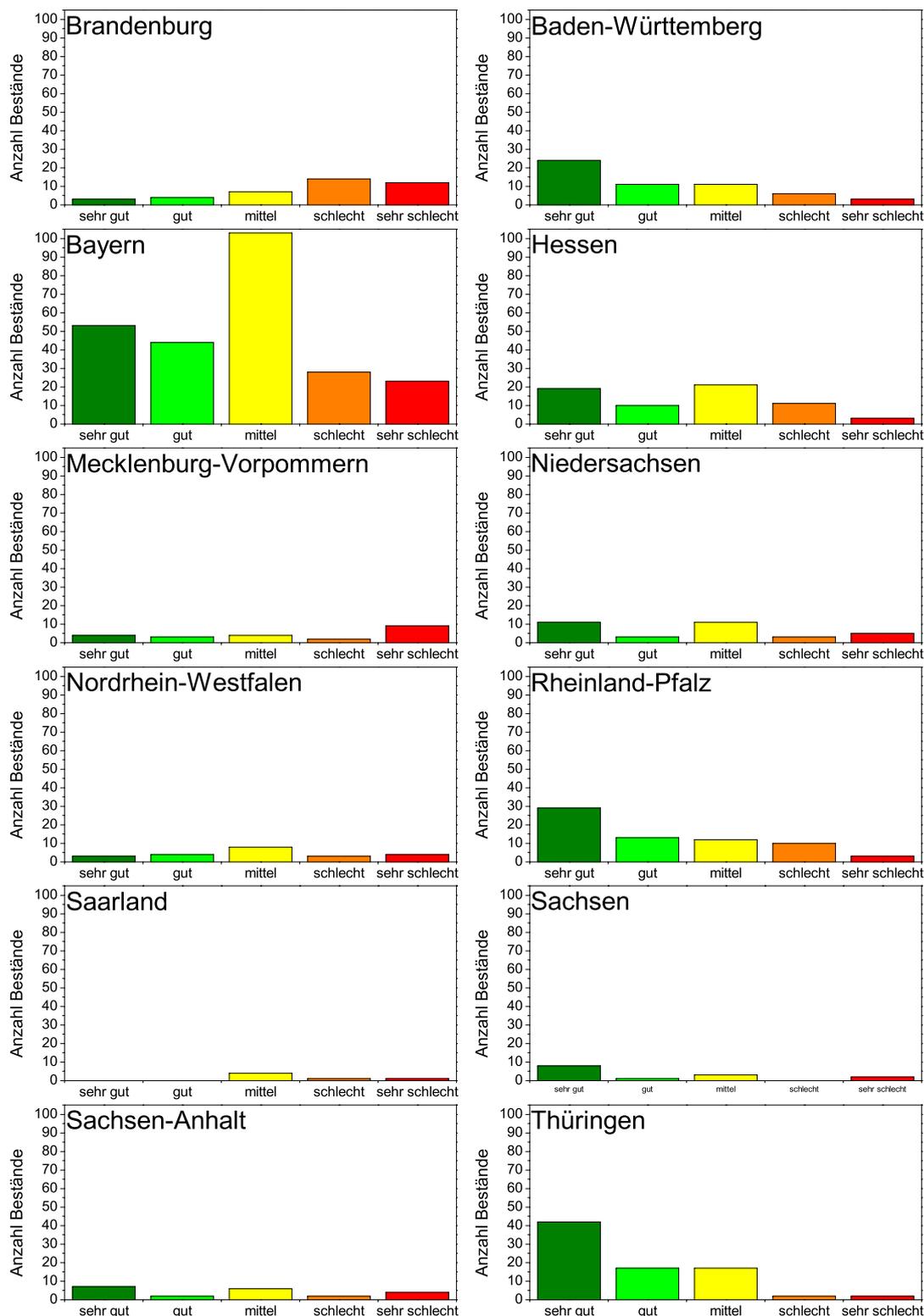


Abbildung 4-20: Anzahl der kartierten Bestände mit unterschiedlichen Qualitätsklassen der Altersstrukturen in den einzelnen Bundesländern.

Relativ gute Altersstrukturen weisen die Bestände in Baden-Württemberg, Sachsen und Thüringen auf. Hohe Anteile an ungünstigen Altersstrukturen kommen in den Ländern Branden-

burg, Mecklenburg-Vorpommern und dem Saarland vor. Die Abbildung 4-20 zeigt die absolute Verteilung der Altersstrukturqualitätsklassen auf die Bundesländer, die Abbildung 4-21 die prozentuale Verteilung.

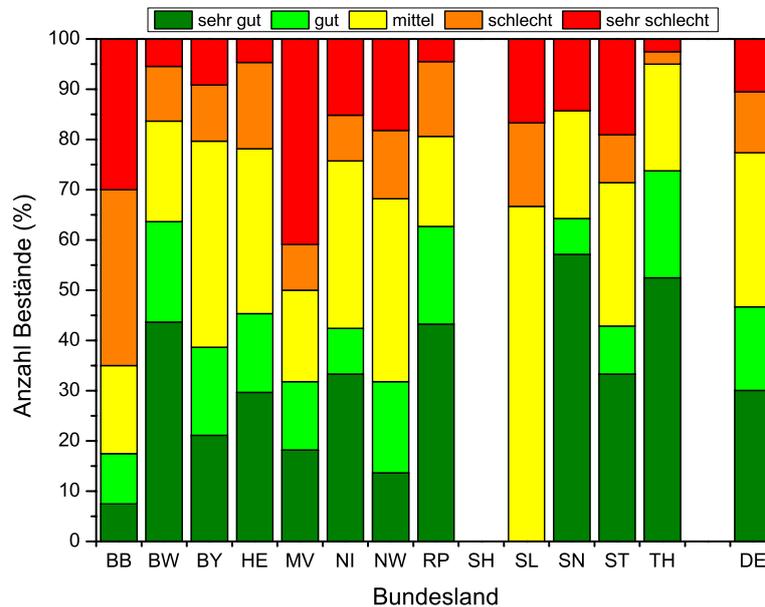


Abbildung 4-21: Prozentuale Verteilung der Altersstrukturklassen in den Bundesländern und in Deutschland.

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

BL	Qualitätsklassen (Absolute Angaben)						Qualitätsklassen (relative Angaben in Prozent)				
	1	2	3	4	5	Σ	1	2	3	4	5
BB	3	4	7	14	12	40	7,5	10,0	17,5	35,0	30,0
BW	24	11	11	6	3	55	43,6	20,0	20,0	10,9	5,5
BY	53	44	103	28	23	251	21,1	17,5	41,0	11,2	9,2
HE	19	10	21	11	3	64	29,7	15,6	32,8	17,2	4,7
MV	4	3	4	2	9	22	18,2	13,6	18,2	9,1	40,9
NI	11	3	11	3	5	33	33,3	9,1	33,3	9,1	15,2
NW	3	4	8	3	4	22	13,6	18,2	36,4	13,6	18,2
RP	29	13	12	10	3	67	43,3	19,4	17,9	14,9	4,5
SH						0					
SL			4	1	1	6	0,0	0,0	66,7	16,7	16,7
SN	8	1	3		2	14	57,1	7,1	21,4	0,0	14,3
ST	7	2	6	2	4	21	33,3	9,5	28,6	9,5	19,0
TH	42	17	17	2	2	80	52,5	21,3	21,3	2,5	2,5
DE	203	112	207	82	71	675	30,1	16,6	30,7	12,1	10,5

4.4 Vitalitätsstufen

Etwa drei Viertel aller aufgenommen Bestände in der Bundesrepublik befinden sich in den Vitalitätsstufen 0 und 1. Rund 20 % der Bestände wurden der Vitalitätsstufe 2 zugeordnet,

knapp 2 % der Vorkommen der Klasse 3. Die Abbildung 4-22 zeigt die absoluten Zahlen der Vitalitätsstufen.

Hohe Anteile an Beständen in den Vitalitätsstufen 2 und 3 weisen die Bundesländer Rheinland-Pfalz und Sachsen-Anhalt auf. Im Saarland, in Sachsen und Nordrhein-Westfalen befinden sich zahlreiche Bestände in den Vitalitätsstufen 0 und 1. Die Abbildung 4-23 und Abbildung 4-24 zeigen die Verteilung der Vitalitätsstufen in den Ländern und deren statistische Kennzahlen. Die Tabelle 4-6 listet die absoluten Zahlen und Häufigkeiten der Vitalitätsstufen auf.

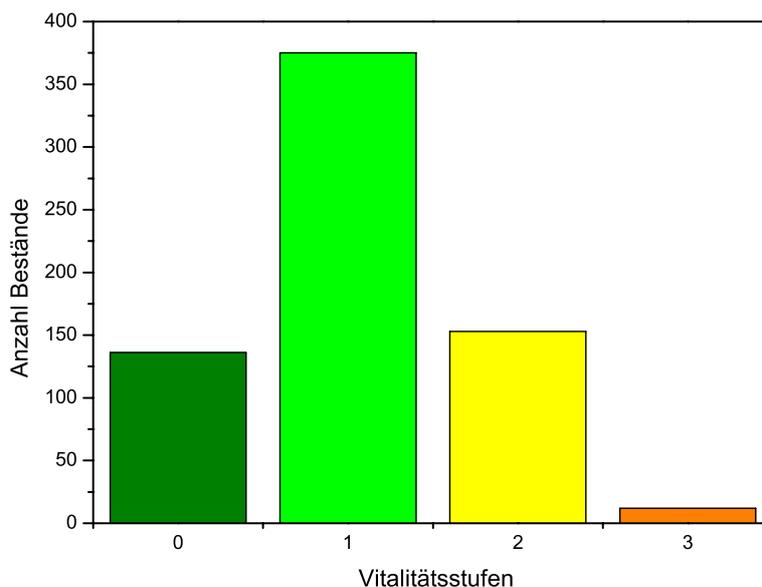


Abbildung 4-22: Anzahl der kartierten Bestände unterschiedlicher Vitalitätsstufen in Deutschland.

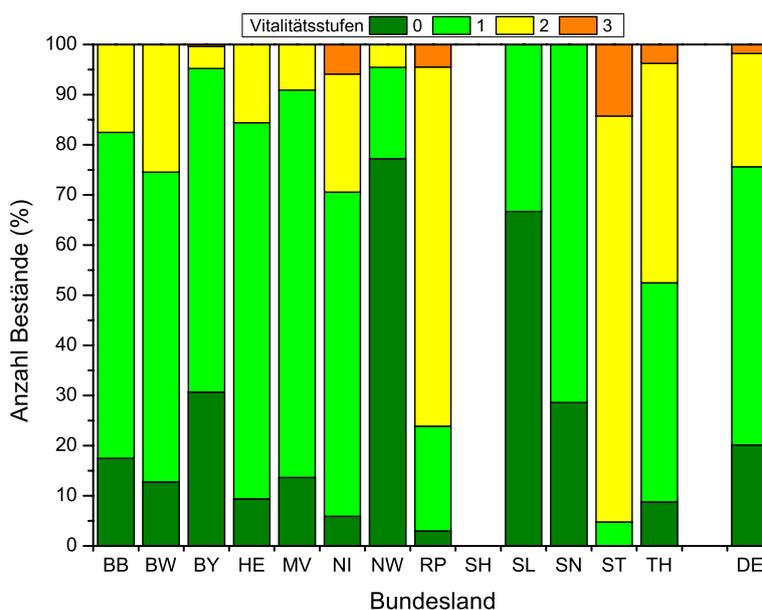


Abbildung 4-23: Prozentuale Verteilung der Vitalitätsstufen in den Bundesländern und in Deutschland.

Tabelle 4-6: Vitalitätsstufen der kartierten Vorkommen.

BL	Vitalitätsstufen (absolute Angaben)					Vitalitätsstufen (relative Angaben in Prozent)			
	0	1	2	3	Σ	0	1	2	3
BB	7	26	7	0	40	17,5	65,0	17,5	0,0
BW	7	34	14	0	55	12,7	61,8	25,5	0,0
BY	77	162	11	1	251	30,7	64,5	4,4	0,4
HE	6	48	10	0	64	9,4	75,0	15,6	0,0
MV	3	17	2	0	22	13,6	77,3	9,1	0,0
NI	2	22	8	2	34	5,9	64,7	23,5	5,9
NW	17	4	1	0	22	77,3	18,2	4,5	0,0
RP	2	14	48	3	67	3,0	20,9	71,6	4,5
SH					0				
SL	4	2	0	0	6	66,7	33,3	0,0	0,0
SN	4	10	0	0	14	28,6	71,4	0,0	0,0
ST	0	1	17	3	21	0,0	4,8	81,0	14,3
TH	7	35	35	3	80	8,8	43,8	43,8	3,8
DE	136	375	153	12	676	20,1	55,5	22,6	1,8

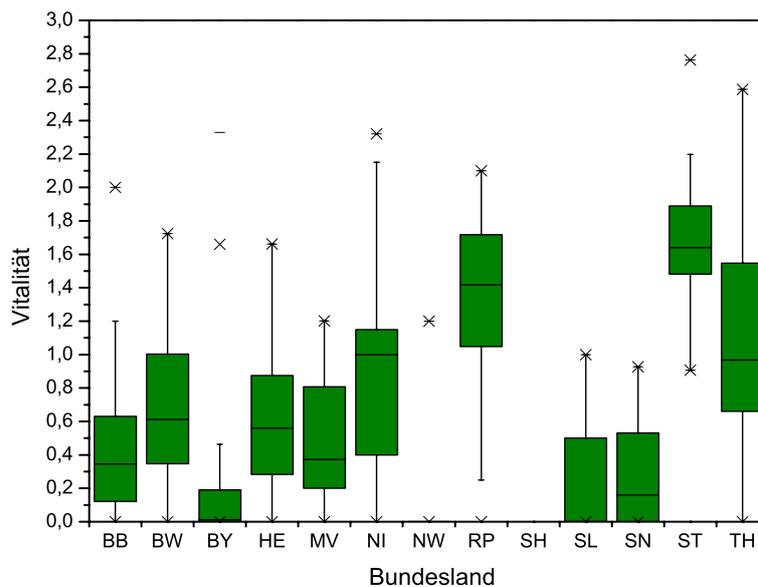


Abbildung 4-24: Verteilung der mittleren Vorkommensvitalität in den Bundesländern.
(BoxPlot mit Darstellung von Median (—), Quartile (□), Whisker (┌) und Ausreißern (x)).

Die Abbildung 4-25 zeigt die Vitalitätsstufen der erfassten Vorkommen.

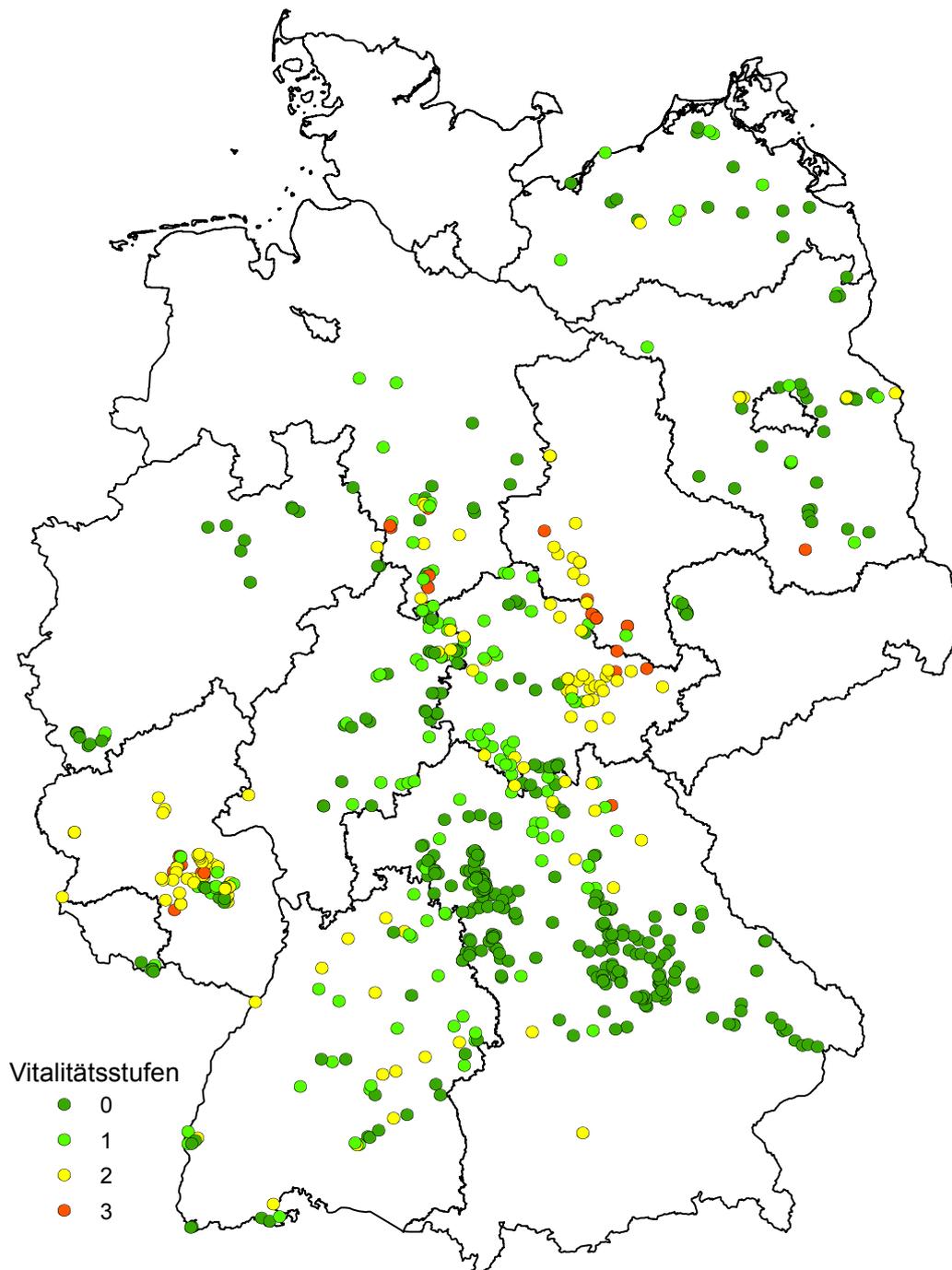


Abbildung 4-25: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen.

4.5 Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen

Auf der Grundlage der einzelbestandesweisen Erhebung wurden die bundesweiten Anteile der Durchmesserstufen und Vitalitätsstufen ermittelt. Die Abbildung 4-26 zeigt die Ergebnisse. In der Durchmesserstufe bis 7 cm dominiert die Vitalitätsstufe 0. In den höheren Durch-

messerstufen nimmt die Vitalität ab, die Summe der Vitalitätsstufen 0 und 1 liegt jedoch auch im höheren Alter bei über 80 % der Bäume.

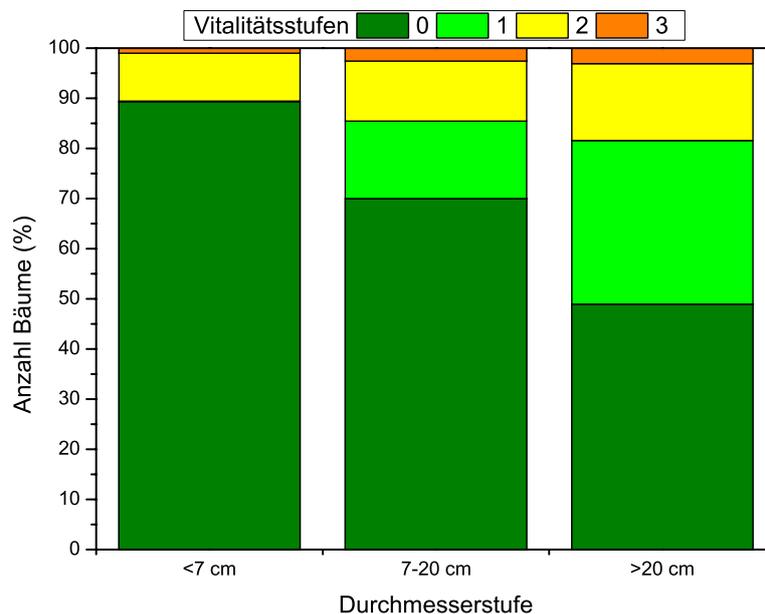


Abbildung 4-26: Vitalitätsanteile in den Durchmesserstufen.

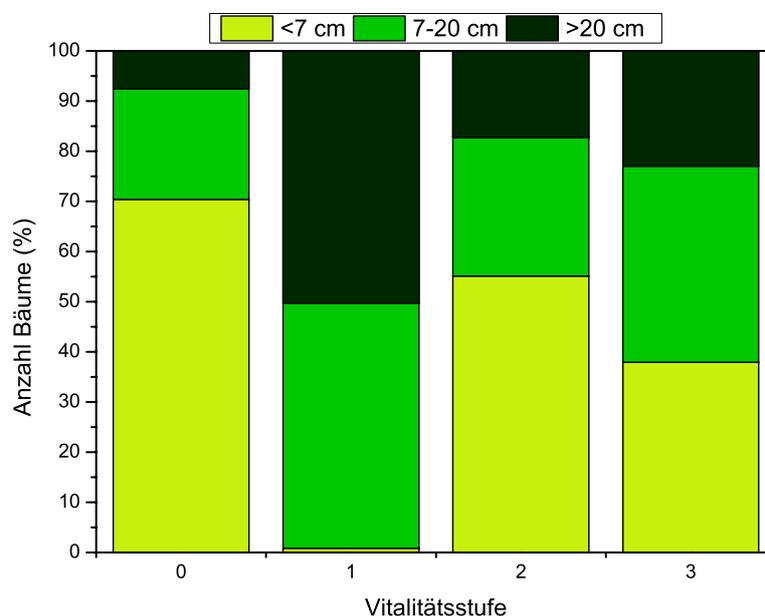


Abbildung 4-27: Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen.

In der Vitalitätsstufe 0 kommen vor allem Bäume unter 7 cm BHD vor. In der Vitalitätsstufe 1 kommen Bäume unter 7 cm sowie über 20 cm BHD zu etwa gleichen Anteilen vor. Bäume unter 7 cm BHD wurden kaum in die Vitalitätsstufe 1 eingeordnet. Dies hat jedoch systematische Gründe, insbesondere bei überschirmten Bäumen des Unterstandes ist eine sichere Unterscheidung der Vitalitätsstufen 0 und 1 kaum möglich. In der Vitalitätsstufe 2 Bäume

unter 7 cm BHD einen Anteil von 55 %. In der Vitalitätsstufe 3 haben Bäume unter 7 cm und von 7 bis 20 cm BHD ungefähr gleiche Anteile, Bäume über 20 cm nehmen etwa 20 % dieser Klasse ein. Die Abbildung 4-27 zeigt diese Verteilung.

4.6 Naturverjüngung

Bei der Erhebung im Gelände wurde als ein Merkmal das Vorkommen von Naturverjüngung erfasst. Bis auf die Bundesländer Mecklenburg-Vorpommern und Saarland kommt in allen Ländern Naturverjüngung vor. Im bundesdeutschen Mittel kommt in rund 70 % der Bestände Naturverjüngung vor.

In Baden-Württemberg und Sachsen-Anhalt weisen hohe Anteile der Vorkommen Naturverjüngung auf. Relativ geringe Anteile an Beständen mit Naturverjüngung wurden in Brandenburg und Nordrhein-Westfalen kartiert.

Die Abbildung 4-28 zeigt die Verteilung der Bestände mit und ohne Naturverjüngung auf die Länder. In der Karte Abbildung 4-29 ist die Verteilung der Bestände mit Naturverjüngung auf die Fläche dargestellt.

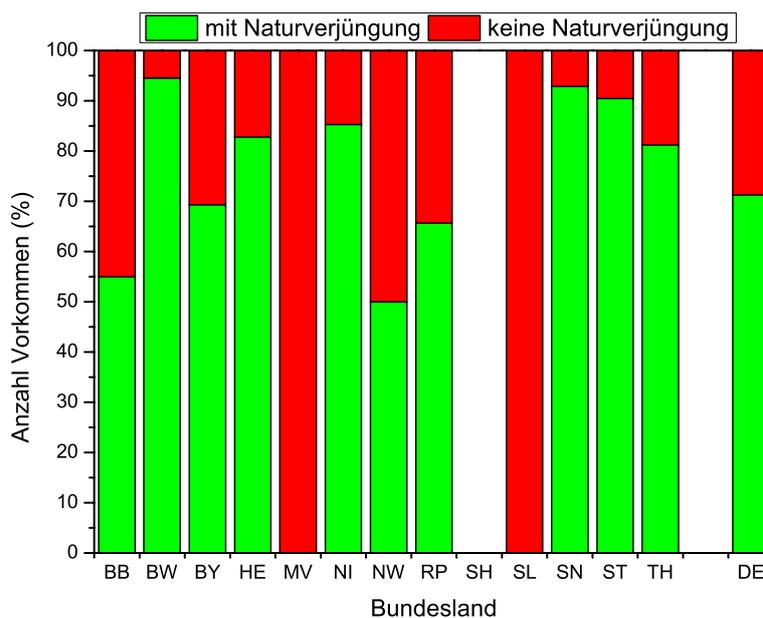


Abbildung 4-28: Anteile der Vorkommen mit Naturverjüngung.

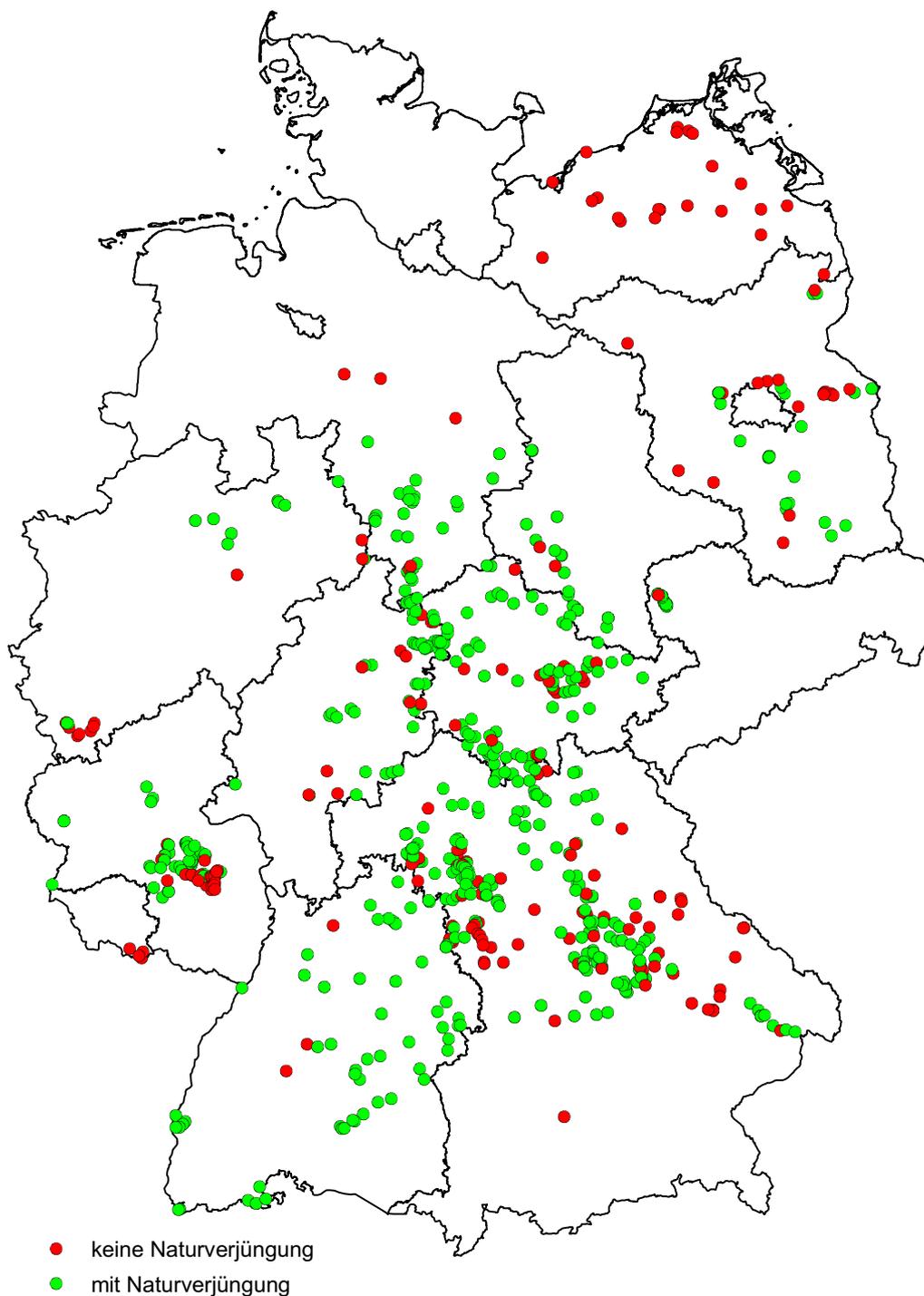


Abbildung 4-29: Übersicht der Vorkommen mit oder ohne Naturverjüngung.

4.7 Eigentumsverhältnisse

Viele Vorkommen gehören aufgrund ihrer großen Ausdehnung verschiedenen Eigentumsarten an. Größere Bestände wurden daher der Besitzkategorie mit dem größten Flächenanteil zugeschlagen. Bei einem kleinen Teil der Vorkommen konnte die Eigentumsart nicht angegeben werden.

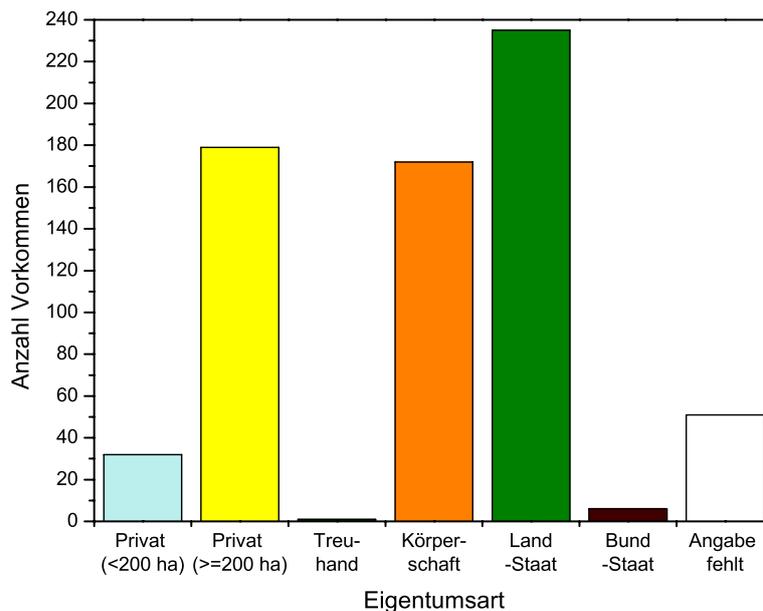


Abbildung 4-30: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen innerhalb Deutschlands.

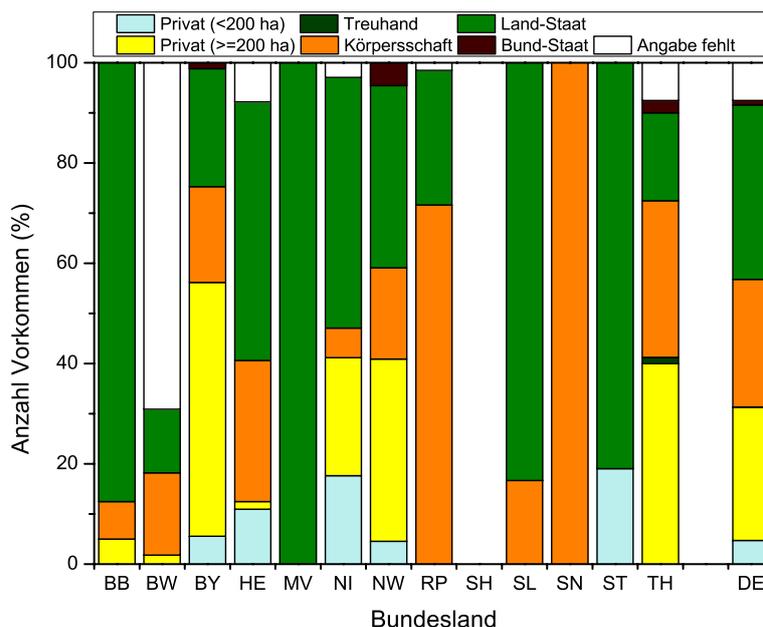


Abbildung 4-31: Prozentuale Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern und in Deutschland.

Die meisten kartierten Vorkommen befinden sich im Eigentum der Länder. Jeweils rund 175 Vorkommen liegen im Großprivat- oder im Kommunalwald. In den weiteren Eigentumsarten befinden sich nur wenige der Bestände. Die Verteilung der Vorkommen auf die Eigentumsarten zeigt Abbildung 4-30.

Die Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern ist stark unterschiedlich. In Mecklenburg-Vorpommern liegen alle erfassten Vorkommen im Landeswald, in Brandenburg und

im Saarland der überwiegende Teil der Bestände. Hohe Anteile von Feld-Ahornbeständen im Eigentum von Körperschaften weisen Rheinland-Pfalz und Sachsen auf.

Nennenswerte Anteile von Vorkommen im Großprivatwald kommen in Bayern, Thüringen und Nordrhein-Westfalen vor. Die Abbildung 4-31 zeigt die prozentuale Verteilung auf die Eigentumsarten, die Tabelle 4-7 führt auch die absoluten Zahlen auf.

Tabelle 4-7: Eigentumsarten der kartierten Vorkommen.

BL	Eigentumsart (absolute Angaben)								Eigentumsart (relative Angaben in Prozent)						
	Privat <200	Privat >=200	Treuhand	Körperschaft	Land-Staat	Bund-Staat	keine Angabe	Σ	Privat <200	Privat >=200	Treuhand	Körperschaft	Land-Staat	Bund-Staat	keine Angabe
BB	0	2	0	3	35	0	0	40	0,0	5,0	0,0	7,5	87,5	0,0	0,0
BW	0	1	0	9	7	0	38	55	0,0	1,8	0,0	16,4	12,7	0,0	69,1
BY	14	127	0	48	59	3	0	251	5,6	50,6	0,0	19,1	23,5	1,2	0,0
HE	7	1	0	18	33	0	5	64	10,9	1,6	0,0	28,1	51,6	0,0	7,8
MV	0	0	0	0	22	0	0	22	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0
NI	6	8	0	2	17	0	1	34	17,6	23,5	0,0	5,9	50,0	0,0	2,9
NW	1	8	0	4	8	1	0	22	4,5	36,4	0,0	18,2	36,4	4,5	0,0
RP	0	0	0	48	18	0	1	67	0,0	0,0	0,0	71,6	26,9	0,0	1,5
SH	0	0	0	0	0	0	0	0							
SL	0	0	0	1	5	0	0	6	0,0	0,0	0,0	16,7	83,3	0,0	0,0
SN	0	0	0	14	0	0	0	14	0,0	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ST	4	0	0	0	17	0	0	21	19,0	0,0	0,0	0,0	81,0	0,0	0,0
TH	0	32	1	25	14	2	6	80	0,0	40,0	1,3	31,3	17,5	2,5	7,5
DE	32	179	1	172	235	6	51	676	4,7	26,5	0,1	25,4	34,8	0,9	7,5

4.8 Schutzstatus

Der Großteil (82 %, 489 Vorkommen) der 676 untersuchten Bestände liegt in Schutzgebieten. 279 der Schutzgebiete unterliegen dem europäischen Natura 2000 Schutzstatus (Fauna-Flora-Habitate und Vogelschutzgebiete) (Abbildung 4-32). Von diesen Natura 2000 Gebieten sind 6 zusätzlich als Nationalpark, 11 als Biosphärenreservat und 70 als Naturschutzgebiet ausgewiesen. In Landschaftsschutzgebieten und Naturparken ohne zusätzlichen Natura 2000 Schutzstatus liegen 157 und 38 Bestände. Etwa 28 % der kartierten Vorkommen liegen außerhalb von ausgewiesenen Schutzgebieten.

Die Abbildung 4-33 und die Abbildung 4-34 zeigen die Verteilung der Vorkommen auf die Schutzgebietskategorien in den Ländern.

In Bayern, dem Bundesland mit der höchsten Anzahl untersuchter Vorkommen (251 Bestände, 37 % aller Vorkommen) liegen 183 Bestände in Schutzgebieten (Abbildung 4-33) - dies ist ein Anteil von 73 % der bayerischen Bestände. In Nordrhein-Westfalen liegen alle 22 untersuchten Vorkommen in Schutzgebieten und in Mecklenburg-Vorpommern weniger als die Hälfte (45 %) aller 22 untersuchten Vorkommen. Einen hohen Anteil verschiedener Schutzgebietskategorien der untersuchten Feld-Ahorn-Vorkommen besitzen Sachsen-Anhalt (95 % bei 21 Beständen), Sachsen (93 % bei 14 Beständen) und Niedersachsen (82 % bei 34 Beständen). Von den insgesamt sechs Vorkommen im Saarland liegen drei in Natura 2000 Gebieten.

ten und 3 in Biosphärenreservaten. Mit 57 % von insgesamt 67 Beständen ist der Schutzstatus der Feld-Ahorn-Vorkommen in Rheinland-Pfalz gering (Abbildung 4-34).

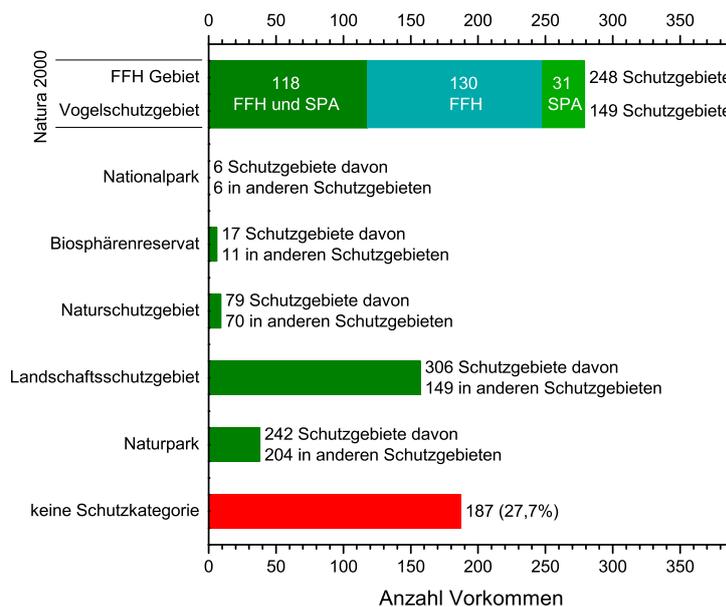


Abbildung 4-32: Anzahl der kartierten Vorkommen in Deutschland mit Schutzstatus.

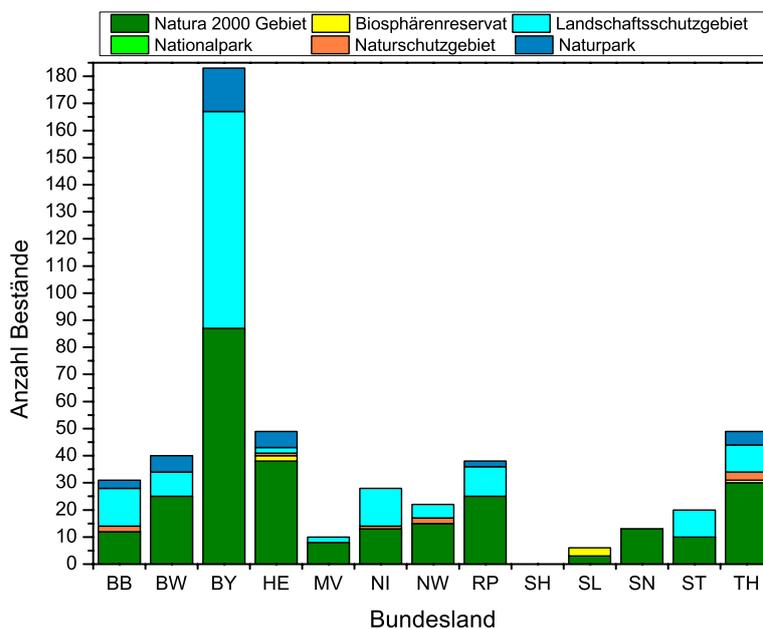


Abbildung 4-33: Anzahl der kartierten Bestände mit verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern. Dargestellt ist der höhere Schutzstatus in der Reihung: Natura 2000 Gebiet (FFH oder SPA) - Nationalpark - Biosphärenreservat - Naturschutzgebiet - Landschaftsschutzgebiet - Naturpark.

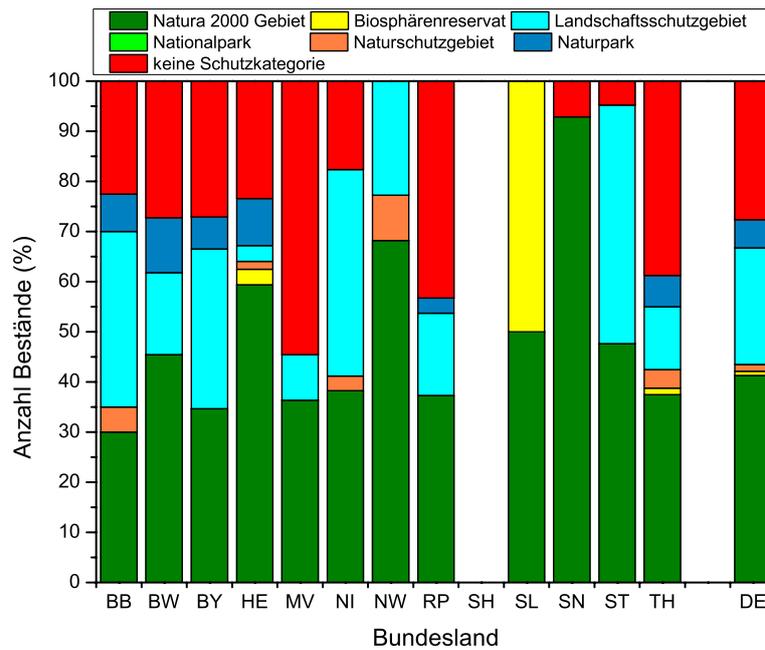


Abbildung 4-34: Prozentuale Verteilung der verschiedenen Schutzstatus nach Bundesländern. Dargestellt ist der höhere Schutzstatus in der Reihung: Natura 2000 Gebiet (FFH oder SPA) - Nationalpark - Biosphärenreservat - Naturschutzgebiet - Landschaftsschutzgebiet - Naturpark.

4.9 Genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen

Die Abbildung 4-35 zeigt die Lage der beprobten 12 Vorkommen in der Bundesrepublik Deutschland, die Namen der Vorkommen sind in Tabelle 4-8 aufgeführt.

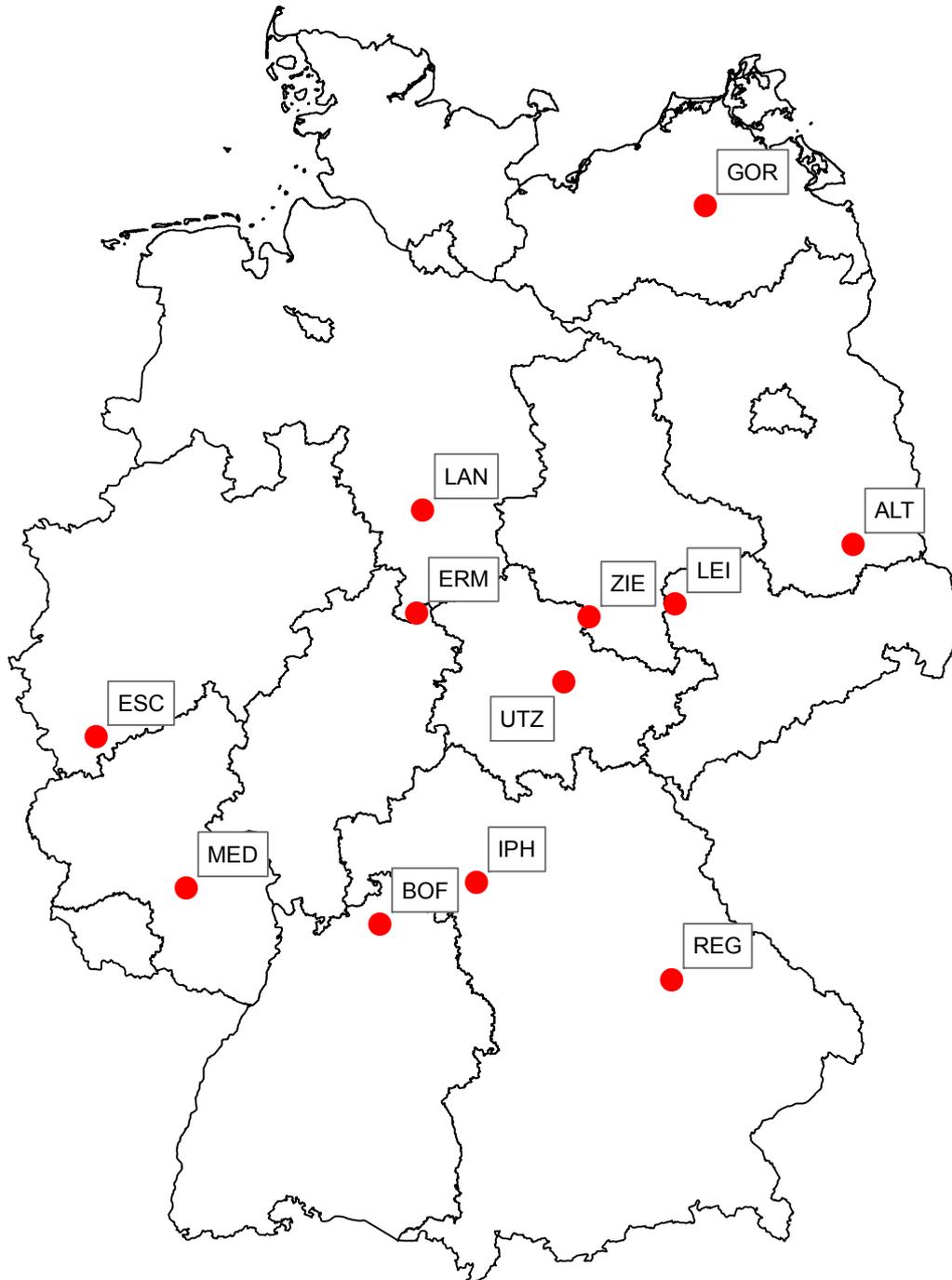


Abbildung 4-35: Lage der ausgewählten und beprobten Bestände innerhalb Deutschland.

Tabelle 4-8: Namen der beprobten Vorkommen.

Kürzel	Land	Name des Vorkommens
ALT	BB	Altdoebern
BOF	BW	Bofsheim
REG	BY	Regendorf
IPH	BY	Ipshofen
ERM	HE	Ermschwerd
GOR	MV	Gorschendorf
LAN	NI	Langenholzen
ESC	NW	Eschweiler
MED	RP	Medard
LEI	SN	Leipzig
ZIE	ST	Ziegelroda
UTZ	TH	Utzberg

4.9.1 Eigenschaften der getesteten Mikrosatelliten-Genmarker

In Tabelle 4-9 sind die Eigenschaften der zu Beginn der Projektphase getesteten Mikrosatelliten-Genmarker zusammengefasst. Es ist zu erkennen, dass sich drei der sechs Sequenzen für weitere populationsgenetische Untersuchungen als geeignet erwiesen haben. Der SSR-Genort MAP12 konnte nicht amplifiziert werden. Vermutlich unterscheiden sich die Templatensequenzen des Berg- und Feld-Ahorns an den Primer-Erkennungsstellen, so dass eine Amplifikation dieses Fragmentes mit den vorhandenen Primern nicht möglich ist.

Tabelle 4-9: Bezeichnung der verwendeten Kern-Mikrosatelliten, Primer-Sequenzabfolgen, Anlage-Temperatur der Primer, Amplifikationserfolg (ja/nein: ✓/x), Variabilität (Polymorphie bzw. Monomorphie des Markers) sowie gefundene Minimal- und Maximallängen der gefundenen Allele.

SSR-Locus	Primer-Sequenzen	Anlag.-Temp.	Ampl.-Erfolg	Polymorphie (poly-/monomorph)	min. und max. Allellängen in bp
MAP2	F:CATTAACACATTTAAGCAAAACAAG R:ATCGGTTTGACATTGAGTGG	56,0	✓	p	101-113
MAP9	F:ACAATAAAAGAGCCCACATAGATAG R:TCTCTTCAATTGCAAGGCTTC	56,0	✓	p	143-194
MAP10	F:CCACGATCTGGGGTACTGAG R:CTCTTCTTCGCACCTTTTGG	56,0	✓	m	94
MAP12	F:CAAAGACCCAAAACACTGTAAAGAC R:AAATATAAAGACATCGGAAAGTTGAG	--	x	--	--
MAP33	F:GCAATGAACACATATACAAACAAGAG+ R:GCAACAAATGCCCTCTCAAG	62,5	✓	p	129-165
MAP40	F:TGCAGGGACACAAATGAATG R:GTGCATGTCTGTTAGGATTTTGG	63,5	✓	m	245

Weiterhin zeigten die Marker MAP10 und MAP40 keine Polymorphismen. Deshalb werden in den folgenden Kapiteln nur die Marker MAP2, MAP9 und MAP33 in die statistische Analytik der populationsgenetischen Strukturen einfließen.

4.9.2 Genetische Variation innerhalb der Bestände

Im Mittel sind 27,92 genetische Varianten an den drei untersuchten Mikrosatelliten-Genorten gefunden worden. Die höchsten Werte konnten im Bestand BY_Utzberg mit 33, gefolgt von BY_Regendorf mit 31 Allelen beobachtet werden. Die Bestände NW_Eschweiler und

MV_Gorschendorf weisen mit jeweils 22 detektierten Allelen die geringsten Werte auf (Tabelle 4-10). Die jeweiligen relativen Häufigkeiten der gefundenen allelischen Varianten befinden sich im Anhang.

MAP2

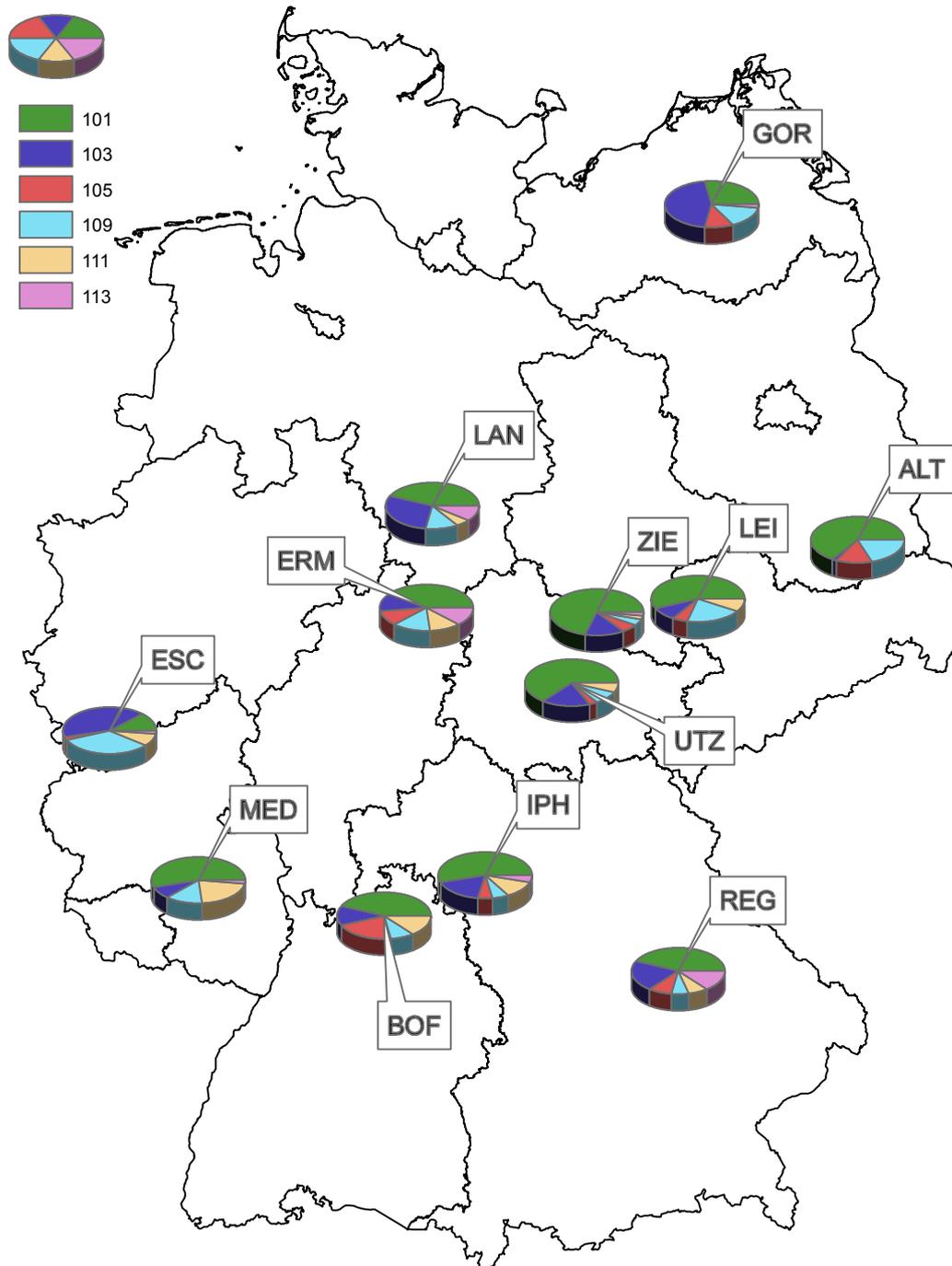


Abbildung 4-36: Allelhäufigkeiten am Genort MAP2.

Die Abbildung 4-36 bis Abbildung 4-38 zeigen die Allelhäufigkeiten an den untersuchten Genorten MAP2, MAP9 und MAP33. Auffällig ist die hohe Diversität sowohl innerhalb der Populationen als auch zwischen den Populationen.

MAP9

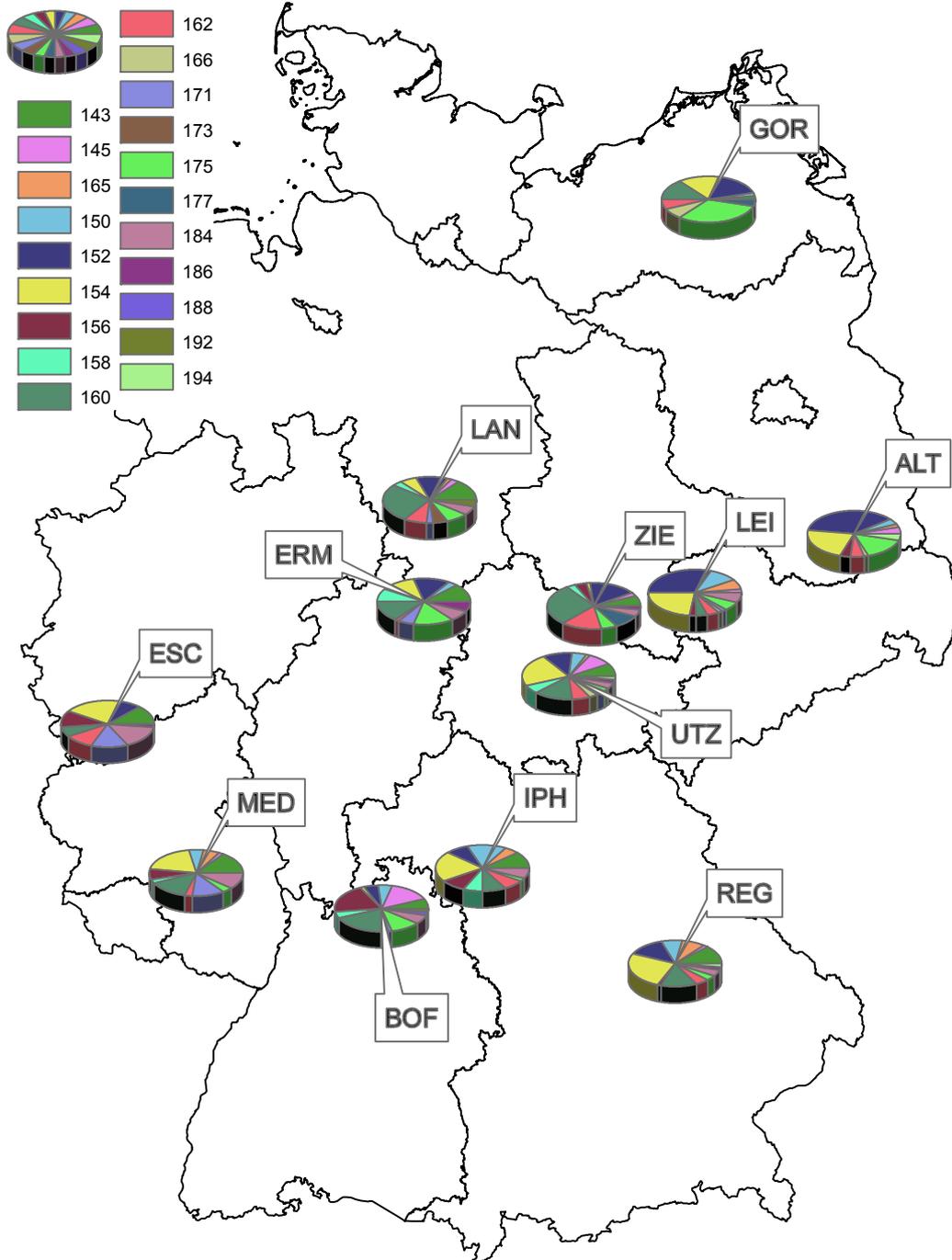


Abbildung 4-37: Allelhäufigkeiten am Genort MAP9.

Am Genort MAP2 dominiert in fast allen untersuchten Populationen das Allel 101. Nur in den Vorkommen NW_Eschweiler und MV_Gorschendorf ist an diesem Genort das Allel 103 die häufigste Ausprägung.

Am Genort MAP33 ist in allen beprobten Vorkommen das Allel 141 am häufigsten vertreten. Am Genort MAP9 hat keines der Allele eine vorherrschende Stellung, die Diversität innerhalb der Populationen ist hier sehr hoch.

Die Vorkommen NW-Eschweiler und MV-Gorschendorf fallen durch eine relativ geringe Diversität innerhalb der Populationen an allen drei Genorten auf. Die höchste Diversität innerhalb des Vorkommens weist der Bestand TH_Utzberg auf.

MAP33

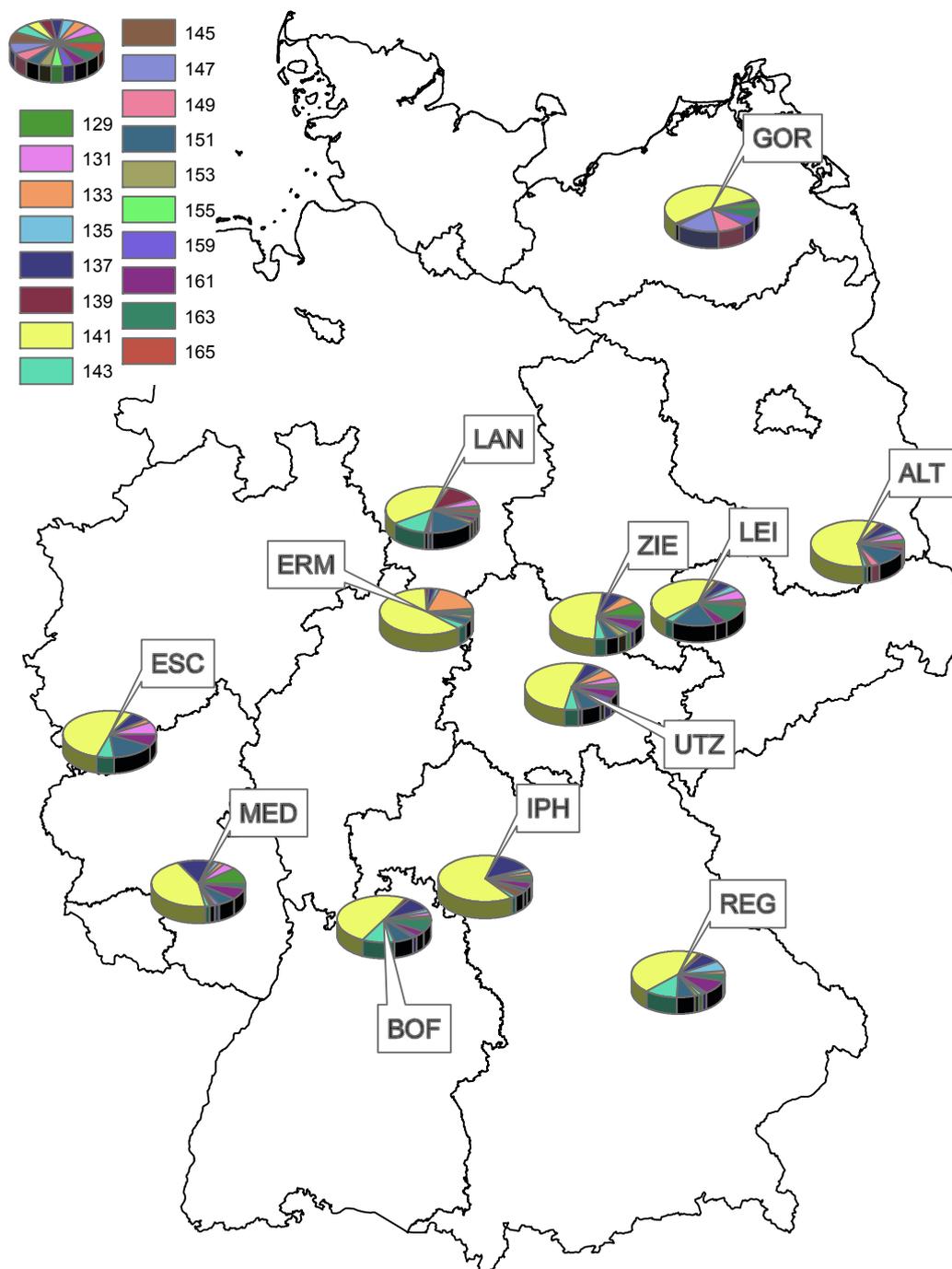


Abbildung 4-38: Allelhäufigkeiten am Genort MAP33.

Zusätzlich wurden die effektiven Allelanzahlen (auch als effektive genetische Diversität bezeichnet) berechnet, da dieser Parameter weniger von geringen Stichprobengrößen beeinflusst wird (Tabelle 4-11). Hier zeigt sich ein leicht anderes Bild. Schlusslichter in der genetischen Diversität mit 2,95 bzw. 3,70 effektiven Allelen sind die Bestände BB_Altdöbern und

MV_Gorschendorf. Wesentlich höhere genetische Diversitäten sind in den Beständen NI_Langenhöhlen (5,40 effektive Allele) gefolgt von BY_Regendorf (5,20) und RP_Medard (5,10).

Tabelle 4-10: Anzahl gefundener Allele an drei SSR-(Mikrosatelliten-) Genorten sowie Gesamtanzahl an Allelen über alle Loci.

SSR-Locus	ALT	BOF	ERM	ESC	GOR	IPH	LAN	LEI	MED	REG	UTZ	ZIE
MAP2	4	5	6	6	5	6	5	5	5	6	5	6
MAP9	10	14	12	9	9	11	13	12	12	13	15	12
MAP33	12	11	10	7	8	10	12	11	12	12	13	11
Total	26	30	28	22	22	27	30	28	29	31	33	29

Tabelle 4-11: Genetische Diversität an drei SSR-(Mikrosatelliten-) Genorten sowie im Mittel über alle Loci

SSR-Locus	ALT	BOF	ERM	ESC	GOR	IPH	LAN	LEI	MED	REG	UTZ	ZIE
MAP2	2,16	3,44	4,06	2,97	3,29	2,93	3,27	2,68	2,75	3,73	2,28	1,92
MAP9	4,29	8,26	8,82	6,84	4,85	8,91	8,61	5,44	8,39	7,79	9,18	6,82
MAP33	2,40	3,41	2,26	2,94	2,96	2,06	4,38	4,03	4,17	4,08	3,24	3,36
Genpool	2,95	5,04	5,05	4,25	3,70	4,63	5,42	4,05	5,10	5,20	4,90	4,03

4.9.3 Heterozygotie

Die Werte für den Fixierungsindex F zeigen keine sehr einheitlichen Werte. Während die Werte für den Genort MAP2 durchgehend im höheren positiven Bereich liegen (0,007 bis 0,558), liegen die Fixierungskoeffizienten für MAP9 meist bei Werten um die Null mit Schwankungen zwischen -0,085 und 0,121 (Tabelle 4-12).

Tabelle 4-12: Der Fixierungsindex F für die jeweiligen Bestände an den drei untersuchten SSR-(Mikrosatelliten-) Genorten sowie im Mittel über alle Loci bzw. Bestände.

SSR-Locus	ALT	BOF	ERM	ESC	GOR	IPH	LAN	LEI	MED	REG	UTZ	ZIE	Mittel
MAP2	0,007	0,295	0,558	0,246	0,377	0,349	0,520	0,256	0,101	0,408	0,111	0,552	0,315
MAP9	-0,043	-0,024	0,023	-0,010	0,118	0,075	0,019	-0,014	-0,014	-0,071	-0,085	0,121	0,008
MAP33	0,047	0,009	0,135	0,432	0,093	0,098	0,252	0,246	0,428	-0,005	-0,061	-0,107	0,131
Mittel	0,004	0,094	0,239	0,222	0,196	0,174	0,264	0,163	0,172	0,111	-0,012	0,189	0,151

Mit diesem Datensatz kann noch nicht abschließend geklärt werden, ob die stark positiv von Null abweichenden Werte des Fixierungsindex tatsächlich auf einen Inzuchteffekt hindeuten, insbesondere in den Beständen HE_Ermschwerd und NI_Langenhöhlen, oder ob es sich hier um das Auftreten von sogenannten "Nullallelen" handelt. Letzteres ist allerdings relativ unwahrscheinlich, da kaum individuelle Ausfälle in den Rohdaten vorliegen.

Der Inzuchtverdacht sollte aber als Arbeitshypothese beibehalten werden und zukünftigen Untersuchungen unterzogen werden. Denn schon BENDIXEN (2001) kam mit phänologischen Beobachtungen und ersten Isoenzym-Untersuchungen zu dem Ergebnis, dass der Schwerpunkt der Pollenausbreitung (hauptsächlich Entomophilie) innerhalb eines Umkreises von 10 m zu finden ist. Deshalb sind hier weitere Analysen zur Klärung der Zusammenhänge räumlicher Bestandesstrukturen mit den jeweiligen genetischen Parametern dringend zu emp-

fehlen. Diesbezügliche Informationen stellen auch eine essentielle Grundlage für die zukünftige Saatgut-Beerntung beim Feld-Ahorn dar.

4.9.4 Genetische Differenzierung zwischen den einzelnen Beständen

4.9.4.1 Genetische Abstände zwischen den Beständen

In Tabelle 4-13 sind die genetischen Abstände zwischen den einzelnen Beständen aufgeführt. Die Werte bewegen sich zwischen 0,211 (genetischer Abstand zwischen den Vorkommen BY_Regendorf und TH_Utzberg) sowie 0,515 (MV_Gorschendorf – RP_Medard). Die Werte besagen, dass zwischen den jeweiligen Beständen 21,1% bzw. 51,5% der genetischen Varianten ausgetauscht werden müssten, um identische genetische Profile zu erhalten. Im Gegensatz zu windbestäubten Baumarten liegen hier vergleichsweise hohe Werte vor, welche durchaus eine erhöhte reproduktive Isolation vermuten lassen (siehe z.B. Stieleiche mit d_0 -Werten von maximal 0,265, vgl. DEGEN et al. 2010).

Tabelle 4-13: Paarweise genetische Abstände d_0 zwischen den einzelnen Beständen im Mittel über alle Loci.

d_0	BOF	ERM	ESC	GOR	IPH	LAN	LEI	MED	REG	UTZ	ZIE
ALT	0,391	0,349	0,499	0,409	0,359	0,435	0,232	0,405	0,390	0,319	0,385
BOF		0,321	0,489	0,467	0,322	0,330	0,354	0,350	0,276	0,289	0,328
ERM			0,443	0,394	0,271	0,336	0,358	0,338	0,298	0,316	0,355
ESC				0,454	0,419	0,405	0,400	0,400	0,406	0,376	0,482
GOR					0,439	0,446	0,460	0,515	0,428	0,394	0,451
IPH						0,386	0,319	0,264	0,254	0,238	0,314
LAN							0,352	0,367	0,284	0,281	0,337
LEI								0,293	0,270	0,287	0,382
MED									0,287	0,289	0,379
REG										0,211	0,316
UTZ											0,226

4.9.4.2 Genetische Gesamtdifferenzierung

Mit den Parametern der Gesamtdifferenzierung kann erfasst werden, wie repräsentativ die genetische Ausstattung einer Population im Vergleich zur Gesamtheit aller anderen Populationen ausfällt. Die genetische Differenzierung einer jeden Population vom Komplement ist in Abbildung 4-39 dargestellt. Die Werte für D_j liegen zwischen ca. 0,17 für den Bestand TH_Utzberg und 0,39 für den Bestand NW_Eschweiler. Insgesamt müssten $\delta = 27\%$ der allelischen Varianten zwischen allen Beständen ausgetauscht werden, um identische allelische Profile zu erhalten. Auch diese Werte sind vergleichsweise hoch (Stieleiche $\delta = 0,187$, siehe DEGEN et al. 2010).

Am wenigsten differenziert und damit am repräsentativsten für den Gesamtpool sind die Bestände BY_Iphofen, BY_Regendorf und TH_Utzberg. Vor allem der Bestand BY_Regendorf bietet sich in Verbindung mit der hohen Diversität zur Generhaltung an. Daneben sind auch die Bestände NI_Langenholzen und RP_Medard aufgrund ihrer hohen Diversität und einer Differenzierung im Bereich des Mittels neben BY_Iphofen und TH_Utzberg zur Generhaltung geeignet.

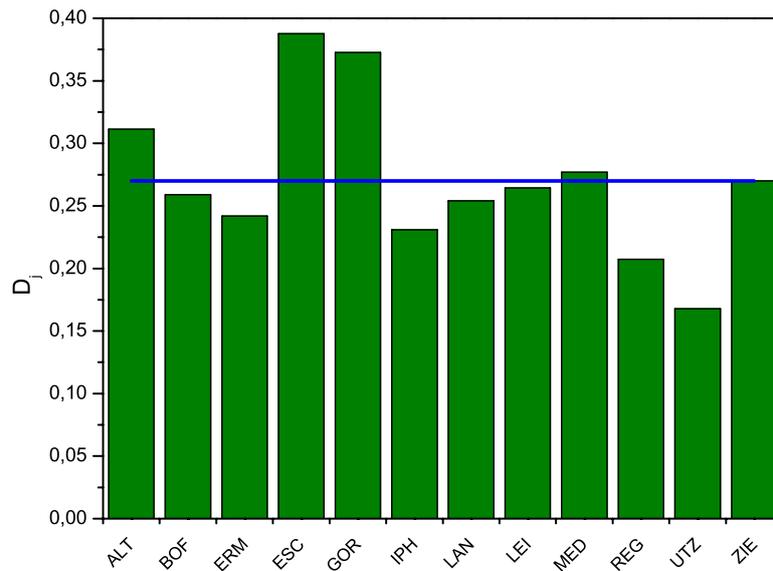


Abbildung 4-39: Genetische Differenzierung D_j der einzelnen Bestände (nach GREGORIUS & ROBERTS 1986) und im Mittel δ über alle Bestände. Die blaue Linie gibt die mittlere genetische Gesamtdifferenzierung wieder.

4.9.5 Schlußfolgerungen

Bezogen auf die einzelnen Populationen sind die Unterschiede in der genetischen Vielfalt und der genetischen Diversität als relativ hoch einzuschätzen. Die erwartete Heterozygotie schwankt sehr stark zwischen den Vorkommen. Die F-Werte der Vorkommen variieren. Deutlich über 0 liegende F-Werte legen vor allem für die Bestände HE_Ermschwerd und NI_Langenholzen den Verdacht von Inzucht nahe.

Der genetische Abstand variiert stark (21-52 %). Vorkommen aus Rheinland-Pfalz und Mecklenburg-Vorpommern weisen dabei die extremsten Unterschiede auf. In Süddeutschland zeigen die Vorkommen geringere Abstände untereinander (21-28 %). Die genetische Gesamtdifferenzierung ist mit einem Mittelwert von 27 % relativ hoch. Auch dieser Wert lässt eine reproduktive Isolation der Bestände vermuten.

Das Vorkommen BY_Regendorf bietet sich durch den hohen Diversitätswert, mäßige Abweichung des F-Wertes von Null und hohe Repräsentativität des Genpools zur Generhaltung an. Ebenfalls geeignet sind die Bestände BY_Iphofen, TH_Utzberg, NI_Langenholzen und RP_Medard.

Die Bestände MV_Gorschendorf, NW_Eschweiler und BB_Altdöbern zeigen die geringsten Werte bei der genetischen Vielfalt und der genetischen Diversität. Die höchsten F-Werte weisen die Bestände HE_Ermschwerd und NI_Langenholzen auf. All diese Faktoren zusammen mit der geringen Repräsentativität für das gesamte Untersuchungsmaterial lassen diese drei Populationen als am wenigsten gut geeignet für die Generhaltung bei der Baumart Feld-Ahorn erscheinen.

5 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

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

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

Die Ergebnisse sind Grundlage für folgende Verwertungsaufgaben:

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

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

5.1 Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit

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

Soll eine bestimmte genetische Ressource erhalten werden (die Zustimmung des Waldeigentümers vorausgesetzt), wird sie zum Generhaltungsobjekt. In einigen Bundesländern werden derartige Generhaltungsobjekte in den Forsteinrichtungswerken mit entsprechenden Waldfunktionen versehen und sind z. B. Teil der Zertifizierungskriterien für eine nachhaltige Waldbewirtschaftung. Dabei ist es zunächst unerheblich, ob derartige Generhaltungsobjekte nur in Datenbanken erfasst, beobachtet, aktiv bewirtschaftet, genetisch untersucht, *in situ* verjüngt oder durch aufwendige *Ex-situ*-Maßnahmen erhalten werden.

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

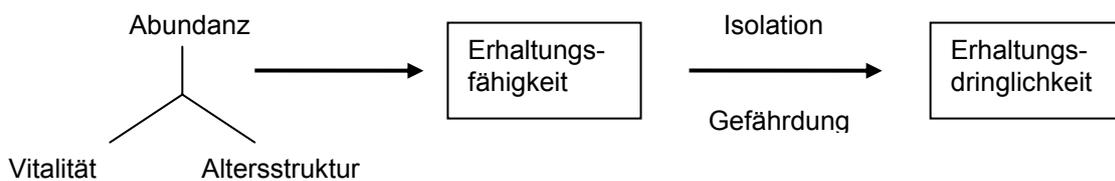


Abbildung 5-1: Bewertungsparameter zur Bestimmung des Grades der Erhaltungsfähigkeit und der Erhaltungsdringlichkeit (Quelle: LFE).

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

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

Klasse	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SH	SL	SN	ST	TH	DE
sehr gut	0	5	11	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	22
gut	1	12	43	6	2	0	1	0	0	0	0	0	25	90
geschwächt	4	16	85	3	1	4	2	1	0	0	1	1	27	145
bedroht	35	22	111	49	19	28	19	66	0	6	13	19	27	414
absterbend	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	4
Summe	40	55	251	64	22	33	22	67	0	6	14	21	80	675
nicht bewertbar	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1

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

Klasse	BB	BW	BY	HE	MV	NI	NW	RP	SH	SL	SN	ST	TH	DE
sehr gut	0,0	9,1	4,4	9,4	0,0	0,0	0,0	0,0		0,0	0,0	0,0	0,0	3,3
gut	2,5	21,8	17,1	9,4	9,1	0,0	4,5	0,0		0,0	0,0	0,0	31,3	13,3
geschwächt	10,0	29,1	33,9	4,7	4,5	12,1	9,1	1,5		0,0	7,1	4,8	33,8	21,5
bedroht	87,5	40,0	44,2	76,6	86,4	84,8	86,4	98,5		100,0	92,9	90,5	33,8	61,3
absterbend	0,0	0,0	0,4	0,0	0,0	3,0	0,0	0,0		0,0	0,0	4,8	1,3	0,6
Summe	100	100	100	100	100	100	100	100		100	100	100	100	100

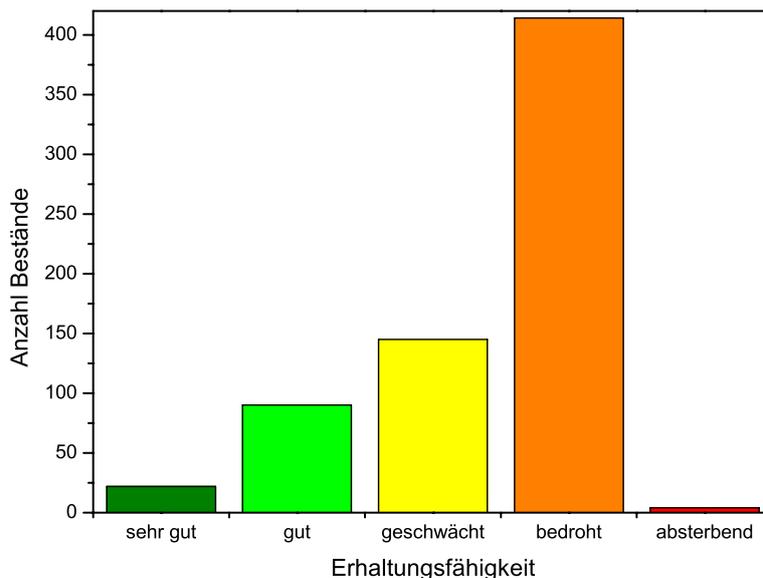


Abbildung 5-2: Stufen der Erhaltungsfähigkeit mit den Anteilen der Vorkommen im Bundesgebiet.

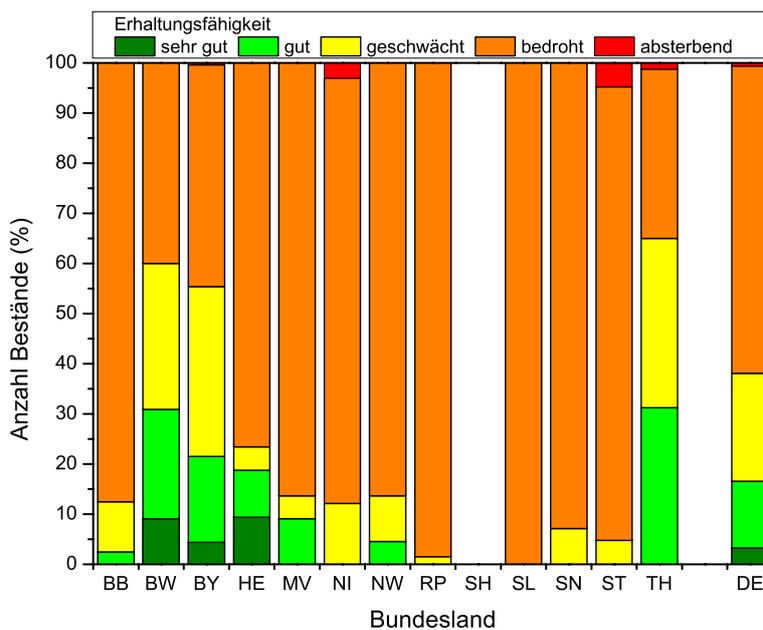


Abbildung 5-3: In-situ-Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen in den Bundesländern.

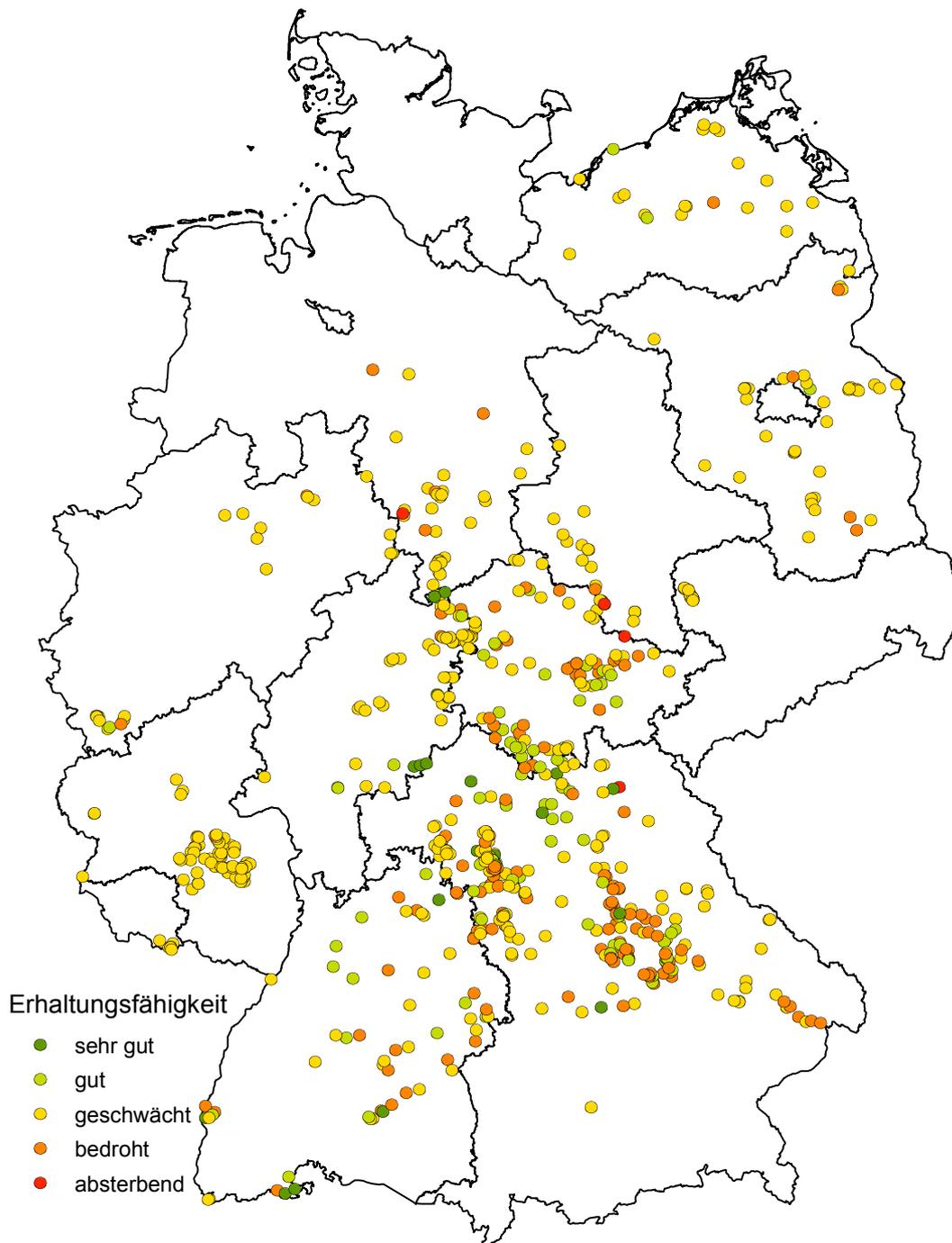


Abbildung 5-4: Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen im Bundesgebiet.

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

Der Anteil der mit sehr gut oder gut bewerteten Vorkommen macht rund 17 % aus. Als geschwächt wurden 21,5 % der Vorkommen bewertet. Die überwiegende Zahl der Vorkommen (61,3 %) wurde in die Stufe bedroht eingeordnet. 0,6 % der Vorkommen wurden als absterbend beurteilt. Diese Zahlen belegen die Notwendigkeit von Maßnahmen zur Förderung des Feld-Ahorns *in situ* bzw. der Etablierung von *Ex-situ*-Genobjekten.

Relativ hohe Anteile von erhaltungswürdigen Vorkommen finden sich in Baden-Württemberg, Bayern und Hessen. In Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz, dem Saarland, Sachsen und Sachsen-Anhalt dominieren dagegen die bedrohten Vorkommen.

Die Karte in Abbildung 5-4 zeigt die Verteilung der Erhaltungsfähigkeit der erfassten Vorkommen. Die Vorkommen mit relativ hoher Erhaltungsfähigkeit konzentrieren sich vor allem auf die Wuchsgebiete 37 "Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland", 60 "Frankenalb und Oberpfälzer Jura", 61 "Fränkischer Keuper und Albvorland", 62 "Fränkische Platte" und 76 "Schwäbische Alb". Die Vorkommen in anderen Wuchsgebieten sind meist in den Kategorien bedroht oder geschwächt aufgenommen.

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

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

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

Beide Handlungsalternativen bedürfen der Kenntnis der Genzentren des Feld-Ahorns. Die Abbildung 5-5, Abbildung 5-6 und Abbildung 5-7 zeigen die Verbreitungsschwerpunkte des Feld-Ahorns in Deutschland, basierend auf der räumlichen Dichte und Verteilung der Vorkommen. Die Darstellung der Kerneldichte der Populationen kann mit und ohne Berücksichtigung von Individuenzahl bzw. Dichte erfolgen. Gewichtete und ungewichtete Darstellung sind für die Analyse der Erhaltungsdringlichkeit und die Planung künftiger Generhaltungsflächen sinnvoll. Bei der Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl bzw. der Dichte werden Populationen insbesondere mit hoher Baumzahl oder hoher Dichte (ausgedrückt als Individuenzahl je Flächeneinheit) bereits mit diesen Werten gewichtet. Stammzahlreiche Populationen in enger Nachbarschaft zu weiteren Vorkommen werden damit hervorgehoben. Die Darstellung der Kerneldichte ohne die Berücksichtigung der Baumzahl oder Dichte geht dagegen von einer gleichwertigen Gewichtung aller Vorkommen (unabhängig von Baumzahl oder Dichte) aus. Damit wird der räumliche Zusammenhang der Vorkommen betont, viele Vorkommen in enger Nachbarschaft erscheinen dunkler.

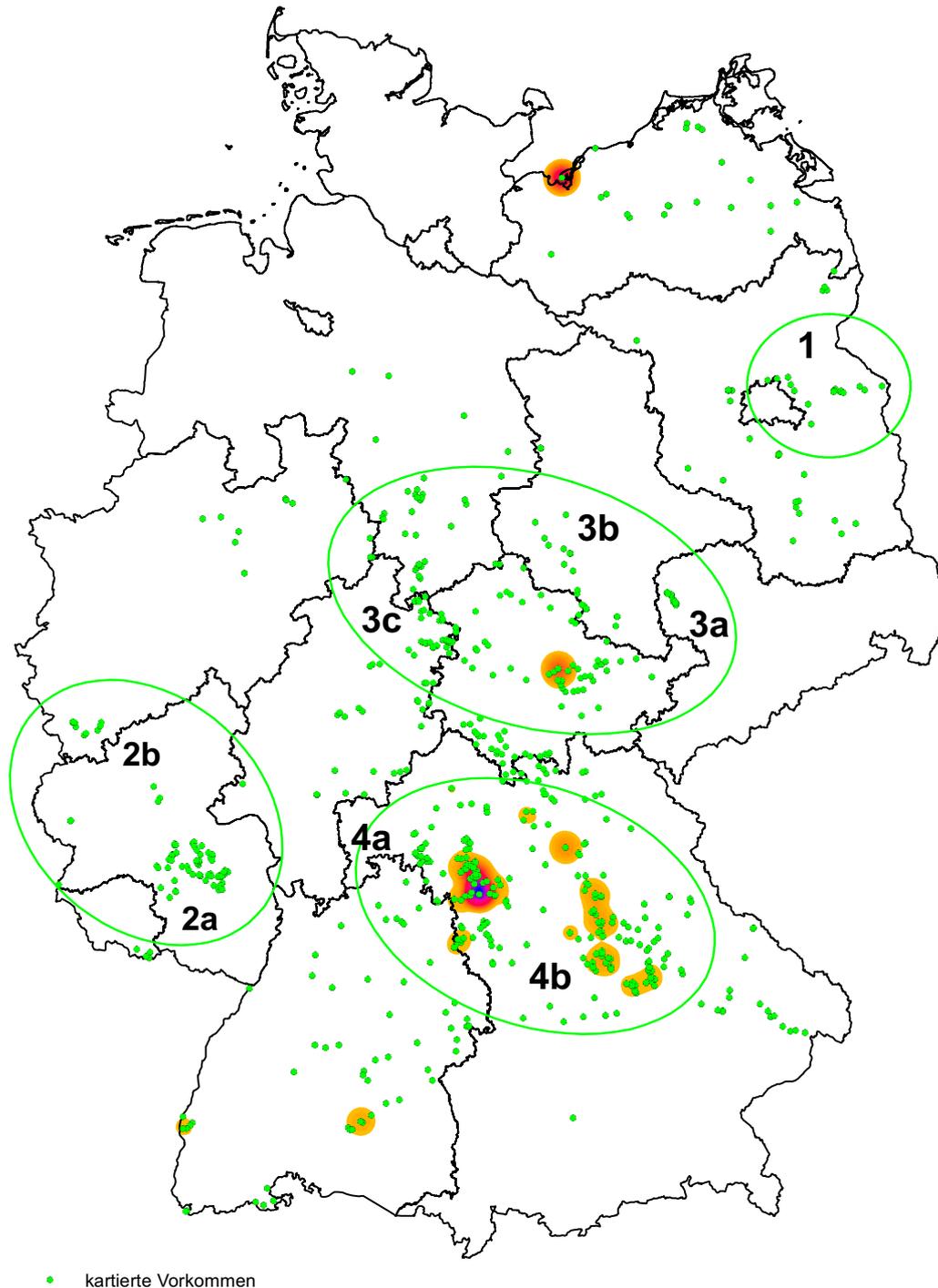


Abbildung 5-5: Darstellung der Kerneldichte des Feld-Ahorns mit Berücksichtigung der Baumzahl.

Die genannten Abbildungen stellen diese Kerneldichten der Feld-Ahorn-Vorkommen dar. Bei der Analyse der Darstellungen zeigen sich mehrere Verbreitungsschwerpunkte des Feld-Ahorns in der Bundesrepublik. In Tabelle 5-3 sind diese Genzentren des Feld-Ahorns in der Bundesrepublik aufgeführt.

Zunächst fallen vier Genzentren in Nordostdeutschland, Westdeutschland, Mittelddeutschland und Süddeutschland auf. Diese Genzentren lassen sich dabei in mehrere Teilbereiche unterteilen.

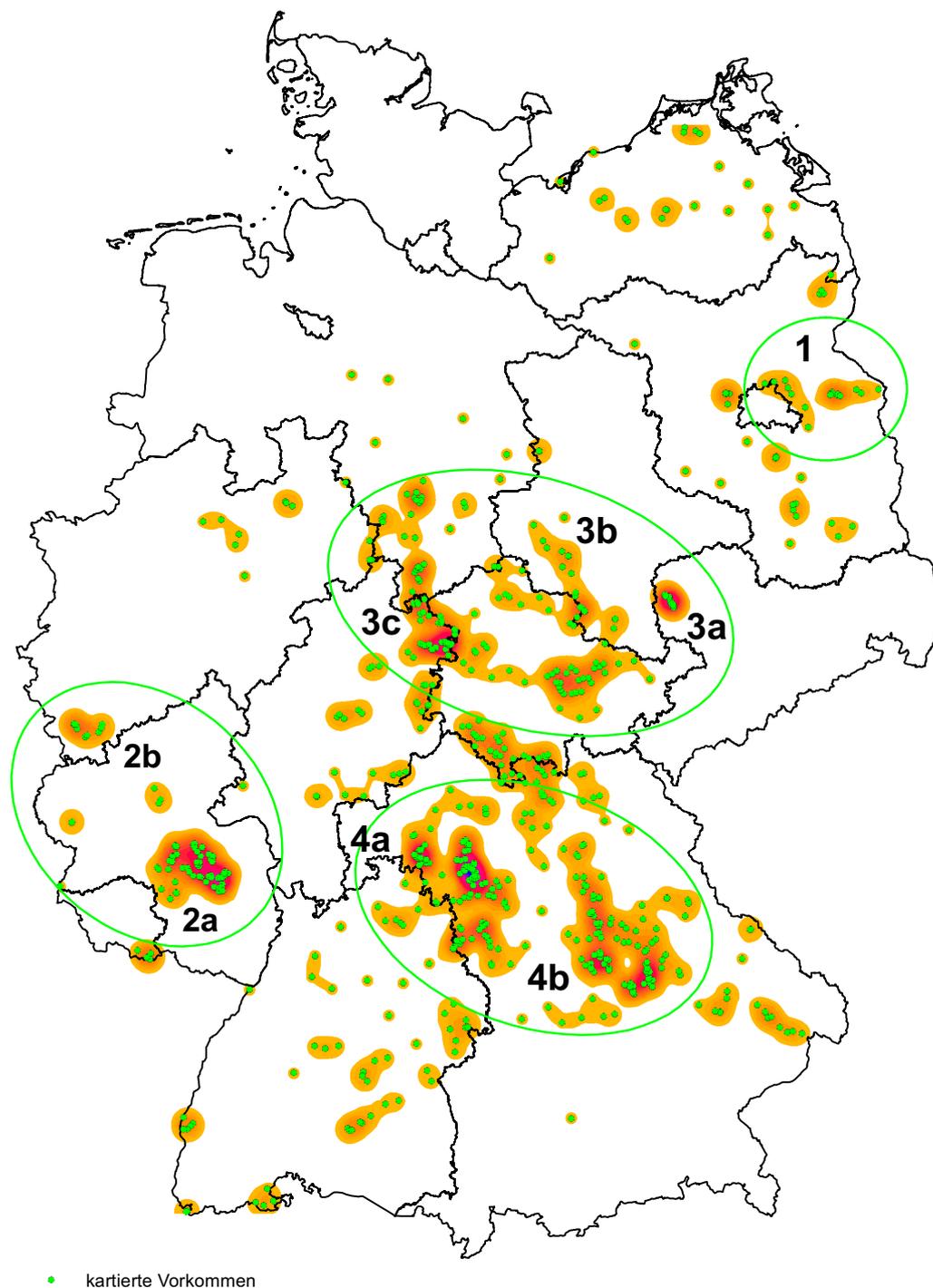


Abbildung 5-6: Darstellung der Kerneldichte des Feld-Ahorns ohne Berücksichtigung der Baumzahl.

In Nordostdeutschland besteht nur ein größeres zusammenhängendes Vorkommen im östlichen Brandenburg. Bedeutende Populationen in Westdeutschland sind vor allem das Saar-Nahe-Vorkommen und das Vorkommen in der Nordwesteifel. Die mitteldeutschen Genzentren liegen vor allem in den Bereichen Saale-Unstrut und Werra-Hainich. Daneben kommt ein Zentrum in Nordwestsachsen im Raum Leipzig vor. Die süddeutschen Vorkommen umfassen zum Einen Mainfranken im Bereich der Fränkischen Platte und des nördlichen Baden-Württembergs, zum anderen den Jurabogen mit einem Schwerpunkt in Bayern. Die Genzentren liegen meist in klimatisch begünstigten Lagen.

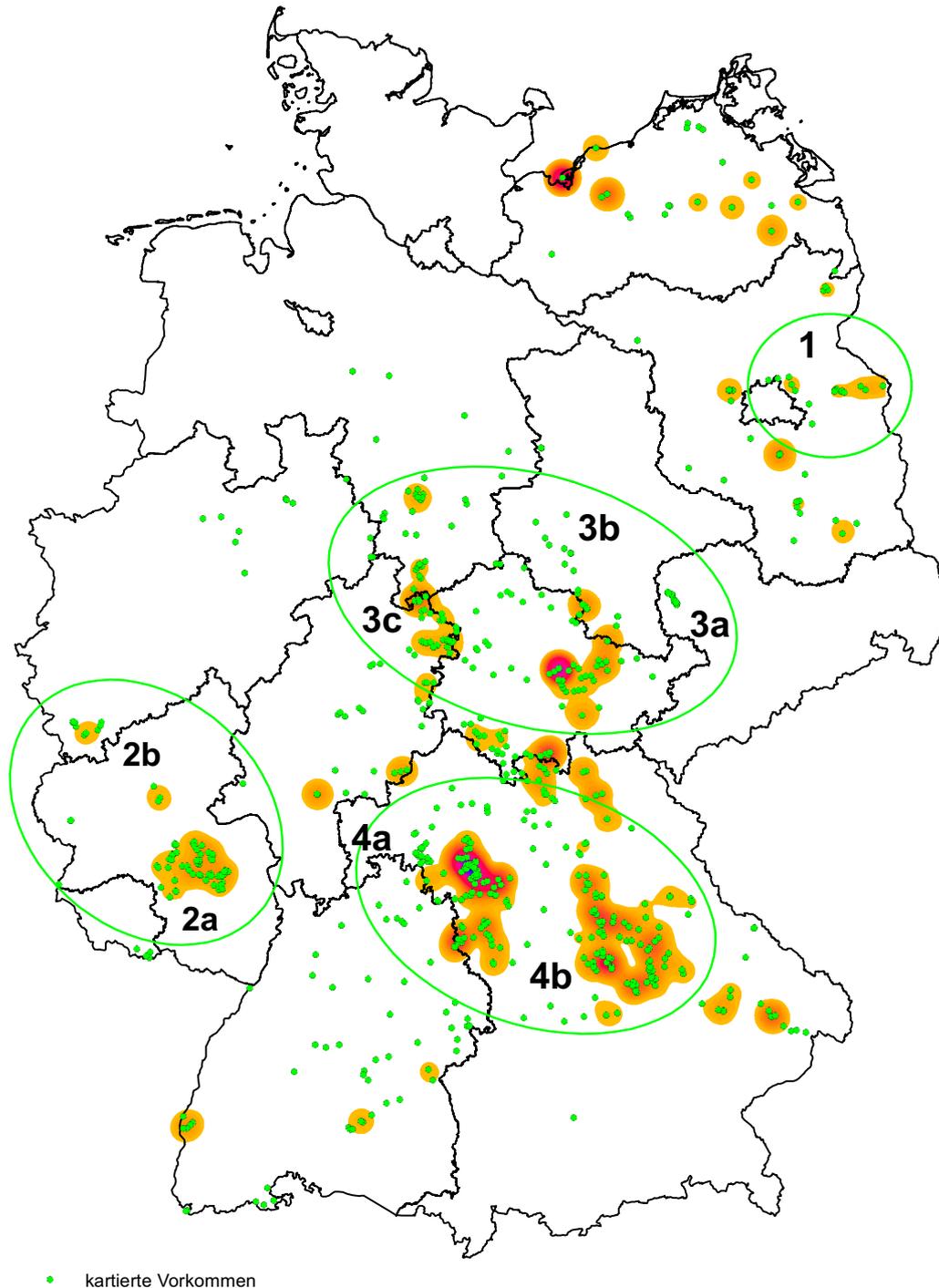


Abbildung 5-7: Darstellung der Kerneldichte des Feld-Ahorns bezogen auf die Baumzahlen pro Hektar Vorkommensfläche.

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

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

Nummer	Bezeichnung des Genzentrums	Nummer	Teilbereich
1	Nordostdeutsches Genzentrum	1	Ostbrandenburg
2	Westdeutsches Genzentrum	2a 2b	Saar-Nahe Nordwesteifel
3	Mitteldeutsches Genzentrum	3a 3b 3c	Nordwestsachsen Saale-Unstrut Werra-Hainich
4	Süddeutsches Genzentrum	4a 4b	Mainfranken Fränkische Alb

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

Bezogen auf die Bundesrepublik sollten

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

Aufgrund der Verwendung des Feld-Ahorns im Landschaftsbau bestehen sicherlich bereits solche Trittsteine. Es sollte jedoch darauf geachtet werden, diese Trittsteine vor allem mit regionalen Herkünften anzulegen, um eventuell bestehende Lokalrassen zu erhalten.

5.2 Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen

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

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

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

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

Als Folge der relativen Seltenheit des Feld-Ahorns kommt er im Rasternetz der Waldzustandserhebung (level 1) nur in geringen Anteilen vor. Deshalb sollten die Generhaltungsmaßnahmen von einem Monitoring begleitet werden. Dieses Monitoring sollte insbesondere die Parameter Vitalität (Kronenverlichtung, Vergilbungen, Feinreisiganteil, biotische Schader-

reger) und die Verjüngungsintensität (Fruktifikation, Aufkommen von Naturverjüngung, Schäden an der Verjüngung) umfassen. Daneben sollten in weiteren Zeitabständen genetische Parameter, insbesondere die Diversität in ausgewählten Beständen erfasst werden, um die Effektivität der Generhaltungsmaßnahmen beurteilen zu können. Daneben sollten weitere Untersuchungen mit dem Ziel stattfinden, die in Kapitel 4.9.3 angesprochene Inzuchthypothese näher zu untersuchen. Die Monitoringflächen sollten in den Verbreitungsschwerpunkten / Genzentren des Feld-Ahorns liegen.

5.3 Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung

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

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

Insgesamt konnten für den Feld-Ahorn zahlreiche, oft jedoch isolierte Vorkommen nachgewiesen werden. Ein Großteil dieser Vorkommen wurde als derzeit nicht überlebensfähig beurteilt.

Der Feld-Ahorn kommt vor allem in zwei Lebensräumen vor, in wärmebegünstigten Lagen mit besserer Nährstoffversorgung und in der Hartholzau. Dementsprechend stellen die Hauptbedrohung der Vorkommen der Verlust von Auwaldflächen und die waldbauliche Behandlung auf Standorten, die unter natürlichen Bedingungen mit der Buche bestockt wären, dar. Bei der Verjüngung der Schattbaumart Buche wird der Feld-Ahorn auf Standorte am Waldrand zurückgedrängt. Selbstverständlich bedrohte auch der forcierte Nadelholzanbau in der Vergangenheit die natürliche Verjüngung des Feld-Ahorns.

Strategien zum Erhalt des Feld-Ahorns sollten deshalb einerseits die Erhaltung der Auenstandorte, auf denen der Feld-Ahorn in der natürlichen Vegetation vorkommt, umfassen. Daneben sollten in Regionen, in denen der Feld-Ahorn bislang vorkommt, die Bestände gezielt auch auf Feld-Ahorn verjüngt werden. Das Verjüngungspotential des Feld-Ahorns ist grundsätzlich hoch, in rund 70 % der Vorkommen wurde Naturverjüngung erfasst. Bei angepassten Wildständen und geeignetem waldbaulichem Vorgehen ist Kunstverjüngung in diesen Beständen nicht notwendig.

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

Der Feld-Ahorn unterliegt nicht dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) von 2002. Es sollten jedoch trotzdem in den ausgewiesenen Genzentren ausgewählte Bestände zur Gewin-

nung von Vermehrungsgut ausgewiesen werden, um die Bereitstellung von Vermehrungsgut im Bedarfsfall für *Ex-situ*- oder *In-situ*-Maßnahmen zu gewährleisten.

Daneben sollten weitere genetische Untersuchungen durchgeführt werden, um eventuelle Inzuchteffekte zu erfassen und ggf. zu quantifizieren.

6 Zusammenfassung

Der Feld-Ahorn (*Acer campestre*) gilt in seinem Bestand bundesweit als gefährdet oder selten. Diese Einschätzung beruht vor allem auf der regional beschränkten Verbreitung des Feld-Ahorns und seinem Vorkommen in geringen bis mäßigen Anteilen in Eichenwaldgesellschaften, die im Zuge der naturnahen Waldbewirtschaftung häufig von der Buche abgelöst werden. Daneben ist er bedroht vom Verlust von Lebensraum in der Hartholzau. Dagegen fehlten vor Beginn des von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung in Auftrag gegebenen Projektes bundesweit genaue Angaben zur Lage und Populationsgröße von Vorkommen sowie über deren Vitalitätszustand, Altersstruktur und genetischer Diversität.

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

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

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

Insgesamt wurden im Rahmen des Projekts 637.103 Bäume in 676 Vorkommen erfasst.

Den Verbreitungsschwerpunkt bilden klimatisch begünstigte Lagen in Ostbrandenburg, das mitteldeutsche Trias-Berg- und Hügelland, Fränkische Alb und Keupervorland, die Fränkische Platte, die Nordwesteifel und das Saar-Nahe-Bergland.

Deutschlandweit kommen die stammzahlreichsten Vorkommen in den Wuchsgebieten "Fränkischer Keuper und Alb-Vorland" mit über 210.000 Bäumen, und in den Wuchsgebieten "Frankenalb und Oberpfälzer Jura" sowie "Fränkische Platte" mit über 100.000 Individuen vor. Die durchschnittliche Flächengröße eines Vorkommens liegt bei rund 10 ha, die durchschnittliche Individuenzahl bei 940 Individuen je Vorkommen.

Von 12 Beständen wurden Proben zur genetischen Analyse genommen. An drei untersuchten Genorten wurden dabei 44 Allele nachgewiesen. In 2 der untersuchten Populationen wurden Allele gefunden, die nur in diesen Beständen auftreten (private Allele).

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

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

Darüber hinaus werden Empfehlungen zu weiteren Erhebungen, insbesondere einem Monitoring der wichtigen Vorkommen hinsichtlich Vitalität und Verjüngungspotenzial sowie Analysen zur Untersuchung eventueller Inzucht-Effekte gegeben.

7 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den erreichten Zielen

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

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

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

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

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

8 Literatur

- BENDIXEN K. (2001): Zum Reproduktionssystem des Feld-Ahorns (*Acer campestre* L.) - Blühphänologie und genetische Untersuchungen: Dissertation zur Erlangung des Dokortitels, Georg-August-Universität Göttingen, Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie.
- BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ (BfN) (2010-2012): Schutzgebiete Deutschlands. Geoinformationen FFH Gebiete (07.10.2011), Vogelschutzgebiete (07.10.2011), Nationalparke (29.09.2011), Biosphärenreservate (30.09.2011), Naturschutzgebiete (21.10.2011), Landschaftsschutzgebiete (26.01.2012), Naturparke (26.01.2012).
- BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ (BfN) (2011): Potentielle natürliche Vegetation Deutschlands. Geoinformationen PNV500 (23.03.2011).
- BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ (BfN) (2006): Floraweb. Datenbank Gefäßpflanzen (FlorKart). Datenstand 12/2006. <http://www.floraweb.de>.
- DEGEN B., HÖLTKEN A.M. & ROGGE M. (2010): Use of DNA-fingerprints to control the origin of forest reproductive material. *Silvae Genetica* 59, 268-273.
- DUMOLIN S., DEMESURE B. & PETIT R.J. (1995): Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculate oak investigated with an efficient PCR method. *Theoretical and Applied Genetics* 91: 1253-1256.
- EUROPEAN FOREST GENETIC RESEARCH PROGRAM (2005): Distribution map of *Acer campestre*. <http://www.euforgen.org>.
- GREGORIUS H.R. & DEGEN B. (2007): Monitoring genetischer Ressourcen – Prinzipien und Methoden. In: Begemann F., Schröder S., Wenkel K.-O., Weigel H.-J. (Hrsg.) (2007): Monitoring und Indikatoren der Agrobiodiversität. Tagungsband, Schriftenreihe des Informations- und Koordinationszentrums für Biologische Vielfalt, Bd. 27, Bonn, 39 – 65.
- GREGORIUS H.R. & ROBERTS J.H. (1986): Measurement of genetic differentiation among subpopulations. *Theoretical and Applied Genetics* 71, 826-834.
- GREGORIUS H.R. (1974): Genetischer Abstand zwischen Populationen I. Zur Konzeption der genetischen Abstandsmessung. *Silvae Genetica* 23, 22-27.
- GREGORIUS H.R. (1987): The relationship between concepts of genetic diversity and differentiation. *Theoretical and Applied Genetics* 76, 947-951.
- GUARINO C., SANTORO S., DE SIMONE L., CIPRIANI G. & TESTOLIN R. (2008): Differentiation in DNA fingerprinting among species of the genus *Acer* in Campania (Italy). *Plant Biosystems* 142, 454-461.
- HATTEMER H.H., BERGMANN F. & ZIEHE M. (1993): Einführung der Genetik für Studierende der Forstwissenschaften. Sauerländers Verlag.
- JOHANN HEINRICH VON THÜNEN-INSTITUT (vti) (2012): Bundeswuchsgebiete. Geoinformationen <https://gdi.vti.bund.de/geonetwork/srv/de> (10.05.2012).
- PANDEY M. (2005): Die Entwicklung von Mikrosatelliten bei Bergahorn (*Acer pseudoplatanus* L.) und deren Anwendung in der Populationsgenetik. Dissertation zur Erlangung des Dokortitels, Georg-August-Universität Göttingen, Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie.
- PANDEY M., GAILING O., FISCHER D. HATTEMER H.H. & FINKELDEY R. (2004): Characterization of microsatellite markers in sycamore (*Acer pseudoplatanus* L.). *Molecular Ecology Notes* 4, 253-255.
- UNITED NATIONS (1992): Convention on Biological Diversity. <http://www.cbd.int/doc/legal/cbd-en.pdf>. In Krafttretung 29. Dezember 1993.

9 Anhang Inhalt

Tabellenverzeichnis

Tabelle 9-1: Ermittelte relative Allelhäufigkeiten des Feld-Ahorns (<i>Acer campestre</i> L.) an den Mikrosatelliten-Genorten MAP2, MAP9 und MAP33.	1
Tabelle 9-2: Anleitung zur Beprobung des Feld-Ahorns.	2

Kartieranleitung mit Erfassungsbogen und Zählhilfe zur Vitalitätsbestimmung

Tabelle 9-1: Ermittelte relative Allelhäufigkeiten des Feld-Ahorns (*Acer campestre* L.) an den Mikrosatelliten-Genorten MAP2, MAP9 und MAP33.

SSR-Locus	Allele	ALT	BOF	ERH	ESC	GOR	IPH	LAN	LEI	MED	REG	UTZ	ZIE
MAP2	101	0,633	0,450	0,417	0,100	0,283	0,536	0,450	0,550	0,536	0,450	0,617	0,696
	103	0,017	0,100	0,100	0,433	0,433	0,179	0,267	0,083	0,071	0,167	0,217	0,179
	105	0,167	0,233	0,083	0,017	0,133	0,071		0,067		0,100	0,033	0,054
	109	0,183	0,100	0,167	0,367	0,133	0,071	0,150	0,233	0,161	0,083	0,083	0,036
	111		0,117	0,133	0,067		0,107	0,050	0,067	0,214	0,083	0,050	0,018
	113			0,100	0,017	0,017	0,036	0,083		0,018	0,117		0,018
MAP9	143		0,050	0,100	0,103	0,017	0,089	0,117		0,125	0,100	0,067	0,054
	145	0,033	0,150					0,033	0,017	0,018	0,017	0,083	0,018
	150	0,033	0,067	0,033		0,017	0,179		0,103	0,071	0,100	0,067	
	152	0,400	0,067	0,167	0,086	0,167	0,089	0,150	0,328		0,133	0,133	0,196
	154	0,200	0,017	0,100	0,241	0,183	0,161	0,067	0,224	0,196	0,217	0,183	0,018
	156	0,050	0,167	0,033	0,086		0,089		0,034	0,054	0,017		0,054
	158		0,033	0,067			0,089	0,033		0,018		0,050	0,036
	160		0,200	0,117	0,052	0,117	0,107	0,217	0,052	0,143	0,167	0,167	0,232
	162	0,067	0,033	0,017	0,103	0,050	0,071	0,100	0,052	0,036	0,050	0,083	0,179
	165	0,017					0,054	0,017	0,052	0,071	0,100	0,017	
	166	0,017					0,067		0,017			0,033	
	171		0,017	0,067	0,172				0,033	0,017	0,143		0,033
	173								0,067				
	175	0,150	0,117	0,183		0,350	0,018	0,083	0,052	0,036	0,033	0,017	0,071
	177					0,033							0,089
	184		0,050	0,067	0,138		0,054	0,050	0,052	0,089	0,033	0,033	0,036
	186			0,050	0,017						0,017	0,017	0,018
	188		0,017										
192		0,017						0,033					
194	0,033									0,017	0,017		
MAP33	129	0,019	0,017	0,017		0,033	0,018	0,019	0,017	0,087		0,017	0,074
	131	0,037	0,017		0,063			0,038	0,050	0,043		0,033	
	133			0,172	0,021		0,018			0,022	0,017	0,050	0,056
	135	0,019	0,017	0,017			0,018		0,033	0,022	0,052	0,017	
	137	0,056	0,083	0,034	0,063	0,017	0,143		0,050	0,174	0,069	0,067	0,093
	139	0,019	0,017	0,017				0,115	0,017		0,017		
	141	0,630	0,500	0,638	0,542	0,533	0,679	0,404	0,433	0,435	0,448	0,533	0,519
	143	0,019	0,150	0,034	0,083		0,018	0,135	0,033	0,022	0,138	0,067	0,056
	145	0,019				0,017	0,036	0,019		0,022			
	147					0,183		0,019		0,022		0,017	
	149	0,037				0,117							
	151	0,111	0,083	0,034	0,167		0,018	0,173	0,200	0,065	0,086	0,083	0,056
	153			0,017				0,019			0,017	0,017	0,037
	155										0,017		0,019
	159		0,017			0,050					0,017	0,033	0,019
	161	0,019	0,033		0,063		0,036	0,019	0,050	0,065	0,086	0,050	0,056
163		0,067	0,017			0,050	0,018	0,019	0,100	0,022	0,034	0,017	
165	0,019							0,019	0,017				

Tabelle 9-2: Anleitung zur Beprobung des Feld-Ahorns.

Genmarker:	Mikrosatellitenmarker
Durchführende Institution:	Plant Genetic Diagnostics Dr. Aki Michael Höltken Sieker Landstraße 2 D-22927 Großhansdorf
Probenumfang:	30 Individuen je Population
Probenmaterial:	grüne Blätter
Probenahmezeitpunkt:	April / Mai - Ende August / Anfang September (je nach Witterungsverhältnissen: Herbstfärbung darf nicht eingesetzt haben; junge, ausgefärbte Blätter sind zu bevorzugen)
Beprobungsmuster:	<ul style="list-style-type: none"> • Entnahme von (jungen) ausgefärbten, gesunden Blättern, Herbstfärbung darf nicht eingesetzt haben • je Individuum drei bis fünf (angewachsene) Blätter • die Blätter können von jedem Teil des Baumes stammen • die Beprobung erfolgt rasterförmig über das gesamte Vorkommen • jede Probenahme wird per GPS-Koordinaten vermerkt • jede Probenahme wird durch Digitalphotos dokumentiert
Verpackung der Proben:	<ul style="list-style-type: none"> • die Proben werden für jeden Baum getrennt in Briefumschläge gegeben und beschriftet • alle Proben eines Standortes werden gemeinsam in einen Plastikbeutel gegeben und beschriftet • Lagerung der Proben im Kühlschrank (nicht einfrieren) • bei grosser Nässe werden die Blätter vor der Verpackung im Gelände zwischen Zeitungspapier kurz getrocknet und möglichst schnell verschickt • der Versand erfolgt per Post an obige Adresse • ein Versand über das Wochenende oder Feiertage ist nicht zu empfehlen - hier ist es besser die Proben im Kühlschrank (nicht einfrieren) zu belassen und am nächsten Werktag zu versenden
Beschriftung:	<ul style="list-style-type: none"> • alle Proben werden nach einem einheitlichen Schlüssel beschriftet, der sich aus der Baumart, dem Beprobungsgebiet, dem Datum und einer fortlaufenden Nummer zusammensetzt. • das Kürzel (3-stellig) für die Baumart wird aus der Access-Datenbank übernommen. • das Kürzel für das Beprobungsgebiet (3-stellig) wird im Vorfeld zentral abgestimmt. • die Angabe des Datums erfolgt als JJMMTT. • die fortlaufende Nummerierung (3-stellig) erfolgt in Analogie zu den aufgenommenen GPS-Koordinaten. • Beispiel: EIB-Pat-110317-001 Baumart: Eibe Beprobungsgebiet: Paterzeller Eibenwald Beprobungstermin: 17. März 2011
Genehmigungen:	<ul style="list-style-type: none"> • Zugangsberechtigungen / Betretungsrechte, besonders bei Schutzgebieten, sind im Vorfeld einzuholen. • Grundsätzlich sind auch ausserhalb von Schutzgebieten zuständige Einrichtungen und / oder Forstämter zu informieren. • bei Kartierungen und Probenahmen ist grösstmögliche Rücksicht auf Belange Dritter und sonstige Belange des Natur- und Artenschutzes zu legen. Insbesondere dürfen keine Brutvögel gestört oder beeinträchtigt werden.

Kartieranleitung

zur

Erfassung und Dokumentation von forstgenetischen Ressourcen

Stand: 11.02.2010

Herausgeber: Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde

Inhaltsverzeichnis

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

Anlagen

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

Kartierung forstgenetischer Ressourcen

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

Definition „Genobjekt“

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

Abgrenzung eines Genobjektes

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

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

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

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

Erfassung der Parameter

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

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

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

Aufnahmetrupp

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

Datum

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

Bundesland

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

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

Tabelle 1: Kennziffern der Bundesländer

Laufende Nummer des Genobjektes

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

Artbezeichnung/ Artdetermination

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

Etabliertes Generhaltungsobjekt

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

Koordinaten

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

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

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

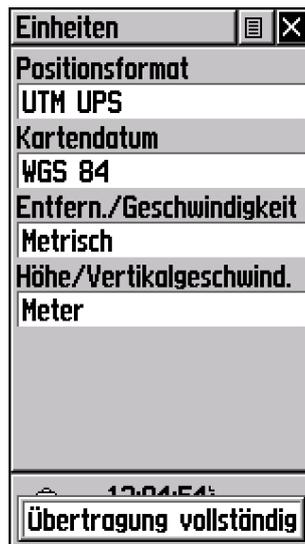


Abbildung 1.: Einstellungen des GPS-Empfängers, hier Garmin eTrex-Reihe im UTM Format

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

Forstbehörde

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

Reviername/ Reviernummer

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

Landkreis/ Gemeinde

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

Bundeswuchsgebiet/ Bundeswuchsbezirk

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

Eigentumsart

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

Angaben zum Genobjekt

Gesamtfläche

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

Anzahl

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

Isoenzym-/ DNA-Untersuchungen

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

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

Bestandesbeschreibung

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

Durchmesserstruktur

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

Begründungsart

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

Verjüngung

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

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

Altbäume

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

Anteil der Zielbaumart

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

- 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 Überschirmung, Inanspruchnahme durch Bauvorhaben oder andere zu nennen. Weiterhin kann eine Maßnahmenempfehlung für die weitere Behandlung des Genobjektes gegeben werden.

Weitere Parameter

Bearbeitungsstand

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

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

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

EDV

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

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

Schutzstatus

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

Kartenausschnitt

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

Kartierung genetischer Ressourcen in Deutschland

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

Erfassungsbogen

Aufnahmetrupp: _____

Bundesland

Datum:

Lfd. Nr.
 Bitte rechtsbündig eintragen

Gehölzart

Entsprechend Schlüsseliste

Artbestimmung vor Ort? ja nein

Etabliertes Generhaltungsobjekt?

Schlüssel
 1 in-situ
 2 ex-situ
 3 nein

Koordinaten

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

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

Koordinatenherkunft GPS aus Karte entnommen aus Unterlagen übernommen

Bemerkung _____

Lage

Forstbehörde _____
Reviername _____
Landkreis _____
Gemeinde _____
Bundeswuchsgebiet _____

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

Eigentumsart

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

Fläche

ha
 gemessen
 aus Karte entnommen
 aus Unterlagen übernommen
 geschätzt

Anzahl der Individuen

gezählt über Fläche hergeleitet
 Winkelzählprobe geschätzt
 aus Unterlagen übernommen

Isoenzym- / DNA-Untersuchungen vorhanden ?

ja
 nein
 unbekannt

Zur Untersuchung vorgeschlagen ?

Bestandesbeschreibung

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

Begründungsart
 Schlüssel
 1 Naturverjüngung
 2 Kunstverjüngung
 3 unbekannt

Verjüngung

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

Anteil der Zielbaumart

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

MBA:

Vitalität

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

Beschreibung des Genobjektes:

(Besonderheiten, Schädursachen, Gefährdungen usw.)

Anteil kreuzbarer Arten

ja
 nein
 nicht erkennbar

falls ja:

Entfernung (m)
 (0 = im selben Bestand)

Bearbeitungsstand

Vorklärbearbeitung bei der Felddaufnahme
 zur Felddaufnahme vorgesehen Felddaufnahme abgeschlossen

geprüftes Genobjekt
 geprüft, **KEIN** Genobjekt

EDV ?

Winteransprache



Vitalitätstufen

0 vital

Netzartige,
gleichmäßige, dichte
Verzweigung.

Sommeransprache



gilt nicht für junge Exemplare!



1 geschwächt

Spieß- oder
flaschenbürstenartige
oder längliche
Kronenstrukturen

gilt nicht für junge Exemplare!



2 merklich geschädigt

Pinselartige
Kronenstrukturen, in
der Regel
Kronenabwölbung



3 stark geschädigt, absterbend

Absterben von
Hauptästen,
skelettartiger Habitus



4 abgestorben

Bestandesnummer: _____

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

Gesamtanzahl:

(ohne abgestorbene)