

Erfassung der genetischen Ressourcen der Schwarz-Pappel in Deutschland

Schlussbericht

des Auftrages

„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“

Aktenzeichen: 541-73.01/05BE002
Berichtszeitraum: 01.10.2005 – 12.07.2007
Laufzeit: 26.07.2005 – 27.07.2007

Bietergemeinschaft:

Landesforstanstalt Eberswalde
Staatsbetrieb Sachsenforst
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt
Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg

vertreten durch die

Landesforstanstalt Eberswalde (Auftragnehmer)
Dr. habil. Ralf Kätzel

Bearbeiter:

Dipl.-Forstingenieurin (FH) Wanda Kramer
Berichtsteil Genetische Charakterisierung: Ute Tröber

Eberswalde, 16.07.2007

Projektpartner:

Landesforstanstalt Eberswalde, FB Waldentwicklung und Monitoring,
Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde
Dr. habil. Ralf Kätzel, Wanda Kramer, Frank Becker, Dr. Sonja Löffler

Staatsbetrieb Sachsenforst, Ref. Forstgenetik / Forstpflanzenzüchtung
Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna, OT Graupa
Ute Tröber
Laborantinnen: Christine Geibel, Daniela Jähne

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abt. C – Waldgenressourcen,
Prof.-Oelker-Str. 6, 34346 Hann. Münden
Dr. Wilfried Steiner, Dr. Jörg Kleinschmit

Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Abt. Waldökologie,
Wonnhaldestraße 4, 79100 Freiburg
Manuel Karopka

Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht
Am Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf
Dr. Monika Konnert, Gerhard Huber, Michael Luckas

IDaMa GmbH
Individuelles Daten Management, Roßhaldeweg 4, 79100 Freiburg
Jürgen Kayser

Inhaltsverzeichnis

<u>1</u>	<u>Einleitung</u>	5
<u>2</u>	<u>Ziele und Aufgabenstellung des Projekts</u>	5
2.1	<u>Ablauf und Planung des Projekts</u>	6
2.1.1	<u>Erstellung einer Datenbank</u>	6
2.1.2	<u>Erfassung von Vorkommen</u>	7
2.1.3	<u>Projektbearbeitung</u>	8
2.2	<u>Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde</u>	9
<u>3</u>	<u>Material und Methoden</u>	9
3.1	<u>Projektmanagement</u>	9
3.2	<u>Erstellung der Datenbank mit GIS-Anwendung</u>	10
3.3	<u>Datenrecherche; Abfrage der Quellen; Erfassung FFH, GSG, NWR und Literaturrecherche nach Versuchsflächen</u>	10
3.4	<u>Auswertung der Quellenabfrage</u>	11
3.5	<u>Kartierung</u>	12
3.6	<u>Auswertung der Datenbank</u>	14
3.6.1	<u>Schutzstatus</u>	14
3.6.2	<u>Abundanz</u>	14
3.6.3	<u>Altersstruktur</u>	14
3.6.4	<u>Vitalität</u>	15
3.6.5	<u>Demografische Strukturen</u>	16
3.6.6	<u>Ermittlung der Erhaltungswürdigkeit nach phänotypischen Kriterien</u>	16
3.6.7	<u>Darstellung der Kerneldichte</u>	17
3.7	<u>Genetische Charakterisierung</u>	17
<u>4</u>	<u>Darstellung der wichtigsten Ergebnisse</u>	19
4.1	<u>Baumzahl und Zahl der Vorkommen sowie ihre geografische Lage</u>	20
4.2	<u>Durchschnittliche Vorkommensgröße: Fläche und Baumzahl</u>	29
4.3	<u>Alterstruktur</u>	29
4.4	<u>Vitalitätsklassen</u>	32
4.5	<u>Naturverjüngung</u>	36
4.6	<u>Eigentumsverhältnisse</u>	39
4.7	<u>Schutzstatus</u>	40
4.8	<u>Genetische Charakterisierung ausgewählter Schwarz-Pappel-Vorkommen</u> ... 41	
4.8.1	<u>Charakterisierung der genetischen Variation in den untersuchten Vorkommen</u>	43
4.8.2	<u>Die Parameter der genetischen Vielfalt</u>	49
4.8.3	<u>Relative Allel- und Genotypenhäufigkeiten</u>	50
4.8.4	<u>Artzuordnung und Introgression</u>	61
4.8.5	<u>Seltene Allele</u>	62
4.8.6	<u>Vergleich der Vorkommen und der Flusssysteme</u>	64
4.8.7	<u>Schlussfolgerungen aus den genetischen Analysen</u>	65

<u>5</u>	<u>Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse..</u>	66
5.1	Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltensdringlichkeit.....	66
5.2	Empfehlungen von Monitoringmaßnahmen	75
5.3	Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung	75
<u>6</u>	<u>Zusammenfassung</u>	77
<u>7</u>	<u>Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen</u>	79
<u>8</u>	<u>Literaturverzeichnis</u>	80
<u>Anlagen</u>	83

1 Einleitung

Der vorliegende Schlussbericht beschreibt ein Projekt zur Erfassung und Bewertung bedeutender Vorkommen der Schwarz-Pappel. Das vom 26.07.05 bis 27.07.07 durchgeführte Projekt soll einen Beitrag leisten, genetische Ressourcen von Gehölzen zu erhalten und zu fördern. Um den Gefährdungsgrad der Schwarz-Pappel in Deutschland abschätzen zu können, 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 der Schwarz-Pappel in Deutschland“ vergeben. Ziel des Projektes ist neben der Erfassung von Schwarz-Pappel-Vorkommen die Evaluierung nach den Aspekten „Erhaltungswürdigkeit“ und „Erhaltungsdringlichkeit“. Dabei gilt als ein zu erfassendes Vorkommen eine Population mit einer Mindestanzahl von fünf Individuen. Jedes Vorkommen grenzt sich vom nächsten durch einen Abstand der Individuen von mindestens 1.000 m ab. Die in den Bundesländern unterschiedlichen Informationen über Vorkommen, Zustand und Gefährdungsgrad des genetischen Potenzials der Schwarz-Pappel sollten nach einem einheitlichen Verfahren in einer zentralen Datenbank zusammengetragen werden. Die Erfassung bildet eine Grundlage für künftige Umsetzungen von Generhaltungsmaßnahmen.

Die Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.) gehört zur botanischen Familie der *Salicaceae* (Weidengewächse). Innerhalb der Gattung *Populus* werden die Sektionen *Leuce* DUBY, *Aigeiros* DUBY, *Tacamahaca* SPACH., *Leucoides* SPACH. und *Turanga* BUNGE ausgewiesen. Die Schwarz-Pappel gehört mit *Populus wislizeni* SARG., *Populus sargentii* DODE, *Populus deltoides* MARSH. und *Populus angulata* AIT. der Sektion *Aigeiros* DUBY (Schwarz-Pappeln) an. Die Standortsansprüche der Schwarz-Pappel werden in Auewäldern größerer Flüsse erfüllt. Seit über 200 Jahren werden diese fluvialen Ökosysteme in Mitteleuropa verstärkt durch menschliche Aktivitäten beeinflusst. Dazu zählen im Wesentlichen Flussbegradigungen/–vertiefungen sowie Eindeichungen. Die darauf folgenden Verluste von Struktur und Dynamik der Auewälder sind eine Ursache für den Rückgang der Schwarz-Pappel. Weitere wesentliche Verdrängungsfaktoren sind die intensive landwirtschaftliche Grünlandnutzung der Auen sowie der Anbau von ertragsfähigeren Hybridpappeln. Durch letzteres entstanden neben der neuen Konkurrenz natürliche Bastardierungen mit der europäischen Schwarz-Pappel. Im Rahmen dieses Erfassungsprojekts soll ein Gesamtüberblick der genetischen Ressourcen dieser Baumart in Deutschland gegeben werden.

2 Ziele und Aufgabenstellung des Projekts

Die Zielstellung des Projekts ist die Erfassung, die Charakterisierung und die Dokumentation der genetischen Ressourcen der Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.) über alle Wuchsgebiete der Bundesrepublik Deutschland sowie die Evaluierung nach den Aspekten „Erhaltungswürdigkeit“ und „Erhaltungsdringlichkeit“.

2.1 Ablauf und Planung des Projekts

Für das Projekt wurde folgender Leistungsumfang vorgegeben:

1. Erhebung von Informationen über Vorkommen aus den Quellen der Forstlichen Versuchsanstalten
2. Erstellung einer Datenbank mit GIS-Anwendung
3. Terrestrische Erfassung und Charakterisierung der Vorkommen nach Erhaltungswürdigkeit und Erhaltungsdringlichkeit
4. Biochemisch-genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen mit dem Ziel:
 - A) die Artzugehörigkeit zu überprüfen
 - B) die genetische Variation von Populationen zu erfassen
5. Zusammenfassende Bewertung aller Informationen zum Vorkommen und zur Gefährdung der Baumart in der BRD
6. Ableitung von Empfehlungen zur Erhaltungswürdigkeit von Vorkommen und der Dringlichkeit der Maßnahmen aus Bundessicht mit regionalen Schwerpunkten

2.1.1 Erstellung einer Datenbank

Zur Dokumentation der Erhebungsdaten sollte eine Datenbank mit GIS-Anwendung nach den folgenden Kriterien erstellt werden.

Übersicht:

- Datenmodellerstellung, konzeptionelles Strukturdiagramm zu den geforderten Parametern
- Datenstruktur in MS-Access2000 (relational 3. Normalform)
- Datenbankfrontends für die Aufnahmetrupps (Eingabe, Korrektur, Plausibilität, Schulung)
- Datenbankfrontend für die Koordinationsstelle (Import/Exportschnittstellen, Auswertungen Zwischen- und Abschlußberichte, GIS-Schnittstelle, Geodatenhaltung, Betreuung)
- Zum Abschluss dokumentierte, mit dem IBV abgesprochene, Datenstruktur im gewünschten Format (Access, SQL-Server, PostgreSQL) mit dem Gesamtdatenbestand (relational in Dritter Normalform)

Die Datenbank sollte universell für verschiedene Baum-/Pflanzenarten einsetzbar sein.

Teilaufgabe 1: Datenstrukturerstellung und Datenerfassung der bisher ausgewiesenen Schwarz-Pappel-Vorkommen der Bundesländer

- Erfassung / Migration digitaler Datenbestände in einem einheitlichen Format
- Georeferenzierung vorhandener Objekte, die noch nicht korrekt georeferenziert sind
- Vorerfassung potenzieller Vorkommen zur Steuerung der Geländeaufnahmen

Teilaufgabe 2: Erstellung von Erfassungstools für die Feldaufnahmen und der Datenbank für die Zentrale

- Ersterfassung der Sachdaten der terrestrischen Erhebungen (Standortsinformation, Nachbarschaftsverhältnisse, Artdetermination, Populationsgröße, Isoenzymdaten)
- Erstellung eines Datenbankfrontends für die Außenaufnahmetrupps: Eingabemaske, Korrekturmaske, Pflichteingaben, Plausibilitätsprüfungen, Datenaustausch via Mail, Import-/Exportfunktionen, Auswertungen, GIS-Kopplung, Berichterstellung

- Dokumentation der Geodatenerhebung
- Zusammenführen der bundesweiten Geodaten, Plausibilitätsprüfungen; Auswertungen im Zusammenspiel mit der Datenbank
- Schulung, Beratung der Aufnahmetrupps
- Qualitätssicherung

Teilaufgabe 3: Testläufe, Dokumentation und Auswertebereiche

- Erstellung der Datenbankdokumentation
- Testläufe gemeinsam mit ZADI gem. Ausschreibung
- Zwischenauswertungen, Koordination der Feldaufnahmen und Evaluierungen

2.1.2 Erfassung von Vorkommen

Die Recherche der bis zum Projektbeginn nicht erfassten Vorkommen sollte nach folgenden Kriterien erfolgen:

- Erfassung aller potenziellen Weichholzaunenstandorte an den großen und mittelgroßen Fließgewässern nach Standorts- und Gewässerkarten in den Bundesländern
- Datenbankabfrage aller gemeldeten FFH-Gebiete nach den Lebensraumtypen LRT 91E0 (Auenwälder mit *Alnus glutinosa* und *Fraxinus excelsior* (*Alno-Padion*, *Alnion incanae*, *Salicion albae*)) sowie in Ausnahmefällen LRT 91F0 (Hartholzaunenwälder mit *Quercus robur*, *Ulmus laevis*, *Ulmus minor*, *Fraxinus excelsior* oder *Fraxinus angustifolia* (*Ulmenion minoris*))
- Datenbankabfrage von Schwarz-Pappelvorkommen aus der Bundeswaldinventur (BWI 2)
- Datenbankabfrage der Waldbiotopkartierung der Bundesländer (z. B. Biotopcode 08120 Pappel-Weiden-Weichholz-Auenwälder)
- Abfrage der Großschutzgebiete
- Abfrage der Versuchsflächendatenbanken der Bundesländer
- Internetrecherche über die forstliche Fachliteratur zu Untersuchungen an Schwarz-Pappel-Vorkommen in Deutschland (einschließlich „graue Literatur“, Berichte)

2.1.3 Projektbearbeitung

Folgende Arbeitsschritte waren für die Projektbearbeitung geplant:

Tab. 2.1.1: Geplante Arbeitsschritte des Teilloses Schwarz-Pappel

Jahr	2005		2006				2007	
	III	IV	I	II	III	IV	I	II
Arbeitsleistung								
Projektmanagement/ Start	B1 – B4							
Erstellung der Datenbank mit GIS	B4 (UA)	B4 (UA)	B4 (UA)	B4 (UA)	B4 (UA)	B4 (UA)	B4 (UA)	
Testlauf IBV	B4 (UA)		B4 (UA)	B4 (UA)				
Datenbankdokumen- tation						B4 (UA)	B4 (UA)	B4 (UA)
Übernahme der bereits erfassten GO der Länder	B1, B4	B1, B4						
Abfrage der Quellen	B1	B1						
Erfassung FFH, GSG, NWR	B1	B1	B1					
Literaturrecherche Versuchsflächen			B1	B1				
Auswertung der Quellenabfrage		B1-4	B1-4	B1-4				
Vorort- Charakterisierung (Phänotyp)				B1 – B4	B1 – B4	B1 – B4		
Charakterisierung Genotyp						B2	B2	B2
Bewertung der Vorkommen						B1 – B4	B1 – B4	B1 – B4
Projektberatungen	B1 – B4	B1 – B4	B1 – B4	B1 – B4	B1 – B4	B1 – B4	B1 – B4	B1 – B4
Abstimmungen mit Projektteam Ulme	B1		B1	B1			B1	
Berichterstellung			B1-B4	B1			B1-B4	B1
mdl. Berichterstattung BLAG		B1			B1			B1

GO=Generhaltungsobjekt=Vorkommen

UA= Unterauftrag an Dritte

B1 Landesforstanstalt Eberswalde

B2 Staatsbetrieb Sachsenforst

B3 Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt

B4 Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg

2.2 Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

Zu Beginn des Projektes bestand keine Datenbank, die den Anforderungen an die Datenstrukturen erfüllte.

3 Material und Methoden

3.1 Projektmanagement

Aufgrund analoger Zielstellungen und der Verwendung einheitlicher Methoden (Kartieranleitung, Datenbank) wurde zwischen den Bietergemeinschaften des Projekts zur Erfassung der Schwarz-Pappel (Los 1) und der Erfassung der Ulmenarten (Los 2) ein Kooperationsvertrag geschlossen, der die Grundlagen für die gemeinsame Bearbeitung beider Projekte darstellt. Somit haben sich die Forstlichen Versuchsanstalten der Bundesländer Brandenburg (UL, SPA), Sachsen (UL, SPA), Thüringen (UL), Mecklenburg-Vorpommern (UL), Niedersachsen (SPA) und Baden-Württemberg (SPA) zu einem Projektverbund zusammengeschlossen. Für die Koordination des Projekts ist die brandenburgische Landesforstanstalt Eberswalde verantwortlich.

Ziel der Kooperation ist die gemeinsame Kartierung aller vier Baumarten. Dabei liegt in einer abgegrenzten Region die Kartierung in der Verantwortung jeweils eines Bieters (Projektpartner).

Nach der Zuschlagserteilung wurden im Berichtszeitraum mehrere Koordinierungsberatungen im BMELV sowie eine Arbeitsberatung zur Verabschiedung der Kartieranleitung (Anlage 1) und eine Kartiererschulung durchgeführt. In der Kartiererschulung wurden u. a. die Kartieranleitung mit Erfassungsbogen, die Datenbank mit Eingabemaske sowie die morphologische Ansprache der Baumarten theoretisch und praktisch für die Kartierung zuständigen Personen erläutert.

Für das Projekt Schwarz-Pappel wurde im Dezember 2005 ein Sachbearbeiter eingestellt.

Da in Bayern ein eigenes Projekt zur Erfassung der Schwarz-Pappel durchgeführt wird, ist die Kartierung dort noch nicht abgeschlossen und wird gegenwärtig fortgesetzt. Die geprüften Daten zur Schwarz-Pappel aus Bayern werden nach Abschluss der Erfassungen (wahrscheinlich 2008) gesammelt in den Gesamtdatenbestand eingeführt. Dazu wurde eine Vereinbarung zwischen dem Bayerischen Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP), Teisendorf und der Landesforstanstalt abgeschlossen (Anlage 6).

Schwarz-Pappel-Erfassung in Bayern

Bayern hat mit der Schwarz-Pappel-Kartierung im Herbst 2006 begonnen und wird sie bis voraussichtlich Ende 2008 beenden. Bisher wurden ca. 6.000 Schwarz-Pappeln gefunden. Schwerpunkte der bisherigen Aufnahmen lagen im südlichen Bayern und hier v. a. im Südosten an den Flüssen Inn, Salzach, Alz (einschl. Chiemsee) und Rott sowie der Isar. An der Donau sind bisher nur einige wenige Bereiche systematisch begangen worden, der Abschnitt zwischen Regensburg und Ulm noch gar nicht. Hier werden noch größere Vorkommen vermutet. Im nördlichen Bayern am Main und seinen Nebenflüssen sind bisher nur einzelne Schwarz-Pappeln bekannt. Eine intensivere Untersuchung des Gebietes ist ab Herbst 2007 geplant.

Insgesamt ist die Schwarz-Pappel in Bayern derzeit nicht akut gefährdet, anders sieht es jedoch an bestimmten Flusssystemen wie z. B. der Salzach oder einzelnen Flussabschnitten der größeren Flüsse aus. Betrachtet man die Verjüngungstendenz, so muss festgestellt werden, dass nur an wenigen Standorten natürliche Verjüngung vorkommt. Durch die vielerorts fehlende Flussdynamik gibt es kaum noch Bereiche, wo sich die Schwarz-Pappel erfolgreich ansamen und verjüngen kann. Der Schwarz-Pappel-Bestand wird sich somit in Bayern weiter rückläufig entwickeln, v. a. Kleinvorkommen mit 5 bis 20 Bäumen werden nach und nach aus den Auwäldern verschwinden. Positiv ist festzuhalten, dass Bayern nach derzeitigem Kenntnisstand v. a. im südöstlichen Bereich an Inn und Isar sowie am Chiemsee über große und erhaltungswürdige Schwarz-Pappel-Bestände verfügt, die bisher nicht bekannt waren. Sie sind besonders für die langfristige Generhaltung geeignet und sollten als Zulassungsbestände gemäß FoVG ausgewiesen werden.

Bayern wird nach Abschluss der Kartierung die Daten an das zentrale Schwarz-Pappel-Register (Datenbank) der BLE übergeben. Ziel der weiteren Anstrengungen in Bayern wird es sein, ein Erhaltungskonzept für die Schwarz-Pappel zusammen mit anderen Behörden z. B. der Wasserwirtschaft zu entwickeln und umzusetzen.

3.2 Erstellung der Datenbank mit GIS-Anwendung

Die Dokumentation der Daten erfolgte mittels einer MS-Access2000 Datenbank. Zur Datenbankerstellung wurde die Firma IDaMa GmbH, Herr Jürgen Kayser, beauftragt. Mit Beginn des 2. Quartals 2006 wurde die Datenbank (Version 1) sowie eine Eingabemaske für die Felddaten erfasst, die mit der Kartieranleitung sowie dem Erfassungsbogen abgestimmt war. Der Datenbankfrontend für die Aufnahmetrupps wurde in Form einer Schulung praktisch erläutert. Während des Projektes wurden mehrere Zwischenstände an die Koordinationsstelle (LFE) übermittelt. Die Anwendung bestand aus 2 MS-Access2000 Datenbankdateien. Dabei besaß die Datei FGR.mdb als Datenbankfrontend die Funktionen zur Dateneingabe, Plausibilitätsprüfung und Berichtsausgabe. Die zu synchronisierende zweite Datenbankdatei FGDxx_d.mdb beinhaltete die Daten zu den Vorkommen. Sie war je Aufnahmetrupp spezifisch und wurde mit der Koordinationsstelle ausgetauscht.

Eine Datenbankdokumentation wurde erstellt und dem Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV) übergeben, ebenso wurde ein Datenbanktestlauf mit aktuellen Daten beim IBV durchgeführt.

3.3 Datenrecherche; Abfrage der Quellen; Erfassung FFH, GSG, NWR und Literaturrecherche nach Versuchsflächen

Neben den forstlichen Versuchsanstalten wurden weitere Quellen wie staatliche Forstbetriebe (Forstamtsumfragen, Forsteinrichtung, Betriebsinventur, BWI, DSW), Naturschutzbehörden (Biotopkartierung, Großschutzgebiete, FFH-Gebiete), Umweltbehörden, Naturschutzverbände, Botanische Vereine, Bundeswaldinventur, Forstsaatgutstellen sowie Privatwaldbesitzer (Forstbetriebsgemeinschaften, Privatwaldbesitzerverbände), Literatur/Internetquellen und Planungsbüros abgefragt. Zur Datenübergabe wurden mit einzelnen Bundesländern gesonderte Datennutzungsvereinbarungen abgeschlossen.

Um Mehrfachnennungen zu vermeiden, wurden alle Daten gleicher Bundesländer untereinander abgeglichen. Dies war insbesondere für Daten der Schutzgebietskategorien (FFH, GSG, NWR) notwendig, soweit dies nicht schon durch die jeweiligen forstlichen Versuchsanstalten erfolgt war.

Die Recherchen in den FFH-Naturschutzdatenbanken waren zumeist wenig effizient, da z. B. für FFH-Gebiete nur Angaben zu möglichen Arten in den Anhängen der FFH-Richtlinie vorliegen. Die Angaben zu den FFH-Gebieten erfassen zwar oft Fundorte der gesuchten Art, sind aber räumlich sehr weitläufig und nicht an das Vorhandensein der Schwarz-Pappel gebunden. Die Biotopkartierung untersetzt vielfach diese Bereiche genauer. Somit war die Biotopkartierung, sofern sie aktuell vorlag, eine wesentlich ergiebigere Datenquelle für diese Flächen. Biotopkartierungen decken ebenso meist auch die Bereiche von Großschutzgebieten und Naturwaldreservaten ab, so dass diese nicht immer gesondert abgefragt werden mussten.

Mit den Recherchen im Datenspeicher Wald (DSW) und den Betriebsinventuren verhielt es sich ebenso schwierig. In diesen Datenbanken trat zwar oft die Bezeichnung Schwarz-Pappel auf, jedoch wurde damit der Schwarz-Pappel-Hybrid gemeint.

Viele der recherchierten Daten waren nach Eigentumsarten klassifiziert, jedoch wurde beim Privatwald der Eigentümer aus Datenschutzgründen häufig nicht angegeben. Da einige Bundesländer Vorkommen im Privateigentum nicht erfassten, wurde dort (z. B. Bayern, Sachsen-Anhalt) nach diesen Vorkommen gesondert abgefragt.

Die Daten der Bundesforsten wurden erst einige Zeit nach Beginn der Erfassungen geliefert, so dass sie nicht mehr in die Aufteilung der zu erfassenden Vorkommen mit einbezogen werden konnten.

Durch die Landesforstanstalt Eberswalde wurden alle eingegangenen Daten zu Generhaltungsobjekten auf die Eignung als Vorkommen entsprechend der Kartieranleitung überprüft und klassifiziert.

Es wurden zusätzlich umfangreiche Literaturrecherchen in Bibliotheken sowie im Internet durchgeführt. Die Ergebnisse bestätigten meist die schon vorliegenden Daten. Zur Recherche nach Hinweisen auf Vorkommen waren Publikationen, z. B. in den Zeitschriften „Die Holzzucht“ oder „AFZ/Der Wald“ sowie Diplomarbeiten und das Internet nützlich.

3.4 Auswertung der Quellenabfrage

Die Daten der Vorkommen lagen in den Bundesländern in unterschiedlichem Umfang und Qualität vor. Die Vorkommen mussten nach den, durch das BLE-Projekt definierten, Vorkommenskriterien klassifiziert werden. Dies machte eine räumliche Darstellung mit dem Geografischen Informationssystem (GIS) (*ArcView 3.3*) notwendig, um insbesondere die Kriterien ≥ 5 Bäume und max. Baumabstand von 1.000 m einhalten zu können.

Alle gesammelten Daten aus den Bundesländern wurden, soweit sie mit Koordinaten versehen waren, im GIS dargestellt. Aufgrund von oftmals verschiedenen geografischen Bezugssystemen wurde für jedes Bundesland ein eigenes View erstellt.

Falls die Datensätze Angaben zur Größe der Vorkommen enthielten, wurden sie nach ihrer Größe klassifiziert und durch verschieden große Symbole dargestellt. Durch die Bildung von Puffern wurden Vorkommen gebildet, bei denen das zweite wichtige Kriterium Baumabstand max. 1.000 m erfüllt war. Die Auswahl der Vorkommen, vor allem die Vorkommensangaben

ohne Baumzahl, erfolgte unter anderem unter Berücksichtigung der Datenqualität in Bezug auf Genauigkeit der Ortsangabe und Alter der Daten.

Das Rankingverfahren der Vorkommen im GIS ArcView wurde wie folgt vorgenommen:

1. Darstellung aller gesammelten Daten in einem View nach Abschluss der Datensammlung
2. Auswahl der Daten unter Berücksichtigung der Datenqualität in Bezug auf Genauigkeit der Ortsangabe, Angaben zur Anzahl der Bäume und Alter der Daten. Bildung von Puffern mit 500 Meter Radius um den notwendigen räumlichen Bezug der Punkte als Vorkommen zu prüfen.
3. Manuelles Auszählen der kartierungswürdigen Vorkommen
4. Bundesweiter Vergleich der Daten je Bundesland in einer Tabelle. Entscheidung, welche Daten in welchem Umfang als Vorkommen ausgewählt werden sollen.
5. Darstellung der ausgewählten Datensätze in einem neuen shape, anschließend Bildung eines neuen Puffers.
6. Auftrennung des Puffers durch „*x tools: convert multipart shape into single Part*“. Jeder Puffer entsprach einem Vorkommen, das eine Arbeitsnummer für das Bundesland erhielt. Zuweisung der Nummer in die Thementabelle in einer neuen Spalte „*autonummer*“ durch Anwendung eines Skriptes.
7. Übertragung der Nummer des Vorkommens in die Tabelle der Fundpunkte durch „*Punkt in Polygon Analyse*“.

Die Methode erwies sich für die Auswahl der Vorkommen je Bundesland als ideal. Vorkommen, für die keine Koordinaten vorlagen, wurden ebenfalls bei entsprechender Eignung berücksichtigt und gesondert dokumentiert.

3.5 Kartierung

Auf der Grundlage der Rechercheergebnisse wurden Kartierregionen und regionale Verantwortlichkeiten für jeden Bieter festgelegt. Sofern die Kartierung der Vorkommen nicht mit eigenem Personal, wie in Brandenburg, Sachsen, Mecklenburg-Vorpommern, durchgeführt wurde, wurden zwischen der zuständigen Versuchsanstalt der Bietergemeinschaft und den Kartierfirmen Werkverträge abgeschlossen.

Im ersten Quartal 2006 wurden durch die betroffenen Bieter Werkverträge zur Kartierung der Vorkommen über Ausschreibungen vergeben.

Die Kartierung beinhaltete die Erfassung des genauen Standpunktes sowie verschiedener Parameter. Sie erfolgte durch Bereisung für Vor-Ort-Aufnahmen, in Ausnahmefällen durch die örtlichen Forstämter. Am 6./7. April 2006 erfolgte in Eberswalde eine Schulung für alle am Projekt beteiligten Kartierer. Hierzu wurden den Kartierern neben der Kartieranleitung (war bereits Grundlage der Ausschreibungen), die Datenbank sowie die vorrecherchierten Vorkommen für die jeweilige Kartierregion übergeben. In der Kartiererschulung wurden u. a. die Kartieranleitung mit Erfassungsbogen, die Datenbank mit Eingabemaske sowie die morphologische Ansprache der Baumart theoretisch und praktisch erläutert. Anschließend begann die Kartierung in allen Bundesländern (außer Bayern, Kap. 3.1). Zwischen den Kartierern, den verantwortlichen Versuchsanstalten und der Koordinierungsstelle in Eberswalde bestand stets ein enger Kontakt zur Klärung von Detailfragen.

Für die Durchführung der Erfassungen in Brandenburg und Berlin durch den Projektmitarbeiter an der LFE wurde eine Lizenz für die GIS Programme *Arc Gis 9* und *Arc Pad 7* erworben. Um die Koordinaten im Feld zu erfassen, wurde ein Personal Digital Assistant (PDA) (*Dell Axim x 51v*) mit einer externen GPS-Maus (*Holux GPS Slim 236*) erworben. Die Lage der Vorkommen und die Position des Kartierers im Feld konnte auf dem PDA in Kombination mit *Arc Pad* und dem GPS auf einem Luftbild visualisiert werden, was eine sehr präzise Kartierung ermöglichte. Die Vor-Ort-Erfassungen erfolgen von Mai bis Oktober im belaubten Zustand. Durch ein bis mehrtägige Dienstreisen wurden die ausgewiesenen Vorkommen sukzessive nacheinander angefahren und entsprechend der Kartieranleitung erfasst.

Die Vorkommen wurden nach den folgenden Kriterien gemäß Leistungsbeschreibung der Ausschreibung zum Projekt charakterisiert:

1	Baumart	botanische Bezeichnung
2	Lage	Bundesland, Forstamt, Katasterbezeichnung, Koordinaten
3	Schutzstatus	NSG, Biosphärenreservat, FFH-Gebiete, etc.
4	Eigentümer	Name, Adresse
5	Anzahl	ggf. geschätzt
6	Fläche	Baumartenanteilsfläche in ha, ggf. geschätzt
7	Alter	Begründungsjahr, ggf. geschätzt
8	Begründungsart	Pflanzung, Naturverjüngung, Stockausschlag, Wurzelbrut, unbekannt
9	Gesundheitszustand (Vitalität)	Schadstufen 0-4 der Waldschadenserhebung, ggf. auffälliger Befall mit Schaderregern oder sonstige Schäden
10	Sonstige Angaben	Besonderheiten

Im Vordergrund stand die Überprüfung folgender Kriterien:

- Artzuordnung
- Populationsgröße (Fläche und Individuen) und Altersstruktur (ggf. Verjüngung)
- Vitalität
- Hinweise zur Begründungsart

Es wurde ein Koordinatenpunkt des Vorkommens aufgenommen und eine Lageskizze mit Ausdehnung des Vorkommens sowie eventueller Teilbereiche angefertigt. Die Gesamtbaumzahl wurde erfasst und zusätzlich anhand einer Zählhilfe nach Durchmesser- und Vitalitätsstufen in Prozent aufgetrennt.

Zur Einschätzung der Altersstruktur wurden die Bäume zu den drei Durchmesserstufen < 7 cm; 7-20 cm und >20 cm zugeordnet. Die Bonitierung der Vitalität der Bäume erfolgte nach den Stufen 0 (vital), 1 (geschwächt), 2 (merklich geschädigt) und 3 (absterbend) (Kartieranleitung Anlage 1). Erhaltenswürdige Vorkommen, die bis zum Kartierungszeitpunkt unbekannt waren, wurden ebenfalls aufgenommen. So konnte die Anzahl der Vorkommen in einigen Bundesländern gesteigert werden. Für jedes Vorkommen wurde ein Erfassungsbogen (Anlage 2) in Papierform mit der Lageskizze ausgefüllt, bevor die Daten in die Datenbank eingegeben wurden.

Die erhobenen Daten wurden so dokumentiert, dass sie für die darauf folgenden bundesweiten Auswertungen zur Verfügung stehen konnten. Zu diesem Zweck wurde eine

Datenbank erstellt. Die ausgefüllten Erfassungsbögen wurden nach Abschluss des Projektes an die BLE übergeben. Zusätzlich verbleiben Kopien der Bögen in den jeweiligen Versuchsanstalten.

3.6 Auswertung der Datenbank

Die Kartiererdatenbanken wurden von der Firma IDaMa GmbH mehrfach auf Plausibilität und Koordinatenfehler geprüft und zu einer Gesamtdatenbank in Access zusammengefügt. In dieser Gesamtdatenbank konnten nun die Abfragen für die verschiedenen Auswertungen formuliert werden (Anlage 7 und 8).

3.6.1 Schutzstatus

Zur Recherche des aktuellen Schutzstatus wurden shape-Dateien zu allen bundesweiten Schutzgebietskategorien vom Bundesamt für Naturschutz geliefert. Über eine lagebezogene Verschneidung im GIS wurden so zu jedem Vorkommen die Angaben zum Schutzstatus zugeordnet.

3.6.2 Abundanz

Die einzelnen Vorkommen wurden nach ihrer Gesamtbaumzahl den folgenden Abundanzklassen zugeordnet. Die Spalte „AB_Klasse“ entstand in der „Vorkommenstabelle“ der Datenbank.

Tab. 3.6.1: Abundanzklassen

Stufe	Individuenzahl
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

3.6.3 Altersstruktur

Da das Alter von Bäumen nicht ohne weiteres zu bestimmen ist, wurde zur Veranschaulichung der Altersstruktur die Durchmesserverteilung ermittelt. Um die Durchmesserstruktur der Vorkommen zu bewerten, wurde ein eigenes Bewertungsschema geschaffen (Tab. 3.6.2). Als ideale Durchmesserstruktur eines Vorkommens wurde eine pyramidale Verteilung mit einer starken Verjüngungsstufe angenommen. Je größer die

Abweichung von dieser ist, desto ungünstiger wurde das Vorkommen bewertet. Es wurde das folgende fünfstufiges Schema erstellt, um die „Alterstrukturqualitätsklasse“ zu bilden:

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

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

Für die Auswertung der Datenbank hinsichtlich Altersstrukturqualität wurde eine Eingabemaske geschaffen, in welcher man die einzelnen fünf Klassen definieren kann (Abb. 3.6.1). Die Ergebnisse werden sofort als Tabelle dargestellt. Zu jedem Vorkommen wurde die Klassenbezeichnung (1 bis 5) in eine neue Spalte der Vorkommenstabelle der Datenbank eingetragen.

Art Vorgabe: **Populus nigra** Tabelle GENOBJEKT_DURCH_VITALITAET_Temp aktualisieren
letzte Aktualisierung: 15.03.2007

Mindestprozentanteile

Qualitätsklasse	1 < 7cm	1 + 2 < 20cm	2 7- 20 cm	2 + 3 >=7 cm	3 >20 cm	Naturverjüngung ja/nein	Bemerkung:
1 sehr gut	>= 10 %	>= %	>= 20 %	>= %	>= 20 %	k.E.	
2 gut	>= 5 %	>= %	>= 10 %	>= %	>= 15 %	k.E.	
3 mittel	>= 5 %	>= %	>= 5 %	>= %	>= 0 %	k.E.	
4 schlecht	>= 0 %	>= 1 %	>= 0 %	>= %	>= 0 %	k.E.	
5 sehr schlecht	>= 0 %	>= 0 %	>= 0 %	>= %	>= 0 %	k.E.	3=100% da sonst Klasse 3 odk
*	>= %	>= %	>= %	>= %	>= %		

Abb.: 3.6.1: Screenshot der Eingabemaske zu den Alterstrukturqualitätsklassen aus der Datenbank

3.6.4 Vitalität

Die Vitalität ist der entscheidende Parameter zur Einschätzung des aktuellen Gesundheitszustandes der Vorkommen. Sie wurde für jede der drei Durchmesserstufen getrennt erfasst, um den Zustand einer Population differenziert nach dem Alter der Bäume bewerten zu können.

Zur Vergleichbarkeit der Vorkommen untereinander wurde die durchschnittliche Vitalität des einzelnen Vorkommens berechnet. Dazu war es zunächst notwendig, pro Vorkommen die durchschnittliche Vitalität jeder Durchmesserstufe zu errechnen. Hieraus wurde die durchschnittliche Vitalität des gesamten Vorkommens in Abhängigkeit der prozentualen Durchmesseranteile berechnet. Als Ergebnis wurde ein Durchschnittswert je Vorkommen in die neue Spalte „Vitalitaet“ in der Vorkommenstabelle der Datenbank eingetragen.

3.6.5 Demografische Strukturen

Zur grafischen Veranschaulichung der Alterstrukturen, die die Schwarz-Pappel-Vorkommen in Deutschland kennzeichnen, wurden Altersstrukturpyramiden erstellt. Die Darstellung erfolgte mit Excel. Zuvor war es notwendig, alle Vorkommen nach ihren Durchmesser- Prozentanteilen zu sortieren und zu ähnlichen Strukturen zusammenzufassen. Dies geschah mit dem Programm SPSS, mit dem Menü Analysieren. Dort wurde dann die Funktion zur Erstellung von „hierarchischen Clustern“ verwendet.

3.6.6 Ermittlung der Erhaltungswürdigkeit nach phänotypischen Kriterien

Über die Erhaltungswürdigkeit entscheiden die Populationsgröße, die Vitalität, die Verjüngungsfreudigkeit und ggf. die genetische Vielfalt. Aus den hier vorliegenden drei neu generierten Werten für Abundanz, Durchmesserstruktur und Vitalität wurde nun ein Wert zur Zuordnung der Erhaltungswürdigkeit der Vorkommen abgeleitet. Der Begriff Erhaltungsfähigkeit untersetzt die Beschreibung der Erhaltungswürdigkeit (siehe Kap. 5.1). Bei der Auswertung der Datenbank wurde jedes Vorkommen in eine Bewertung von sehr gut (1), gut (2), geschwächt (3), bedroht (4) bis absterbend (5) eingeteilt. Für die Einteilung in eine der entsprechenden Stufen lagen folgende Kriterien zugrunde:

Tabelle 3.6.3: Gesamtbewertung der Vorkommen

Gesamtbewertung	Abundanzklasse	Durchmesserstruktur- Qualitätsklasse	Durchschnittliche Vitalität
sehr gut (1)	≥ 7	≤ 1	< 1
gut (2)	≥ 6	≤ 2	$\leq 1 - 1,2$
geschwächt (3)	≥ 5	≤ 3	$\leq 1,5 - 2$
bedroht (4)	-	≤ 4	$\leq 2 - 2,3$
absterbend (5)	-	-	$\leq 2,3$

Die Datenbank verfügt, wie bei der Auswertung der Alterstrukturqualitätsklassen, zur Gesamtbewertung über eine Abfrage mit Eingabemaske (Abb. 3.6.2). Eine individuelle Anpassung der Parameter war somit möglich.



Abb. 3.6.2: Screenshot der Eingabemaske zur Gesamtbewertung aus der Datenbank

Als Ergebnis wurden die Bewertungsbezeichnungen als Wert zwischen 1 und 5 in eine neue Spalte in die Datenbank eingetragen.

Folgende Übersicht zeigt eine Möglichkeit zur Klassifizierung der erhaltungswürdigen Vorkommen nach der Erhaltungsfähigkeit:

Kombination Abundanz/ AQK		Durchschn. Vitalität			
		0	1	2	3
6	1-2	Erhaltungsfähigkeit "gut"			
7	1-2				
8	1-2				
9	1-2				
10	1-2				
7	1	Erhaltungsfähigkeit "sehr gut"			
8	1				
9	1				
10	1				

AQK=Altersstrukturqualitätsklasse

Abb. 3.6.3: Darstellung zur Klassifizierung in Erhaltungsfähigkeit

3.6.7 Darstellung der Kerneldichte

Zur Visualisierung von Konzentrationen von Vorkommen sowie der Darstellung der Isolation wurde mittels GIS und der Erweiterung *Spatial Analyst (Arc Gis 9.1)* die Kerneldichte berechnet. Das Konzept funktioniert wie folgt: Eine glatte gekrümmte Oberfläche wird über jeden Punkt des Punkt-shapes der Vorkommen angebracht. Der Oberflächenwert ist an der Punktposition am größten und nimmt innerhalb des Suchradius mit zunehmendem Abstand zum Punkt bis hin zum Wert Null ab. Als Radius wurden 15 km gewählt.

Das Volumen unter der Oberfläche entspricht dem Wert des Bevölkerungsfeldes für den Punkt. Die Dichte jeder Ausgabe-Raster-Zelle wird berechnet, indem die Werte aller Kerneloberflächen, die den Mittelpunkt der Raster-Zelle überlagern, addiert werden. Es wurden zwei verschiedene Auswertungsvarianten vorgenommen. Zum einen wurden alle Vorkommen unabhängig ihrer Baumzahl gleich gewichtet. Das Volumen unter der Oberfläche entspricht bei der Berechnung dann dem Wert 1.

Bei der zweiten Berechnung wurde die Baumzahl der Vorkommen berücksichtigt. Sie bestimmt die Zählzahl des Punktes bei der Berechnung.

3.7 Genetische Charakterisierung

Die Isoenzymanalysen werden hauptsächlich mit dem Ziel durchgeführt, die genetische Variation der Art im Untersuchungsgebiet zu beschreiben und eventuelle regionale Unterschiede in den genetischen Strukturen zu erfassen. Gleichzeitig bieten sie eine Möglichkeit, die Artzuordnung von Individuen bzw. die Artreinheit von Populationen zu prüfen.

Aus dem Pool der kartierten Vorkommen wurde eine Auswahl von Vorkommen mit über 50 Individuen für biochemisch-genetische Analysen getroffen. Der Stichprobenumfang der untersuchten Populationen sollte 50 Individuen nicht unterschreiten, um populationsgenetische Auswertungen zu ermöglichen. Die Auswahl der zu untersuchenden Populationen erfolgte im Herbst 2006, nachdem die Kartierung weitgehend abgeschlossen war, so dass ein Überblick über die Lage, die Struktur und den Zustand der größeren Vorkommen existierte.

Zur biochemisch-genetischen Charakterisierung wurden Isoenzymanalysen auf der Grundlage der Stärkegelelektrophorese durchgeführt. Als Untersuchungsmaterial diente Meristemgewebe aus vegetativen Knospen in Winterruhe, die im Herbst und Winter 2006/2007 gewonnen wurden. Wenige Vorkommen wurden bereits 2005/2006 beprobt. Die Probenahme wurde nach einer einheitlichen Arbeitsanleitung in Verantwortung der für die Kartierung zuständigen Bundesländer organisiert. Im Labor des Staatsbetriebes Sachsenforst Graupa (nachfolgend SBS) wurden die Proben bei -80°C eingelagert und danach analysiert. Die Extraktion und Anfärbung der Isoenzyme erfolgten nach KONNERT (1995), für die Auftrennung wurden die Trennsysteme Tris-Versene-Borat, Poulik und Tris-Citro (Anlage 3) verwendet. In die Analysen wurden 6 Enzymsysteme mit insgesamt 8 Genorten einbezogen (Tab. 3.7.1).

Tab. 3.7.1: Übersicht über die zu untersuchenden Enzymgenorte

Abkürzung	Bezeichnung	Nomenklatur-Nr.	Analysierte Genorte
AAT (=GOT)	Aspartataminotransferase	EC 2.6.1.1	A, B
IDH	Isocitratdehydrogenase	EC 1.1.1.42	A
LAP	Leucinaminopeptidase	EC 3.4.11.1	A
MDH	Malatdehydrogenase	EC 1.1.1.37	A, D
PGM	Phosphoglucomutase	EC 2.7.5.1	A
PGI	Phosphoglucoseisomerase	EC 5.3.1.9	B

Die Isoenzymgenorte LAP-A, AAT-B, PGM-A und PGI-B bieten auch die Möglichkeit, *Populus nigra* L. und *Populus deltoides* Marsh. sowie ihre Hybriden *P. x euramericana* [Dode] GUINIER zu unterscheiden (JANSEN 1997, 1998) und damit die Artzuordnung von Individuen bzw. die Artreinheit von Populationen zu prüfen. Für die anderen untersuchten Genorte wurde die Variation von RAJORA (1989) sowie im Rahmen des internationalen Projektes EUROPOP (GEBHARDT, pers. Mitteilung) beschrieben. Da die dort verwendete Nomenklatur allerdings mehrere Arten und Arthybriden umfasste, wurden in der vorliegenden Arbeit eigene Bezeichnungen der Allele und Genotypen verwendet (siehe Anlage 4).

Die Daten der Individuen wurden zunächst innerhalb der Vorkommen im Hinblick auf Artzugehörigkeit, eventuelle Klonstrukturen und Parameter der genetischen Vielfalt (HATTEMER et al. 1993) ausgewertet. Soweit es der Stichprobenumfang und die Struktur der Vorkommen zuließen, wurden weitere populationsgenetische Parameter ermittelt. Dazu kam das Programm GSED (GILLET 2002) zur Anwendung. Aus den letzten Jahren sind eine Reihe von Untersuchungen bekannt, die genetische Strukturen von Schwarz-Pappel-Populationen basierend auf Isoenzym-Genmarkern beschreiben (z. B. VAN DAM et al. 2002, KRAMER 2004, ABEL 2007). Aus dem Vergleich von Vorkommen, die im Rahmen des Projektes analysiert wurden und von Ergebnissen aus der Literatur; sollen Erkenntnisse über die großräumige genetische Variation der Art gewonnen werden. Durch teilweise

Unterschiede in den untersuchten Genorten und in der Genotypenansprache war das aber nur bedingt möglich.

Insgesamt wurden dem Labor des SBS Proben von 734 Individuen aus 13 Vorkommen zur Verfügung gestellt. Die Proben stammen aus 10 Bundesländern und können verschiedenen Flüssen zugeordnet werden (Tab. 3.7.2).

Tab. 3.7.2: Untersuchte Vorkommen (* Die Untersuchung des Vorkommens SN 1 erfolgte im Rahmen der Diplomarbeit ABEL 2007)

Lfd. Nr.	Population	Bundesland	Vorkommen	Fluss	N _{ges}	Generation
1	MV	Mecklenburg-Vorpommern	65 / 7592	Elbe	81	
2	BB	Brandenburg	223/8030	Elbe	50	
3	HE	Hessen	70/6788	Rhein	102	
4	SN 1	Sachsen 1*	5/5499	Elbe	65	Altbäume
5	SN 2	Sachsen 2	1/5495	Neiße	51	Altbäume
6	TH	Thüringen	23/4387	Gera	46	
7	NRW	Nordrhein-Westfalen	93/8901	Rhein	50	Altbäume + Naturverjüngung
8	ST	Sachsen-Anhalt	11/8060	Elbe	51	
9	BW 1	Baden-Württemberg 1	312/8724	Rhein	50	
10	BW 2	Baden-Württemberg 2	118/6882	Rhein	50	
11	RPf	Rheinland-Pfalz	1/6327	Rhein	78	
12	BY 1	Bayern 1	43/9502	Inn	36	Naturverjüngung
13	BY 2	Bayern 2	45/9535	Main	24	

4 Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

Die in der Datenbank erfassten Aufnahmeergebnisse wurden nach verschiedenen Kriterien ausgewertet. Es wurden nur Bestände als Vorkommen ausgewiesen, die folgende Definitionskriterien erfüllen: • Die zahlenmäßige Untergrenze der zu erfassenden Bestände liegt bei 5 Individuen. Isolierte Einzelbäume werden nicht erfasst. • Ein Vorkommen grenzt sich vom nächsten durch einen Abstand der Individuen von mindestens 1.000 m ab. • Wird ein Vorkommen durch die Grenze eines Bundeslandes geteilt, so werden zwei nach Bundesländern getrennte Objekte ausgeschieden und entsprechend kartiert. • Weitere Grenzen; wie z. B. Schutzgebiets- oder Gemeinde- bzw. Forstamtsgrenzen; führen nicht zur weiteren Aufgliederung.

Zur Auswertung der Erhebungsdaten wurde eine Access-Datenbank erstellt. Die grundlegenden Ergebnisse des Projekts sind die Gesamtzahl der Vorkommen/Bäume, die Altersstruktur, Vitalität, Verjüngungsanteile sowie die Eigentumsverhältnisse. Daneben wird gezeigt, in welchem Schutzstatus sich die Schwarz-Pappel-Vorkommen befinden. Zur Feststellung von Klumpungen oder freien Gebieten ist die räumliche Verteilung der Vorkommen hinsichtlich Bundesländern, Wuchsgebieten sowie Fließgewässern bedeutsam und wird ebenso dargestellt.

4.1 Baumzahl und Zahl der Vorkommen sowie ihre geografische Lage

Im gesamten Bundesgebiet wurden 283 Vorkommen der Schwarz-Pappel (*Populus nigra*) nachgewiesen, die aus einer Gesamtzahl von 44.463 Schwarz-Pappeln bestehen. Es ist darauf hinzuweisen, dass dies nicht die exakte Individuenanzahl in Deutschland ist, da die Baumzahl bei größeren Vorkommen geschätzt werden musste.

Abundanzstufen

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

Zur Klassifizierung der Vorkommen hinsichtlich der Erhaltungswürdigkeit wurde die Datenbank nach den bereits beschriebenen Abundanzstufen (Kap. 3.6.2) ausgewertet. So besitzt der Großteil der Vorkommen eine geringe Abundanz (Tab. 4.1.1). Nur 19 Populationen weisen mehr als 500 Individuen auf.

Tab. 4.1.1: Verteilung der Vorkommen in den Abundanzstufen

Stufe	Individuenzahl	Anzahl
1	5- 10	87
2	11- 20	51
3	21- 50	55
4	51-100	32
5	101- 200	21
6	201- 500	18
7	501- 1.000	8
8	1.001- 3.000	8
9	3.001- 10.000	3
10	>10.001	0

Vergleich der Bundesländer

Die Anzahl der Vorkommen in den Bundesländern ist sehr differenziert. So verteilen sich die meisten Vorkommen auf die Bundesländer Baden-Württemberg, Bayern, Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Rheinland-Pfalz und Thüringen (Abb. 4.1.1). Die Vorkommensgröße in den Bundesländern kann durch die Baumzahl deutlich gemacht werden. Es ist ersichtlich, dass Baden-Württemberg, Brandenburg, Niedersachsen und Sachsen-Anhalt mit über 7.000 Exemplaren die meisten Schwarz-Pappeln besitzen.

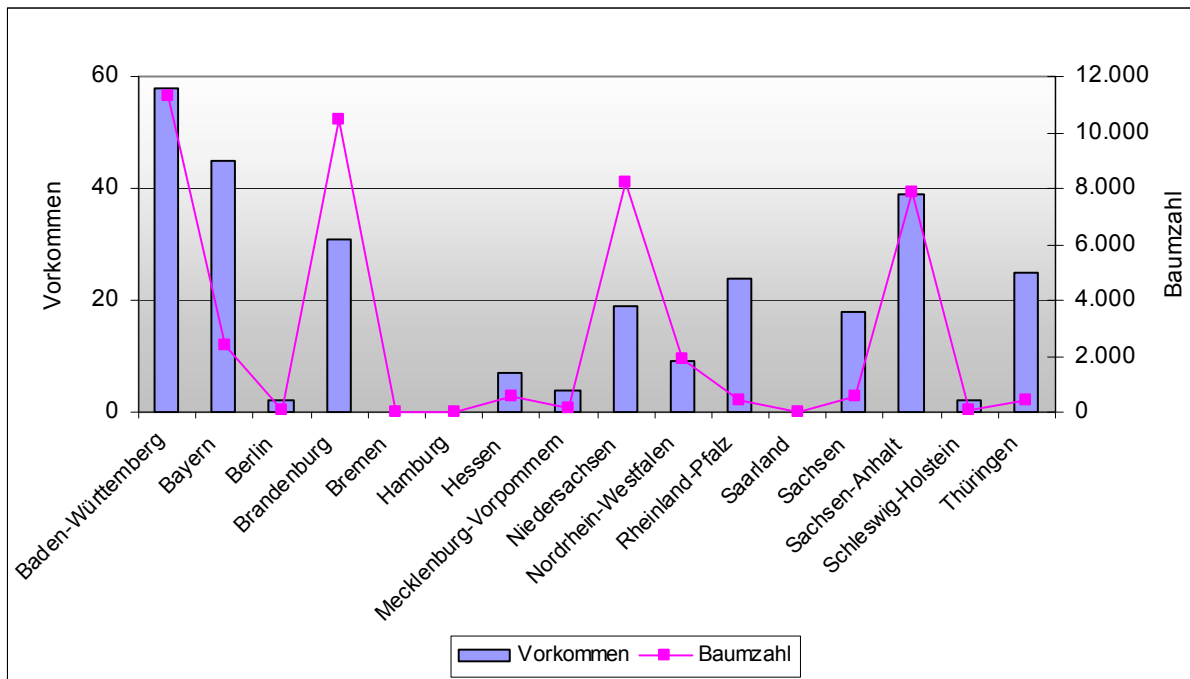


Abb. 4.1.1: Vergleich der Bundesländer nach der Zahl der Vorkommen und Einzelindividuen

Zur grafischen Darstellung der Häufigkeitsverteilung der Vorkommen sowie der Individuen in den Bundesländern sind die Ergebnisse in der folgenden Karte (Abb. 4.1.2) gezeigt. Dabei sind die Bundesländer farblich nach der Vorkommensanzahl klassifiziert. Durch Säulen ist die Baumzahl pro Bundesland ersichtlich. Der Großteil der Vorkommen liegt in Brandenburg, Sachsen-Anhalt, Baden-Württemberg und Bayern, wobei die Vorkommen in Bayern eine geringere Gesamtbaumzahl aufweisen.

Die genaue Lage der Vorkommen ist in der Karte (Abb. 4.1.3) dargestellt. Dabei ist die Größe der einzelnen Vorkommen hinsichtlich der Baumzahl (Abundanz) die Grundlage für die punktuelle Klassifizierung der Vorkommen. Deutlich wird, dass die stammzahlreichsten Vorkommen in den Bundesländern Baden-Württemberg, Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Brandenburg liegen.

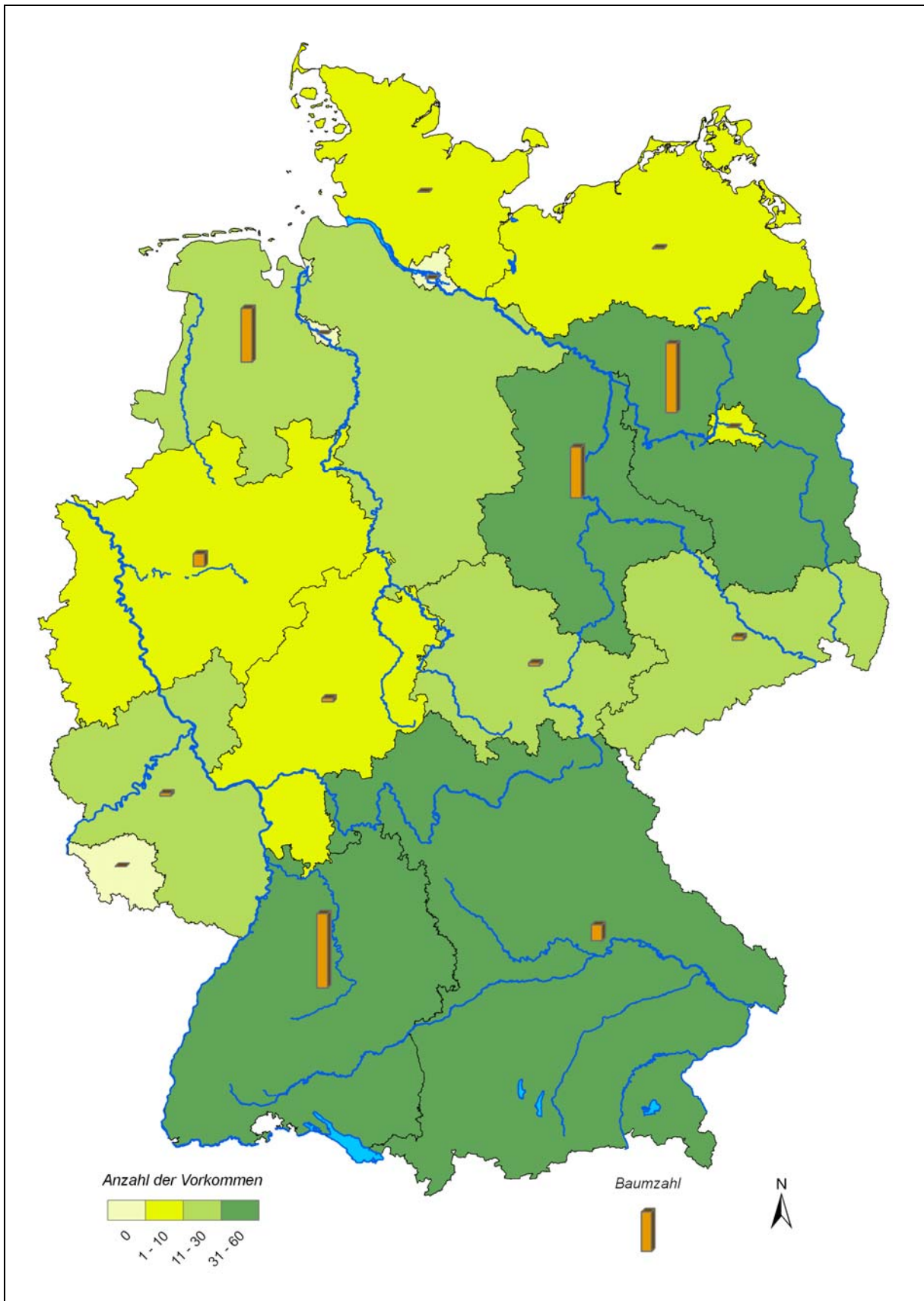


Abb. 4.1.2: Vergleich der Bundesländer hinsichtlich der Anzahl der Vorkommen sowie der Baumzahl pro Bundesland

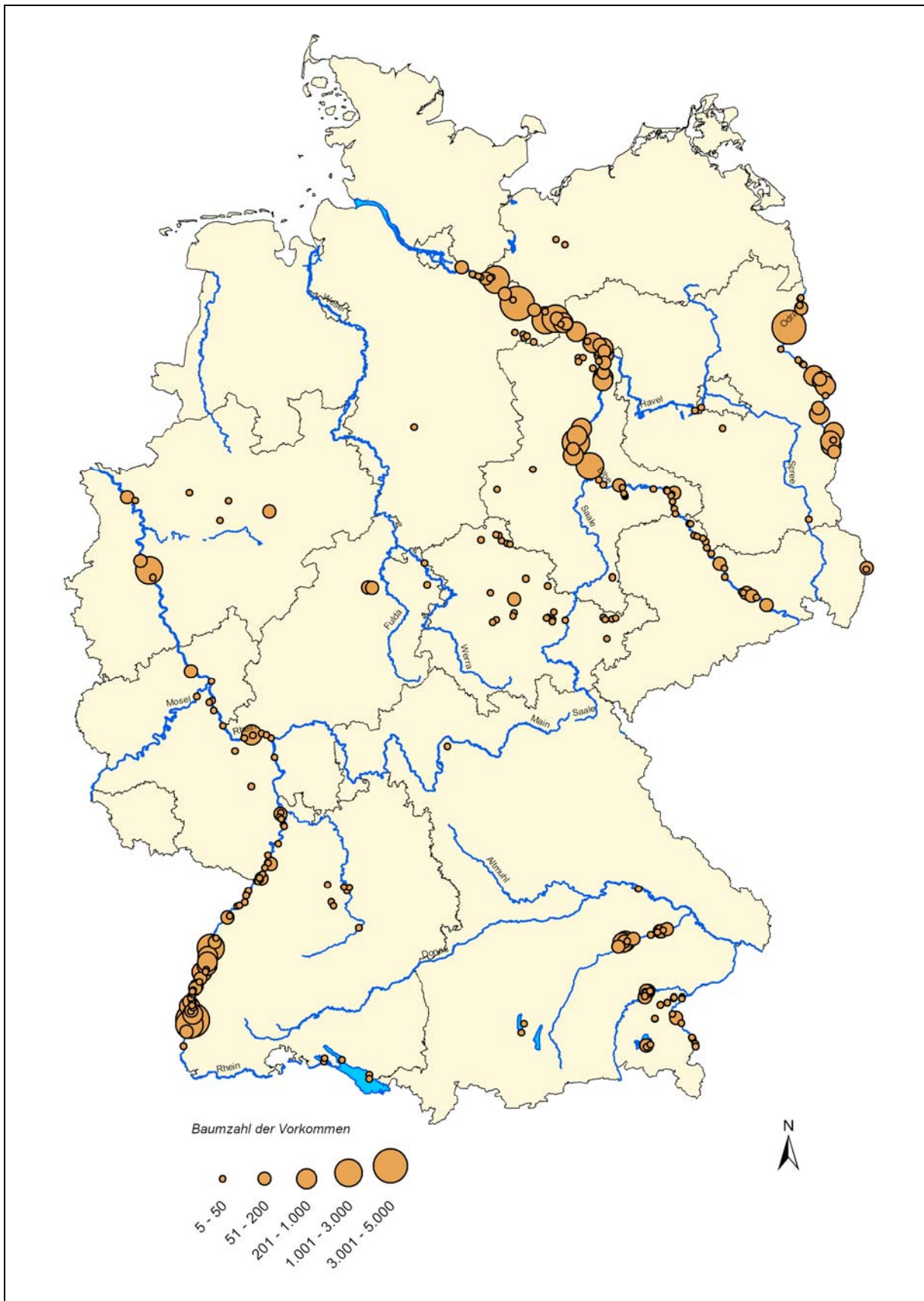


Abb. 4.1.3: Ortslage der Vorkommen in den Bundesländern, klassifiziert nach der Baumzahl der Vorkommen

Werden die Bundesländer nach ihrem Anteil an Schwarz-Pappel-Vorkommen verglichen, ist die Berücksichtigung der Bundeslandgröße nicht unbedeutend. Es wurde die Anzahl der Vorkommen sowie die der Einzelindividuen pro tausend km² Landesfläche berechnet (Abb. 4.1.4). Im Ergebnis zeigt sich eine hohe Vorkommenszahl (2,25/1000 km²) in dem relativ kleinen Bundesland Berlin. Jedoch ist die Baumzahl hier mit einem Wert von 57 Bäumen/1000 km² im mittleren Bereich. Das Bundesland Sachsen-Anhalt besitzt mit 1,91 Vorkommen und 385,4 Individuen pro tausend km² den höchsten Anteil Schwarz-Pappeln pro Landesfläche.

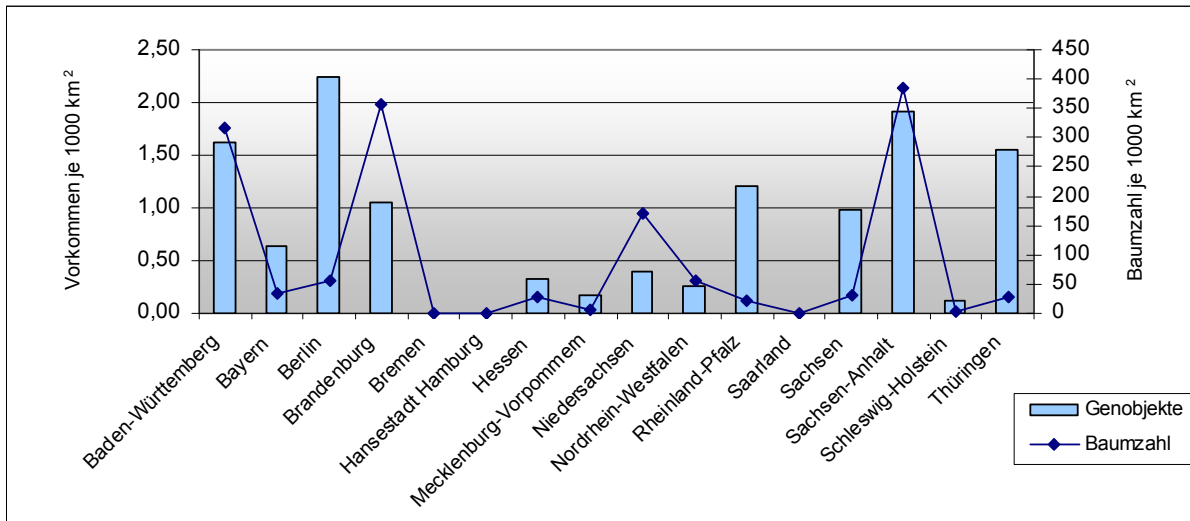


Abb. 4.1.4: Baumzahl und Zahl der Vorkommen je km² Landesfläche

Auswertung nach Wuchsgebieten und Flussläufen

Untersucht wurde ebenfalls die Schwarz-Pappel-Häufigkeit in den einzelnen Wuchsgebieten sowie an den Flusssystemen (Abb. 4.1.5 und 4.1.6). Die genauen Zahlen sind in Tabelle 4.1.2 zusammengestellt.

Deutschlandweit befinden sich die meisten Schwarz-Pappeln im Wuchsgebiet *Ober rheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene* (65). Hier sind ca. 11.700 Exemplare auf 66 Vorkommen verteilt. Dabei besteht das größte Vorkommen aus 4.000 Schwarz-Pappeln.

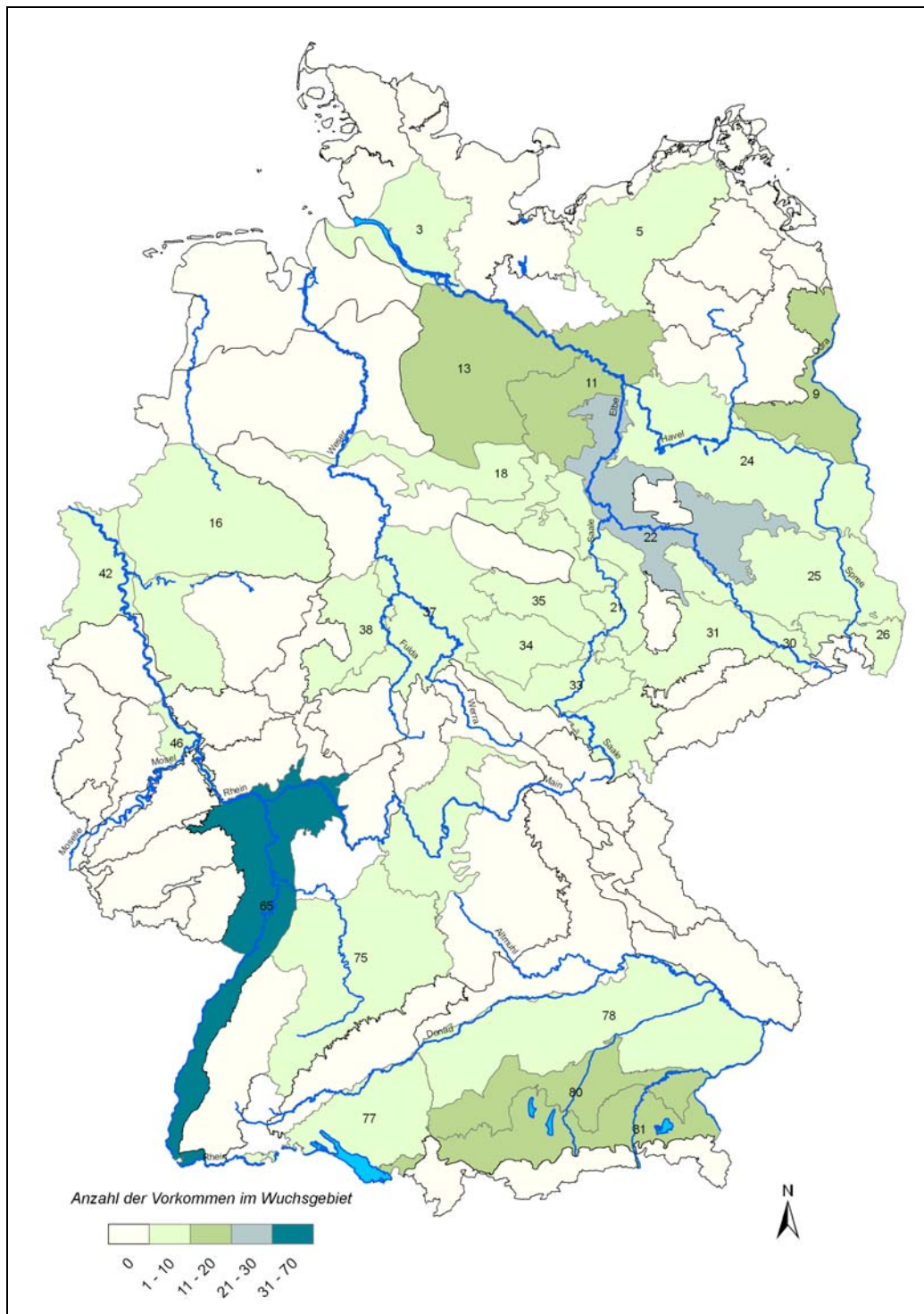


Abb. 4.1.5: Klassifikation der Wuchsgebiete nach Anzahl der Vorkommen

In Abbildung 4.1.6 sind die Klumpungen von Schwarz-Pappel-Vorkommen an größeren Flussläufen deutlich erkennbar. Diese Gebiete entsprechen den natürlichen Standortbedingungen dieser Auewaldbaumart. So befinden sich die stammzahlreichsten Vorkommen entlang der unteren Oder, der mittleren bis niederen Elbe und des oberen Rheins. An der unteren Oder, im Wuchsgebiet *Nordostbrandenburger Jungmoränenland* (9), befindet sich ein großes ex-situ-Vorkommen mit über 4.000 Schwarz-Pappeln. Ein Großteil dieses Vorkommens wurde in den letzten Jahren durch Erhaltungsmaßnahmen gepflanzt. An der mittleren Elbe existiert ein großes Auengebiet, welches zum Biosphärenreservat Flusslandschaft Elbe gehört. Dieses Gebiet weist noch wichtige Auewaldmerkmale auf, so dass die Schwarz-Pappel hier in hoher Anzahl vertreten ist. In Süddeutschland sind die Schwarz-Pappeln an den Flussläufen des Inns, der Isar und der Salzach zu finden. Auch am Chiemsee und Bodensee befinden sich Vorkommen. Insgesamt sind in den südlichen Wuchsgebieten der Nummern 77, 78, 80 und 81 ca. 2.500 Schwarz-Pappeln in 49 Vorkommen vorhanden. Hier gilt jedoch zu beachten, dass die Kartierung in Bayern derzeit noch nicht abgeschlossen ist und gegenwärtig fortgesetzt wird.

In Mitteldeutschland sind einige Schwarz-Pappel-Vorkommen verteilt, die nicht an die prägenden Flussabschnitte gebunden sind. Diese befinden sich vorwiegend in den Wuchsgebieten 33 bis 35 mit insgesamt über 400 Schwarz-Pappeln (Abb. 4.1.6).

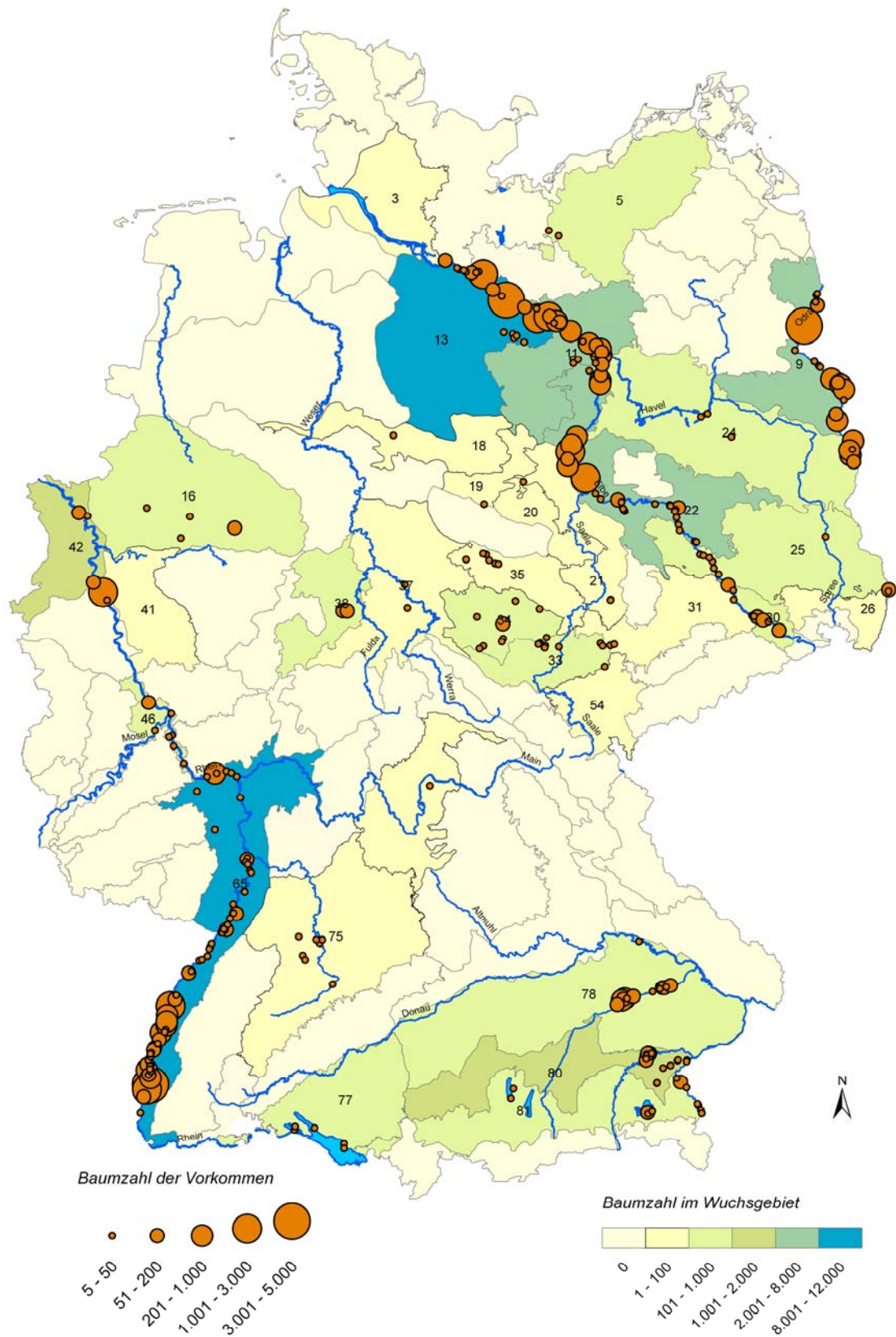


Abb. 4.1.6: Klassifikation der Vorkommen und Wuchsgebiete nach der jeweiligen Baumzahl

Tab. 4.1.2: Anzahl der Vorkommen und Bäume der Wuchsgebiete

Wuchsgebiete		Vorkommen	Baumzahl
1	Schleswig-Holstein Nordwest	0	0
2	Jungmoränenlandschaft Schleswig-Holstein Ost / Nordwest-Mecklenburg	0	0
3	Schleswig-Holstein Südwest	2	62
4	Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland	0	0
5	Ostholsteinisch-Westmecklenburger Jungmoränenland	4	130
6	(Mittel-) Mecklenburger Jungmoränenland -niederungen und -inseln als Einsprengsel	0	0
7	Ostmecklenburg-Vorpommersches Jungmoränenland	0	0
8	Ostvorpommersches Küstenland	0	0
9	Nordostbrandenburger Jungmoränenland (Mittelbrandenburger Jungmoränenland)	16	6671
10	Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nordbrandenburger Jungmoränenland)	0	0
11	Ostniedersächsisch-altmärkisches Altmoränenland (Westprignitz-Altmärkisches Altmoränenland)	15	4108
12	Südost-Holsteinisch-Südwestmecklenburger Altmoränenland	0	0
13	Ostniedersächsisches Tiefland	18	8183
14	Niedersächsischer Küstenraum	0	0
15	Mittelwestniedersächsisches Tiefland	0	0
16	Westfälische Bucht	4	154
17	Weserbergland	0	0
18	Nordwestdeutsche Berglandschwelle	2	60
19	Nordwestliches Harzvorland	1	9
20	Nordöstliche Harzvorländer	1	32
21	Sachsen-Anhaltinische Löß-Ebene	2	17
22	Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland	26	6613
23	Hoher Fläming	0	0
24	Mittelbrandenburger Talsand- und Moränenland	7	874
25	Düben-Niederlausitzer Altmoränenland	10	190
26	Lausitzer Löß-Hügelland	2	74
27	Zittauer Gebirge	0	0
28	Oberlausitzer Bergland	0	0
29	Elbsandsteingebirge	0	0
30	Westlausitzer Platte und Elbtalzone	7	306
31	Sächsisch-Thüringisches Löß-Hügelland	4	39
32	Leipziger Sandlöß-Ebene	0	0
33	Ostthüringisches Trias-Hügelland	8	139
34	Thüringer Becken	8	217
35	Nordthüringisches Trias-Hügelland	5	57
36	Harz	0	0
37	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	3	43
38	Nordwestthüringisches Bergland	2	220
39	Nördliches hessisches Schiefergebirge	0	0
40	Sauerland	0	0
41	Bergisches Land	1	17
42	Niederrheinisches Tiefland	4	1743
43	Niederrheinische Bucht	0	0
44	Nordwesteifel	0	0
45	Osteifel	0	0
46	Mittelrheintal	7	240
47	Westerwald	0	0
48	Taunus	0	0
49	Wetterau und Gießener Becken	0	0
50	Vogelsberg und östlich angrenzende Sandsteingebiete	0	0
51	Rhön	0	0
52	Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland	0	0
53	Thüringer Gebirge	0	0
54	Vogtland	1	11
55	Erzgebirgsvorland	0	0
56	Erzgebirge	0	0
57	Frankenwald, Fichtelgebirge und Steinwald	0	0
58	Oberpfälzer Wald	0	0
59	Oberpfälzer Becken- und Hügelland	0	0
60	Frankenalb und Oberpfälzer Jura	0	0
61	Fränkischer Keuper und Albvorland	0	0
62	Fränkische Platte	1	6
63	Spessart	0	0
64	Odenwald	0	0
65	Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene	66	11708
66	Hunsrück	0	0
67	Moseltal	0	0
68	Gutland	0	0
69	Saarländisch-Pfälzisches Muschelkalkgebiet	0	0
70	Saar-Nahe Bergland	0	0
71	Westlicher Moorniederung	0	0
72	Pfälzerwald	0	0
73	Schwarzwald	0	0
74	Baar-Wutach	0	0
75	Neckarland	7	46
76	Schwäbische Alb	0	0
77	Südwestdeutsches Alpenvorland	5	103
78	Tertiäres Hügelland	7	348
79	Bayerischer Wald	0	0
80	Schwäbisch-Bayerische Schotterplatten- und Altmoränenlandschaft	19	1582
81	Schwäbisch-Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge	18	461
82	Bayerische Alpen	0	0

4.2 Durchschnittliche Vorkommensgröße: Fläche und Baumzahl

Die Vorkommen der Schwarz-Pappel besitzen bundesweit eine Durchschnittsfläche von 38 ha sowie eine durchschnittliche Baumzahl je Vorkommen von 157 Individuen.

Die mit deutlichem Abstand größten Vorkommen der Schwarz-Pappel liegen mit durchschnittlich 150 ha in Baden-Württemberg (Abb. 4.2.1). In Niedersachsen sind die Vorkommen durchschnittlich nur 1,8 ha groß, wobei dort die höchste durchschnittliche Baumzahl von 431 Stück erreicht wird. In den anderen Bundesländern, insofern dort Vorkommen vorhanden sind, liegen die Durchschnittswerte zwischen 0,5 und 28 ha sowie 18 und 338 Bäumen je Vorkommen.

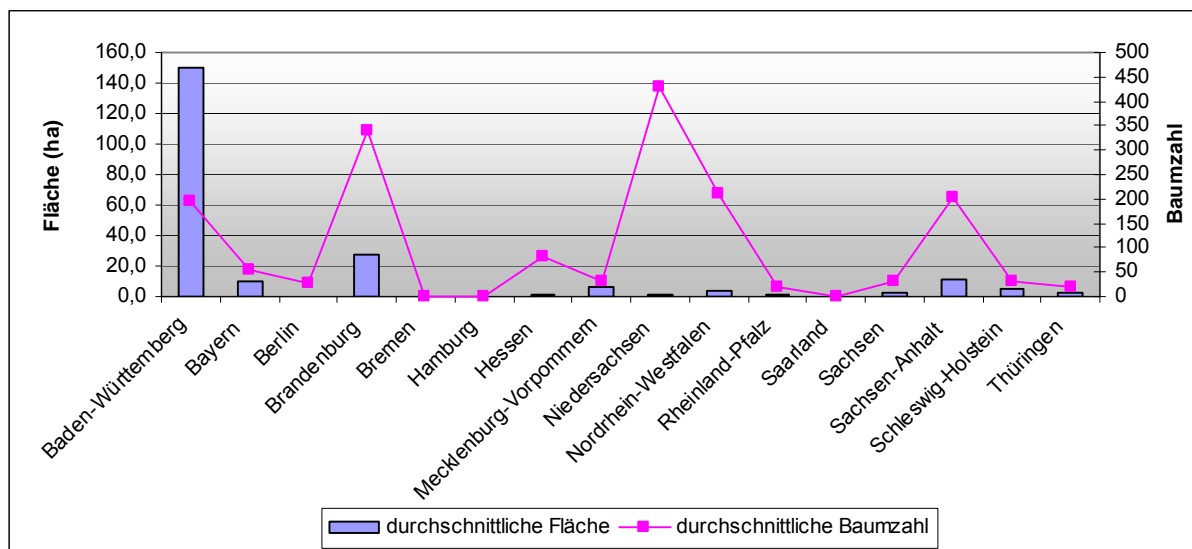


Abb. 4.2.1: Durchschnittliche Vorkommensgröße und durchschnittliche Baumzahl der Vorkommen

4.3 Alterstruktur

Da das genaue Alter der Schwarz-Pappel kaum zerstörungsfrei und nur mit großem Aufwand ermittelt werden kann, soll die Altersstruktur durch die Anteile der drei Durchmesserstufen veranschaulicht werden. Dabei sind die Bäume der Stufe < 7 cm jüngere Exemplare und die der Stufe > 20 cm ältere Exemplare.

Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet

In der Abbildung 4.3.1 sind die Anteile der Durchmesserstufen auf bundesweiter Ebene veranschaulicht. Der Darstellung liegt die deutschlandweite Baumzahl der einzelnen Durchmesserstufen zu Grunde. Damit lässt sich die Verteilung der Durchmesserstufen grafisch deutlich anhand einer Alterstrukturpyramide veranschaulichen. Der Nachteil einer bundesweiten Darstellung liegt in der Unterschiedlichkeit der Vorkommen. Vorkommen mit ausschließlicher Verjüngung (z. B. Pflanzung) können das Bild des Durchschnittsvorkommens verzerren. An dieser Stelle soll lediglich dargestellt werden, wie viele Bäume in Deutschland pro BHD-Stufe vorliegen. Dabei nimmt die ältere Stufe (> 20 cm) den höchsten Anteil mit 58 % ein. Der hohe Anteil in dieser Stufe spricht für eine ausbleibende Verjüngungsfähigkeit dieser Baumart. Somit befinden sich im mittleren Bereich nur 12 % der gesamten Baumzahl. Zwar ist eine nicht unbedeutende Anzahl junger

Schwarz-Pappeln (29 %) vorhanden, jedoch würde eine Alterspyramide mit Überhang der jungen Stufe eine dynamischere Populationsstruktur darstellen.

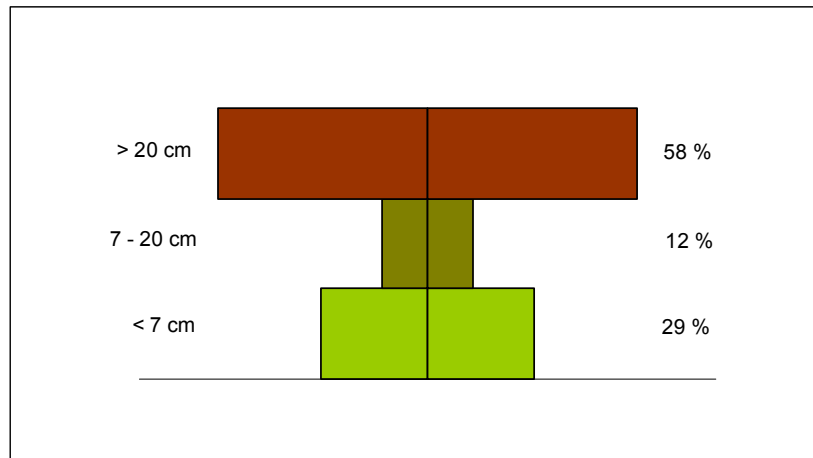


Abb. 4.3.1: Anteile der Durchmesserstufen im Bundesgebiet

In Deutschland vorhandene demografische Strukturen

Für die Einschätzung der Notwendigkeit von Generhaltungsmaßnahmen ist die Beschreibung der demografischen Strukturen (Alterspyramiden) hilfreich. So würde eine natürliche Alterspyramide mit einem hohen Verjüngungsanteil und einem hinreichend großen Baumanteil mit alten und mittelalten fruktifizierenden, vitalen Individuen kaum zusätzliche Generhaltungsmaßnahmen erfordern. Die Abbildung 4.3.2 verdeutlicht grafisch sieben vorhandene Populationsstrukturen (links). Die jeweiligen Prozentangaben beziehen sich auf die bundesweit vorhandenen Durchmesseranteile. Zu jeder demografischen Struktur ist die dazugehörige Vorkommensanzahl (Säule) gezeigt. Es soll lediglich dargestellt werden, welche demografischen Strukturen in Deutschland vorhanden sind.

Es besitzen 196 von 283 Vorkommen eine sehr einseitige Altersstruktur. Hier ist ein starker Überhang (≥ 90 % der Individuen) der älteren Stufe zu verzeichnen. Die mittlere und jüngere Stufe enthält durchschnittlich einen Wert der gegen Null geht. Die meisten Vorkommen dieser Populationsstruktur bestehen ausschließlich aus 100 % der älteren Stufe.

Ein weiterer großer Teil aller Vorkommen bildet Populationsstrukturen, die ebenfalls einen Überhang der älteren BHD-Stufe aufweisen. Diese zwei Cluster wurden aufgeteilt – einmal mit wenig Verjüngung (37 Vorkommen) und einmal mit starker Verjüngung (25 Vorkommen). Andere demografische Strukturen waren nur bei wenigen Vorkommen zu beobachten. Dazu gehören Vorkommen mit z. B. sehr viel, wenig oder keiner Verjüngung.

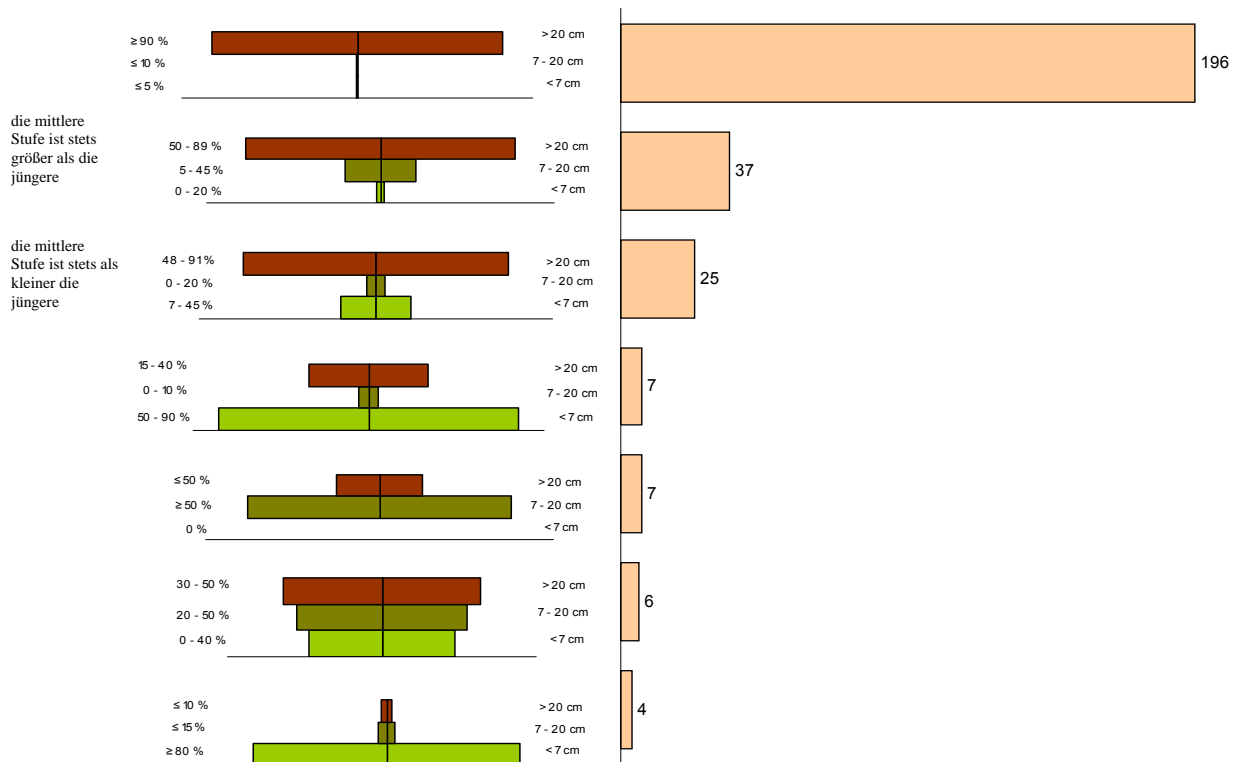


Abb. 4.3.2: Altersstrukturen der Vorkommen und ihre Anzahl im Bundesgebiet

Anteile der Durchmesserstufen in den Bundesländern

Die Verteilung der Altersstrukturen von *Populus nigra* ist in den Bundesländern etwas differenziert (Abb. 4.3.3). Der Anteil der Bäume mit einem Durchmesser von > 20 cm liegt in allen Bundesländern bei über 40 %. Eine eher ungünstigere Verteilung mit geringer oder fehlender Naturverjüngung weisen die Bundesländer Bayern, Mecklenburg-Vorpommern, Rheinland-Pfalz, Sachsen sowie Schleswig-Holstein auf. In den Bundesländern Baden-Württemberg, Brandenburg und Hessen liegen die Anteile der < 7 cm - Stufe bei über 40 %, was einen relativ guten Verjüngungszustand der Schwarz-Pappel zeigt bzw. auf bereits durchgeführte Verjüngungsmaßnahmen hinweist.

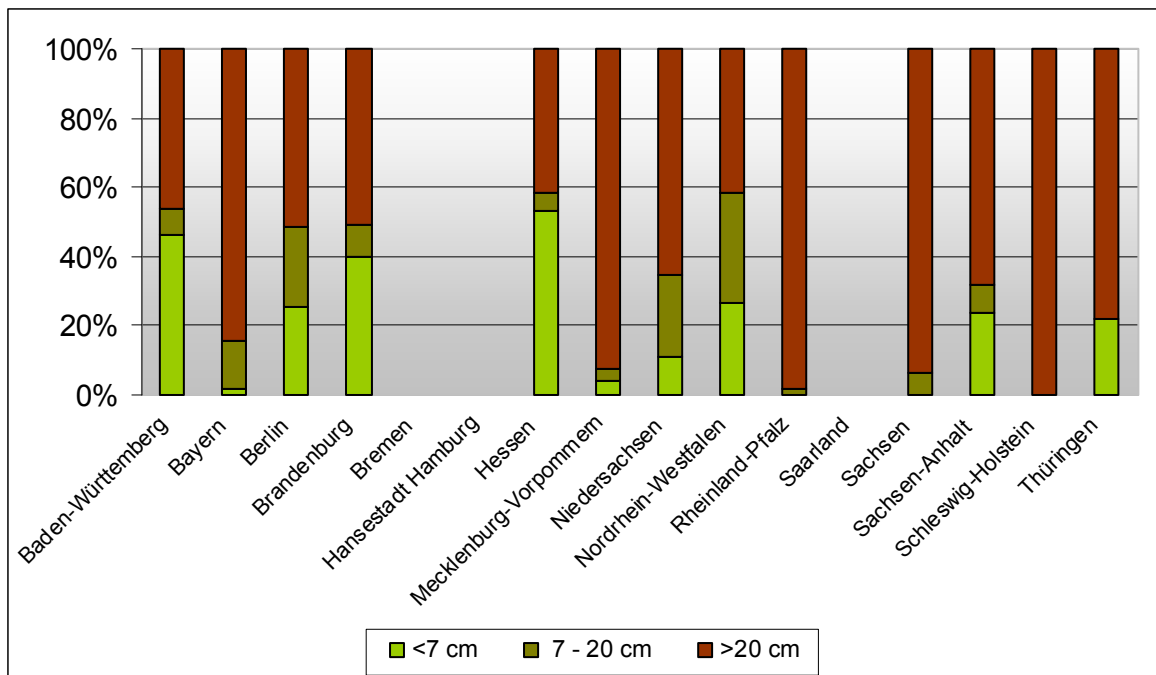


Abb. 4.3.3: Anteile der Durchmesserstufen in den Bundesländern

Altersstrukturqualitätsklassen

Die Altersstrukturqualitätsklassen wurden bereits im Kapitel 3.6.3 erläutert. Sie stellt ein Bewertungsschema dar, womit die Abweichung von einer idealen Durchmesserverteilung beschrieben werden kann. Als gute Altersstrukturen werden pyramidale Strukturen mit einer starken Verjüngungsstufe angenommen. Gekippte oder bedeutend einseitige Altersverteilungen weisen dagegen auf Vorkommen hin, die in ihrer dynamischen Selbsterhaltungsqualität stark eingeschränkt sind. Wie Abbildung 4.3.2 bereits verdeutlicht, zeichnet sich der Großteil aller Schwarz-Pappel-Vorkommen durch eine stark einseitige, instabile Altersverteilung aus. Nach den definierten Altersstrukturqualitätskriterien werden 175 Vorkommen hinsichtlich ihrer natürlichen Verjüngung (Überlebensfähigkeit der Population) der Altersstrukturqualitätsklasse „sehr schlecht“ zugeordnet (Tab. 4.3.1).

Tab. 4.3.1: Vorkommensverteilung in den Altersstrukturqualitätsklassen im Bundesgebiet

Altersstrukturqualitätsklasse	Vorkommensanzahl
sehr gut (1)	8
gut (2)	12
befriedigend (3)	17
schlecht (4)	71
sehr schlecht (5)	175

4.4 Vitalitätsklassen

Die Klassifizierung eines Vorkommens hinsichtlich der Erhaltungswürdigkeit richtet sich insbesondere nach seiner Vitalität. Zur Bonitierung der Vitalität der Bäume wurden die Stufen 0 (sehr gut) bis 3 (schlecht) vergeben. Im Kapitel 3.5 wurde bereits auf die Definition der Vitalitätsstufen eingegangen.

Auf der Grundlage der Vitalität der Einzelindividuen wurden die bundesweiten Anteile berechnet und sind im folgenden Diagramm dargestellt:

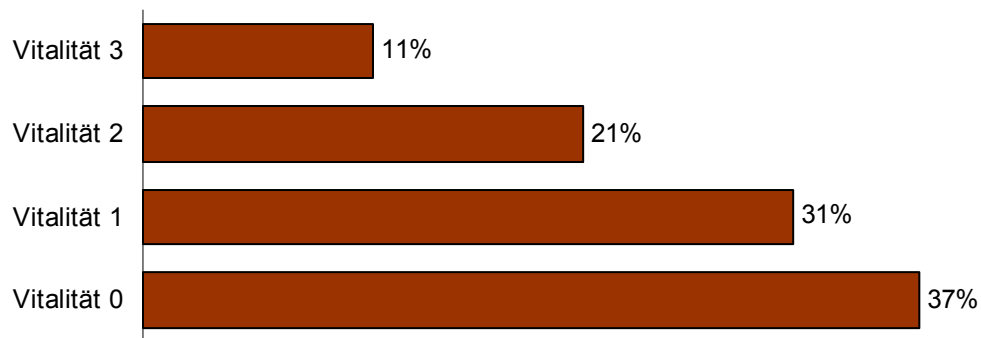


Abb. 4.4.1: Verteilung der Baumvitalitäten im Bundesgebiet

Über alle Alterstufen hinweg sind die meisten Bäume in guter Vitalität (Stufe 0 und 1). Nur 11 % aller Bäume in Deutschland wurden als stark vitalitätsschwach bonitiert.

Anteil der Vitalitätsstufen in den Bundesländern

Die Verteilung der Vitalitätsstufen innerhalb der einzelnen Bundesländer ist deutlich heterogen. Die Bundesländer Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen und Thüringen haben einen Anteil vitalitätsstarker Bäume der Stufen 0 und 1 von über 80 %. In Hessen, Niedersachsen und Sachsen-Anhalt sind über 60 % der Schwarzpappeln in den genannten Vitalitätsstufen. Nicht ganz so vital scheinen die Pappeln in den restlichen Bundesländern zu sein. Es werden Vitalitätsanteile der Stufen 2 und 3 von 40 % bis 70 % erreicht.

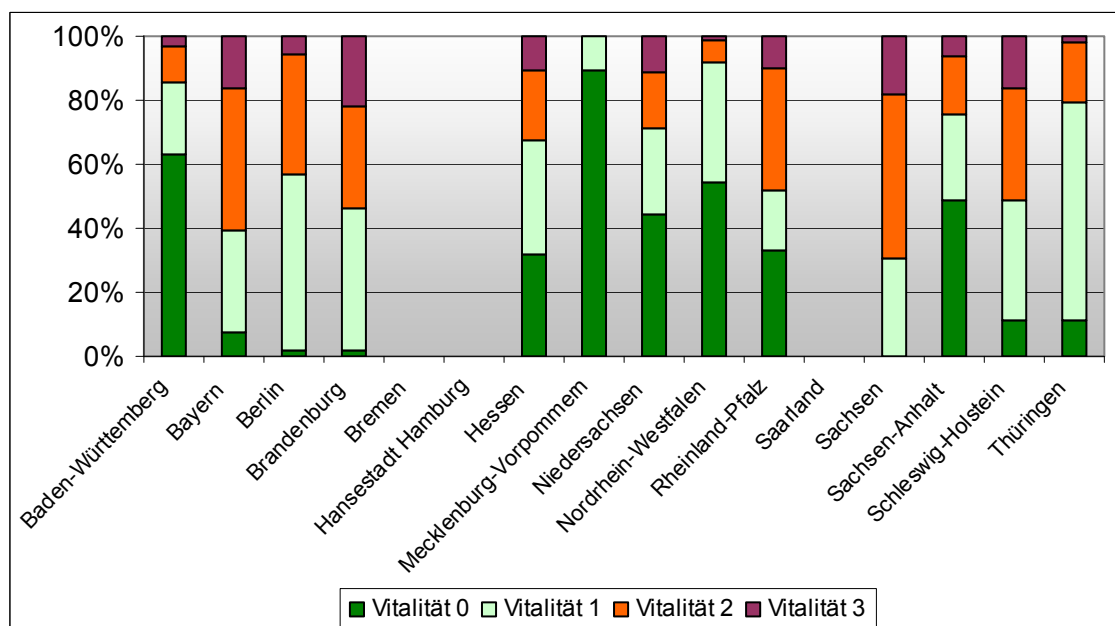


Abb. 4.4.2: Verteilung der Vitalitätsstufen auf Grundlage der Einzelbäume in den Bundesländern

Durchschnittliche Vitalität der Vorkommen

Für jedes Vorkommen wurde die durchschnittliche Vitalität berechnet, die auf der Vitalität der Einzelindividuen basiert. Der für jedes Bundesland ermittelte Mittelwert dieser Vitalitätsindices ist in nachstehender Abbildung 4.4.3 ersichtlich.

Eine sehr gute Durchschnittsvitalität besitzen die Vorkommen in Mecklenburg-Vorpommern. Die Ergebnisse zur Verteilung der Altersstrukturen zeigen einen hohen Anteil älterer Bäume (> 20 cm) in diesem Bundesland, welche demnach als vital einzuschätzen sind. Die anderen Bundesländer zeigen Durchschnittswerte von über 1,00.

Am vitalitätsschwächsten erscheinen die Bundesländer Bayern, Brandenburg, Sachsen und Schleswig-Holstein, welche Werte um 1,7 erreichen. Die Bundesländer Bayern, Sachsen und Schleswig-Holstein haben hohe Anteile älterer Bäume (Abb. 4.3.3), welche somit in einem geschwächten Vitalitätszustand sind. Dies trifft nicht ganz auf Brandenburg zu, da hier ein Anteil jüngerer Bäume von 40 % vorliegt. Jedoch hat dieses Bundesland auch ein gepflanztes Vorkommen von rund 4.000 Stück.

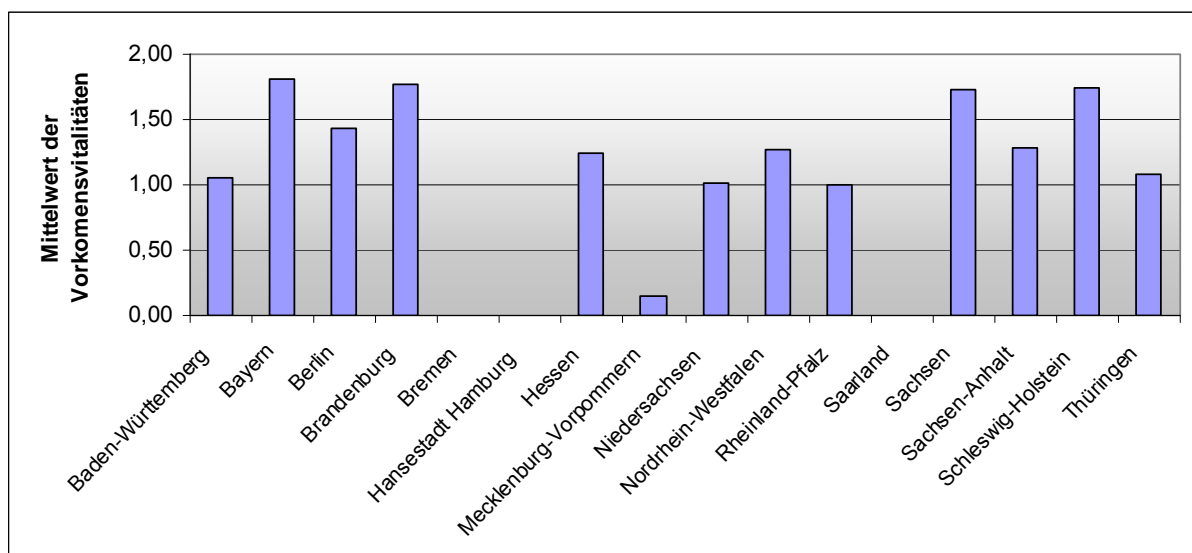


Abb. 4.4.3: Verteilung der durchschnittlichen Vorkommensvitalität der Bundesländer

Nach folgender grafischen Übersicht befinden sich die Vorkommen der vitalsten Stufen 0 und 1 hauptsächlich am Rhein und Elbe sowie im Bundesland Thüringen. An der Oder sind die Vorkommen in einem schwachen Vitalitätszustand.

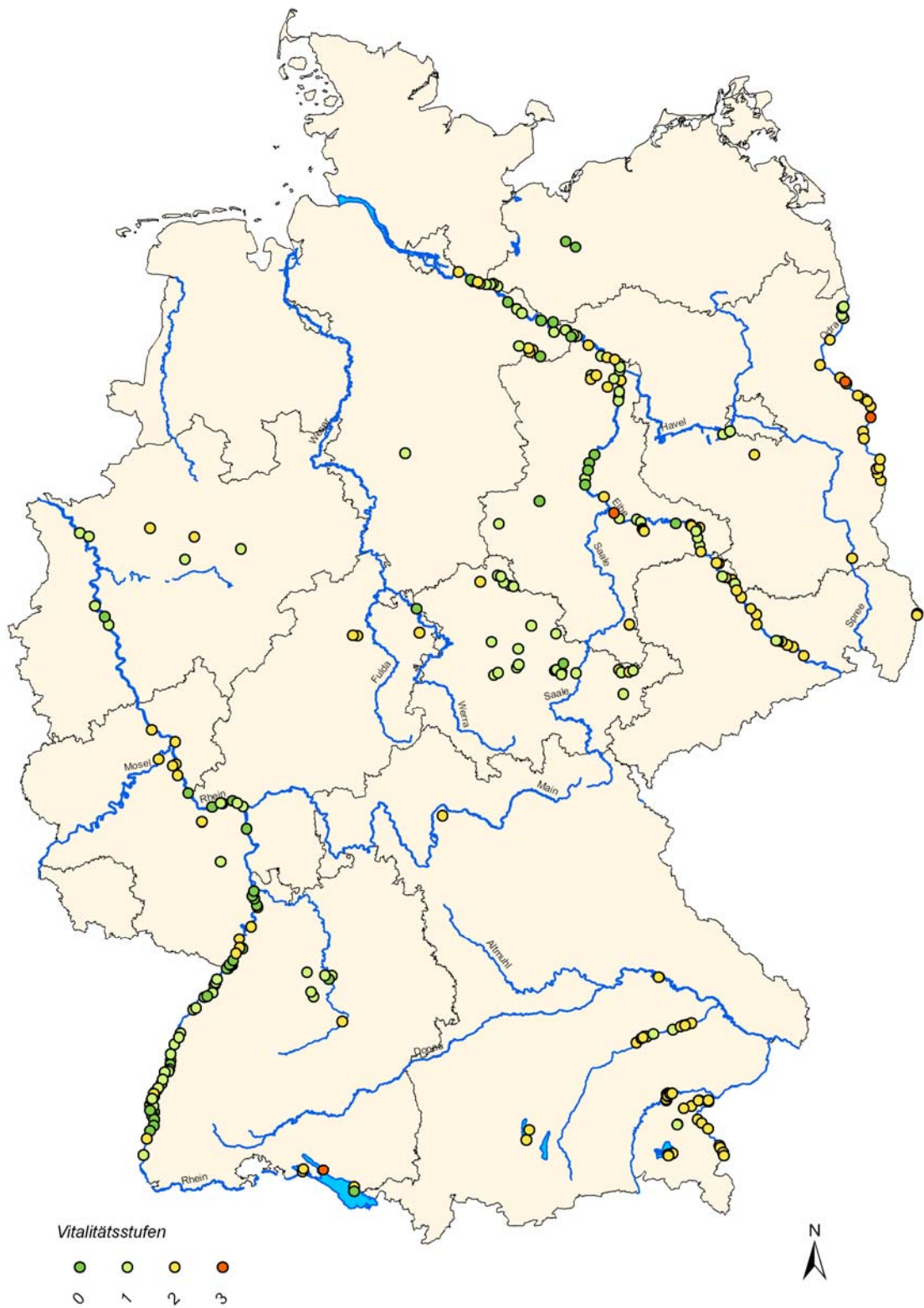


Abb. 4.4.4: Verteilung der durchschnittlichen Vitalität der Vorkommen

Anteil der Durchmesserstufen und Vitalitätsklassen

In den folgenden Diagrammen sind einerseits die Verteilung der Vitalitätsstufen in den drei Durchmesserklassen und andererseits die Anteile der Durchmesserklassen in den vier Vitalitätsstufen dargestellt. Aus der linken Abbildung (4.4.5) ist ersichtlich, dass die Vitalität mit zunehmendem Durchmesser abnimmt. Den höchsten Anteil der Vitalität 0 (60 %) besitzen Bäume der Verjüngungsstufe < 7 cm. Auch in der Durchmesserklasse 7 – 20 cm gehört der größte Anteil (ca. 80 %) den vitalitätsstarken Stufen 0 und 1 an.

Umgekehrt lassen sich die Vitalitätsstufen hinsichtlich ihrer Durchmesserstruktur beschreiben (Abb. 4.4.6). So besteht die vitalste Stufe zu 50 % aus Exemplaren mit einem BHD unter 7 cm. Die Bäume der Vitalitätsstufen 1 - 3 haben etwa die gleiche Durchmesserverteilung und sind meist über 20 cm dick (ca. 70 % Anteil). Dies zeigt, wie sich der vitale Zustand der Verjüngung im Alter verändert. Die Verjüngung der Schwarz-Pappel etabliert sich als Pionierbaumart allgemein in offenen Bereichen und ist nicht durch z. B. Lichtmangel beeinflusst. Mit zunehmendem Baumalter können zusätzliche Schadfaktoren wie Bedrängung durch Nachbarbäume, Pilzbefall, etc. eine Rolle spielen.

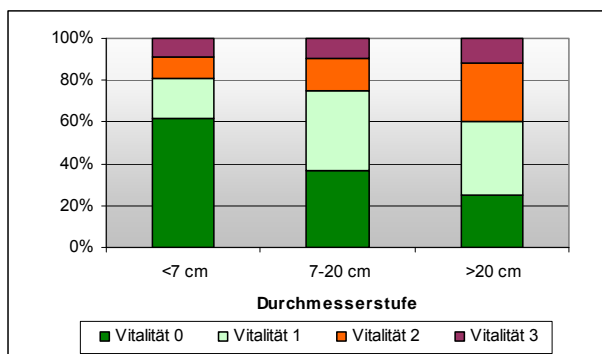


Abb. 4.4.5: Vitalitätsanteile in den Durchmesserklassen

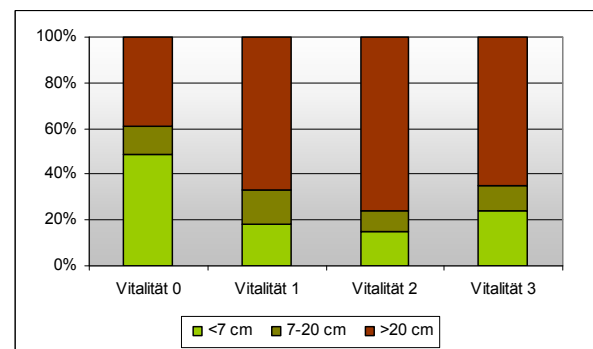


Abb. 4.4.6: Durchmesserverteilung in den Vitalitätsstufen

4.5 Naturverjüngung

Bei der Kartierung wurde die aktuelle Naturverjüngung, soweit vorhanden, mit erfasst. Sie bezieht sich nur auf die jüngsten Pflanzen. Ist keine Naturverjüngung vorhanden, heißt dies nicht unbedingt, dass die Verjüngung fehlt, sondern, dass diese evtl. aus Pflanzung entstanden ist. Im Gegensatz zu den 71 Vorkommen mit Naturverjüngung, weisen 200 Vorkommen keine Naturverjüngung auf.

Werden die Naturverjüngungsanteile auf der Ebene der Bundesländer betrachtet, ist zu erkennen, dass überall die Zahl der Vorkommen ohne Naturverjüngung überwiegt (Abb. 4.5.7). Die meisten Bundesländer besitzen nur einen geringen Anteil an Vorkommen mit Naturverjüngung (20 - 30 %). Höhere Anteile zeigen Berlin, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen und Sachsen-Anhalt, welche Anteile von ca. 40 % Naturverjüngung besitzen. In Schleswig-Holstein, Rheinland-Pfalz und Thüringen sind alle Vorkommen ohne oder nur ein geringer Anteil mit Naturverjüngung ausgestattet.

Die Werte verdeutlichen das geringe Verjüngungspotenzial der Schwarz-Pappel, welches durch verschiedene Faktoren ausgelöst wird. Im Unterkapitel zur Beurteilung der Alters- und

Vitalitätsklassen wurde deutlich, dass gerade die Verjüngungsstufe, im Gegensatz zu den älteren Stufen, am vitalitätsstärksten ist.

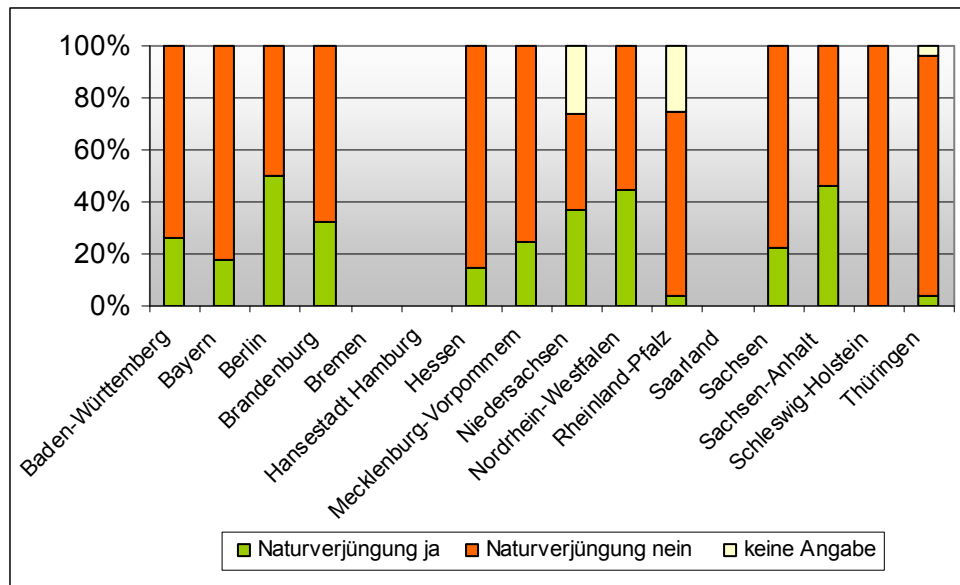


Abb. 4.5.7: Anteile der Vorkommen mit Naturverjüngung

Die Übersicht in Abbildung 4.5.8 zeigt die Verteilung von Vorkommen mit bzw. ohne Naturverjüngung im Bundesgebiet. Es ist ersichtlich, dass die meisten Vorkommen mit Naturverjüngung an den großen Flussläufen liegen. An der Elbe, Oder und am Rhein etabliert sich offenbar häufig Naturverjüngung.

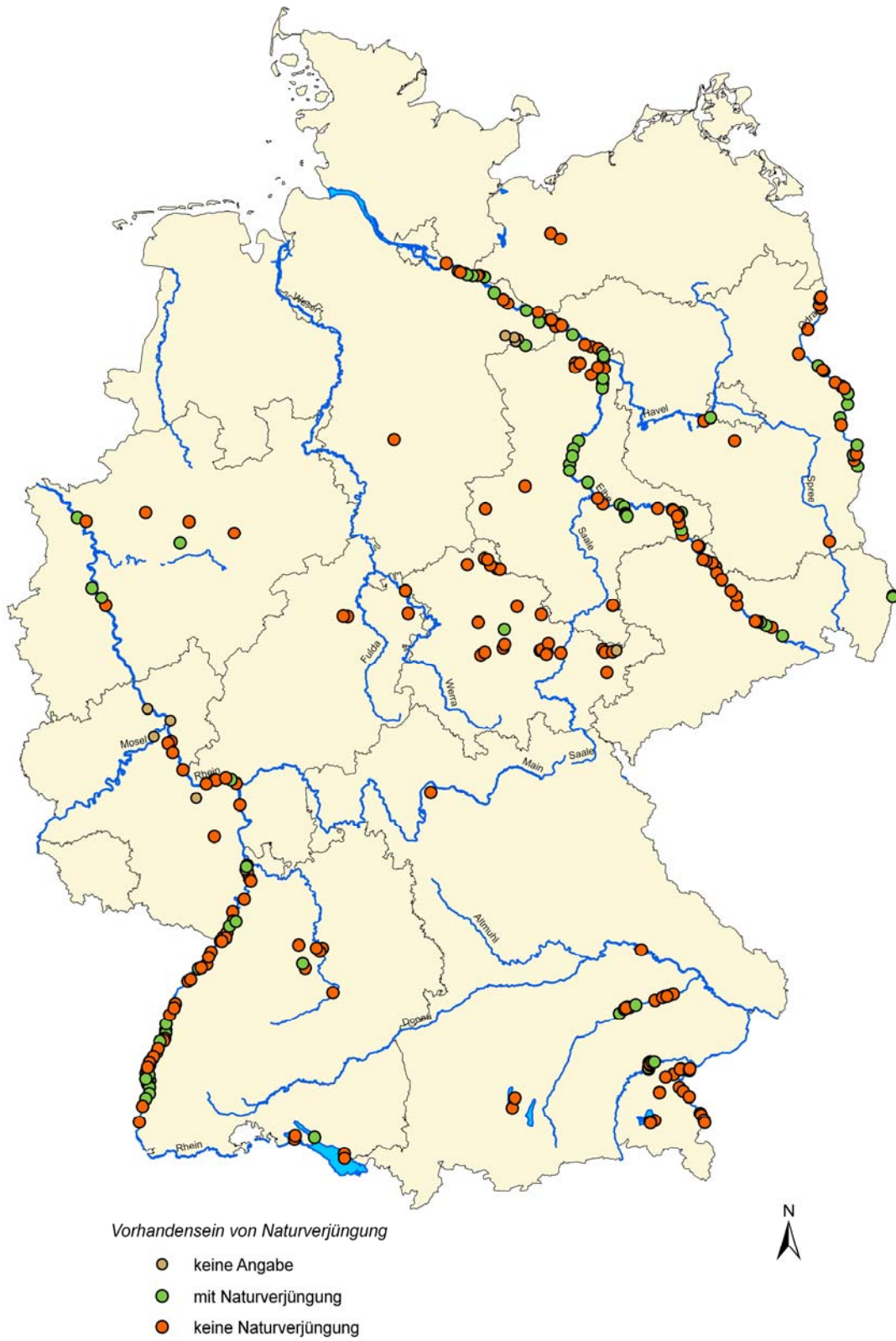
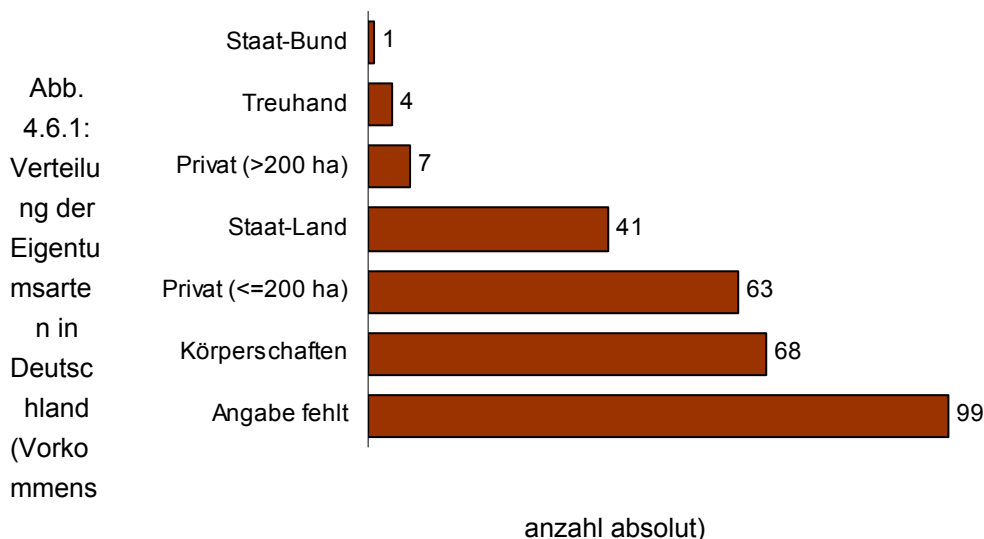


Abb. 4.5.8 Übersicht der Vorkommen mit oder ohne Naturverjüngung

4.6 Eigentumsverhältnisse

Da viele Vorkommen durch ihre Ausdehnung zu verschiedenen Eigentumsarten und Eigentümern gehören, bezieht sich die Angabe oft nicht auf die gesamte Fläche der jeweiligen Vorkommen. Bei einem Teil der Vorkommen konnte die Eigentumsart nicht angegeben werden. Ein wesentlicher Grund dafür ist, dass die Vorkommen in Auegebieten bzw. im Deichvorland liegen, wo eine Eigentumsartbestimmung sehr schwierig war. Schwierig erwies sich ebenfalls die Differenzierung der Privatgrundstücksgrößen. Im Zweifelsfall wurde hier die Angabe „Privatgrundstück ≤ 200 ha“ angegeben.

Der Vergleich in Abb. 4.6.1 zeigt, dass bundesweit nur sehr wenige Vorkommen dem Bund, der Treuhand oder Großprivatgrundbesitzern (Private >200 ha) gehören. Insgesamt teilen sich nur 12 Vorkommen auf diese drei Eigentumsarten auf. Ein hoher Anteil der Schwarzpappeln wächst auf Grundstücken der Körperschaften, der Privaten (≤ 200 ha) und des Bundeslandes.



In den Bundesländern verteilen sich die Eigentumsarten sehr differenziert (Abb. 4.6.2). Vorkommen im Landesbesitz dominieren im vorkommensreichen Bayern, wo sich derzeit (Stand März 2007) 21 Vorkommen auf Landesgebiet befinden. In Mecklenburg-Vorpommern und Berlin dominiert der Landeswald ebenfalls, jedoch ist die Gesamtvorkommenszahl hier relativ gering. Ein hoher Anteil von Vorkommen auf Körperschaftsflächen sowie kleineren Privatgrundstücken (≤ 200 ha) besteht in vielen Bundesländern. So liegt in Baden-Württemberg, Brandenburg, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz und Schleswig-Holstein der Körperschaftsanteil bei > 30 %. Privates Eigentum ≤ 200 ha nimmt einen hohen Anteil (> 20 %) in Bayern, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen und Thüringen ein, wobei in Thüringen fast 100 % der Vorkommen dieser Eigentumsform zuzuordnen sind. Dagegen sind Vorkommen, die zu privaten Eigentümern mit > 200 ha gehören, eher selten und kommen nur in drei Bundesländern (Baden-Württemberg, Nordrhein-Westfalen, Thüringen) vor.

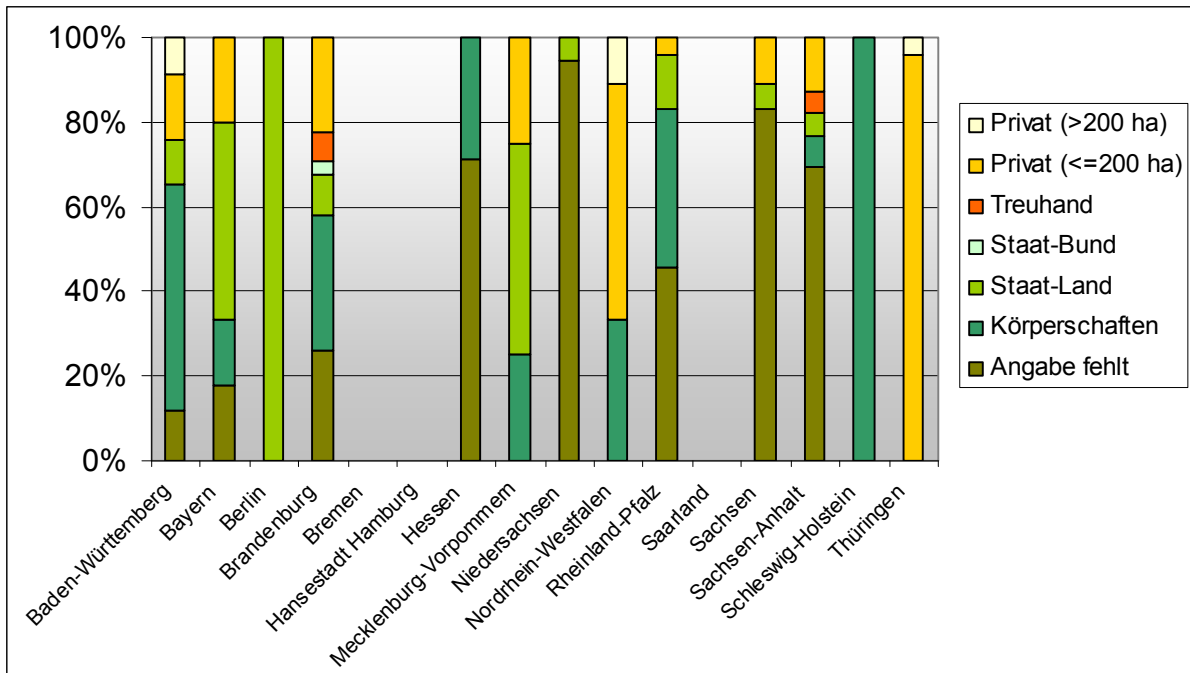


Abb. 4.6.2: Verteilung der Eigentumsarten in den Bundesländern

4.7 Schutzstatus

Der Schutzstatus wurde durch eine Abfrage mit grafischer Zuordnung mittels GIS ermittelt. Dazu basierte die Verbindung auf den jeweiligen Koordinatenpunkt des Vorkommens. Zum Vergleich der Anteile der Kategorien dient die Abbildung 4.7.1. Überschneidungen von Schutzgebieten sind möglich. Daher sind einige Vorkommen, die mehrere Schutzgebietskategorien aufweisen, vorhanden.

Bei 54 Vorkommen liegt keine Schutzgebietskategorie vor. Es ist ersichtlich, dass mehr als die Hälfte der Schwarz-Pappel-Vorkommen in FFH-Gebieten liegen. Die Schwarz-Pappel wächst in den FFH-Lebensraumtypen der Auewälder und ist vorwiegend in den Auebereichen großer Flüsse zu finden. Dies wurde bereits im Kapitel 4.1 erläutert. Häufig vertreten ist sie auch in Gebieten, die schützenswert als Vogelschutzgebiet, Landschaftsschutzgebiet und/oder Naturschutzgebiet gelten. Diese Kategorien haben z. T. strengere Schutzbestimmungen und eine höhere Häufigkeit als die drei noch nicht erwähnten Reservate. Dennoch sind in Deutschland insgesamt 46 Vorkommen mit einem Schutzstatus als Biosphärenreservat, Naturpark oder Nationalpark vorhanden.

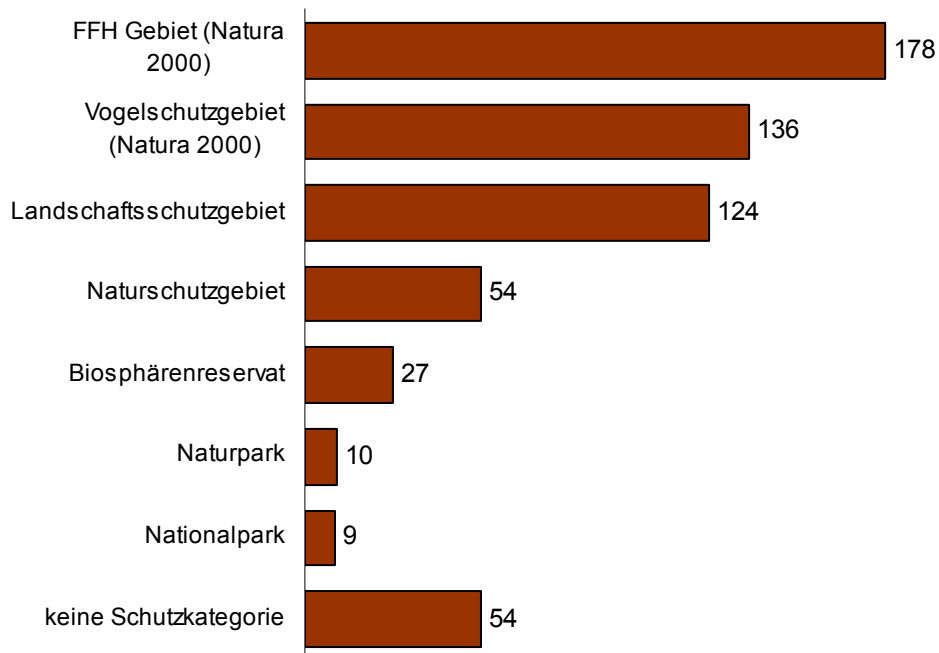


Abb. 4.7.1: Anzahl von Vorkommen in den Schutzgebieten

4.8 Genetische Charakterisierung ausgewählter Schwarz-Pappel-Vorkommen

Die genotypische Bewertung erfolgte von ausgewählten Vorkommen mit über 50 Individuen, die eine angemessene Vitalität, Baumzahl und Altersstruktur aufwiesen. Der Stichprobenumfang der untersuchten Populationen sollte 50 Individuen nicht unterschreiten, um populationsgenetische Auswertungen zu ermöglichen. Bereits vor Projektbeginn wurden auf Initiative einiger Bundesländer Schwarz-Pappel-Vorkommen genetisch charakterisiert, die hier nicht einbezogen wurden (z. B. Hessen, Brandenburg, Sachsen).

Folgende Karte gibt einen Überblick über die im Rahmen des Projektes ausgewählten Vorkommen:

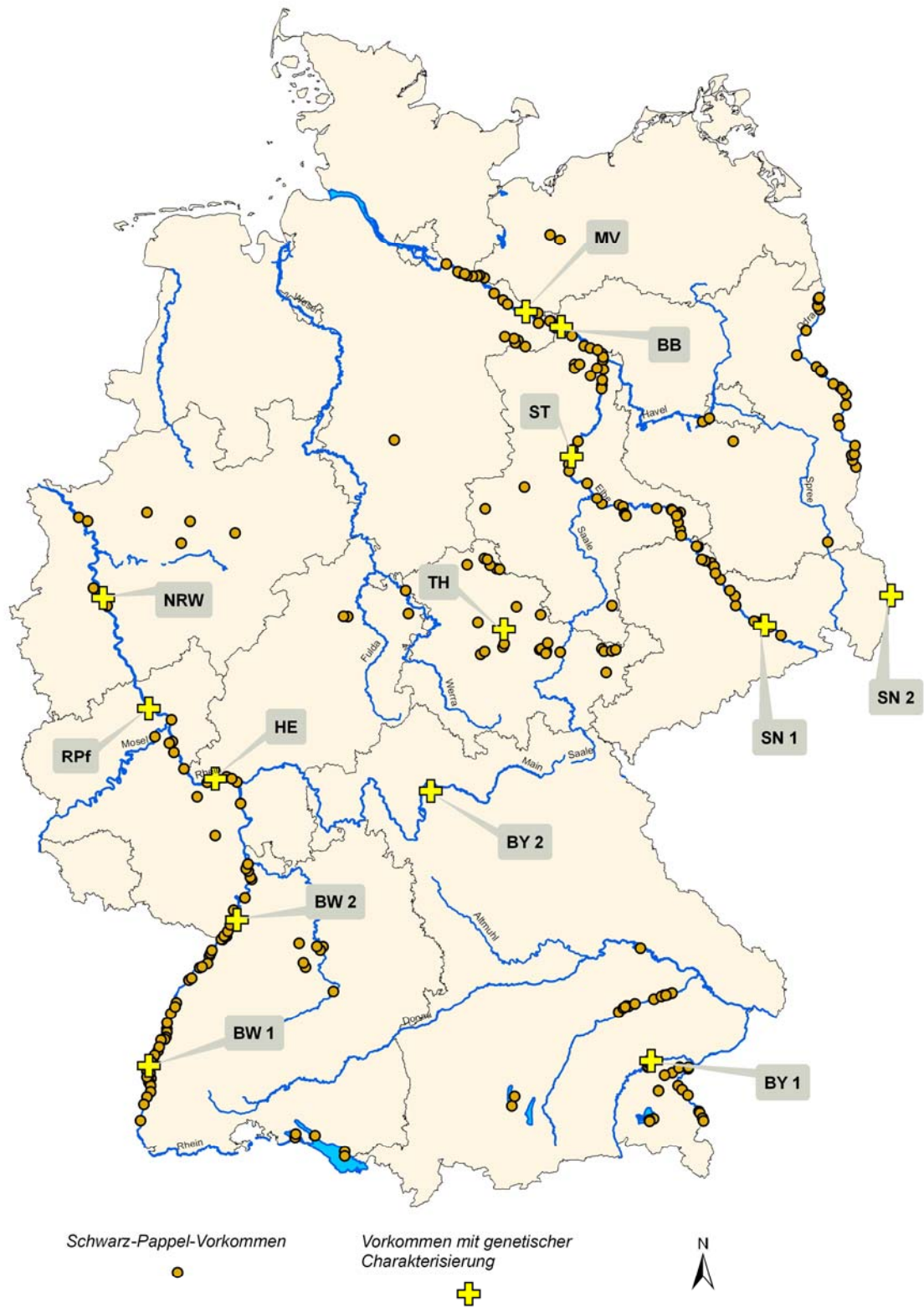


Abb. 4.8.1: Übersicht der Vorkommen, die im Rahmen des Projektes biochemisch-genetisch untersucht wurden

4.8.1 Charakterisierung der genetischen Variation in den untersuchten Vorkommen

Von allen untersuchten Individuen wurden 644 eindeutig als *Populus nigra* und 66 als *P. x euramericana* identifiziert. Über alle analysierten Loci konnten die als Schwarz-Pappel angesprochenen Bäume 53 Multilocus-Genotypen (MLGT) zugeordnet werden, von denen 17 Typen nur einmal und andere mehrfach auftraten (Anlage 5). Der MLGT Nr. 51 war der einzige, der in allen Vorkommen nachgewiesen wurde. Mit insgesamt 111 Individuen ist er zugleich auch der häufigste. Zu diesem Typ gehört auch die Pyramidenpappel (*P. nigra* „italica“), deren Vertreter in den Stichproben der Vorkommen Hessen und Sachsen 2 eindeutig ausgewiesen waren.

Aufgrund der begrenzten Anzahl untersuchter Genorte kann die Übereinstimmung der Multilocus-Genotypen (MLGT) zufällig sein. Davon ist besonders dann auszugehen, wenn die Bäume mit den übereinstimmenden Typen über die gesamte Stichprobe bzw. über verschiedene Teilpopulationen verteilt sind. Sie können andererseits aber auch ein Hinweis auf Entstehung aus vegetativer Regeneration sein, d. h. auf die Zugehörigkeit zu einem natürlich *in situ* entstandenen oder künstlich eingebrachten Klon deuten. Dieser Verdacht besteht vor allem dann, wenn es sich um Bäume in unmittelbarer Nachbarschaft zueinander handelt.

Im Folgenden wird auf solche Ergebnisse für die einzelnen Vorkommen hingewiesen - die Wahrscheinlichkeit der Klonzugehörigkeit kann aber nur vor Ort begutachtet und bei Erhaltungsmaßnahmen entsprechend berücksichtigt werden!

Baden-Württemberg 1, Nr. 312/8724

Insgesamt wurden 50 Einzelbaumproben unter den Ortsbezeichnungen Sponeck (33 Proben), Burkheim (12 Proben) und Sasbach (5 Proben) geliefert und untersucht. Alle Individuen wurden als *Populus nigra* identifiziert. An den 8 untersuchten Genorten wurden 10 Multilocus-Genotypen nachgewiesen. Dabei kamen drei Typen nur je einmal vor (Sponeck 26, 27, Sasbach 1). Weiterhin traten zwei Multilocus-Typen je 2 mal, zwei je 3 mal, ein Typ 8 mal, einer 11 mal und ein Genotyp 18 mal auf (Tab. 4.8.1):

Tab. 4.8.1: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen BW 1

MLGT-Nr.	Sponeck Nr.	Burkheim Nr.	Sasbach Nr.
28	28, 29, 30		
38	3, 17, 25, 31, 32	7, 10, 11	
43	22	1, 3	
44		9	2
47	1, 18		
48	13, 14, 15, 19, 20, 33	2, 6, 12	4, 5
51	2, 4, 5, 6, 7, 9, 10, 11, 12, 21, 23, 24, 34	4, 5, 8	3

Baden-Württemberg 2, Nr. 118/6882

Von den 50 gelieferten Proben stellte sich eine Probe (Nr. 4) als Weide heraus und wurde nicht analysiert. Die Analyse der anderen 49 Proben ergab:

- Die Probe Nr. 24 weist an allen vier für die Artzuordnung relevanten Genorten (AAT-B, LAP-A, PGM-B und PGI-B) Hybridmuster auf. Dieser Baum sollte bei Erhaltungsmaßnahmen nicht verwendet werden.
- Die anderen 48 Bäume wurden als reine Schwarz-Pappeln angesprochen.

- Insgesamt wurden 15 verschiedene MLGT nachgewiesen.
- Davon traten sieben nur einmal auf (Proben-Nr. 13, 29, 35, 38, 41, 46, 49)
- Drei Typen kamen je 2 mal und ein MLGT je 3, 5, 6, 10 bzw. 11 mal vor:

Tab. 4.8.2: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen BW 2

MLGT-Nr.	Proben Nr.
23	11, 12
37	1, 2, 3
44	7, 26, 27, 37, 47
47	5, 9, 17, 30, 32, 33
48	6, 16, 19, 20, 21, 22, 31, 34, 36, 39
50	25, 28
51	10, 14, 18, 23, 40, 42, 43, 44, 45, 48, 50
53	8, 15

Hessen, FA Rüdesheim, Nr. 70/6788

Von diesem Vorkommen wurden insgesamt 102 Proben geliefert, deren Artzuordnung auf morphologischer Grundlage teilweise als Hybrid bzw. als fraglich gekennzeichnet war. Die Analyse zeigte folgende Ergebnisse:

- 26 Proben weisen an allen vier zur Artunterscheidung geeigneten Loci Hybridmuster auf und sind daher als *Populus x euramericana* identifiziert. Das gilt für die Proben **Nr. 10, 11, 15, 23, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 36, 37, 47, 48, 49, 50, 51, 72, 76, 77, 106, 107, 108** und **109**.
- Die Bäume Nr. **9 und 92** tragen an jeweils drei der vier relevanten Genorte Hybridmuster und sind somit keine reinen Schwarz-Pappeln.
- Die Bäume Nr. **90 und 91** sollten ebenfalls nicht für Generhaltungsmaßnahmen genutzt werden. Baum Nr. 90 fällt an den Loci AAT-B, PGM-B und PGI-B durch Muster auf, die zwar bei der Schwarz-Pappel möglich, aber äußerst selten sind. Es könnte sich hier um eine Kreuzung mit einer anderen Art oder eine Zuchtsorte handeln. Probe Nr. 91 zeigt zwar die typischen Schwarz-Pappel-Muster, färbt am Genort AAT-A gar nicht. Beide Individuen werden auch in der weiteren Auswertung nicht berücksichtigt.
- Von den 102 untersuchten Bäumen sind 72 reine Schwarz-Pappeln, die insgesamt 19 verschiedene MLGT aufweisen.
- Davon tragen sieben Individuen einen MLGT, der in der untersuchten Stichprobe des Vorkommens einmalig ist (Nr. 14, 34, 41, 57, 93, 94, 105).
- Weiterhin kommen 2 Typen je zweimal, 2 je dreimal, 2 je viermal, 3 je sechsmal, 2 je siebenmal und ein Typ 15 mal vor:

Tab. 4.8.3: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen HE

MLGT-Nr.	Proben Nr.
21	102, 104
25	12, 13, 21
26	16, 17, 18
36	95, 96, 97, 98, 99, 100, 101
37	44, 45, 63, 69
39	6, 19, 20, 22, 80, 103
43	81, 82, 83, 84, 88, 89
48	53, 58, 62, 64, 85, 86, 87
50	35, 61, 71, 75
51	24, 25, 39, 40, 52, 54, 56, 59, 60, 65, 66, 73, 74
52	46, 55
53	38, 42, 43, 67, 68, 70

Rheinland-Pfalz, Namedyer Werth, Nr. 1/6327

Von diesem Vorkommen wurden 78 Proben geliefert. Die Zweige wurden relativ spät im Frühjahr geschnitten, so dass sie sich nicht mehr ganz in der Winterruhe befanden. Daraus ergaben sich Schwierigkeiten mit der Trennung der Enzyme. Aufgrund unvollständiger Muster wurden deshalb 10 Bäume (Nr. **2, 3, 6, 7, 10, 18, 30, 44, 46, 65**) nicht in die Auswertung einbezogen. Bei keinem dieser Individuen lagen Hinweise auf Hybridmuster vor, sondern es konnte nicht jedem Genort ein Genotyp zugeordnet werden. Für die anderen 68 Proben wurden folgende Ergebnisse ermittelt:

- Zwei Bäume (**Nr. 11 und 34**) weisen an allen vier für die Artzuordnung relevanten Genorten (AAT-B, LAP-A, PGM-B und PGI-B) Hybridmuster auf. Diese Bäume sollten bei Erhaltungsmaßnahmen nicht verwendet werden.
- 66 Individuen wurden als *Populus nigra* mit insgesamt 9 MLGT identifiziert.
- Davon kommen drei Typen je einmal vor (Proben-Nr. 15, 24, 41).
- Die anderen 63 Bäume weisen 6 verschiedene MLGT auf, von denen jeweils einer 2-, 4-, 11-, 13-, 14-, bzw. 19-mal nachgewiesen wurde.

Tab. 4.8.4: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen RPF

MLGT-Nr.	Proben Nr.
46	1, 20, 21, 23, 26, 36, 37, 42, 45, 53, 60, 71, 78, 79
47	16, 17, 19, 22, 25, 31, 33, 35, 48, 52, 62, 64, 81
48	66, 75
49	28, 29, 32, 38, 39, 40, 43, 51, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 63, 68, 76, 77, 80
50	4, 5, 8, 9, 12, 13, 14, 27, 49, 50, 67
51	69, 70, 72, 73

Nordrhein-Westfalen, Zonser Grind, Rhein-km 724, Nr. 93/8901

Alle 50 gelieferten Proben wurden untersucht. Daraus ergab sich folgendes Bild:

- Von den 50 untersuchten Bäumen sind 47 reine Schwarz-Pappeln.
- Zwei Bäume (**Nr. 18 und 45**) weisen an allen vier für die Artzuordnung relevanten Genorten (AAT-B, LAP-A, PGM-B und PGI-B) Hybridmuster auf. Diese Bäume sollten bei Erhaltungsmaßnahmen nicht verwendet werden.

- Ein Baum (**Nr. 37**) hat an einem Genort Hybridmuster und an den anderen drei Genorten Muster, die für Schwarz-Pappeln äußerst selten sind. Auch dieser Baum sollte ausgeklammert werden.
- Für die anderen 47 Bäume wurden an 8 untersuchten Genorten insgesamt 20 verschiedene Multilocus-Genotypen nachgewiesen. Dabei kamen 9 Typen nur je einmal vor (Nr. 10, 19, 22, 25, 27, 30, 36, 40, 44). Die weiteren Multilocus-Typen traten 2- bis 9-mal auf :

Tab. 4.8.5: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen NRW

MLGT-Nr.	Proben -Nr.
19	1, 5
20	6, 50
30	34, 42, 43
41	23, 26, 48, 49
43	16, 24
44	2, 3, 14, 17, 21, 31, 35, 39, 46
46	4, 20
48	11, 13, 41
50	28, 29, 32, 38, 47
51	7, 9
53	8, 12, 15, 33

Sachsen 1, Elbe, Dresden Ostragehege, Nr. 5/5499

Das Vorkommen besteht aus mehreren Teilen und umfasst insgesamt 65 Individuen, die alle analysiert wurden. Acht Proben wurden aus der Auswertung ausgeschlossen, da an einigen Genorten die Muster nicht interpretierbar waren.

- Alle untersuchten Bäume sind reine Schwarz-Pappeln.
- An den 57 ausgewerteten Bäumen wurden 10 Multilocus-Genotypen nachgewiesen. Davon kommen drei Typen je einmal vor (**Nr. 50-31, 51-01, 51-07**). Die anderen Typen treten je 2 bis 20 mal auf.

Tab. 4.8.6: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen SN 1

MLGT-Nr.	Teilvorkommen 50, Nr.	51 Nr.	52 Nr.	53 Nr.	54 Nr.
41	13, 17		3, 4, 6, 7	13	
42	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12			9, 10, 11	
43	14, 15, 16,			18	
47		3, 4, 5			
49	18, 19				1
50	21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29			2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 12, 14, 15, 16	
51	30			17	

Sachsen-Anhalt, Nr. 11/8060

Die Stichprobe umfasste 51 Proben. Nr. **62** enthielt nur Blütenknospen, die so verschmierte Zymogramme hervorbrachten, dass eine Auswertung nicht möglich war.

- Zehn Bäume (**Nr. 1, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11**) weisen an allen vier für die Artzuordnung relevanten Genorten (AAT-B, LAP-A, PGM-B und PGI-B) Hybridmuster auf, so dass sie eindeutig *Populus x euramericana* zuzuordnen sind. Diese Bäume sollten bei Erhaltungsmaßnahmen nicht verwendet werden.
- An den anderen 40 Individuen wurden 14 MLGT gefunden, von denen 9 nur einmal vorkommen (Nr. 17, 21, 25, 30, 37, 38, 41, 44, 51). Die fünf weiteren Typen treten je 2- bis 15-mal auf.

Tab. 4.8.7: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen ST

MLGT-Nr.	Proben Nr.
40	12, 13, 14, 15, 16, 18, 19, 22, 29, 32, 33, 34, 35, 36, 63
47	31, 49
48	39, 42, 43, 45, 46, 60, 64
50	27, 28, 47, 48, 61
51	23, 24

Brandenburg, Nr. 223/8030

Die Stichprobe besteht aus 50 Proben, die alle untersucht wurden.

- Alle untersuchten Bäume sind reine Schwarz-Pappeln.
- 15 MLGT wurden gefunden, davon kommen 7 nur einmal vor (Nr. 206, 213, 218, 221, 226, 229 und 239). Die anderen Typen traten je 2- bis 17-mal auf.

Tab. 4.8.8: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen BB

MLGT-Nr.	Proben Nr.
32	207, 217, 224
34	232, 238
39	219, 230
42	208, 228
50	204, 205, 209, 215
51	210, 222, 223, 234, 244
52	202, 203, 212, 216, 231, 233, 235, 245
53	201, 211, 214, 220, 225, 227, 236, 237, 240, 242, 243, 246, 247, 248, 250

Mecklenburg-Vorpommern, Elbe bei Dömitz, Nr. 65/7592

Die Stichprobe umfasste 81 Proben aus drei Teilvorkommen. Aus dem umfangreichsten Teilvorkommen Nr. 10 stammen insgesamt 66 Proben. Dabei wurden 50 Bäume ausgewählt und mit 10-1 bis 10-50 bezeichnet. Von fünf dieser Exemplare, bei denen vermutet wurde, dass es sich um mehrstämmige Individuen handelt, wurden zur Kontrolle mehrere Stämmlinge beprobt (10-1/ bis 10-1/5; 10-8/1 bis 10-8/4; 10-12/1 bis 10-12/5; 10-16/1 bis 10-16/3 und 10-20/1 bis 10-20/4. Von zwei kleineren Teilvorkommen an der Löcknitz wurden jeweils 8 (12-1 bis 12-8) bzw. 6 (8-1 bis 8-6) Proben geworben.

- Alle untersuchten Bäume sind reine Schwarz-Pappeln.
- Insgesamt wurden 17 MLGT nachgewiesen, davon kommen 7 einmal vor (Nr. 10-7, 10-11, 10-19, 10-30, 10-31, 10-49 und 12-2). 10 MLGT treten je 2- bis 21-mal auf.

Tab. 4.8.9: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen MV

MLGT-Nr.	Teilvorkommen Nr. 10	Nr. 11	Nr. 12	Nr. 8
18	10-39, 10-40			
24			12-7	8-1
31	10-3, 10-45, 10-48			
35	10-16/3, 10-43, 10-44			
40	10-35, 10-36			
45	10-1/1,4,5, 10-2			
47	10-20/1,2,3,4, 10-29, 10-37			
50	10-13, 10-23, 10-24, 10-25, 10-26, 10-27, 10-33, 10-34		12-5, 12-6	8-5, 8-6
51	10-09, 10-10, 10-18, 10-32, 10-38, 10-50			
52	10-1/3, 10-4, 10-6, 10-12/1,2,3,4,5, 10-21, 10-28,	11-0	12-8	
53	10-1/2, 10-5, 10-8/1,2,3,4, 10-14, 10-15, 10-16/1,2, 10-17, 10-22, 10-41, 10-42, 10-46, 10-47		12-2, 12-3	8-2, 8-3, 8-4

Sachsen 2, Neiße, Nr. 1/5495

In diesem Vorkommen wurden 50 reguläre Proben geworben, die mit Nummern bezeichnet sind. Zusätzlich wurde eine im Vorkommen vorhandene Pyramidenpappel (P) zu Vergleichszwecken in die Untersuchung einbezogen.

- Alle untersuchten Bäume sind reine Schwarz-Pappeln.
- In dem Vorkommen wurden nur 8 Multilocus-Genotypen nachgewiesen. Davon tritt ein Typ einmal auf (**Nr. 1**). Die anderen Typen kommen je 2- bis 23-mal vor.

Tab. 4.8.10: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen SN 2

MLGT-Nr.	Proben Nr.
45	7, 12
47	40, 42, 43
48	8, 9, 10, 13, 38, 44
50	5, 6, 11, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 30, 33, 34, 49, 50, 51, 52, 53
51	P, 14, 15, 31, 37, 41, 45, 47, 48
52	16, 29, 32, 39
53	35, 36, 49

Thüringen, Gera, Nr. 23/4387

Das Vorkommen wurde mit 46 Individuen vollständig beprobt.

- Ein Baum (Nr. 4) weist an allen vier relevanten Genorten Hybridmerkmale auf, die anderen 45 Bäume sind Schwarz-Pappeln.
- Alle Schwarz-Pappeln lassen sich drei Multilocus-Genotypen zuordnen.

Tab. 4.8.11: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen TH

MLGT-Nr.	Proben Nr.
29	23, 24, 25, 26
45	3, 5, 6, 27, 28, 29, 30, 45, 46
51	1, 2, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44

Bayern 1, Inn, Nr. 43/9502

Aus einer Naturverjüngung erhielten wir 36 Proben, die nicht einzeln bezeichnet waren.

- Alle untersuchten Individuen sind Schwarz-Pappeln.
- 9 verschiedene MLGT wurden gefunden.

Tab. 4.8.12: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) n dem Vorkommen BY 1

MLGT-Nr.	Anzahl Individuen
31, 43, 45, 47, 48, 50	je 1
51	4
52	3
53	23

Bayern 2, Main, 45/9535

Die Stichprobe enthielt 24 Proben. Davon wurden 23 Individuen als Hybriden identifiziert, da sie an allen vier für die Artzuordnung relevanten Genorten (AAT-B, LAP-A, PGM-B und PGI-B) Hybridmuster aufweisen. Ein Baum ist eine Schwarz-Pappel mit dem MLGT Nr. 51.

4.8.2 Die Parameter der genetischen Vielfalt

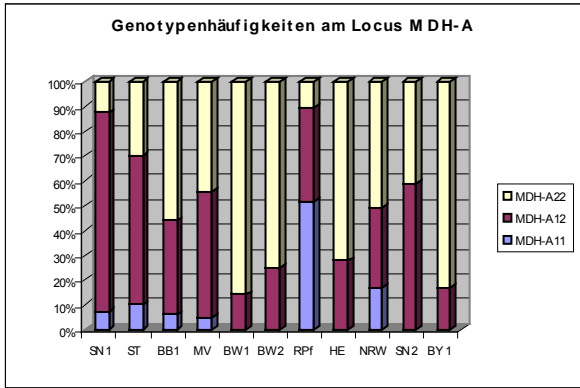
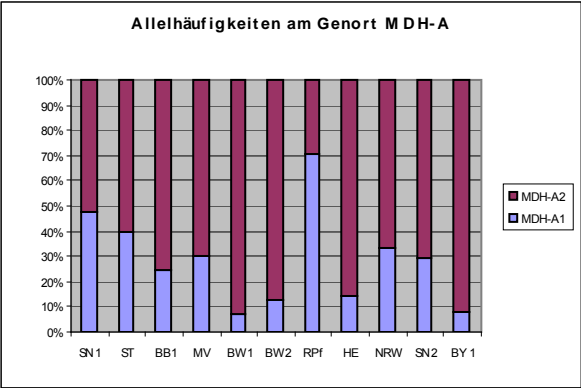
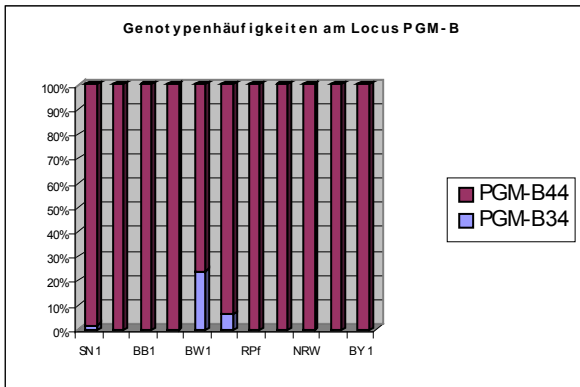
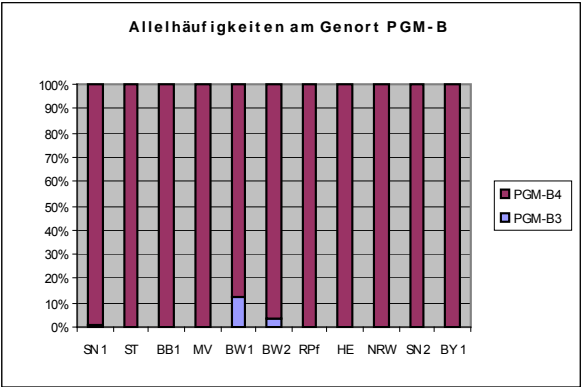
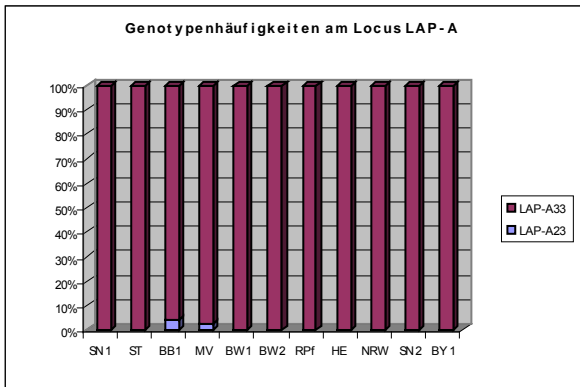
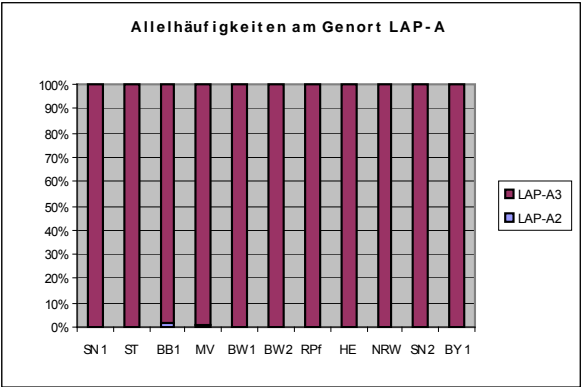
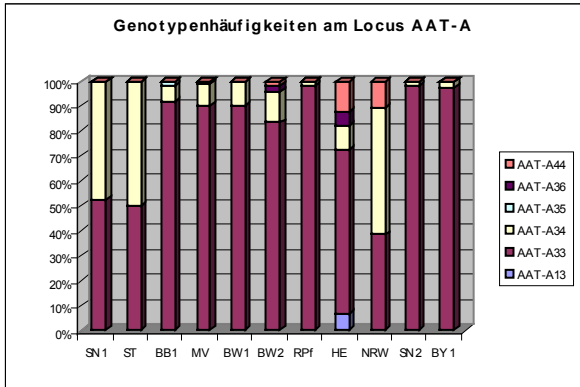
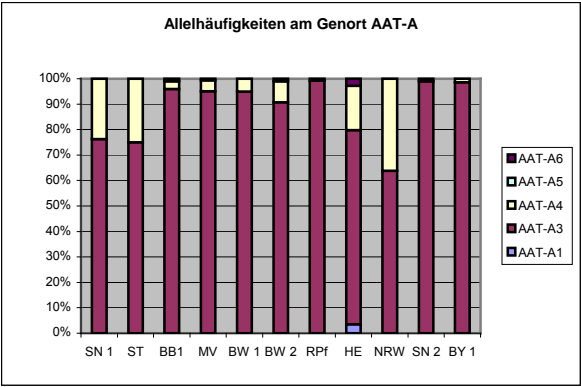
Die Genorte, die die Artzuordnung ermöglichen, weisen innerhalb der Schwarz-Pappel wenig Variation auf. An den Genorten AAT-B und PGI-B wurde innerhalb der Art in den untersuchten Vorkommen keine Variation gefunden, an den Loci LAP-A und PGM-B traten seltene Varianten in je zwei bzw. drei Vorkommen auf. Die anderen vier Genorte variieren regelmäßig, wobei AAT-A, MDH-A und IDH-A in allen Populationen polymorph sind und MDH-D in einigen Vorkommen auf das Allel 2 fixiert ist.

Tab. 4.8.13: Parameter der genetischen Vielfalt

Pop.	N _{nigra}	N _{MLGT}	AAT- A	AAT -B	LAP -A	PGM -B	PGI -B	MDH -A	MDH -D	IDH -A	A/L	P[%]	G _P
SN 1	57	10	2	1	1	2	1	2	1	2	1,50	50,0	81
ST	40	14	2	1	1	1	1	2	2	2	1,50	50,0	81
BB	50	15	3	1	2	1	1	2	3	2	1,88	62,5	972
MV	81	18	3	1	2	1	1	2	2	2	1,75	62,5	486
BW 1	50	10	2	1	1	2	1	2	1	2	1,50	50,0	81
BW 2	48	15	3	1	1	2	1	2	3	2	1,88	62,5	972
RPf	66	9	2	1	1	1	1	2	1	2	1,38	37,5	27
HE	72	19	4	1	1	1	1	2	2	2	1,75	50,0	270
NRW	47	20	2	1	1	1	1	2	2	2	1,50	50,0	81
SN 2	51	8	2	1	1	1	1	2	2	2	1,50	50,0	81
TH	45	3	2	1	1	1	1	2	2	2	1,50	50,0	81
BY 1	36	9	2	1	1	1	1	2	2	2	1,50	50,0	81
BY 2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	1,12	12,5	3
gesamt	644	53	5	1	2	2	1	2	4	2	2,38	75	12150

4.8.3 Relative Allel- und Genotypenhäufigkeiten

In den folgenden Abbildungen sind die relativen Allel- und Genotypenfrequenzen veranschaulicht. Es wird deutlich, dass sowohl in den Häufigkeiten der Varianten, als auch in den Heterozygotiegraden (Tab. 4.8.14) an den einzelnen Loci sehr große Schwankungen zwischen den Vorkommen auftreten. Das liegt im Wesentlichen an den zum Teil sehr hohen Wiederholungszahlen bestimmter MLGT, die zu einer Überrepräsentanz der entsprechenden Allele und Genotypen führen. Aus diesem Grund wurden in diesem Teil der Auswertung die Vorkommen Thüringen (3 MLGT) und Bayern 2 (1 MLGT) nicht berücksichtigt.



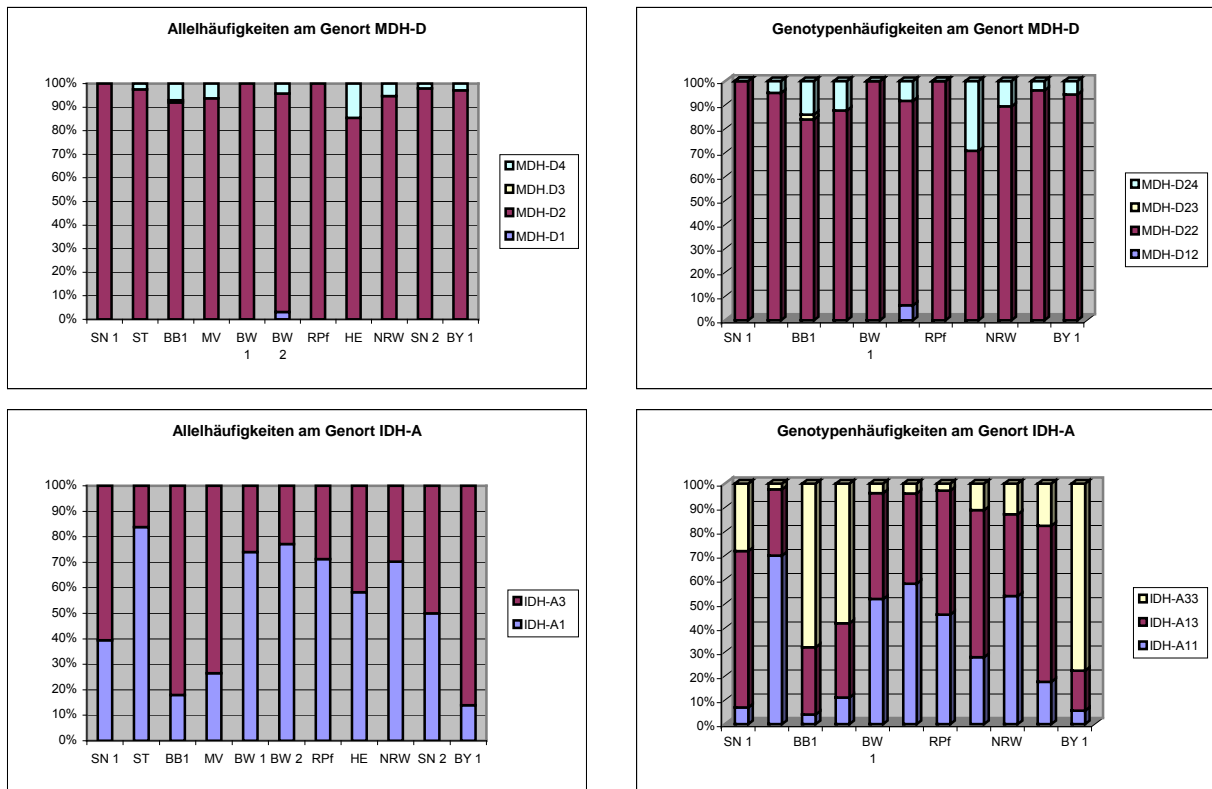


Abb. 4.8.2: Relative Allel- und Genotypenhäufigkeiten an den untersuchten Genorten in 11 Schwarzpappel-Vorkommen

Tab. 4.8.14: Beobachtete Heterozygotie

Pop.	Fluss	N _{nigra}	N _{MLGT}	AAT-A	LAP-A	PGM-B	MDH-A	MDH-D	IDH-A
SN 1	Elbe	57	10	47,4	0,0	1,8	80,7	0,0	64,9
ST	Elbe	40	14	50,0	0,0	0,0	60,0	5,0	27,5
BB	Elbe	50	15	8,0	4,0	0,0	38,0	16,0	28,0
MV	Elbe	81	18	9,9	2,5	0,0	50,6	12,3	30,9
BW 1	Rhein	50	10	10,0	0,0	24,0	14,0	0,0	44,0
BW 2	Rhein	48	15	14,6	0,0	6,2	25,0	14,6	37,5
RPf	Rhein	66	9	1,5	0,0	0,0	37,9	0,0	51,5
HE	Rhein	72	19	22,2	0,0	0,0	27,8	29,2	61,1
NRW	Rhein	47	20	51,1	0,0	0,0	31,9	10,6	34,0
SN 2	Neiße	51	8	2,0	0,0	0,0	58,8	3,9	64,7
TH	Gera	45	3						
BY 1	Inn	36	9	2,8	0,0	0,0	16,7	5,6	16,7
BY 2	Main	1	1						

Die räumliche Verteilung der untersuchten Vorkommen ist in den folgenden Karten dargestellt. Von ausgewählten Genorten, die Unterschiede zwischen den Vorkommen erkennen lassen, sind die Allel- und Genotypenhäufigkeiten gezeigt.

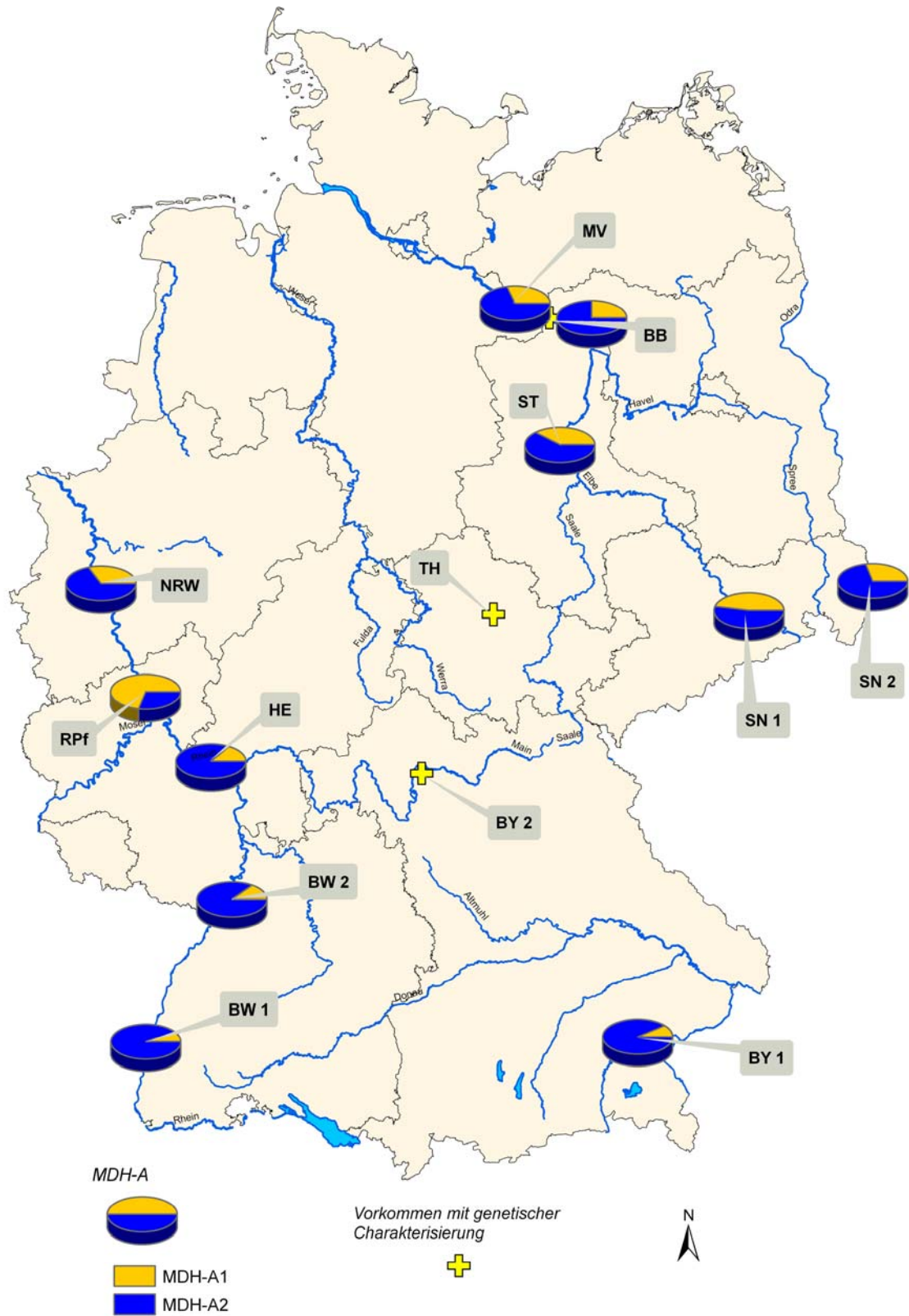


Abb. 4.8.3: Allelhäufigkeiten am Genort MDH-A

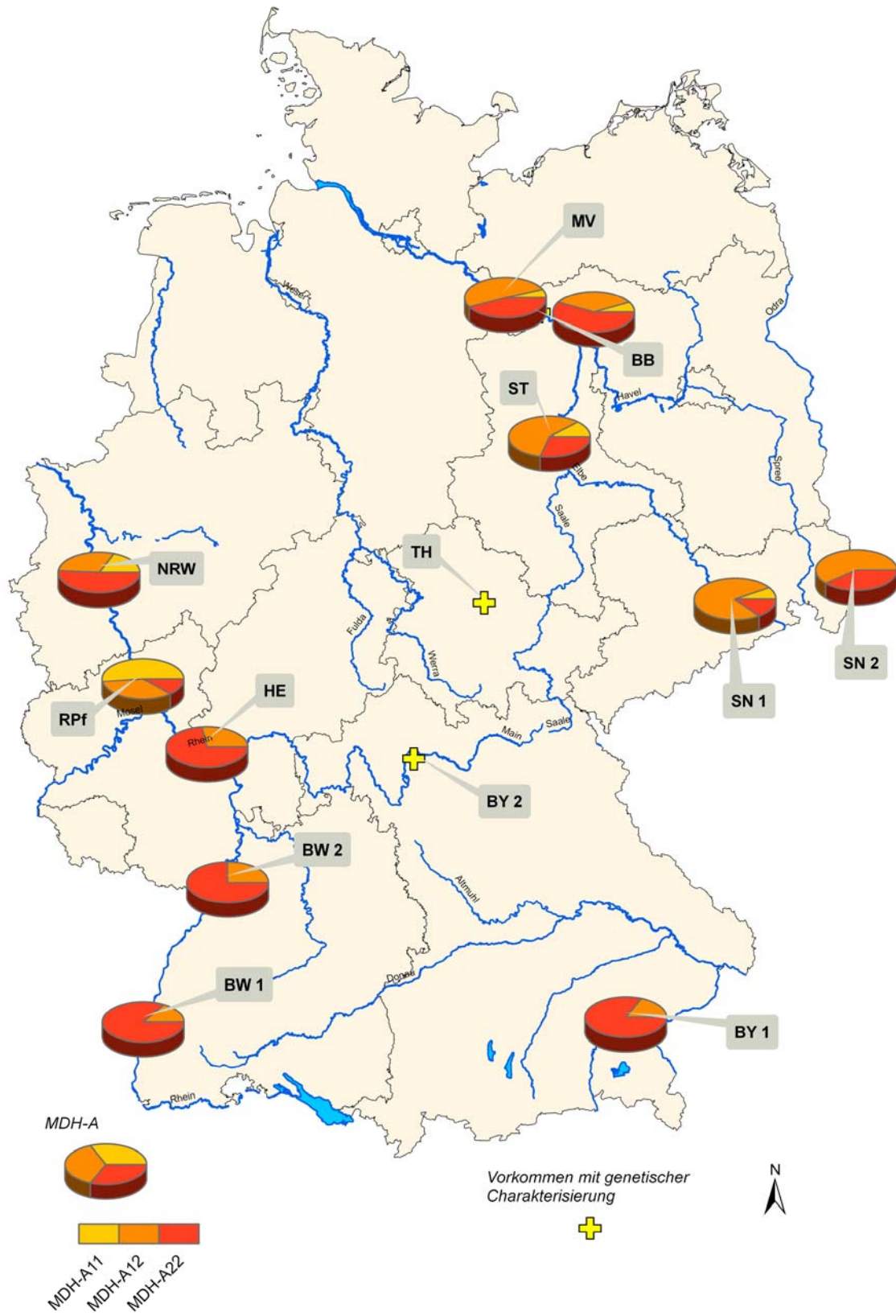


Abb. 4.8.4: Genotypenhäufigkeiten am Genort MDH-A

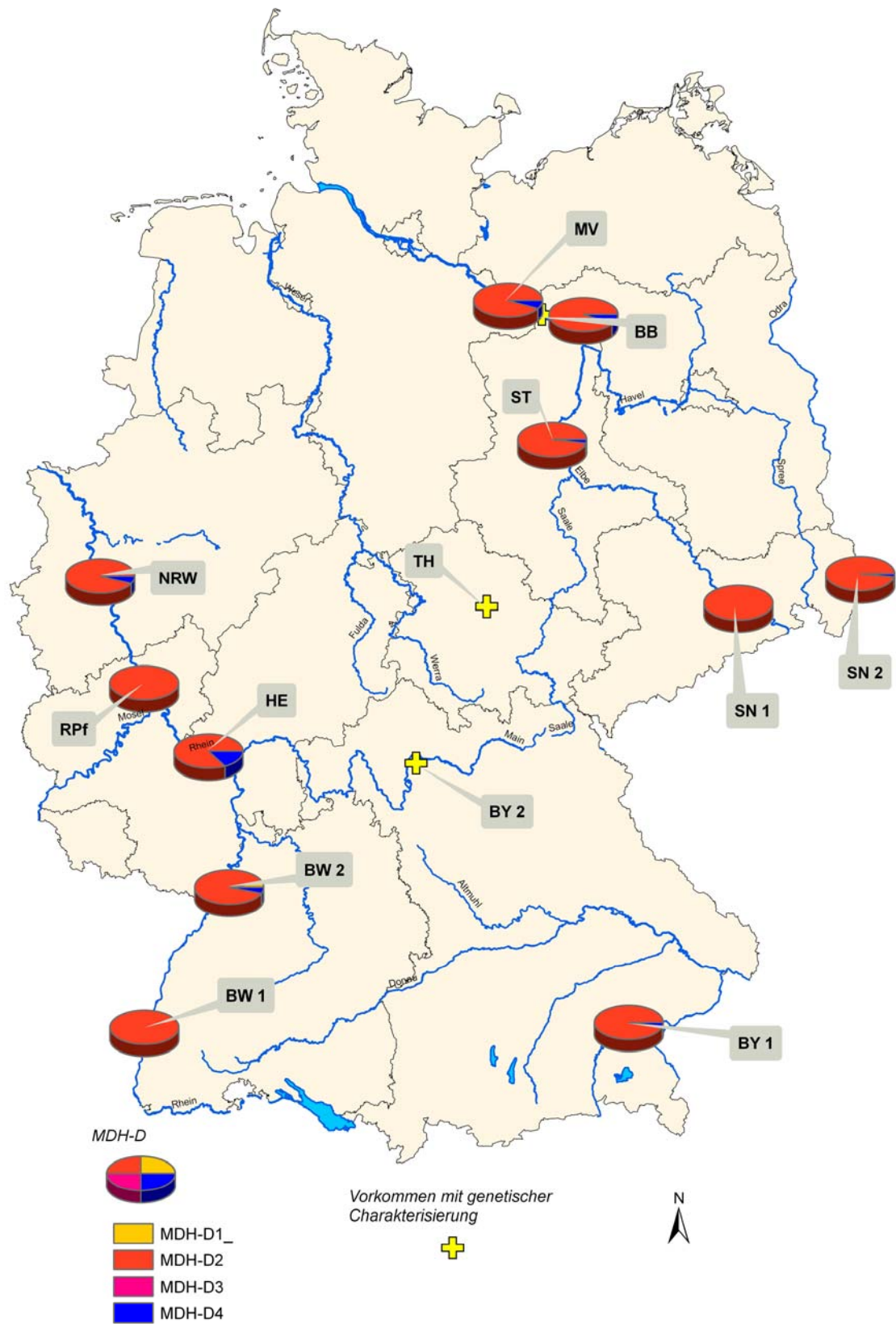


Abb. 4.8.5: Allelhäufigkeiten am Genort MDH-D

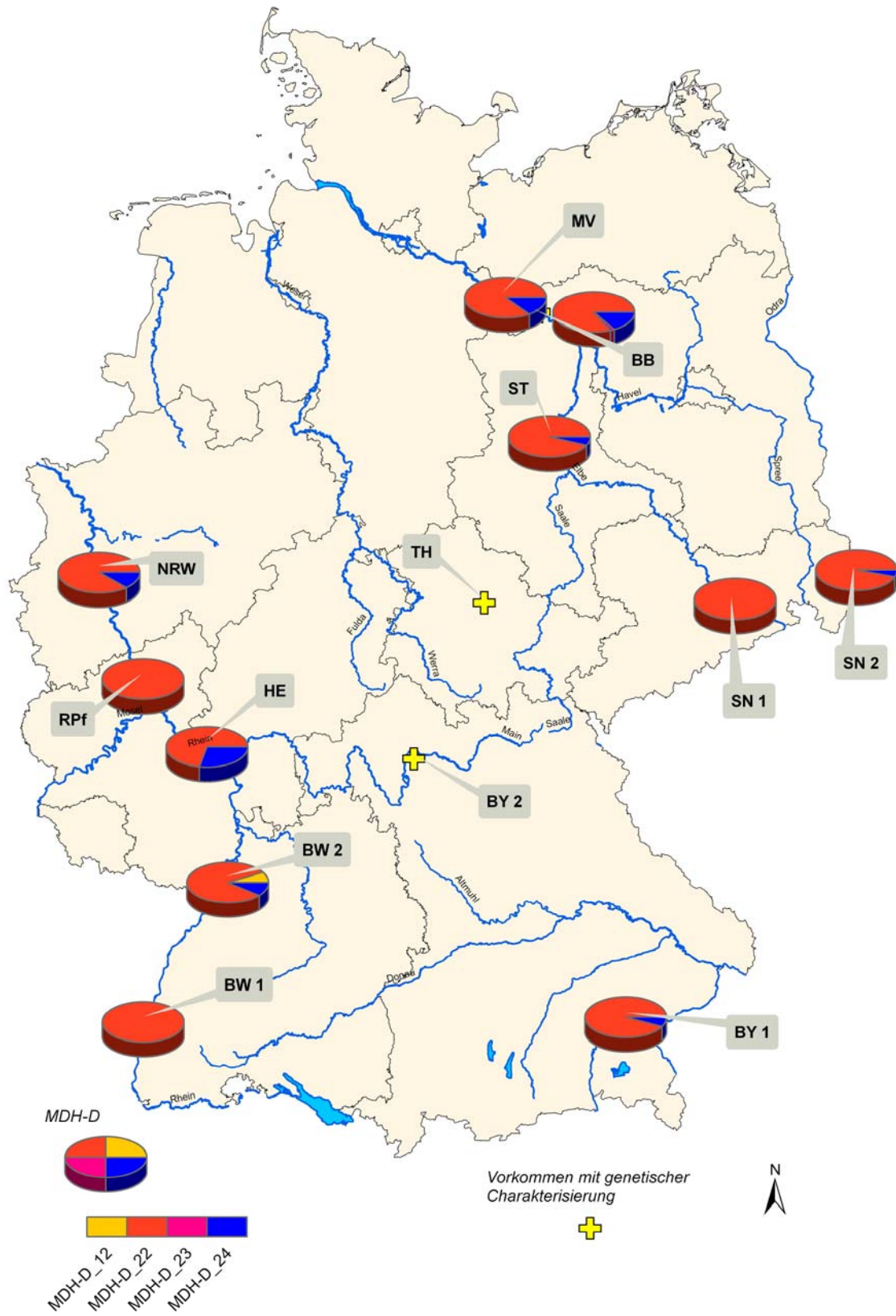


Abb. 4.8.6: Genotypenhäufigkeiten am Genort MDH-D

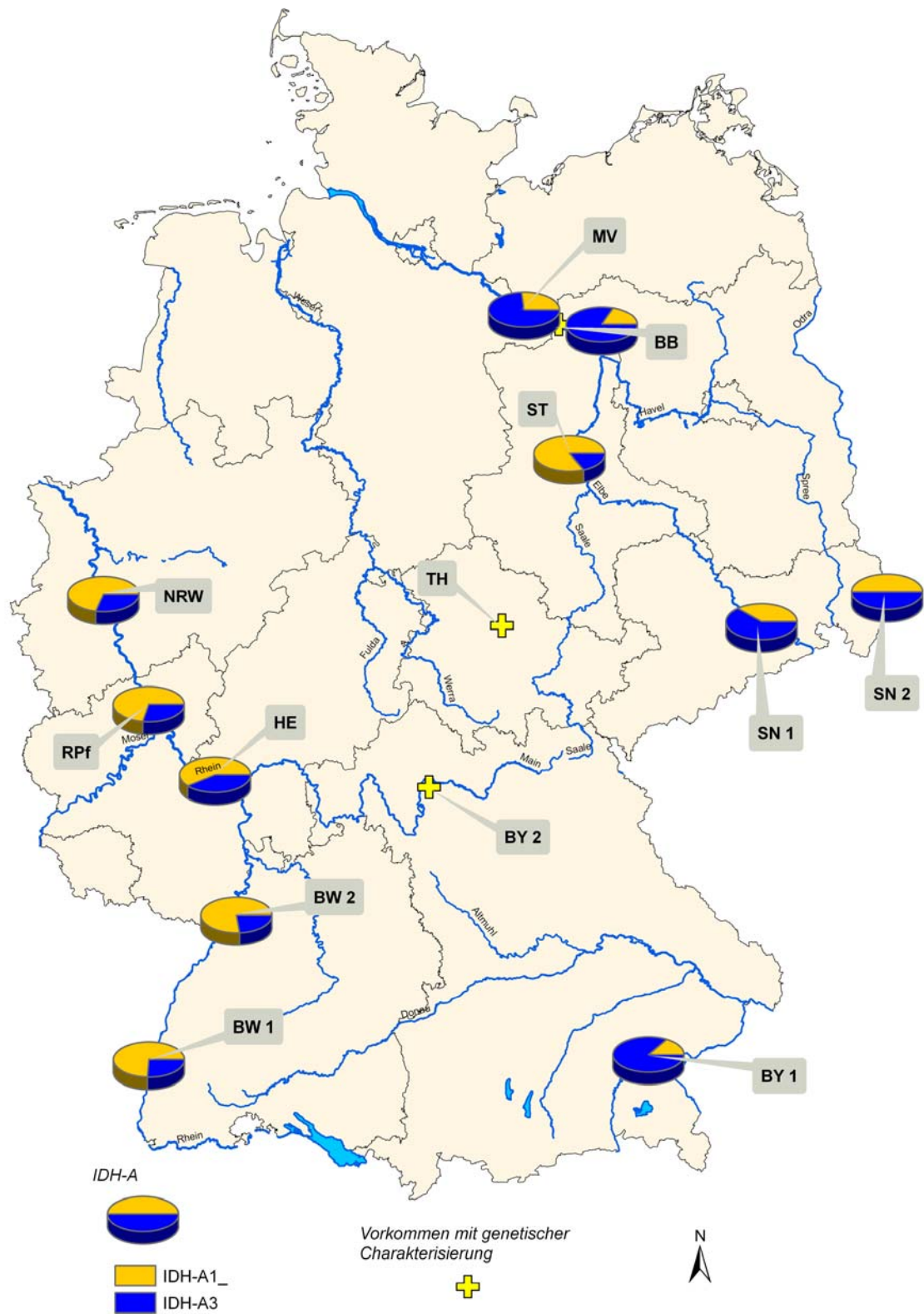


Abb. 4.8.7: Allelhäufigkeiten am Genort IDH-A

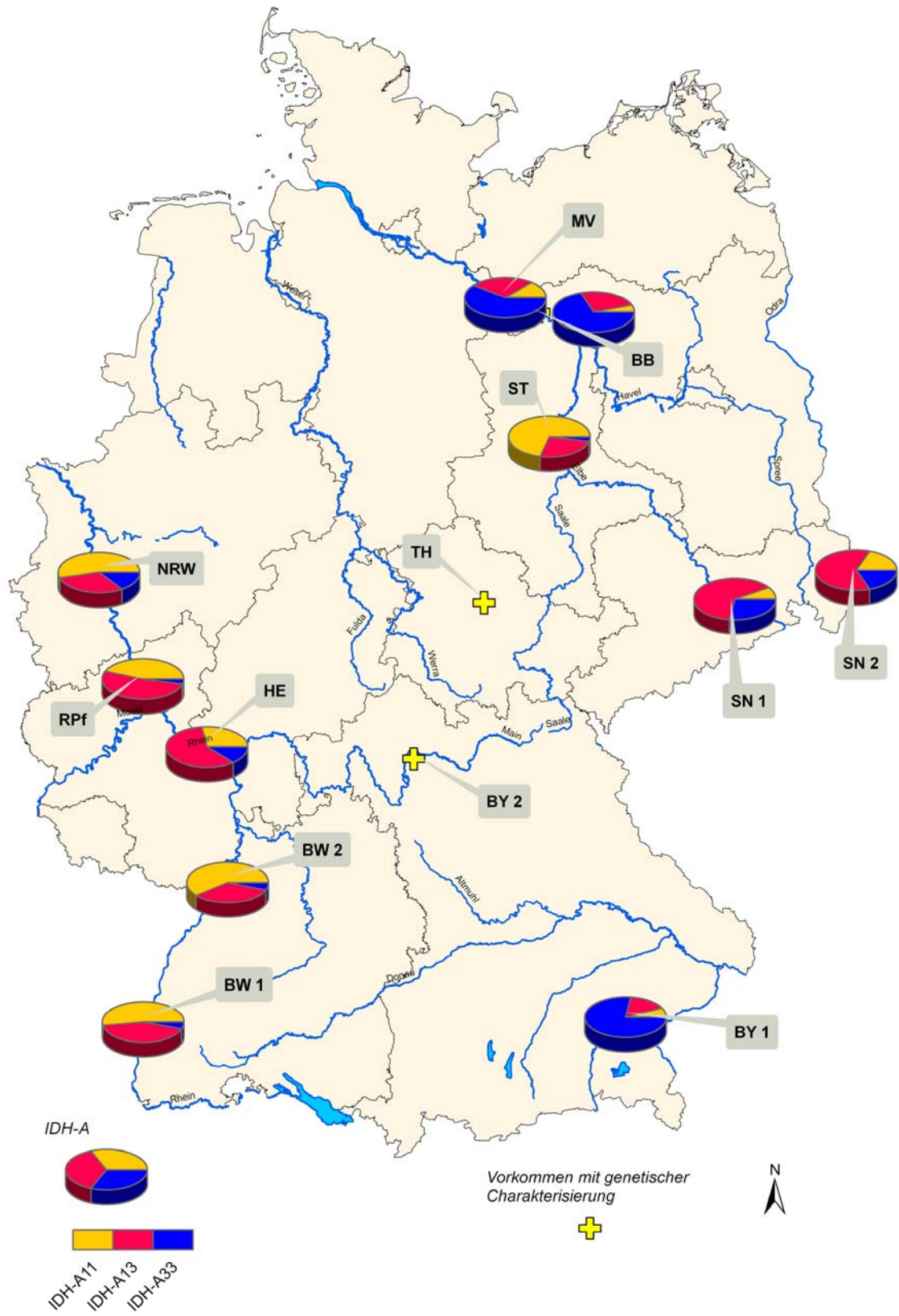


Abb. 4.8.8: Genotypenhäufigkeiten am Genort IDH-A

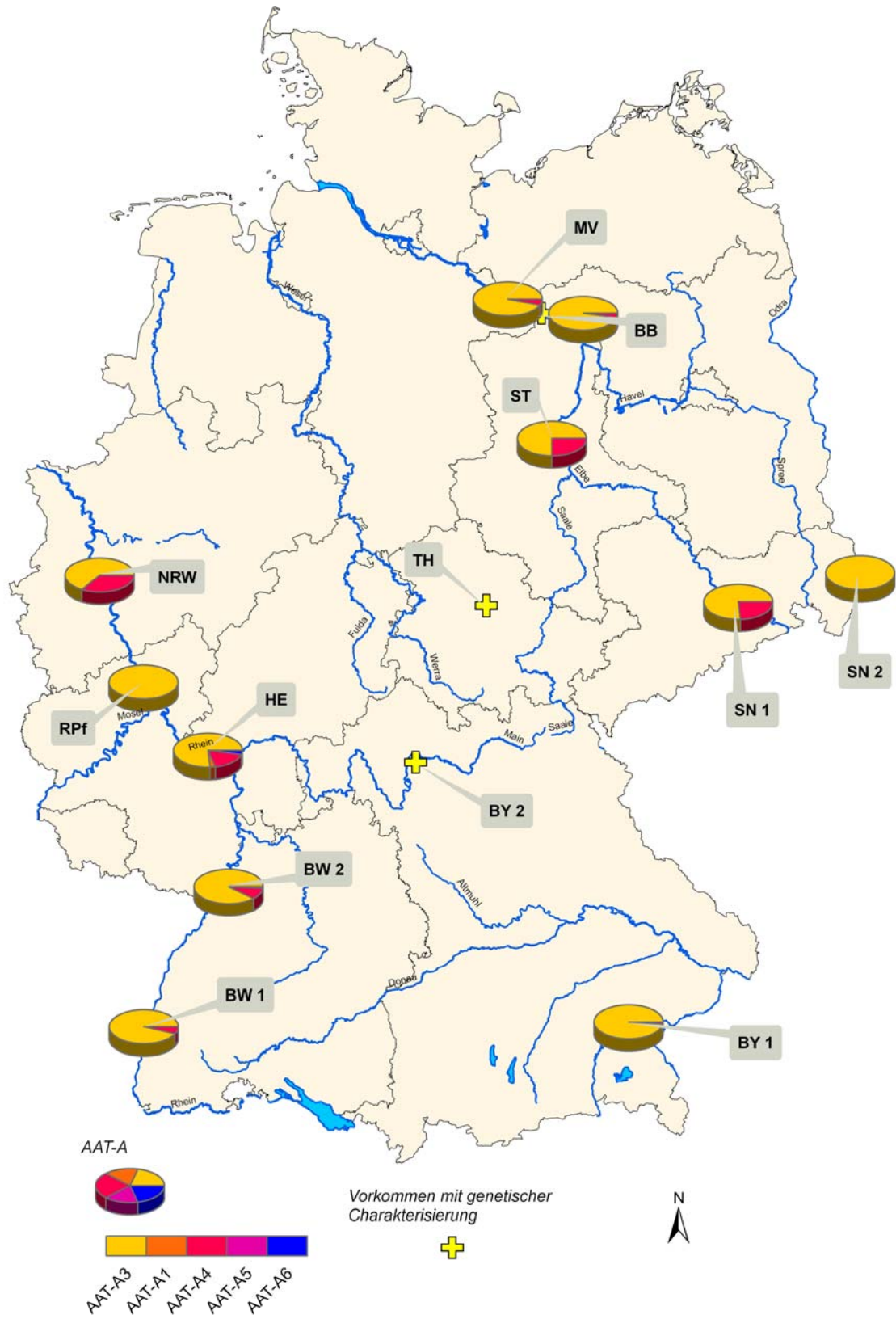


Abb. 4.8.9: Allelhäufigkeiten am Genort AAT-A

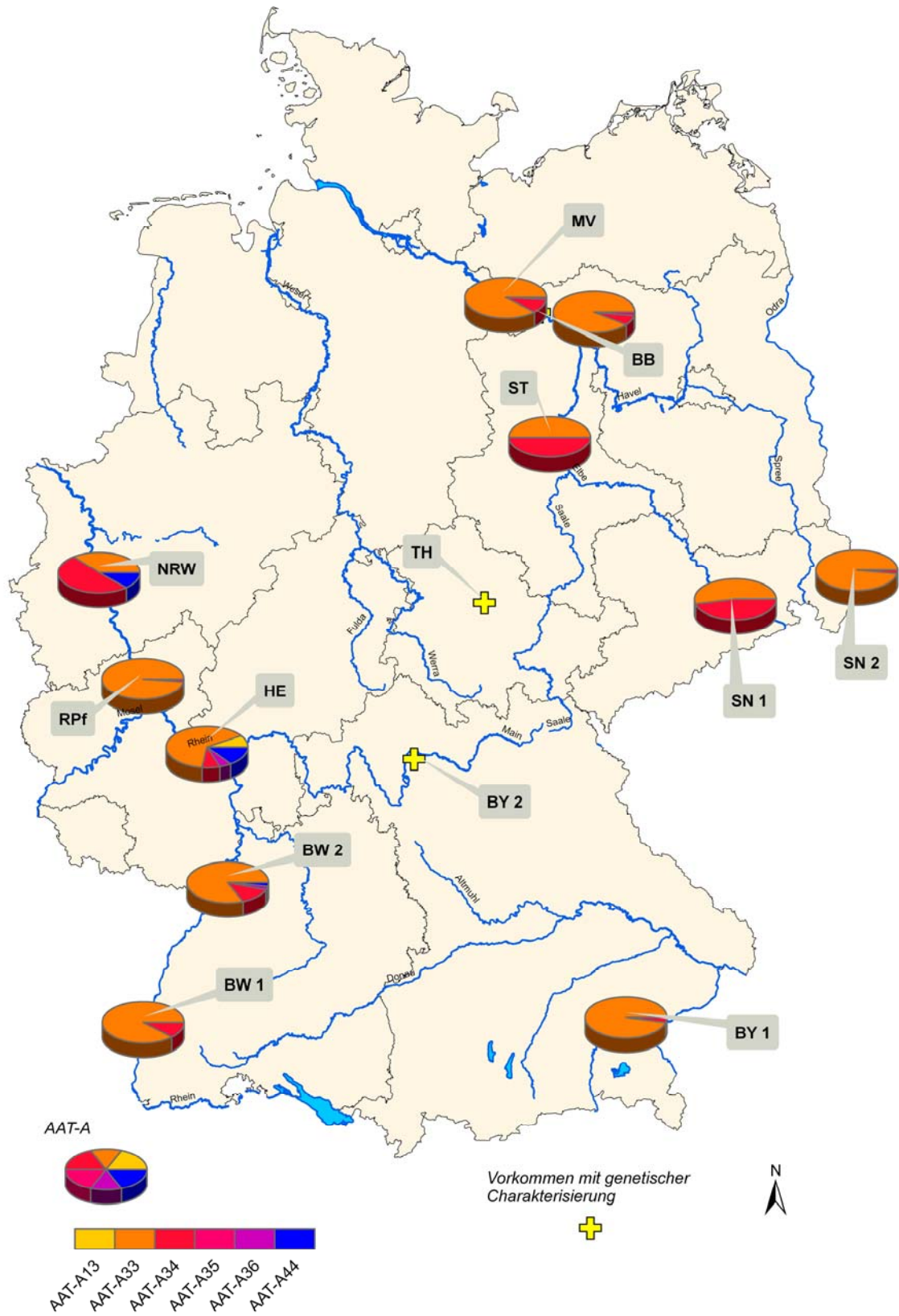


Abb. 4.8.10: Genotypenhäufigkeiten am Genort AAT-A

4.8.4 Artzuordnung und Introgression

Die Ergebnisse zeigen, dass die Fehlerquote bei der morphologischen Artansprache, zumindest bei Altbäumen, relativ gering ist. Von 734 untersuchten Bäumen wurden 644 eindeutig als *Populus nigra* angesprochen und 66 als *Populus x euramericana*. Von den 13 untersuchten Vorkommen bestanden die Stichproben in sechs Fällen ausschließlich aus Schwarz-Pappeln. In den Proben von vier weiteren Vorkommen wurden Hybriden mit einem sehr geringen Anteil (ein, zwei oder drei Individuen) nachgewiesen. In drei Fällen war der Hybridanteil der untersuchten Bäume erheblich (> 20 % in den Vorkommen HE und ST) bzw. dominant (in der Naturverjüngung des bayrischen Vorkommens Main bei Schwebheim).

Für wenige Individuen (insgesamt 20 aus 4 Vorkommen) liegen keine Analysenergebnisse vor, da deren Zymogramme aufgrund schlechter Auftrennung oder schwacher Färbung nicht interpretiert werden konnten. Die Ursache dafür liegt in der Qualität der Knospenproben (z. B. Blütenknospen oder geringe Enzymkonzentrationen).

An zwei Bäumen aus dem Vorkommen HE wurden Muster gefunden, die weder eine eindeutige Zuordnung zur Schwarz-Pappel noch zu den Hybriden ermöglichen: Sie weisen an je drei der vier relevanten Genorte (AAT-A, LAP, PGI-B bzw. AAT-A, PGM-B, PGI-B) Hybridmuster auf und an dem vierten Locus Muster der Schwarz-Pappel. Diese Genotypen lassen sich nur als Rückkreuzungen (*P. nigra* x *P. x euramericana*) erklären, zumal in dem Vorkommen HE ein relativ hoher Hybridanteil festgestellt wurde.

Ähnliche Ergebnisse liegen von dem großen Schwarz-Pappel-Vorkommen Küstrin-Kietz an der Oder vor, aus dem eine Stichprobe von 184 Individuen an der Landesforstanstalt Eberswalde analysiert wurde, und deren Daten für den vorliegenden Abschlussbericht zur Verfügung standen. In dem Vorkommen wurden 7 Individuen festgestellt, die an allen vier relevanten Genorten Hybridmuster zeigten. Weiterhin wiesen 8 Individuen an je drei Loci Hybridmuster auf und an einem Schwarz-Pappel-Muster, 11 Bäume trugen an je zwei Loci Hybrid-Genotypen und an zwei Schwarz-Pappel-Genotypen, und 24 an je einem Locus Hybrid- und an drei Loci Schwarz-Pappel-Muster. Dabei ist hervorzuheben, dass die vier betreffenden Genorte in verschiedenen Kombinationen an den drei Übergangsformen beteiligt sind (Tab. 4.8.15). Die Tatsache, dass zwar nur ca. 3 % der Stichprobe F1-Hybriden sind, aber mindestens 23 % genetisch zwischen *P. nigra* und *P. x euramericana* stehen, legt die Vermutung nahe, dass in diesem Vorkommen eine Introgression von *P. x euramericana* in *P. nigra* stattfindet.

Tab. 4.8.15: Verteilung der Hybrid-Genotypen an den vier für die Artzuordnung relevanten Genorten in dem Vorkommen Küstrin-Kietz (Oder, Brandenburg - Quelldaten vom LFE): N_{GT} : Gesamtanzahl Hybrid-Genotypen je Genort; N_i : Anzahl der Individuen mit der entsprechenden Verteilung der Hybrid-Genotypen

Genort	AAT-B	LAP-A	PGM-B	PGI-B	N_i
N_{GT}	27	20	25	28	
Kombinationen	Hy	Hy	Hy	Hy	7
	Hy	Hy	Hy	SPA	4
	SPA	Hy	Hy	Hy	4
	Hy	Hy	SPA	SPA	2
	Hy	SPA	Hy	SPA	2
	Hy	SPA	SPA	Hy	2
	SPA	SPA	Hy	Hy	6
	Hy	SPA	SPA	SPA	10
	SPA	Hy	SPA	SPA	3
	SPA	SPA	Hy	SPA	2
SPA	SPA	SPA	Hy	9	

Die erfolgreiche Hybridisierung zwischen den beiden Taxa ist seit längerem bekannt (MELCHIOR & SEITZ 1968). VAN DEN BROECK et al. (2003) konnten auf der Grundlage von gelenkten Kreuzungen mit Hilfe von Microsatelliten-Markern nachweisen, dass bei der Bestäubung von weiblichen *Populus nigra* keine Zufallspaarung vorliegt, sondern bei Konkurrenz von *P. nigra*-Pollen und *P. x euramericana*-Pollen die Schwarz-Pappel deutlich im Vorteil ist. Bei fehlendem oder schwachem Angebot an artgleichem Pollen ist aber die Erzeugung lebensfähiger Nachkommen aus der Kombination *P. nigra* x *P. x euramericana* möglich. Inzwischen konnten diese Ergebnisse in einem künstlich begründeten belgischen Mischbestand aus verschiedenen Pappelarten auch für die natürliche Hybridisierung bestätigt werden (VAN DEN BROECK et al. 2006). Die Ergebnisse aus dem Vorkommen Küstrin-Kietz lassen sich ähnlich interpretieren. Gegenwärtig ist eine Untersuchung des Vorkommens mit den erwähnten Microsatelliten-Genmarkern in Arbeit. Von den Ergebnissen wird weitere Klarheit über die Hypothese der Introgression erwartet.

4.8.5 Seltene Allele

Bei drei Bäumen wurden an mehreren Loci Genotypen nachgewiesen, die zwar bei Schwarz-Pappel möglich sind, aber sehr selten auftreten (z. B. AAT-B13, LAP-A34, PGI-B23). Aufgrund der Kombination mehrerer solcher Genotypen an jeweils einem Baum ist es nicht auszuschließen, dass es sich dabei um Kreuzungen mit anderen Pappelarten oder um Zuchtsorten handelt. Sie wurden deshalb nicht in die weitere Auswertung einbezogen.

In einer Untersuchung des LFE an einer Stichprobe aus einem umfangreichen Vorkommen im Nationalpark Unteres Odertal wurden hingegen relativ viele dieser seltenen Genvarianten gefunden.

Tab. 4.8.16: Vergleich der Genotypenhäufigkeiten von zwei Populationen an der Oder (Daten von der LFE) mit den im vorliegenden Projekt untersuchten Vorkommen

Genotypen	BB UO	BB KK	SN 1	ST	BB 1	MV	BW 1	BW 2	RPf	HE	NRW	SN 2	BY 1	
AAT-A	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0,069	0	0	0	
	22	0,006	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	33	0,782	0,556	0,526	0,5	0,92	0,901	0,9	0,833	0,985	0,653	0,383	0,98	0,972
	34	0,006	0,083	0,474	0,5	0,06	0,086	0,1	0,125	0,015	0,097	0,511	0,02	0,028
	35	0,097	0,023	0	0	0,02	0,012	0	0	0	0	0	0	0
	36	0	0	0	0	0	0	0	0,021	0	0,056	0	0	0
	44	0	0	0	0	0	0	0	0,021	0	0,125	0,106	0	0
	45	0,006	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AAT-B	13	0,006	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	33	0,982	0,977	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
	34	0,012	0,023	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LAP-A	23	0,018	0,113	0	0	0,04	0,025	0	0	0	0	0	0	0
	24	0	0,045	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	25	0,006	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	33	0,97	0,789	1	1	0,96	0,975	1	1	1	1	1	1	1
	44	0	0,015	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PGM-B	34	0,012	0	0,018	0	0	0	0,24	0,062	0	0	0	0	0
	44	0,982	1	0,982	1	1	1	0,76	0,938	1	1	1	1	1
PGI-B	13	0,048	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	23	0,097	0,008	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	24	0,012	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	33	0,842	0,992	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
MDH-A	11	0	0,023	0,07	0,1	0,06	0,049	0	0	0,515	0	0,17	0	0
	12	0,182	0,383	0,807	0,6	0,38	0,506	0,14	0,25	0,379	0,278	0,319	0,588	0,167
	22	0,818	0,594	0,123	0,3	0,56	0,444	0,86	0,75	0,106	0,722	0,511	0,412	0,833
MDH-D	12	0	0	0	0	0	0	0	0,062	0	0	0	0	0
	22	0,418	0,902	1	0,95	0,84	0,877	1	0,854	1	0,708	0,894	0,961	0,944
	23	0	0	0	0	0,02	0	0	0	0	0	0	0	0
	24	0,521	0,098	0	0,05	0,14	0,123	0	0,083	0	0,292	0,106	0,039	0,056
	44	0,061	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IDH-A	11	0,291	0,203	0,07	0,7	0,04	0,111	0,52	0,583	0,455	0,278	0,532	0,176	0,056
	13	0,521	0,632	0,649	0,275	0,28	0,309	0,44	0,375	0,515	0,611	0,34	0,647	0,167
	33	0,188	0,165	0,281	0,025	0,68	0,58	0,04	0,042	0,03	0,111	0,128	0,176	0,778
N		165	133	57	40	50	81	50	48	66	72	47	51	36

Der Vergleich der Genotypenhäufigkeiten (Tab. 4.8.16) macht deutlich, dass es an acht Loci nur 12 Genotypen gibt, die in allen untersuchten Vorkommen nachgewiesen wurden. 21 Einzellocus-Genotypen wurden nur in einem Teil der Vorkommen (bzw. nur in einem) gefunden, davon traten 11 ausschließlich in den beiden (bzw. einer der beiden) Oder-Populationen auf. Für diese auffällige Erscheinung kommen mehrere Ursachen in Betracht:

1. Von den zwei Populationen wurden wesentlich größere Stichproben untersucht als von den Vorkommen im Rahmen des BLE-Projektes. Damit ist dort auch die Wahrscheinlichkeit der Erfassung seltener Allele größer.
2. Beide Populationen stammen von der Oder und repräsentieren damit ein vom restlichen Untersuchungsgebiet unabhängiges Flusssystem mit möglicherweise anderen Variationen.
3. Die Analysen wurden in verschiedenen Labors durchgeführt. Trotz gemeinsam verwendeter Nomenklatur besteht die Gefahr, dass gerade bei seltenen Genotypen die Muster aufgrund geringfügiger methodischer Nuancen leicht variieren und unterschiedlich interpretiert werden. Diese Möglichkeit sollte durch den Austausch der fraglichen Proben vor der weiteren Verwendung der Ergebnisse ausgeräumt werden.

4.8.6 Vergleich der Vorkommen und der Flusssysteme

Die sehr großen Unterschiede in der Allelbesetzung und den relativen Allelhäufigkeiten basieren zu einem erheblichen Teil aus den Wiederholungsraten von bestimmten Multilocusgenotypen in den einzelnen Vorkommen. Von wenigen Vorkommen liegen Angaben zur flächigen Verteilung der MLGT vor. Daraus leitet sich die Erkenntnis ab, dass ein beträchtlicher, aber in den meisten Vorkommen bisher nicht genau definierbarer Anteil der wiederholten MLGT Klone repräsentieren. In einer populationsgenetischen Auswertung würden bei einer hohen Klonierungsrate bestimmte Allele und Genotypen wesentlich überrepräsentiert. Aus diesem Grund erscheint es nicht sinnvoll, die sehr ungleichen Vorkommen mit Hilfe von Parametern, die auf Allel- und Genotypenhäufigkeiten basieren, zu vergleichen. Hinzu kommen die bereits im vorigen Abschnitt erwähnten Schwierigkeiten, den Nachweis seltener Allele in sehr kleinen Stichproben zu werten. In der vorliegenden Arbeit wurde deshalb darauf verzichtet, Parameter wie genetische Diversität, Differenzierung und genetische Abstände zu berechnen.

Die Parameter der Vielfalts- (Tab. 4.8.13) und die Heterozygotiewerte (Tab. 4.8.14) lassen keine Schlüsse auf geografisch bedingte, gerichtete Unterschiede zwischen den Vorkommen zu. Auch zwischen den Gruppen von Vorkommen, die verschiedenen Flusssystemen zugeordnet wurden, sind kaum Unterschiede zu erkennen (Das gilt zumindest für innerhalb des Projektes untersuchte Vorkommen – für die Oder wurde die Frage weiter oben diskutiert).

Wenige Ausnahmen sind (siehe Abb. 4.8.2 und Tab. 4.8.16):

- Am Genort AAT-A gibt es das seltene Allel A5, das in beiden Oder-Vorkommen und zwei Elbe-Vorkommen gefunden wurde, aber nicht in denen am Rhein. Dort gibt es aber das Allel A6, das in keinem der Vorkommen an Elbe und Oder nachgewiesen wurde.
- Das Allel LAP-A2 tritt in beiden Oder-Vorkommen und in zwei Elbe-Vorkommen auf, aber nicht in den Rhein-Vorkommen. In dem Vorkommen Sachsen 1 an der Elbe wurde es zwar nicht nachgewiesen, aber in einer Untersuchung von Schwarzpappel am gesamten sächsischen Elbe-Abschnitt wurde es mehrfach in Form des Genotypen LAP-A23 gefunden (ABEL 2007).

Im Rahmen des Projektes EUROPOP wurden Schwarz-Pappel-Populationen aus acht Ländern West-, Mittel- und Südeuropas sowie neun Genbanken untersucht. Aus Deutschland waren dabei Populationen vom Rhein und 97 Klone aus der Genbank in Hann. Münden vertreten. Die untersuchten Merkmale umfassten die Blattmorphologie, Isoenzyme, Chloroplasten-DNA, Microsatelliten und AFLP-Marker (VAN DAM et al. 2002). Die Ergebnisse der Untersuchungen zur genetischen Variation, zusammengefasst in GEBHARDT & JANßEN (2006), beweisen die Existenz signifikanter Differenzierung zwischen Flusssystemen sowie entlang einzelner Flüsse. Vergleichbare Aussagen sind mit der begrenzten Anzahl der im vorliegenden Projekt untersuchten Genorte nicht möglich. Die hier dargestellten Ergebnisse bezüglich seltener Allele liefern aber Hinweise, dass ähnliche Unterschiede auch zwischen Rhein, Elbe und Oder bestehen könnten.

4.8.7 Schlussfolgerungen aus den genetischen Analysen

- Zwischen den untersuchten Vorkommen bestehen große Unterschiede in den genetischen Strukturen.
- Hybridisierung und Introgression wurden nur in wenigen Vorkommen mit geringem Anteil festgestellt.
- Die Bedeutung vegetativer Regeneration ist in den einzelnen Vorkommen sehr unterschiedlich. Während manche Vorkommen aus wenigen Klonen bestehen, ist bei Populationen mit hoher genetischer Variabilität von einer generativen Regeneration auszugehen.
- Zur Quantifizierung der genetischen Variation und Differenzierung von Vorkommen entlang der Flüsse und zwischen den Flusssystemen werden Daten einer breiteren Palette von Genmarkern (cp-DNA, Mikrosatelliten) benötigt.
- Für die Planung von Erhaltungsmaßnahmen sind die vorliegenden Ergebnisse von großer Bedeutung, da sie die genetische Variation und Strukturen im konkreten Vorkommen charakterisieren. Um die Ergebnisse für konkrete Planungen zu nutzen, wird empfohlen, die Verteilung der MLGT in der Fläche darzustellen und vor Ort zu prüfen, ob es sich bei gleichen MLGT um Klone handeln könnte.
- Bei der Beurteilung der „Erhaltungswürdigkeit“ eines Vorkommens ist die genetische Struktur neben der Individuenanzahl, der Altersstruktur und der Vitalität als ein wesentliches Kriterium zu berücksichtigen.

5 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Die Erfassung der Schwarz-Pappel im Rahmen des Projektes ermöglicht zum ersten Mal einen Gesamtüberblick über die genetischen Ressourcen der Baumart in Deutschland, die nach einheitlichen Methoden und Kriterien erfasst und bewertet wurden. Aus populationsgenetischer – und damit erhaltungsbioologischer - Sicht stand neben der zahlen- und flächenmäßigen Größe der Populationen, deren Vitalität, Altersstruktur und Verjüngungspotenzial im Vordergrund der Untersuchungen. Die Darstellung der Eigentumsverhältnisse und der Schutzstatus ermöglichen Einschätzungen zur Durchführbarkeit von weiteren Schutzmaßnahmen.

Die durchgeführten Isoenzymanalysen verdeutlichen anhand ausgewählter Bestände die genetische Variation dieser Baumart innerhalb Deutschlands. Die Daten bieten eine solide Grundlage, um die Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit (*in-situ*) und Erhaltungsdringlichkeit einzuschätzen.

Die Ergebnisse sind Grundlage für folgende Verwertungsaufgaben:

1. Gefährdungsabschätzung der Reliktvorkommen und Bestimmung der Erhaltungsdringlichkeit
2. Planung von sinnvollen und erfolgsorientierten *in-situ*- und *ex-situ*-Maßnahmen zur Erhaltung und Mehrung der Baumart
3. Planung eines repräsentativen, bundesweiten genetischen Monitorings für wenige Populationen
4. Nutzung der erarbeiteten Methoden (Kartieranleitung, Recherchequellen, Datenbank, Auswerteroutinen) sowie der entwickelten Informationsnetzwerke (Behörden, Institutionen, Hochschulen, NGO's) für weitere Erfassungsprojekte für andere seltene oder gefährdete Baumarten (z. B. Wildobstarten)
5. Ableitung des Forschungsbedarfs für die Erhaltung der Baumart

5.1 Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit

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

Im Unterschied zu vegetationskundlichen Erhebungen, z. B. zur Artenerfassung und Biotopkartierung, sind die Kartierungen zur Generhaltung nicht auf die reine Erfassung von Vorkommen ausgerichtet. Nicht jedes *Vorkommen* einer Art erfüllt die Anforderungen an die Kategorie einer *genetischen Ressource*. Im Übereinkommen über die biologische Vielfalt (ÜBV) werden „*genetische Ressourcen*“ als „*genetisches Material von tatsächlichem oder potenziellem Wert*“ definiert. Es muss folglich ein „*Wert*“ quantifizierbar sein, für den es *wert* ist (mehr oder weniger kostenintensive), Erhaltungsmaßnahmen durchzuführen (vgl. hierzu GREGORIUS und DEGEN 2007). Eine genetische Ressource muss folglich genetisch überdauern können, d. h. sie ist konsequenterweise an (natürlich oder künstlich) vermehrungsfähige Populationen gebunden. Die aktuelle oder künftige Reproduktionsgemeinschaft ist demzufolge der eigentliche Erhaltungsgegenstand.

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

Ein ausgewiesenes Generhaltungsobjekt ist damit *per se* erhaltungswürdig, d. h. langfristig muss die Überlebensfähigkeit gesichert sein. Für 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 Bundessicht prädestinierte Regionen bzw. Vorkommen empfohlen werden.

Zur Bewertung der Erhaltungswürdigkeit von Vorkommen wurden die drei Parameter Abundanz, durchschnittliche Vitalität und die Altersstrukturqualität in Zusammenhang gestellt (Abb. 5.1.1).

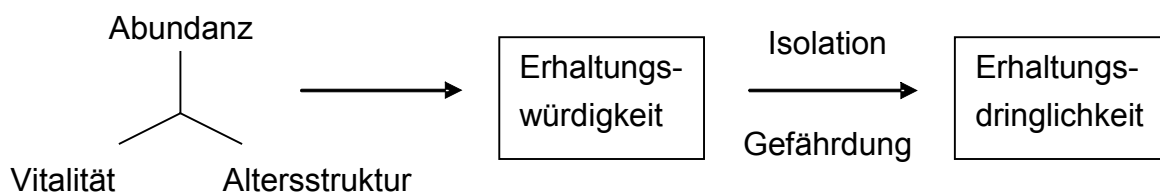


Abb. 5.1.1: Bewertungsparameter zur Auswahl des Grades der Erhaltungswürdigkeit sowie Erhaltungdringlichkeit

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

Das bundesweite Konzept zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen präferiert die Erhaltung *in-situ*, d. h. hier wären nur vitale, individuenreiche und mit einem entsprechenden Verjüngungsmuster ausgestattete Populationen geeignet, die ohne größere äußere

Aufwendungen langfristig erhalten werden. Vor diesem Hintergrund sind die Anteile erhaltungswürdiger Bestände in fünf Bewertungsstufen dargestellt (Abb. 5.1.2), die die „*in-situ*-Erhaltungsfähigkeit“ dokumentiert. Nur sechs Vorkommen wurden als sehr gut/gut eingestuft. In der nächst schlechteren Stufe liegen 20 Vorkommen, welche sich hauptsächlich in den Bundesländern Baden-Württemberg (6), Sachsen-Anhalt (8) und Brandenburg (3) befinden (Abb. 5.1.3).

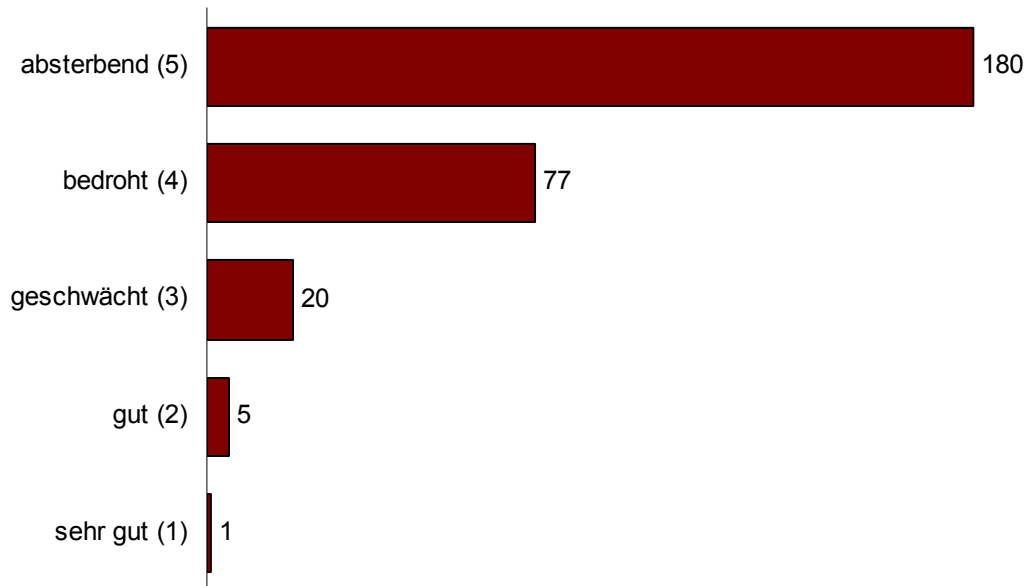


Abb. 5.1.2: Stufen der „*in-situ*-Erhaltungsfähigkeit“ mit den Anteilen der Vorkommen im Bundesgebiet

Die erhaltungsfähigen Vorkommen sind in den Bundesländern Nordrhein-Westfalen (sehr gut), Baden-Württemberg (gut) und Niedersachsen (gut) zu finden. Für die Erhaltung der anderen Vorkommen müssen hohe Aufwendungen getätigt werden, über deren Sinnhaftigkeit nur die Verantwortlichen in den Bundesländern entscheiden können.

Hohe Anteile der absterbenden Vorkommen kommen in Thüringen (24), Sachsen (16), Hessen (5), Mecklenburg-Vorpommern (3), Rheinland-Pfalz (23) und Schleswig-Holstein (2) vor, wobei in Schleswig-Holstein auch nur zwei Vorkommen vorhanden sind. Dabei ist kritisch zu hinterfragen, ob jedes Bundesland „seinen“ Schwarz-Pappel-Bestand benötigt oder ob aufwendige Generhaltungsmaßnahmen nicht effizienter länderübergreifend konzentriert werden sollten.

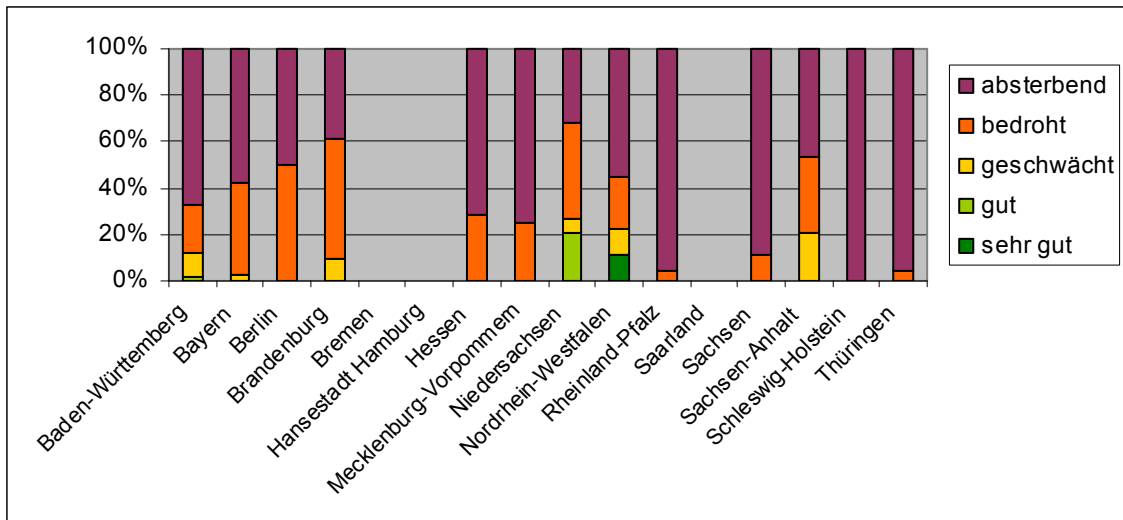


Abb. 5.1.3: *In-situ*-Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen in den Bundesländern

In Abbildung 5.1.4 ist die räumliche Verteilung der Vorkommen nach ihrem Grad der *in-situ*-Erhaltungsfähigkeit ersichtlich. Der Großteil der Vorkommen der Stufen „sehr gut“ bis „geschwächt“ befindet sich an der Elbe und am Rhein.

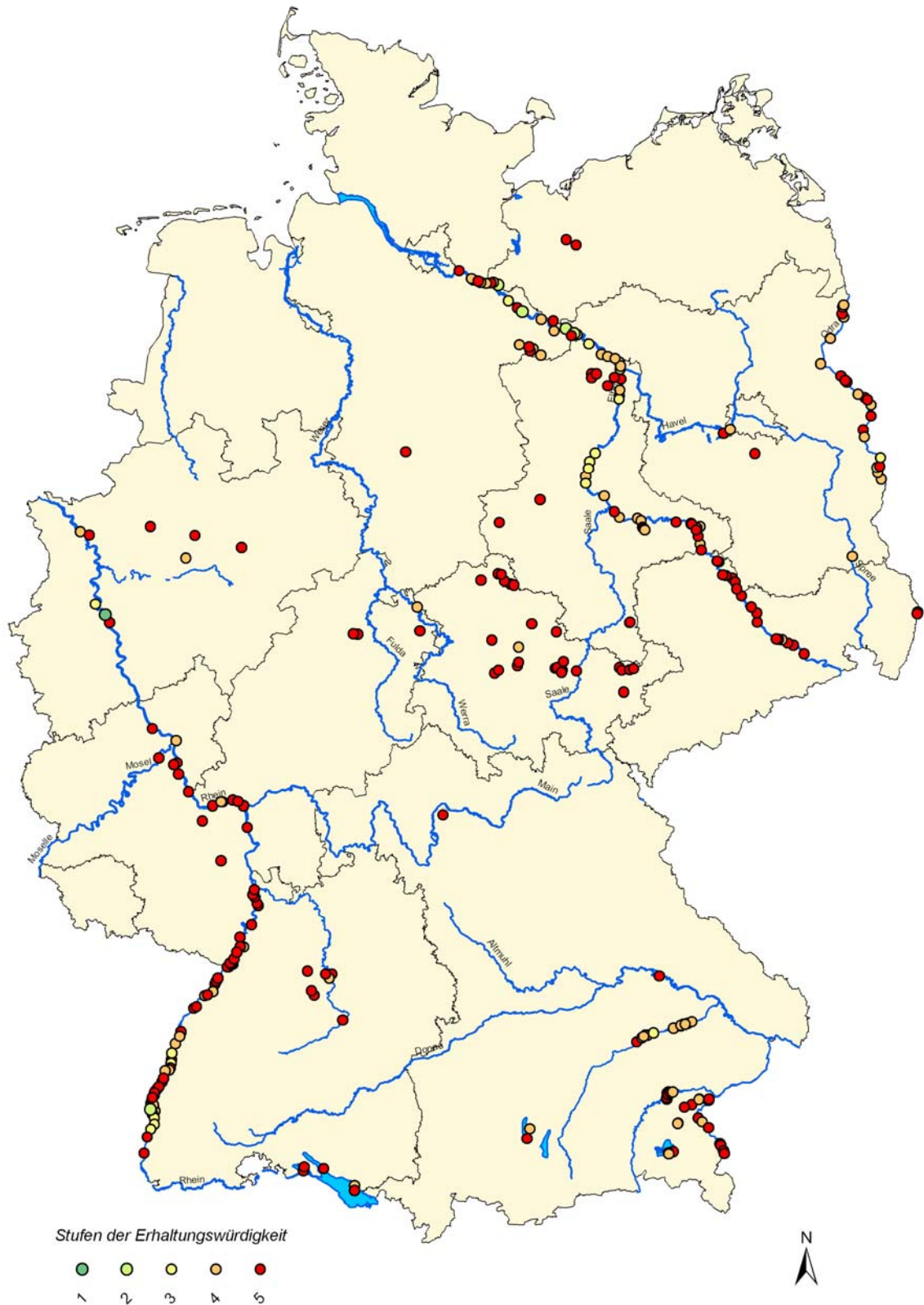


Abb. 5.1.4: Schwarz-Pappel-Vorkommen klassifiziert nach dem Grad der *in-situ*-Erhaltungsfähigkeit
 Die wenigen *in-situ* erhaltungsfähigen Schwarz-Pappel-Vorkommen – die von den Bundesländern auch als erhaltungswürdige Generhaltungsobjekte anerkannt sein sollten – zeigen die Notwendigkeit und Dringlichkeit von aktiven Maßnahmen zur Erhaltung von Schwarz-Pappel-Vorkommen. Per Definition sind erhaltungsdringliche Generhaltungsobjekte

von einem besonders hohen Gefährdungsgrad betroffen bzw. deren Verlust führt zur genetischen Isolation anderer Generhaltungsobjekte der gleichen Population (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.

Grundsätzlich muss in der „Generhaltung“ das Ziel bestehen, große 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. Grundsätzlich sind zwei Strategien für die Durchführung von Kunstverjüngungen zu überprüfen:

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

Für beide Strategien ist es wichtig, die „Genzentren“ der Schwarz-Pappel in Deutschland länderübergreifend zu erkennen. Die Abbildungen 5.1.5 und 5.1.6 zeigen derartige Verbreitungsschwerpunkte der Schwarz-Pappel in Deutschland, basierend auf der räumlichen Dichte der Vorkommen. Anhand der Darstellung der *Kerneldichte* mittels GIS werden einerseits die Zentren von genetischen Ressourcen der Schwarz-Pappel und andererseits isolierte Vorkommen erkennbar. Die Schwarz-Pappel bildet erwartungsgemäß entlang großer Flussläufe sowie im Thüringer Becken Genzentren aus, wo sich viele Populationen häufen (Abb. 5.1.1). Für Deutschland werden fünf Verbreitungsschwerpunkte deutlich, die auch künftig den Genpool der Schwarz-Pappel beherbergen werden. Jedes Zentrum weist Zwischenräume auf, die ein Ausweisen in Teilbereiche (a und b) notwendig machen (Tab. 5.1.1).

Tab. 5.1.1: Großflächig zusammenhängende Populationen (Genzentren) der Schwarz-Pappel

Genzentrum	Bezeichnung des Genzentrums	Teilbereich	Bezeichnung des Teilbereichs
1	Rhein	1a	Niederrhein
		1b	Oberrhinesisches Tiefland
2	Elbe	2a	Untere Elbe
		2b	Obere Elbe
3	Oder	3a	Untere Oder
		3b	Obere Oder
4	Thüringen	4a	Nordthüringen
		4b	Thüringer Becken
5	Ostbayern	5a	Isar/Donau
		5b	Inn/Salzach

Nach Kenntnis des Gentransfers über Pollen, Samen und ggf. Zweigabbrüche entlang der Flüsse, ist eine Isolation der Teilbereiche nicht zu erwarten.

Die Darstellung der Kerneldichte der Populationen kann mit und ohne Berücksichtigung der Individuenzahl erfolgen. Beide Darstellungen sind für die Analyse der Erhaltungsdringlichkeit und die Planung künftiger Generhaltungsflächen sinnvoll. In Abbildung 5.1.5 ist die

Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl aller Vorkommen gezeigt. Dadurch werden Populationen insbesondere mit hoher Baumzahl, aber auch enger Nachbarschaft hervorgehoben. Somit werden räumlich dichte Populationen mit geringer Individuenzahl nicht als Genzentren ausgewiesen. An Rhein, Elbe und Oder befinden sich individuenreiche Vorkommen, die so dicht beieinander liegen und Häufigkeitsschwerpunkte bilden (Tab. 5.1.2). Am Niederrhein liegt eine Population mit 1.500 Schwarz-Pappeln und bildet mit den umliegenden Vorkommen einen Teilbereich des Genzentrums *Rhein*. Die Vorkommen im Thüringer Becken sowie in Ostbayern besitzen gegenüber den anderen Vorkommen zu wenig Individuen und bilden hierdurch kein starkes Zentrum.

Tab. 5.1.2: Genzentren mit hoher Anzahl von Individuen der Schwarz-Pappel

Genzentrum	Bezeichnung des Genzentrums	Teilbereich	Bezeichnung des Teilbereichs
1	Rhein	1a	Niederrhein
		1b	Oberrheinisches Tiefland
2	Elbe	2a	Untere Elbe
		2b	Obere Elbe
3	Oder	3a	Untere Oder
		3b	Obere Oder

Aus dem Vergleich der beiden Abbildungen 5.1.5 und 5.1.6 wird der Handlungsbedarf und die Erhaltungsdringlichkeit deutlich. Die in der Abbildung 5.1.5 dargestellten gelben Bereiche entlang der Flussläufe stellen ehemalige Verbreitungsschwerpunkte dar, die dringend über Kunstverjüngungen zu stärken sind. Wie die Abbildung 5.1.6 zeigt, ist hier ein Genaustausch noch immer theoretisch möglich. Handlungsschwerpunkte sind daher der obere Flusslauf der Elbe (Sachsen, 2b), Thüringen (4a, 4b) sowie der mittlere Flusslauf des Rheins (Rheinland-Pfalz; ggf. nördlich Baden-Württemberg).

In den Abbildungen werden gleichfalls die isolierten Vorkommen in Niedersachsen, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen und Nordhessen deutlich. Isolierte Populationen sind hier Vorkommen, die nicht in die genannten Genzentren fallen. Sie sind erhaltungsdringlich, wenn sie einen guten Grad der Erhaltungswürdigkeit aufweisen. Mit welcher Intensität diese Vorkommen verjüngt und erhalten werden, muss in der Verantwortung der Bundesländer entschieden werden.

Die Abbildung 5.1.6 zeigt auch die langfristig theoretische Möglichkeit des Genaustausches über die Brücke Niederrhein (NRW) – Nordhessen – Thüringen bis zur Mittleren Elbe.

Aus bundesdeutscher Sicht sind daher schwerpunktmäßig

1. langfristig die vier Zentren mit ihren Hauptpopulationen zu sichern,
2. mittelfristig die Lücken innerhalb der Populationen entlang der Flussläufe über Biotop-/Populationsverbünde auf standörtlich geeigneten Flächen soweit zu schließen, dass ein Genaustausch wahrscheinlich wird.

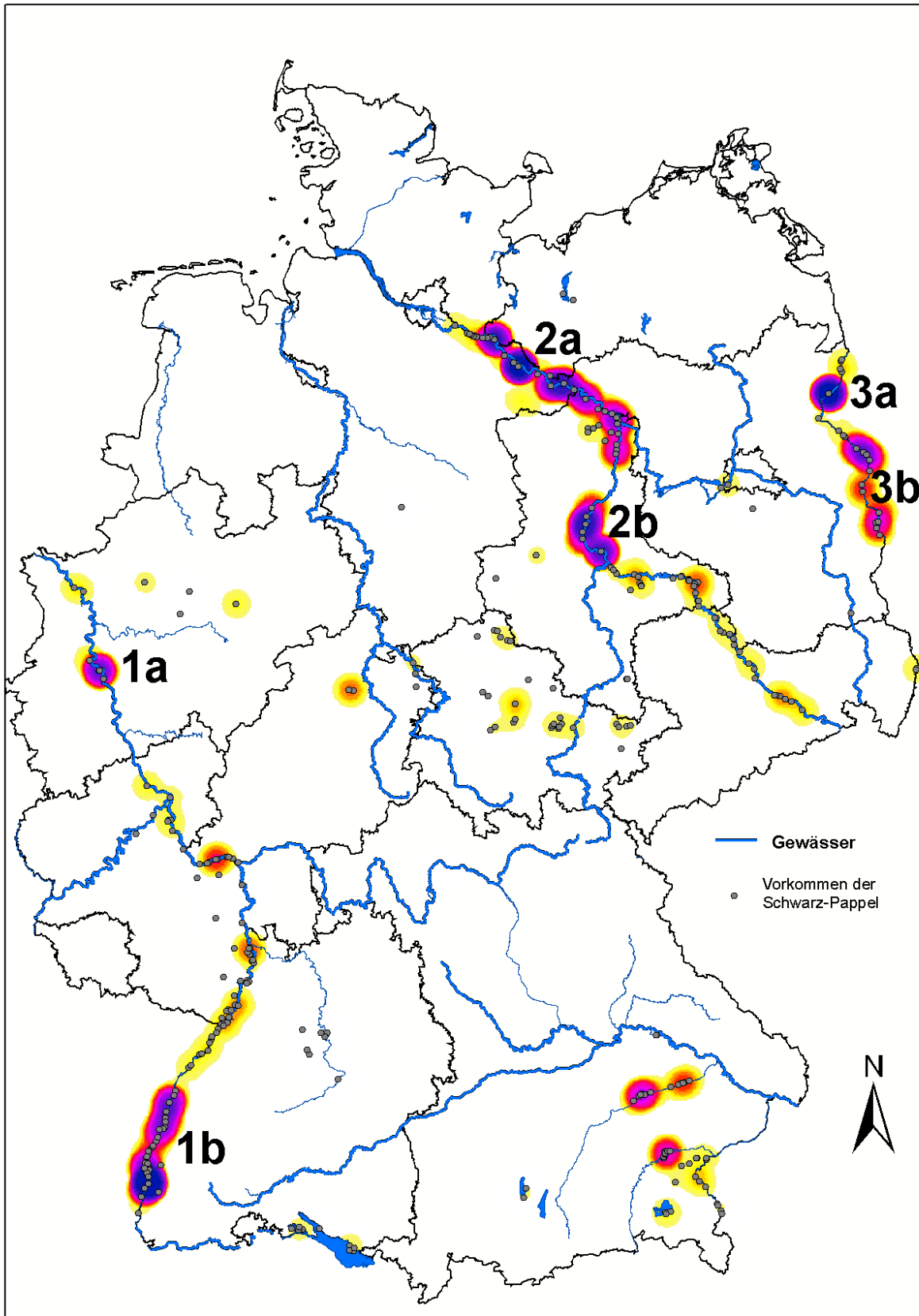


Abb. 5.1.5: Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl

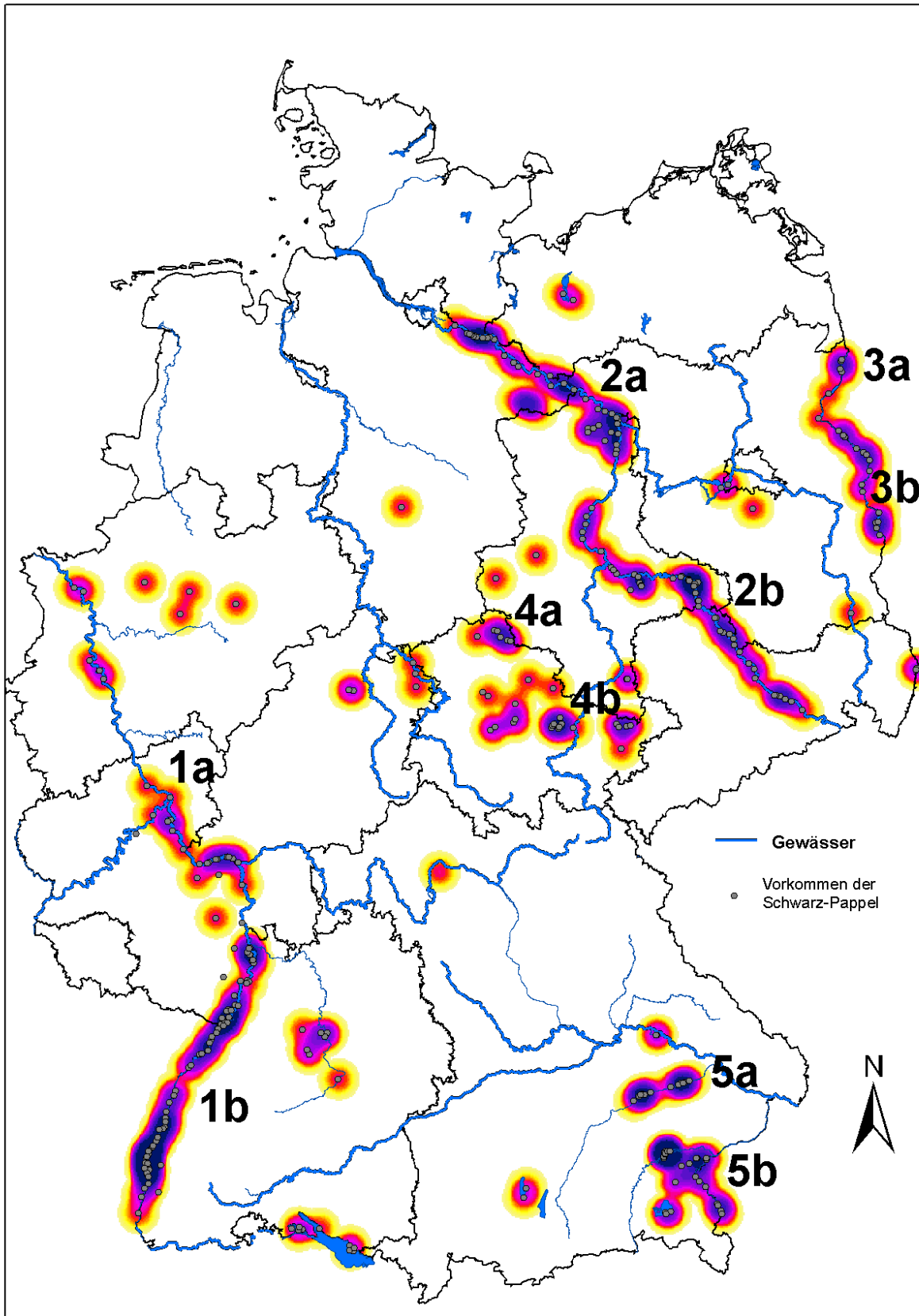


Abb. 5.1.6: Darstellung der Kerneldichte ohne Berücksichtigung der Baumzahl

5.2 Empfehlungen von Monitoringmaßnahmen

Im Kap. 5.1 wurden die Schwerpunkte künftiger Generhaltungsmaßnahmen ausgewiesen. Für die Umsetzung von Generhaltungsmaßnahmen im Zuge von Auwaldinitiierungsmaßnahmen haben TAUTENHAHN et al. (2007, im Druck) speziell für die Schwarz-Pappel einen umfassenden Leitfaden entwickelt.

Angesichts des hohen Gefährdungsgrades der Schwarz-Pappel müssen Generhaltungsmaßnahmen von Monitoringmaßnahmen zum Vitalitätszustand und zur Funktionsweise des Genetischen Systems begleitet werden. Dies ist insbesondere von Bedeutung, da die Schwarz-Pappel im Rasternetz der Forstlichen Umweltkontrolle (level 1) nicht vorkommt, Vitalitätsverluste somit kaum bemerkt werden und Zeitreihen nicht existieren.

Zur Überwachung des genetischen Systems wurde im Auftrag der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen“ ein Konzept zum Genetischen Monitoring entwickelt. Ein entsprechender Handlungsleitfaden zur Umsetzung des Konzeptes wurde erarbeitet und wird im Herbst 2007 veröffentlicht. Die bisherigen Studien und Umsetzungsaktivitäten konzentrieren sich allerdings auf die Rot-Buche und die Vogel-Kirsche. Die Entwicklung eines Monitoringprogramms, das auf mindestens fünf Flächen (2 x Rhein, 2x Elbe, 1x Oder) in den Genzentren Deutschlands durchgeführt wird, ist dringend zu empfehlen. Da die Schwarz-Pappel jedoch häufig und intensiv fruktifiziert, sollte der Schwerpunkt der Beobachtung auf der Vitalität der Baumgenerationen, der Befallsdisposition gegenüber Rostpilzen und der genetischen Variabilität der Baumgenerationen liegen. Das Monitoringprogramm ist methodisch entsprechend anzupassen, wobei Parameter der Forstlichen Umweltkontrolle (Kronenverlichtung, Feinreisiganteil, Biotische Schaderreger) ebenso von Bedeutung sind, wie Indikatoren des genetischen Systems.

5.3 Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung

Die Erfassung der Schwarz-Pappel 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. Es ist daher zu empfehlen, auf der Grundlage der vorhandenen Erfahrungen derartige bundesweite Erhebungen auch für andere seltene Baumarten mit bundesweiter Verbreitung durchzuführen. Dies gilt insbesondere für die Wildobstarten und ggf. für einige Edellaubholzarten sowie die Eibe. Allerdings erwies sich der Kartierungszeitraum über eine Vegetationsperiode als zu gering.

Kartierarbeiten in Folgeprojekten müssten ggf. unbedingt über zwei Vegetationsperioden ausgedehnt werden. Dabei sollten alle Bundesländer/Versuchsanstalten als Projektpartner einbezogen werden. (*Anm.: Die Untersuchungen wurden teilweise mit erheblichen Aufwendungen der Bundesländer bzw. der Versuchsanstalten zusätzlich unterstützt, z. B. Bayern, Brandenburg, Niedersachsen, Sachsen.*)

Andere Erhebungen, wie z. B. die Biotopkartierung, die Bundeswaldinventur oder vegetationskundliche Erhebungen, erwiesen sich als wenig brauchbar, wenn die Erhaltungsfähigkeit und die Erhaltungsdringlichkeit von Populationen seltener Arten bewertet werden 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. Das im Rahmen des Projektes entwickelte Methodenspektrum zur Erfassung, Auswertung und Datenhaltung ist mit geringfügigen Änderungen auch für andere Gehölzarten zu verwenden.

Im konkreten Fall der Schwarz-Pappel war zunächst die Vielzahl der nachgewiesenen Baumindividuen überraschend. Andererseits sind nur wenige Populationen langfristig überlebensfähig. Erhaltungsmaßnahmen - im Wesentlichen einzuleitende künstliche Verjüngungen - sind, wie im Kap. 5.1 beschrieben, dringend geboten und sollten sich (soweit mit Bundesmitteln finanziert) auf die ausgewiesenen fünf Genzentren konzentrieren. Hierfür müssen notwendige finanzielle Mittel akquiriert werden.

Da der Rückgang der Schwarz-Pappel bisher weitgehend unbemerkt erfolgte, sollten einige wenige Monitoringplots ausgewählt und in einem speziellen Monitoring, das Parameter des forstlichen und des genetischen Monitorings integriert, die Überlebensfähigkeit der Populationen in ihrer zeitlichen Dynamik erfasst werden (Kap. 5.2).

Die Erhaltung der Schwarz-Pappel ist grundsätzlich an geeignete Standorte in den überfluteten Weichholzauen der Flüsse oder zunehmend in verlassenen Kiesgruben gebunden. Maßnahmen des Naturschutzes und der Generhaltung müssen künftig besser aufeinander abgestimmt werden. Die Potenziale von entsprechenden Lebensraumtypen in FFH-Gebieten bieten hier bisher ungenutzte Möglichkeiten. Solange der Ausbau und die Eindeichung der großen Flüsse voranschreiten, schwindet der Lebensraum der Schwarz-Pappel. Generhaltungsmaßnahmen werden nur dann langfristig erfolgreich sein, wenn sie auf optimalen Standorten durchgeführt werden.

Überhöhte Wildbestände und die Beweidung von potenziellen Schwarz-Pappel-Lebensräumen tragen zusätzlich zur Störung der insgesamt (auch im Zaun) geringen Verjüngung bei. Die Jagdstrategien und die Beweidung sollten insbesondere in den fünf Genzentren auf die Erhaltung der Baumart ausgerichtet sein. Ggf. ist dies bei der Ausgleichsförderung der Landwirte zu berücksichtigen (Vertragsnaturschutz).

Bezüglich der Überlebensfähigkeit der Schwarz-Pappel bestehen einige Kenntnislücken, die weiterer Untersuchungen bedürfen. Dies betrifft insbesondere die natürliche Verjüngung der Baumart. Bundesweit fehlen trotz des hohen Samendrucks und der nachgewiesenen hohen Keimfähigkeit unter Laborbedingungen Bäume jüngeren Alters. Selbst unter scheinbar optimalen Standortbedingungen (Rohboden, Feuchtigkeit, fehlende Konkurrenzvegetation, Zaun) bleibt die Naturverjüngung aus ungeklärten Gründen aus bzw. vergeht nach kurzer Zeit.

Unter genetischen Gesichtspunkten können die derzeit verwendeten Marker die anstehenden Fragen nur bedingt lösen. Soweit hierzu die Möglichkeit besteht, sollten die

bisher mit Isoenzymmarkern untersuchten Populationen ergänzend mit DNA-Markern untersucht werden. Hierzu sollte die Individuenzahl erhöht werden. Gleichfalls sind neue Marker zu entwickeln, die kostengünstig genetische Strukturen und Verwandtschaftsbeziehungen in Populationen sowie anpassungsrelevante Eigenschaften ermitteln.

Schwerpunktmäßig sollten in den ausgewiesenen Genzentren Bestände zur Gewinnung von forstlichem Vermehrungsgut der Kategorie „Ausgewählt“ ausgewiesen und anerkannt werden. Besonders zu berücksichtigen sind dabei Fragen der genetischen Qualität des Ausgangsmaterials (genetische Variation innerhalb der Vorkommen), um Klonfamilien und interspezifische Introgression auszuschließen. Vorbehaltlich der Ausnahmegenehmigung könnten zusätzlich von diesen Ausgangspopulationen Klonarchive und Mutterquartiere angelegt werden, um entsprechende Erhaltungsmaßnahmen nach den zwei dargestellten Strategien durchführen zu können. Die Entwicklung effizienter Vermehrungsstrategien ist grundsätzlich zu empfehlen.

6 Zusammenfassung

Die Europäische Schwarz-Pappel (*Populus nigra*) gilt in ihrem Bestand bundesweit als gefährdet. Diese Einschätzung beruht vorrangig auf der Kenntnis des großflächigen Habitatverlustes von Weichholzaunen und der Hybridisierungsgefahr mit fremdländischen Pappelarten sowie der Beobachtung von Absterbeerscheinungen an einzelnen gut untersuchten Vorkommen. 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 der Schwarz-Pappel nach einheitlichen Kriterien und Methoden bundesweit zu erfassen, zu charakterisieren und zu dokumentieren. Die erfassten Ressourcen sollten hinsichtlich ihrer Erhaltungswürdigkeit, *in-situ*-Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit bewertet und kartografisch dargestellt werden.

Zur Umsetzung dieser Zielstellung wurden eine einheitliche Kartieranleitung, eine Datenbank sowie Auswerteroutinen entwickelt, die künftig auch für andere Baumarten genutzt werden können. Das Projekt wurde in drei Phasen bearbeitet. In der ersten Bearbeitungsphase wurde nach möglichen Schwarz-Pappel-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 Daten der Generhaltung der forstlichen Versuchsanstalten, welche bereits Schwarz-Pappel-Vorkommen nach zumeist unterschiedlichen Kriterien erfasst hatten. 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 eigens für die Anforderungen des Projektes erstellte Datenbank übertragen. Die dritte Phase war auf die Auswertung und Analyse der Daten sowie deren kartografische Darstellung ausgerichtet. Hierzu wurde durch Altersstrukturanalysen das

Verjüngungspotenzial der Vorkommen ermittelt. Sich nicht natürlich verjüngende Populationen gelten grundsätzlich als gefährdet. Durch die Aggregation von Daten zur Populationsgröße, Vitalität und Alterstruktur wurde die *in-situ*-Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungswürdigkeit abgeleitet. Unter Nutzung von Kernel-Dichteanalysen konnten mit Hilfe von Geografischen Informationssystemen die Verbreitungsschwerpunkte (Genzentren) der Schwarz-Pappel in Deutschland sowie Regionen/Vorkommen mit dringendem Erhaltungsbedarf herausgearbeitet werden. Genetische Analysen mit Isoenzymmarkern an ausgewählten Populationen ermöglichten die Absicherung der taxonomischen Zuordnung sowie die erste Bewertung zur genetischen Vielfalt der Populationen.

Insgesamt wurden im Rahmen des Projektes bundesweit 44.463 Schwarz-Pappeln in 283 Vorkommen nachgewiesen.

Erwartungsgemäß bildeten die Auengebiete größerer Flussläufe den Verbreitungsschwerpunkt. So befinden sich die stammzahlreichsten Vorkommen entlang der unteren Oder, der mittleren Elbe und des oberen Rheins in den Bundesländern Baden-Württemberg, Sachsen-Anhalt, Niedersachsen und Brandenburg. Deutschlandweit wachsen die meisten Schwarz-Pappeln im Wuchsgebiet *Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene*. Hier sind ca. 11.700 Exemplare auf 66 Vorkommen verteilt. Die Vorkommen der Schwarz-Pappel besitzen bundesweit eine Durchschnittsfläche von 38 ha sowie eine durchschnittliche Baumzahl je Vorkommen von 157 Individuen. 196 Vorkommen verfügen über eine sehr homogene Altersstruktur mit zumeist fehlender Verjüngung. Mehr als die Hälfte der Schwarz-Pappel-Vorkommen befinden sich in FFH-Gebieten. Von allen biochemisch-genetisch untersuchten Individuen wurden 644 eindeutig als *Populus nigra* und 66 als *P. x euramericana* identifiziert. Über alle analysierten Loci konnten die als Schwarz-Pappel angesprochenen Bäume 53 Multilocus-Genotypen (MLGT) zugeordnet werden, von denen 17 Typen nur einmal und andere mehrfach auftraten.

Die mit Hilfe geografischer Informationssysteme lokalisierten Verbreitungsschwerpunkte mit einer hohen natürlichen *in-situ*-Erhaltungsfähigkeit (Verknüpfung von Populationsgröße, Altersstruktur und Vitalität) liegen an der Elbe und Oder, im oberrheinischen Tiefland sowie in Ostbayern und Thüringen.

Weniger die Anzahl der Baumindividuen oder Vorkommen als vielmehr das geringe natürliche Verjüngungspotenzial, die Überalterung in Verbindung mit abnehmender Vitalität fordern zu Erhaltungsmaßnahmen heraus. Aus bundesdeutscher Sicht sollten langfristig vier Zentren mit ihren Hauptpopulationen gesichert und mit Monitoringmaßnahmen überwacht werden. Darüber hinaus müssen mittelfristig die Lücken innerhalb der Populationen entlang der Flussläufe über Biotop-/Populationsverbünde auf standörtlich geeigneten Flächen soweit geschlossen werden, dass ein Genaustausch wahrscheinlich wird. Generhaltungsmaßnahmen sollten sich prioritär auf den oberen Flusslauf der Elbe (Sachsen), Thüringen sowie auf den mittleren Flusslauf des Rheins (Rheinland-Pfalz; ggf. nördlich Baden-Württemberg) konzentrieren. Mit welcher Intensität andere, zumeist isolierte Vorkommen, verjüngt und erhalten werden, muss in der Verantwortung der Bundesländer entschieden werden.

Darüber hinaus gibt der Projektbericht Empfehlungen zu weiteren Erhebungen, zu Maßnahmen zur Erhaltung sowie zum Monitoring und zu künftigen Forschungsschwerpunkten.

7 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen

Die ursprünglich geplanten Ziele wurden vollständig erreicht! Allerdings lagen die Arbeitsaufwendungen der Verbundpartner hierfür deutlich über der ursprünglichen Projektplanung. Für potenzielle Folgeprojekte sollen daher einige Schlussfolgerungen zum Projektmanagement aufgeführt werden.

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

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

Die Projektbearbeitung erfolgte darüber hinaus in einer Phase der bundesweiten Umstrukturierung der Forstverwaltungen mit teilweise fehlenden Zuständigkeiten. Herauszustellen ist die Umstrukturierung der Forstlichen Versuchsanstalten von Sachsen-Anhalt, Niedersachsen, Hessen und Schleswig-Holstein zur neuen Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt.

In der Projektphase 2 erfolgte die Kartierung der Vorkommen bundesweit mit zahlreichen zuvor geschulten Kartierern auf Auftragsbasis über einen Zeitraum von acht Monaten. In Folgeprojekten muss die Kartierung auf zwei Vegetationsperioden ausgedehnt werden. Nachmeldungen verursachten in der 3. Phase der Auswertungen erhebliche Verzögerungen. Zu einem Sonderfall entwickelten sich die Kartierungen im Freistaat Bayern, auf die im Zwischenbericht ausführlich eingegangen wurde.

Die Kartierung der bayerischen Vorkommen erfolgte im Rahmen eines Erfassungsvorhabens durch das Bayerische Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht Teisendorf. Mit den Erfassungen der Schwarz-Pappeln wurde in Bayern Anfang Oktober 2006 begonnen. So konnten bereits Vorkommensdaten erfasst und geliefert werden. Die Kartierung wird auch über den Projektzeitraum weiter durchgeführt, wobei die geprüften Daten nach Abschluss der Erfassungen gesammelt an die Fa. IDaMa GmbH geschickt werden, die diese in den Gesamtdatenbestand einführen wird. Hierzu wurde eine entsprechende Vereinbarung getroffen (Anlage 6).

8 Literaturverzeichnis

- ABEL, T. (2007): Erfassung der Vorkommen der Europäischen Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.) an der sächsischen Elbe und deren Überprüfung per Isoenzymanalyse. Diplomarbeit, TU Dresden, 135 S.
- GEBHARDT, K.; JANßEN, A. (2007): Das genetische Potenzial der Schwarz-Pappeln: eine Schatzsuche der Neuzeit. In: LANDESFORSTANSTALT EBERSWALDE (2007): Die Schwarz-Pappel – Fachtagung zum Baum des Jahres 2006. Eberswalder Forstliche Schriftenreihe, Bd. 27, Eberswalde, 21-25.
- GILLET, E. M. (2002): Genetic structures from electrophoresis data – GSED Version 1.1i. Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der Universität Göttingen.
- 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.
- HATTEMER, H. H.; BERGMANN, F.; ZIEHE, M. (1993): Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwirtschaft. 2. Auflage. J. D. Sauerländer's Verlag, Frankfurt a.M., 492 S.
- JANßEN, A. (1997): Unterscheidung der beiden Schwarzpappelarten *Populus nigra* L. und *P. deltoides* Marsh. sowie ihrer Arthybride *P. x euramericana* (Dode) Guinier mit Hilfe von Isoenzymmustern. Die Holzzucht 51, 17-23.
- JANßEN, A. (1998): Artbestimmung von Schwarzpappeln (*Populus nigra* L.) mit Hilfe von Isoenzymmustern und Überprüfung der Methode an Altbäumen, Absaaten von kontrollierten Kreuzungen und freien Abblüten sowie Naturverjüngungen. In: WEISGERBER, H.; JANßEN, A. (Hrsg.) (1998): Die Schwarzpappel – Probleme und Möglichkeiten bei der Erhaltung einer gefährdeten Baumart. Forschungsberichte der Hessischen Landesanstalt für Forsteinrichtung, Waldforschung und Waldökologie, Bd. 24, Hann. Münden, 32-42.
- KONNERT, M., (1995): Isoenzymuntersuchungen bei Fichte (*Picea abies* (L.) Karst.) und Weißtanne (*Abies alba* Mill.) – Anleitung zur Trennmethodik und Auswertung der Zymogramme. Aus der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen“. Bayerische Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht, Teisendorf, 74 S.
- KRAMER, W. (2004): Charakterisierung von drei Populationen der Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.) entlang der Oder. Diplomarbeit FH Eberswalde, 95 S.
- MELCHIOR, H.G. & SEITZ, F.W. (1968): Interspezifische Kreuzungssterilität innerhalb der Pappelsektion *Aigeiros*. *Silvae genetica* 17: 88-93.
- PAUL, M.; HINRICHS, T.; JANßEN, A.; SCHMITT, H.P.; SOPPA, B.; STEPHAN, B.R.; DÖRFLINGER, H.; ARENHÖVEL, W.; FRANKE, A.; KÄTZEL, R.; KLEINSCHMIT, J.; MUHS, H.-J.; NATZKE, E.; RUETZ, W.; SCHILLING, W.; TABEL, U. (2000): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (Neufassung), 2000, 66 S.
- RAJORA, O.P. (1989): Genetic structure and identification of *Populus deltoides* clones based on allozymes. *Genome* 32, 440-448.
- TRÖBER, U.; KRAMER, W.; REICHLING, A. (2007): Die Schwarz-Pappel – Reliktvorkommen in Deutschland. Erste Ergebnisse eines Erfassungsprojektes des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz. In: Landesforstanstalt Eberswalde

- (2007): Die Schwarz-Pappel – Fachtagung zum Baum des Jahres 2006. Eberswalder Forstliche Schriftenreihe, Bd. 27, Eberswalde.
- VAN DAM, B.C et al. (2002): EUROPOP: Genetic diversity in river populations of European Black poplar for evaluation of biodiversity, conservation strategies, nature development and genetic improvement. First synthesis of the project. In: VAN DAM, B.C. & BORDACS, S. (eds.): Genetic diversity in river populations of European Black poplar. Proceedings of an int. symposium, held 16.-20.05.2001 in Szekszárd, Hungary. C. Nyomda Ltd. Budapest, Hungary, 15-32.
- VAN DEN BROECK, A.; QUARTAERT, P. ; ROLDÁN-RUIZ, I.; VAN BOCKSTAELE, E. & VAN SLYCKEN, J. (2003): Pollen competition in *Populus nigra* females revealed by microsatellite markers. Forest Genetics 10 (3), 219-227.
- VAN DEN BROECK, A.; COTTRELL, J.; QUARTAERT, P.; BREYNE, P.; STORME, V.; BOERJAN, W. & VAN SLYCKEN, J. (2006): Paternity analysis of *Populus nigra* L: offspring in a Belgian plantation of native and exotic poplars. Ann. For. Sci. 63, 783-790.
http://www.elbebiber.de/contento_468/cms/biosphaerenreservat_mittlelbe_6.html

weiterführende Literatur:

- Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft (2006): Beiträge zur Schwarzpappel. LWF-Wissen. Berichte der Bayerischen Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, Nr. 52, Freising, 78 S.
- Bundesamt für Naturschutz (1996): "Roten Liste gefährdeter Pflanzen Deutschlands". www.floraweb.de.
- DAGENBACH, H. (1997): Praktische Vorschläge zur Nachzucht der einheimischen Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.). Holzzucht 51, 1–5.
- EUFORGEN: Identifikations-Merkblatt *Populus nigra*. dt. Übers. FBVA Wien, IPGRI, Rom.
- FRANKE, A. (2001): Die Schwarz-Pappel. Vom Aussterben bedroht? Stiftung Landesbank Baden-Württemberg Natur und Umwelt, Schriftenreihe „Naturschutz im Kleinen“, Heft 20.
- FRANKE, A. (1997): Überlegungen und Maßnahmen zur Erhaltung genetischer Ressourcen der Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.) in Baden-Württemberg. Holzzucht 51, 1–5.
- FRANKE, A.; JAESCHKE, H.-G.; SEYD, C. (1997): Erfassung letzter Schwarz-Pappelvorkommen (*Populus nigra* L.) im baden-württembergischen Teil der Oberrheinischen Tiefebene. Holzzucht, 51, 5–14.
- HEINZE, B. (1998): Erhaltung der Schwarzpappel in Österreich – forstwirtschaftliche, genetische und ökologische Aspekte. FBVA-Berichte. Schriftenreihe der Forstlichen Bundesversuchsanstalt Wien, Nr. 106, Wien.
- JANßEN, A.; WALTER, P. (1997): Die Schwarzpappel in Hessen. AFZ/Der Wald 18, 968-969.
- JANßEN, A.; SCHULZKE, R.; WALTER, P. (2000): Sicherung der Schwarzpappelvorkommen im Auenbereich der hessischen Eder am Beispiel einer standortangepassten Pflanzmethode. Angewandte Landschaftsökologie 37, 291-293.
- JOACHIM, H.-F. (2000): Die Schwarzpappel (*Populus nigra* L.) in Brandenburg. Eberswalder Forstliche Schriftenreihe, Bd. 11, 66 S.
- JOACHIM, H.-F. (2006): Ein Plädoyer für die Schwarz-Pappel. AfZ/Der Wald 16, 862-864.
- KÄTZEL, R. (2002): Erhaltung forstlicher Genressourcen als Beitrag zur Sicherung der biologischen Vielfalt im Land Brandenburg. Beitr. f. Forstwirtschaft und Landschaftsökologie 36 (2), 61-64.

- KÄTZEL, R.; LÖFFLER, S.; KRAMER, W.; BECKER, F. (2005): Zur aktuellen Situation der Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.) in den Oderaue. Beiträge für Forstwirtschaft und Landschaftsökologie 39, 72-80.
- KÄTZEL, R.; SCHNECK, D. MÜLLER, K. (1999): Arbeitsrichtlinie zur Erfassung und Sicherung forstlicher Genressourcen im Land Brandenburg. Potsdam und Eberswalde, 30 S.
- Landesforstanstalt Eberswalde (2007): Die Schwarz-Pappel. Fachtagung zum Baum des Jahres 2006. Eberswalder Forstliche Schriftenreihe, Bd. 27, 54 S.
- MÜLLER-KROEHLING, S. (2006): Ungewisse Zukunft der Schwarz-Pappel. AfZ/Der Wald 16, 869-870.
- PAUL, M.; TRÖBER, U. (2001): Auf der Suche nach der Schwarz-Pappel – am Elbufer und auf der Pillnitzer Elbinsel. Beilage zum Elbhangkurier, Heft 6, S. 11-12.
- Sächsische Landesanstalt für Forsten Graupa (1995): Erhaltung und Förderung forstlicher Genressourcen. Schriftenreihe, Heft 3, 36 S.
- VOLK, H. (2001): Auewaldforschung am Rhein – welche Wälder sind auetypisch? Natur- und Landschaft 76 (12), 520–530.
- VON WÜHLISCH, G. (2006): Erhaltung genetischer Ressourcen der Schwarz-Pappel in Europa. AfZ/Der Wald 16, 865-868.
- WEISGERBER, H.; JANßEN, A. (Hrsg.) (1998): Die Schwarzpappel. Probleme und Möglichkeiten bei der Erhaltung einer gefährdeten heimischen Baumart. Forschungsberichte der Hessischen Landesanstalt für Forsteinrichtung, Waldforschung und Waldökologie, Bd. 24, Hann. Münden, 160 S.
- WEISGERBER, H. (1999): *Populus nigra* L. (Schwarzpappel). Enzyklopädie der Holzgewächse 16, 1-18.

Anlagen

- 1 Kartieranleitung
- 2 Erfassungsbogen

- 3 Rezepturen zur Durchführung der Isoenzymanalysen
- 4 Zymogramme und Genotypen-Bezeichnungen an den untersuchten Genloci
- 5 Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in den untersuchten Vorkommen

- 6 Vereinbarung zur Durchführung der Schwarz-Pappel-Kartierung in Bayern

- 7 Schlussdokumentation Datenbank/Datenerfassung
- 8 Datenbank mit Teildatenbanken der Baumartenerfassung (auf CD)

Kartieranleitung

zur

**Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der
Schwarz-Pappel und der Ulmen-Arten in Deutschland**

Inhaltsverzeichnis

<u>Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Schwarz-Pappel und der Ulmen-Arten in Deutschland</u>	1
<u>Kartierung genetischer Ressourcen</u>	3
<u>Definition „Vorkommen“</u>	3
<u>Abgrenzung eines Vorkommens</u>	3
<u>Erfassung der Parameter</u>	3
<u>Aufnahmetrupp</u>	3
<u>Datum</u>	3
<u>Bundesland</u>	3
<u>Laufende Nummer des Vorkommens</u>	4
<u>Artbezeichnung/ Artdetermination</u>	4
<u>Flusssystem</u>	4
<u>Koordinaten</u>	4
<u>Forstbehörde</u>	5
<u>Reviername/ Reviernummer</u>	5
<u>Landkreis/ Gemeinde</u>	5
<u>Bundeswuchsgebiet/ Bundeswuchsbezirk</u>	5
<u>Eigentumsart</u>	5
<u>Angaben zum Vorkommen</u>	6
<u>Gesamtfläche</u>	6
<u>Anzahl</u>	6
<u>Isoenzym-/ DNA-Untersuchungen</u>	6
<u>Durchmesserstruktur</u>	6
<u>Begründungsart</u>	6
<u>Vitalität</u>	6
<u>Anteil abgestorbener Bäume</u>	7
<u>Naturverjüngung vorhanden</u>	7
<u>Anteil der Zielbaumart</u>	7
<u>Mischbaumarten</u>	7
<u>Anteil der kreuzbaren Arten</u>	7
<u>Beschreibung</u>	8
<u>Bearbeitungsstand</u>	8
<u>EDV</u>	8
<u>Schutzstatus</u>	8
<u>Kartenausschnitt</u>	8
<u>Vorkommen mit n<5 lebenden Bäumen</u>	8

Kartierung genetischer Ressourcen

Ziel der Kartierung ist die Erfassung genetischer Ressourcen der Schwarz-Pappel (*Populus nigra* L.) bzw. der drei heimischen Ulmenarten in der Bundesrepublik Deutschland und die Evaluierung nach den Aspekten „Erhaltungswürdigkeit“ und „Erhaltungsdringlichkeit“. Die hier vorliegende Kartieranleitung bildet dafür die Grundlage.

Definition „Vorkommen“

Zum Zwecke der Generhaltung werden die Vorkommen von lebenden Schwarz-Pappeln bzw. der drei heimischen Ulmenarten nach den hier vorgegebenen Kriterien erfasst, bewertet und dokumentiert.

Abgrenzung eines Vorkommens

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.

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

Ein Vorkommen grenzt sich vom nächsten Vorkommen der gleichen Art durch einen Mindestabstand der Individuen von mindestens 1.000 m ab.

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

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 Vorkommens 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:

Tab. 1: Kennziffern der Bundesländer

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

Laufende Nummer des Vorkommens

Die Vorkommen werden pro Bundesland durchlaufend nummeriert, unabhängig von der Zielbaumart. Auf dem Erfassungsbogen wird die laufende Nummer rechtsbündig eingetragen. Es sind maximal 9999 Vorkommen pro Bundesland einzutragen.

Artbezeichnung/ Artdetermination

Erfasst werden im Rahmen dieser Kartieranleitung Vorkommen dieser vier Arten:

1. *Populus nigra* L.
2. *Ulmus glabra* HUDS.
3. *Ulmus laevis* PALL.
4. *Ulmus minor* MILL.

Die kartierte Art ist auf dem Erfassungsbogen anzukreuzen. Zur Bestimmung der Arten ist die einschlägige Literatur heranzuziehen. Weiterhin wird angekreuzt, ob die Artbestimmung vor Ort erfolgte. Wird hier „nein“ angekreuzt, so wurden bestehende Angaben übernommen.

Flusssystem

Hier ist das Flusssystem anzugeben, welches das Vorkommen begleitet. Steht das Vorkommen nicht im Zusammenhang mit einem Fließgewässer, so ist das Feld zu streichen.

Koordinaten

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

Die Angabe erfolgt wahlweise in der UTM- Abbildung mit Angabe der Zone, des Ost- und des Nordwertes oder in der Gauß-Krüger- Abbildung mit Angabe des Streifens, des Rechts- und des Hochwertes. Als Kartenbezugssystem ist im Format UTM das Datum WGS84 (Referenzellipsoid GRS80), im Format Gauß-Krüger (GK) das Potsdam-Datum (Referenzellipsoid Bessel 1841) zu wählen.

Am GPS-Empfänger sind die entsprechenden Einstellungen vorzunehmen. In der Abbildung 1 sind diese beispielhaft für die beiden Formate gezeigt.

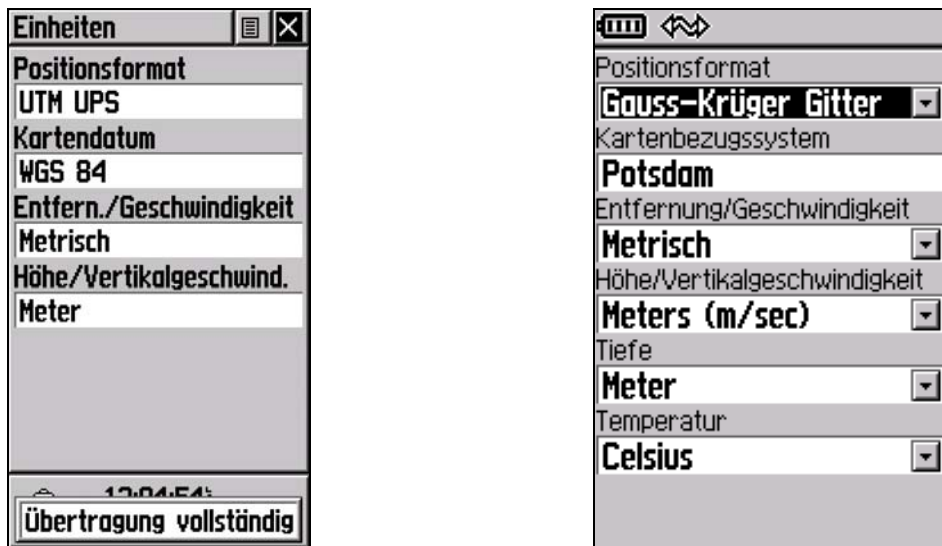


Abb. 1: Einstellungen des GPS-Empfängers, links Garmin eTrex-Reihe im UTM Format, recht Garmin GPS60 im Gauss-Krüger Format

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 (vorhandenen) Unterlagen übernommen“.

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

Forstbehörde

Die Angabe der für das Vorkommen 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 Vorkommen zu nennen.

Landkreis/ Gemeinde

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

Bundeswuchsgebiet/ Bundeswuchsbezirk

Bei der Angabe des Bundeswuchsgebietes genügt es, 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 Vorkommen

Gesamtfläche

In diesem Feld wird die absolute (nicht reduzierte) Fläche des Vorkommens 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 Vorkommen zur Untersuchung vorschlagen, indem er den Parameter „zur Untersuchung vorgeschlagen“ ankreuzt. Gründe hierfür können z. B. Zweifel hinsichtlich der Artreinheit sein.

Durchmesserstruktur

Zur Beurteilung der Bestandesstruktur eines Vorkommens wird für drei Durchmesserstufen der prozentuale Anteil am gesamten Vorkommen angegeben. Zu beachten ist, dass die Eintragungen in der Spalte in der Summe 100 % ergeben müssen.

Begründungsart

Die Begründungsart ist ein Merkmal zur Bestimmung der historischen Begründungsform einer Durchmesserstufe eines Vorkommens. 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.

Vitalität

Um Sommer- und Winterkartierungen zu ermöglichen, kann mit Hilfe der Tabelle 2 die Vitalität eines Vorkommens angesprochen werden. In der Vegetationsperiode wird dazu der geschätzte Blattverlust herangezogen, im Winterhalbjahr erfolgt die Ansprache nach der Verzweigung bzw. dem Feinastanteil. Zu beachten ist, dass die Vitalitätsstufe 1 bei jungen, wüchsigen und gesunden Exemplaren keine Anwendung finden sollte. Durch das rasche Jugend-Wachstum insbesondere der Schwarz-Pappel, können die für die Vitalitätsstufe 1 abgebildeten, länglichen Kronenstrukturen ebenfalls entstehen (ROLOFF 2001).

Der prozentuale Anteil einer der vier 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.

Tab. 2: Definition der Vitalitätsstufen

Winteransprache		Bezeichnung der Schadstufe	Sommeransprache	
Schadstufe	Verzweigungsstruktur		Schadstufe	Kronenverlichtung
0	sehr hoher Feinastanteil, geschlossene Kronenperipherie, Krone wird nicht bedrängt	vital	0	0-10 %
1	hoher Feinastanteil, beginnende Einschnitte in die Kronenperipherie	geschwächt	1	15-25 %
2	mittlerer Feinastanteil, deutliche Einschnitte in die Kronenperipherie	merklich geschädigt	2	30-60 %
3	Feinverzweigung besteht fast nur aus Wassereisern, aufgelöste Kronenperipherie	stark geschädigt, absterbend	3	65-95 %
4	keine lebende Verzweigung vorhanden	abgestorben	4	100%

Anteil abgestorbener Bäume

An dieser Stelle wird der Anteil abgestorbener Bäume an der Gesamtzahl der Bäume mit einem BHD von mindestens 7cm getrennt nach den Ursachen „abiotisch“ und „biotisch“ angekreuzt. Die Naturverjüngung mit einem BHD <7cm wird bei der Berechnung dieses Anteils nicht mit einbezogen.

Im Beschreibungsfeld des Vorkommens besteht die Möglichkeit, diesbezüglich genauere Angaben zu machen. Sind keine abgestorbenen Bäume der Zielbaumart im Vorkommen vorhanden, ist das Feld zu streichen.

Naturverjüngung vorhanden

Hier wird dokumentiert, ob das Vorkommen eine natürliche Verjüngung aufweist. Ist es offensichtlich, dass die Naturverjüngung überwiegend vegetativen Ursprungs ist, ist dieser Umstand in der Beschreibung des Vorkommens anzuführen.

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.

Anteil der kreuzbaren Arten

Für die Feststellung der *in-situ*-Erhaltungswürdigkeit eines Vorkommens wird der Anteil der kreuzbaren Arten erfasst, z. B. *Populus deltoides* (*P. nigra* x *P. deltoides* = *P. x euramericana*) oder bei *Ulmus minor* und *U. glabra* (*U. x hollandica*) auf einer Fläche.

- Unbekannt (Hinweis: Vorkommen aus Alt-Unterlagen)
- Nicht erkennbar (Hinweis: bei der Feldkartierung)
- 0 - 50 % (mittel)
- 50% (hoch)

Beschreibung

An dieser Stelle erfolgt eine textliche Beschreibung des Vorkommens. 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, Inanspruchnahme durch Bauvorhaben oder andere zu nennen. Weiterhin kann eine Maßnahmenempfehlung für die weitere Behandlung des Vorkommens gegeben werden.

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 Vorkommen
- geprüft kein Vorkommen

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 Vorkommens 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 Vorkommens 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 Vorkommens 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 Vorkommens hervorgehen.

Vorkommen mit n<5 lebenden Bäumen

Vorkommen mit einer Baumzahl weniger als 5 Individuen (evtl. durch Absterben von Bäumen) werden mittels des Erfassungsbogens erfasst, separat als Papierform abgeheftet und der Landesforstanstalt Eberswalde übermittelt. Jedoch wird diese Erfassung nicht in die Datenbank eingetragen.

<p>Kartierung genetischer Ressourcen in Deutschland</p> <p style="text-align: center;">Erfassungsbogen</p> <p><small>Bearbeiter: Herr Becker, LFE</small></p>	<p>Aufnahmetrupp: _____</p> <p>_____</p> <p>Datum: <table border="1" style="display: inline-table; text-align: center; width: 60px;"><tr><td>T</td><td>T</td><td>M</td><td>M</td><td>J</td><td>J</td></tr><tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr></table></p>	T	T	M	M	J	J							<p>Bundesland <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table></p> <p>Lfd. Nr. <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 20px;"></table></p> <p><small>Bitte rechtsbündig eintragen</small></p>
T	T	M	M	J	J									

Baumart	Populus nigra L. <input type="checkbox"/>	Ulmus glabra Huds. <input type="checkbox"/>	Ulmus laevis Pall. <input type="checkbox"/>	Ulmus minor Mill. <input type="checkbox"/>
	Artbestimmung vor Ort? <input type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein	Flusssystem: _____		

Koordinaten	<table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 40px; text-align: center;"> <tr><td> </td><td> </td></tr> <tr><td> </td><td> </td></tr> </table> Gitter (UTM)					Ost- (UTM) bzw. Rechtswert (GK)	Nord- (UTM) bzw. Hochwert (GK)
	Streifen (Gauss/Krüger)	<table border="1" style="display: inline-table; width: 150px; height: 20px;"></table> /	<table border="1" style="display: inline-table; width: 150px; height: 20px;"></table>				
Koordinatenherkunft	<input type="checkbox"/> GPS <input type="checkbox"/> aus Karte entnommen <input type="checkbox"/> aus Unterlagen übernommen						
Bemerkung	_____						

Lage	Forstbehörde _____	Schlüssel-Nr. <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table>	Eigentumsart												
	Reviernamen _____	Reviernummer <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table>	<table border="1" style="width: 100%; text-align: center;"> <tr><td><input type="checkbox"/></td><td>Staat - Bund</td></tr> <tr><td><input type="checkbox"/></td><td>Staat - Land</td></tr> <tr><td><input type="checkbox"/></td><td>Körperschaften</td></tr> <tr><td><input type="checkbox"/></td><td>Privat (>200 ha)</td></tr> <tr><td><input type="checkbox"/></td><td>Privat (<=200 ha)</td></tr> <tr><td><input type="checkbox"/></td><td>Treuhand</td></tr> </table>	<input type="checkbox"/>	Staat - Bund	<input type="checkbox"/>	Staat - Land	<input type="checkbox"/>	Körperschaften	<input type="checkbox"/>	Privat (>200 ha)	<input type="checkbox"/>	Privat (<=200 ha)	<input type="checkbox"/>	Treuhand
<input type="checkbox"/>	Staat - Bund														
<input type="checkbox"/>	Staat - Land														
<input type="checkbox"/>	Körperschaften														
<input type="checkbox"/>	Privat (>200 ha)														
<input type="checkbox"/>	Privat (<=200 ha)														
<input type="checkbox"/>	Treuhand														
	Landkreis _____	Schlüssel-Nr. <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table>	Ermittlung durch Koordinaten												
	Gemeinde _____	Schlüssel-Nr. <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table>	Ermittlung durch Koordinaten												
	Bundeswuchsgebiet <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table> _____	Bundeswuchsbezirk <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table>	Ermittlung durch Koordinaten												

Fläche <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 20px;"></table> ha <input type="checkbox"/> gemessen <input type="checkbox"/> aus Karte entnommen <input type="checkbox"/> aus Unterlagen übernommen <input type="checkbox"/> geschätzt	Anzahl der Individuen <table border="1" style="display: inline-table; width: 60px; height: 20px;"></table> <input type="checkbox"/> gezählt <input type="checkbox"/> Winkelzählprobe <input type="checkbox"/> aus Unterlagen übernommen <input type="checkbox"/> geschätzt	Isoenzym-/ DNA-Untersuchungen vorhanden? <input type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein <input type="checkbox"/> unbekannt Zur Untersuchung vorgeschlagen? <input type="checkbox"/>
---	--	---

Bestandesbeschreibung Durchmesserstruktur BHD < 7 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table> % BHD 7 - 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table> % BHD > 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table> % Anteile in %	Vitalität Anteile der Vitalitätsstufen in % (nach Tafel 1) BHD < 7 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table> 0 <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table> 1 <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table> 2 <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table> 3 <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table> % BHD 7 - 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table> % BHD > 20 cm <table border="1" style="display: inline-table; width: 40px; height: 20px;"></table> % Achtung: jede Zeile muss in der Summe 100 % ergeben !
--	--

Anteil abgestorbener Bäume abiotisch <table border="1" style="display: inline-table; width: 20px; height: 20px;"></table> < 10 % <table border="1" style="display: inline-table; width: 20px; height: 20px;"></table> 10 - 30 % <table border="1" style="display: inline-table; width: 20px; height: 20px;"></table> > 30 % <table border="1" style="display: inline-table; width: 20px; height: 20px;"></table> biotisch <table border="1" style="display: inline-table; width: 20px; height: 20px;"></table> < 10 % <table border="1" style="display: inline-table; width: 20px; height: 20px;"></table> 10 - 30 % <table border="1" style="display: inline-table; width: 20px; height: 20px;"></table> > 30 % <table border="1" style="display: inline-table; width: 20px; height: 20px;"></table>	Naturverjüngung vorhanden? <input type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein	Anteil der Zielbaumart an vorhandenen Mischbaumarten (MBA) <input type="checkbox"/> < 30 % <input type="checkbox"/> 30 - 79 % <input type="checkbox"/> 80 - 100 % <input type="checkbox"/> Winkelzählprobe <input type="checkbox"/> geschätzt	MBA: _____ Anteil kreuzbarer Arten <input type="checkbox"/> < 50 % (mittel) <input type="checkbox"/> > 50 % (hoch) <input type="checkbox"/> nicht erkennbar <input type="checkbox"/> unbekannt
---	--	--	---

Beschreibung des Genobjektes:
 (Besonderheiten, Schadensursachen usw.)

Bearbeitungsstand <input type="checkbox"/> Vorklärbearbeitung <input type="checkbox"/> zur Feldaufnahme vorgesehen	<input type="checkbox"/> bei der Feldaufnahme <input type="checkbox"/> Feldaufnahme abgeschlossen	<input type="checkbox"/> geprüftes Genobjekt <input type="checkbox"/> geprüft, KEIN Genobjekt	EDV ? <input type="checkbox"/>
--	--	---	-----------------------------------

Rezepturen zur Durchführung der Isoenzymanalysen

Homogenatpuffer TRIS-HCL pH 7,2

Auf 100 ml dest. H₂O: 1 g TRIS ultra pure p.A.
 3 g PVP
 100 mg EDTA
 50 µl β-Mercaptoethanol

} mit HCl auf pH 7,2 einstellen

Gelzusammensetzung und Trennbedingungen

Trenn-system	Elektrophorese-kammer	Gel-zusammensetzung	Trennbedingungen	Enzym-system
TRIS-Versene-Borat	Desaga HE 200 (500 ml)	80 g Stärke* 5 g Zucker 4,2 g Harnstoff 125 ml E-Puffer 375 ml dest. H ₂ O	300 V ca. 130-170 mA (Startwert) 5-6 Stunden	AAT PGI
Poulik	Desaga HE 200 (500 ml)	80 g Stärke* 5 g Zucker 484 ml Gelpuffer 50 ml E-Puffer	304 V ca. 90-120 mA (Startwert) 5-6 Stunden	LAP PGM (PGI)
TRIS-Citro	Fa. Krannich (250 ml)	40 g Stärke* 2,5 g Zucker 2,1 g Harnstoff 35 ml E-Puffer 215 ml dest. H ₂ O	180 V ca. 90-110 mA (Startwert) 5 Stunden	MDH IDH (PGM)

* Stärkekonzentration kann in Abhängigkeit von der Qualität der Charge schwanken

Färbelösungen (rot – Gefrierschrank –20°C, grün – Kühlschränk)

GOT (mittlere Schicht, etwas dicker)		
Vorpuffer	75 ml	H ₂ O
Farbpuffer	75 ml	TRIS HCl pH 8,0 für GOT
	150 mg	Fast Blue dunkel rühren
in der Färbelösung stehen lassen		

LAP (oberste Schicht)		
Vorpuffer	75 ml	Tris-Maleat pH5,4
Farbpuffer	75 ml	Tris-Maleat pH5,4
	1. 45 mg	L-Leucin-β-naphtyl-amid
	2. 45 mg	Fast-Black K dunkel rühren
nachmittags abgießen + Glycerin		

PGI (unterste Schicht)		
Vorpuffer	75 ml	Tris-HCl pH 8,0
Farbpuffer	75 ml	Tris-HCl pH 8,0
	1. 40 mg	Fructose-6-phosphat
	2. 1,5 ml	MgCl ₂
	3. 1,5 ml	PMS
	4. 1,5 ml	NBT
	5. 1 Spatelspitze	NADP
	6. 75 µl	Glucose-6-phosphat-dehydrogenase
nachmittags abgießen + Glycerin		

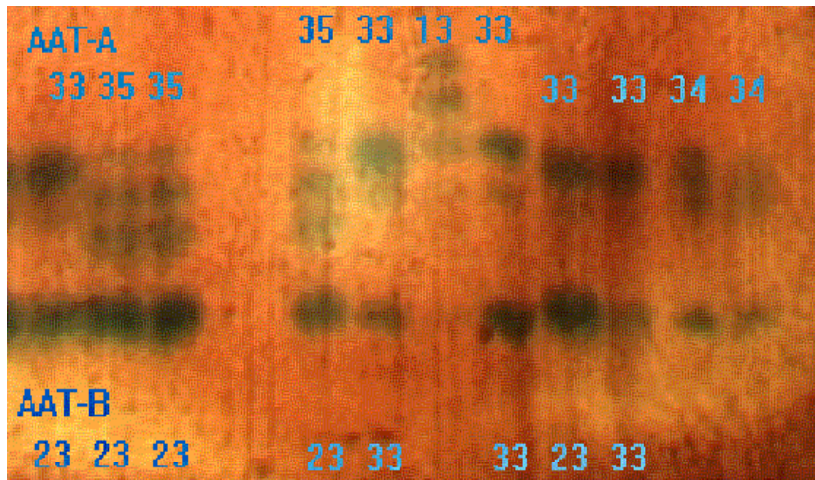
PGM (mittlere Schicht)		
Vorpuffer	50 ml	Tris-Hcl pH 8,0
Farbpuffer	50 ml	Tris-Hcl pH 8,0
	1. 50 mg	Glucose-1-phosphat
	2. 1 ml	MgCl ₂
	3. 1 ml	PMS
	4. 1 ml	NBT
	5. 1 Spatelspitze	NADP
	6. 50 µl	Glucose-6-phosphat-dehydrogenase
nachmittags abgießen + Glycerin		

MDH (unterste Schicht)		
Vorpuffer	50 ml	Tris-Hcl pH 8,5
Farbpuffer	50 ml	Tris-Hcl pH 8,5
	1. 1 ml	MgCl ₂
	2. 1 ml	PMS
	3. 1 ml	NBT
	4. 1 Spatelspitze	NAD
	5. 1,5 ml	Na-Malat-Lsg.
nachmittags abgießen + Glycerin		

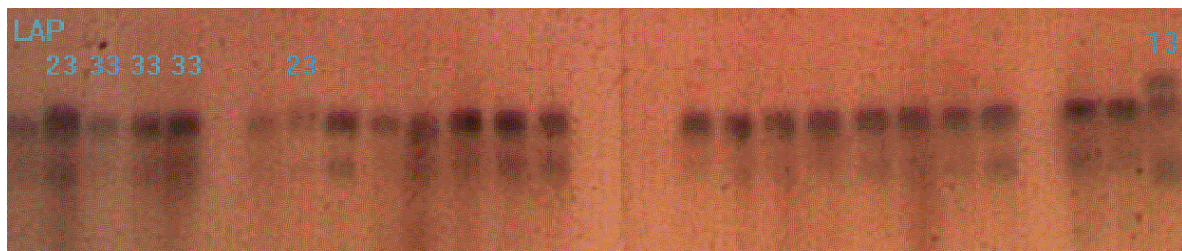
IDH (oberste Schicht)		
Vorpuffer	50 ml	Tris-Hcl pH 8,5
Farbpuffer	50 ml	Tris-Hcl pH 8,5
	1. 80 mg	Iso-citritsäure-Tri-Na-Salz
	2. 1 ml	MgCl ₂
	3. 1 ml	PMS
	4. 1 ml	NBT
	5. 1 Spatelspitze	NADP
nachmittags abgießen + Glycerin		

Zymogramme und Genotypen-Bezeichnungen an den untersuchten Genloci

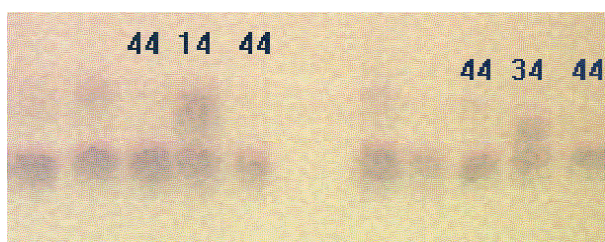
AAT



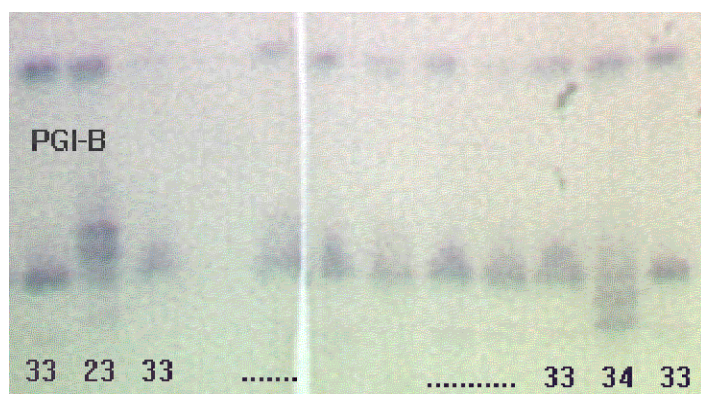
LAP



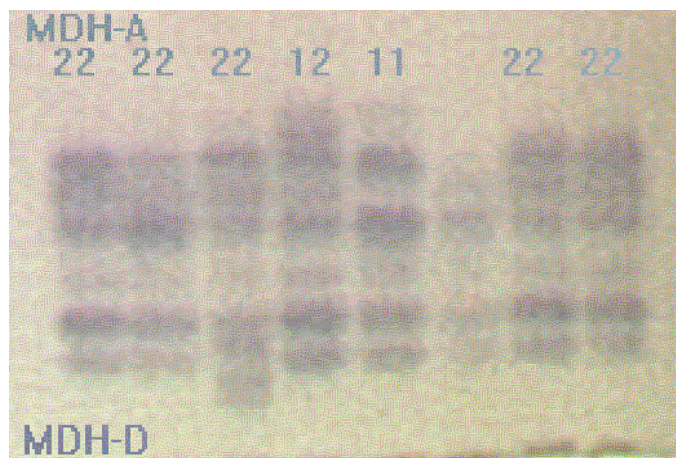
PGM



PGI



MDH



IDH



Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in den untersuchten Vorkommen

MLGT-Nr.	SN 1	ST	BB	MV	BW 1	BW 2	RPf	HE	NRW	SN 2	TH	BY 1	BY 2	Anzahl Individuen
1			1											1
2			1											1
3						1								1
4					1									1
5						1								1
6								1						1
7								1						1
8			1											1
9				1										1
10								1						1
11						1								1
12									1					1
13						1								1
14									1					1
15									1					1
16						1								1
17			1											1
18				2										2
19									2					2
20									2					2
21								2						2
22		1							1					2
23						2								2
24				2										2
25								3						3
26								3						3
27	1	1							1					3
28	1				3									4
29											4			4
30		1							3					4
31				3								1		4
32			3					1						4
33		1	1			1		1						4
34			2	1			1							4
35				3					1					4
36								7						7
37						3		4						7
38					8	1								9
39			2	1				6						9
40		15		2			1		1					19
41	7	1		1				1	4					14
42	15		2	1										18
43	4	1			3			6	2	1		1		18
44					2	5			9					16
45			1	4						2	9	1		17
MLGT-Nr.	SN 1	ST	BB	MV	BW 1	BW 2	RPf	HE	NRW	SN 2	TH	BY 1	BY 2	Anzahl Individuen

Anlage 5

46		1					14		2					17
47	3	2		6	2	6	13	1	1	3		1		38
48		7	1	1	11	10	2	7	3	6		1		49
49	3	1		1			19		1					25
50	20	5	4	13	1	2	11	4	5	23		1		89
51	2	2	5	6	18	11	4	15	2	9	32	4	1	111
52			8	12				2		4		3		29
53	1	1	17	21	1	2	1	6	4	3		23		80
Summe	57	40	50	81	50	48	66	72	47	51	45	36	1	644
Anzahl MLGT	10	14	15	18	9	14	9	19	20	8	3	9	1	
Anzahl Hybriden	0	10	0	0	0	1	2	26	3	0	1	0	23	66

Schlussdokumentation Datenbank/Datenerfassung zu den Projekten: „Erfassung der genetischen Ressourcen der Schwarzpappel und der Ulmenarten in Deutschland“

Die Datenerfassung und die aktuelle Datenhaltung wurden mit der Datenbanksoftware MS-Access 2000 realisiert. Die Datenspeicherung, die Dateneingabe der Aufnahmetrupps und die Auswertung wurden in getrennten Datenbankanwendungen realisiert.

Innerhalb der Datenbankdokumentation wird allgemein von „Genobjekten“ (=Vorkommen) gesprochen, unabhängig davon ob es sich nur um erfasste Vorkommen oder um Generhaltungsobjekte handelt. Die der Auswertung zugrunde liegenden Genobjekte müssen mehr als 4 Individuen und einen Genobjektbearbeitungsstand 5 (Feldaufnahme abgeschlossen) oder 6 (geprüftes Genobjekt) besitzen.

1 Teildatenbanken der Baumartenerfassung zur Generhaltung

Die Daten der Genobjekterhebung befinden sich in der Datei fgr_stamm_d.mdb. Die Datenstruktur wurde mit Herrn Dr. Münch (Informations und Koordinationszentrum Genetische Diversität, Bonn) besprochenen.

Der Gesamttablauf des Aufnahmeprojektes erforderte es weiter Datenbankanwendungen zu erstellen, diese werden im folgenden aufgeführt.

Dateiname	Bedeutung	aktuelle Version	Stand
fgr.mdb	Datenbankfrontend für die Aufnahmetrupps zur externen Dateneingabe (inkl. Korrektur, Dateneinsicht und Plausibilitätsprüfung).	1.10	22.12.2006
fgrxx_d.mdb	Datenbankbackend zur Dateneingabe (=Versand-Datei des Aufnahmetrupps an die zentrale Datenhaltungsstelle)	1.01	03.01.2007
fgr_stamm_d.mdb	Zusammengespielter Gesamtdatenbestand mit den Daten aller Aufnahmetrupps zur Abgabe an den Auftraggeber . Dies ist bereits eine erweiterte Datenstruktur mit Auswertungsparametern.	1.02	15.03.2007
fgr_alle.mdb	Datenbankfrontend zur Dateneinsicht in den Gesamtdatenbestand.	1.05	03.01.2007
fgr_stamm_auswertung.mdb	Datenbankfrontend mit Funktionen zum Einspielen der Teildatenbestände der Aufnahmetrupps in den Gesamtdatenbestand. Mit Funktionen zur gesamthaften Plausibilitätsprüfung und Funktionen zur Auswertung der Daten und Ermittlung der Auswertungsparameter.	1.05	03.05.2007

Die Dateien fgr.mdb und fgrxx_d.mdb können als Aufnahmetruppdata-bank bezeichnet werden.

2 Ablauf der Datenerfassung bis zur Auswertung

Im folgenden wird die Datenbanknutzung im zeitlichen Ablauf dargestellt. Im Detail wird darauf eingegangen worauf zu achten ist, wenn dieselbe Datenbankanwendung für die Aufnahme von Genobjekten zu einer weiteren Baumart genutzt werden soll.

2.1 Voraussetzung für die Aufnahme einer weiteren Zielbaumart

- Einspielen aller Datenbanken in ein Verzeichnis. Synchronisierung der Datenbankdateien

- fgr_alle.mdb mit fgr_stamm_d.mdb
- fgr_stamm_auswertung.mdb mit fgr_stamm_d.mdb
- Aufnahme der neuen Zielbaumart in die Tabelle „Artenliste“ der Datenbanken fgrxx_d.mdb und fgr_stamm_d.mdb
- Sicherstellen, dass die Tabellen „AUFNAHMETRUPP1“ und „Datenbankversand“ der Datenbank fgrxx_d.mdb mit den entsprechenden Tabellen aus fgr_stamm_d.mdb verknüpft sind.
- eventuell Deaktivieren von nicht gewünschten Arten der Tabelle Artenliste durch Setzen des Feldes ART_aktuell auf False.
- gegebenenfalls Anpassen bundesweiter Wertebereichstabellen (Forstbehörden, Landkreise, Gemeinden, etc.) an aktuelle Stände.

2.2 Arbeitsablauf der Datenerfassung

2.2.1 Inventarisierung der Aufnahmetrupps in der Datenbank fgr_alle.mdb.
Vergabe der eindeutigen Ziffer für jeden Aufnahmetrupp.

Hinweis zur Ziffer: aktuell ist diese auf einmalig gestellt. Die Ziffer muss innerhalb eines Aufnahmezyklus einmalig sein. Weitere Aufnahmen sollten am besten mit dreistelligen Ziffern arbeiten. Die Ziffern vom Schwarzpappel/Ulmen-Projekt könnten auch erneut verwendet werden, dann müsste die Datenstruktur allerdings angepasst werden, so dass Duplikate zugelassen werden. Sichergestellt werden muss, dass für dieselbe Baumart und verschiedene Aufnahmezyklen nicht dieselbe Ziffer vergeben wird.

2.2.2 Datenbereitstellung für einen Aufnahmetrupp:

- Kopie der Datei fgrxx_d.mdb nach fgr<eindeutige Ziffer>_d.mdb (z.B. fgr100.mdb)
- Laden der Grunddaten in die Datei fgr<eindeutige Ziffer>_d.mdb durch Öffnen des Formulars , F_externe_DB_laden' und Ausführen der Schaltfläche „Aufnahmetrupp und INITDB setzen“

2.2.3 Versand der Dateien fgr.mdb und fgr<eindeutige Ziffer>_d.mdb an den Aufnahmetrupp

Nun erfolgt die externe Datenerfassung, die Originaldaten sind bis zur finalen Datenabgabe immer beim Aufnahmetrupp. Die Aufnahmetrupps müssen innerhalb ihrer Datenbestände eindeutige laufende Nummern vergeben (Spalte GE_lfdNum in Tabelle Genobjekt).

2.2.4 Rückspielen der Daten

- der Aufnahmetrupp sendet die Datei fgr<eindeutige Ziffer>_d.mdb an die Zentrale zurück
- die Zentrale sollte sicherheitshalber die Daten auf Vollständigkeit prüfen (Einbinden der Datei fgr<eindeutige Ziffer>_d.mdb in eine fgr.mdb und Ausführen der Plausibilitätsprüfung).
- Datenimport durch Öffnen der Datei fgr_stamm_auswertung.mdb. Öffnen des Menüpunktes ‚Gesamtübersicht Datenlieferungen der Aufnahmetrupps‘, Einbinden der externen Daten durch Ausführen der Schaltfläche „Fremddaten laden (Verknüpfung herstellen)“, dann Importieren der Daten.

Achtung: sollten aus einer früheren Lieferung dieses Aufnahmetrupps bereits Daten enthalten sein, müssen diese zuerst gelöscht werden.

Hinweis: durch Löschen und Importieren erhalten die Genobjekte im Gesamtpool eine Neue Primärschlüsselnummer GE_P. Grundsätzlich ist die GE_P der Genobjekte aus den Aufnahmetruppversionen abweichend von denen des Gesamtpools. Eine eindeutige Verknüpfung ist durch die drei Spalten BL_F, AT_F

und GE_lfdNum gemeinsam möglich. Bei dem Gesamtdatenpool wird in der Spalte GE_P_Fremd behelfsweise auch die automatisch vergebene GE_P der Aufnahmetruppdata gespeichert.

2.2.5 Abschluss einer Erhebung

- alle Aufnahmetruppdatabanken müssen eingespielt und plausibilitätsgeprüft sein
- zur Prüfung der Koordinaten müssen diese manuelle mittels GIS-Software visualisiert und konvertiert werden, zur Dokumentation wurden in den Gesamtdaten eigens die folgenden Felder angelegt:

Spaltenname	Bedeutung
GK4RECHTS	Rechtswert in Gauß-Krüger 4. Streifen konvertierte Koordinaten
GK4HOCH	Hochwert in Gauß-Krüger 4. Streifen konvertierte Koordinaten
GK4_geprueft	Die Koordinaten wurden auf Plausibilität geprüft (ja/nein)
GK4_geprueft_Dat	Datum der Koordinatenplausibilitätsprüfung
LK_F_gis	Fremdschlüssel zum Landkreis, aus GIS-Verschneidung der Zentrumskoordinaten mit den Geodaten
WG_F_gis	Fremdschlüssel zum Wuchsgebiet, aus GIS-Verschneidung der Zentrumskoordinaten mit den Geodaten
WB_F_gis	Fremdschlüssel zum Wuchsbezirk, aus GIS-Verschneidung der Zentrumskoordinaten mit den Geodaten
BL_F_gis	Fremdschlüssel zum Bundesland, aus GIS-Verschneidung der Zentrumskoordinaten mit den Geodaten

3 Plausibilitätsprüfung

Beim Aufnahmedatenbankfrontend des Aufnahmetrupps (fgr.mdb) und bei der Gesamtdatenbank (fgr_alle.mdb) gibt es eine Plausibilitätsprüfung die die formalen Eingabekriterien zu den Genobjekten prüft.

Im folgenden eine Liste der Kriterien:

PLAU_P	PLAU
2	die Angabe des Zielbaumart-Anteils fehlt
3	die Flächenangabe fehlt
4	bei einer Durchmesserstufe fehlt die Angabe der Begründungsart
5	die Summe der Prozentangaben der Durchmesserstufen ist ungleich 100 %
6	die Summe der Vitalitäts-Prozentangaben einer Durchmesserstufe ist <> 100 %
7	die UTM Koordinatenangabe fehlt oder ist nicht vollständig
8	die Gauß-Krüger-Koordinatenangabe fehlt oder ist nicht vollständig
9	die Angabe der Flächenerhebungsart fehlt
10	die Angabe der Individuenanzahlerhebungsart fehlt
11	die Angabe des Erhebungsjahres (des Datums) fehlt
12	die Angabe des Wuchsgebietes fehlt
13	die Angabe der Zielbaumarterhebungsart fehlt
14	die Genobjektbeschreibung fehlt
15	die Angabe der Individuenanzahl fehlt
16	die Angabe der Eigentumsart fehlt
17	die Angabe der Forstbehörde fehlt
18	Durchmesserstufe ohne Vitalitätsangabe oder umgekehrt
19	Die Angabe der Durchmesserstufe fehlt
20	die Durchmesserstufen und Vitalitätsangaben bzw. Prozente stimmen nicht

Die Plausibilitätsprüfung sollte primär beim Eingang der Daten auf Aufnahmetruppebene mit der Datenbank fgr.mdb erfolgen. Die Plausibilitätsprüfung des Gesamtdatenbestandes (fgr_alle.mdb) ist weniger umfangreich.

4 Datenbankbasierte Auswertung

Die erstellten Datenbanken unterstützen die Auswertung des Projektes durch die Projektleitung. In der Datenbank „fgr_stamm_auswertung.mdb“ können mit dem Menüpunkt „Altersstruktur-Qualitätsklassen bilden“ zum Genobjekt gehörende Auswertungsparameter ermittelt werden:

Spaltenname	Bedeutung	Ermittlung
AB_Klasse	Abundanzklasse (Definition siehe Tabelle Abundanzklasse)	Modul GENRES01, Function Abundanzklassen_setzen, Grundlage ist die Tabelle Abundanzklasse
AQS_F	Fremdschlüssel der Altersstrukturqualitätsklasse	Modul GERNRES01, Sub Altersstrukturklassen_1_bis_5_setzen(), Grundlagen bilden die Parameter der Tabellen ALTERSSTRUKTURQUALKLASSE und ALTERSSTRUKTURQUALKLASSE_ART, diese können im Auswertungsformular je Baumart definiert werden.
Vitalitaet	durchschnittliche Vitalität Anhand der Herleitung LFE vom 28.11.2006	Makro M_GENOBJEKT_DURCH_VITALITAET_Temp_aktualisieren, befüllt die temporäre Tabelle „GENOBJEKT_DURCH_VITALITAET_Temp“, diese wird für weitere Auswertungen verwendet.
ERW_F	Fremdschlüssel zur Erhaltungswürdigkeit	Abfragekette A_GENOBJEKT_ERW_00... bis A_GENOBJEKT_ERW_05.... Grundlage bildet die Tabelle ERHALTUNGSWUERDIGKEIT. Datenpflege der Tabelle über Formular „F_ERHALTUNGSWUERDIGKEIT_bearbeiten“, zu öffnen mit der Schaltfläche „Erhaltungswürdigkeit definieren“ im Auswertungsformular.

Die Auswertungsergebnisse müssen dem Schlussbericht des Projektes entnommen werden.

5 Datenstruktur der FGR - Datenbank

Zu Beginn des Projektes wurde aufgrund der Projektzielsetzung als Ergebnis mehrerer Projektkoordinationstreffen eine Kartieranleitung erstellt. Parallel wurde im Rahmen der Treffen ein Datenmodell erarbeitet das die Grundlage für die physikalische Datenstruktur bildete.

In der Datenstruktur ist der Gesamtdatenbestand inklusive der Auswertungstabellen enthalten. Die Teildatenbestände der Datenaufnahme (fgrxx_d.mdb) enthalten keine auswertungs-spezifischen Tabellen.

Im folgenden eine detaillierte Beschreibung der Tabellen, Spalten, Datentypen und Beschreibungen:

Am Ende der Dokumentation ist ein Diagramm der Datenstruktur angefügt.

Datenstrukturdocumentation FGR - Datenbank

Abundanzklasse

Dokumentiert die Einteilung der Genobjekte in Abundanzklassen in Abhängigkeit der Baumanzahl der Zielbaumart.

Ab_Klasse	long	Stufe der Abundanzklassen
AB_von	long	Individuenanzahl ab
Ab_bis	long	Individuenanzahl bis
Ab_Bem	text 255	Freier Bemerkungstext zur Abundanzklasse

ALTERSSTRUKTURQUALKLASSE

Dokumentation der Altersstrukturklassen, dies ist ein Auswertungsergebnis der finalen Auswertung des Projektes. Näheres siehe Schlussbericht der Schwarzpappel-Ulmen Projektes.

AQS_P	long	Primärschlüssel der Durchmesserstufe
AQS_Sort	long	Sortierzahl der Durchmesserstufe
AQS	text 100	Bezeichnung der Durchmesserstufe
AQS_KU	text 25	Kurzbezeichnung Durchmesserstufe
AQS_Def	text 254	Definition der Altersstufe
AQS_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

ALTERSSTRUKTURQUALKLASSE_ART

Zuordnung der Definitionsparameter der Altersstrukturklassenbildung zu den Zielbaumarten.

AQS_F	long	Fremdschlüssel der Alterstrukturqualitätsklasse
ART_F	long	Fremdschlüssel zur wissenschaftlichen Artbezeichnung dieses Genobjektes (Tabelle Artenliste)
Du_kl_7_Min	double	minimaler Erfüllungsprozentanteil in der BHD-Klasse 1
Du_kl_20_Min	double	minimaler Erfüllungsprozentanteil in der BHD-Klassen 1 und 2
Du_7_20_Min	double	minimaler Erfüllungsprozentanteil in der BHD-Klasse 2
Du_gr_7_Min	double	minimaler Erfüllungsprozentanteil in der BHD-Klassen 2 und 3
Du_gr_20_Min	double	minimaler Erfüllungsprozentanteil in der BHD-Klasse 3
BGA_F	long	Fremdschlüssel zur in der Altersstufe dominant vorkommenden Begründungsart (Tabelle Begründungsart)
ASQualKI_Bem	memo	Freier Bemerkungstext zur Baumarten Altersqualitätsstufe

ARTENLISTE

Liste der Arten, die als Zielbaumart zur Ausscheidung von Genobjekten verwendet werden können. Diese Liste wird von der BLE vorgegeben.

ART_P	long	Primärschlüssel der wissenschaftlichen Art (= Tabelle artenliste_fgrdeu, Spalte ID_Art)
GATTUNG	text 50	Gattung zur wissenschaftlicher Tier-/ Pflanzen-Bezeichnung
ART	text 100	Art (+Unterart) zur wissenschaftlicher Tier-/ Pflanzen-Bezeichnung
AUTOR	text 100	Autor zu dieser Art
NAME_DT	text 50	Deutscher Arname
NAME_EN	text 50	Englischer Arname
ART_aktuell	bool	diese Art wird aktuell verwendet
ART_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

AUFNAHMETRUPP

Zur Dokumentation der Personen bzw. der Gruppen, die die Feldaufnahmen durchführen. Für die Aufnahmetrupps werden von der Koordinationsstelle in Eberswalde Kurzzeichen vergeben, die auf den Aufnahmebelegen zur eindeutigen Identifizierung notiert werden.

AT_P	long	Primärschlüssel des Aufnahmetrupp
------	------	-----------------------------------

AT_Ziffer	text 2	eindeutige Ziffer des Aufnahmetrupps die in der eindeutigen Genobjektnummer zu finden ist
AT	text 254	Bezeichnung des Aufnahmetrupps (Name der leitenden Person)
AT_KU	text 20	Kurzbezeichnung des Aufnahmetrupps
AT_akt	bool	Dieser Aufnahmetrupp ist aktuell verwendbar
ADR_F	long	Fremdschlüssel zur Adresse
AT_Bem	text 254	Freier Bemerkungstext zum Aufnahmetrupp
AT_ErstDat	datum	Datum an dem dieser Datensatz erstellt wird
AT_DB	bool	Bearbeiter bekommt eine Datenbank
AT_DB_Bem	text 254	Freier Bemerkungstext zur datenbankausgabe
AT_DB_Schlussmeldung	text 254	Abschlußdatenbank gesendet

BAUMART

Liste der Baumarten um den Bestand der Genobjekte zu beschreiben. Es wird die Liste der BWI2 verwendet, wobei die Ulmen, Pappeln und Weiden detaillierter beschrieben werden. Die Baumarten verweisen auf die von der BLE vorgegebenen Artenliste.

BART_P	long	Primärschlüssel der Baumart
BA_KU	text 25	Kürzel der Baumart (nach BWI2)
BA	text 100	deutsche Bezeichnung der Baumart
Gattung	text 20	wissenschaftliche Bezeichnung der Baumart - Gattung
Art	text 50	wissenschaftliche Bezeichnung der Baumart - Art
BA_engl	text 100	englische Bezeichnung der Baumart
BART_ICODE_BWI2	integer	Fremdschlüssel zu den Daten der BWI2 Tabelle x_Ba
ART_F	long	Fremdschlüssel zur Artenliste (Tabelle Artenliste)
Ba_akt	bool	Diese Baumart wird aktuell verwendet
ID_ART	long	Fremdschlüsselschlüssel der wissenschaftlichen Art (= Tabelle artenliste_fgdeu, Spalte ID_Art)

BEGRUENDUNGSART

Die Begründungsart ist ein Merkmal zur Bestimmung der historischen Begründungsform einer Alterstufe.

BGA_P	long	Primärschlüssel der Begründungsart
BGA	text 100	Bezeichnung der Begründungsart
BGA_KU	text 25	Kurzbezeichnung der Begründungsart
BGA_Eingabe	text 1	Eingabeiffer beim Aufnahmebeleg
BGA_Sort	long	Sortierzahl der Begründungsart
BGA_Def	text 254	Definition der Begründungsart
BGA_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

BUNDESLAND

Liste der Bundesländer der Bundesrepublik Deutschland. Struktur und Inhalt der Tabelle wird von der BLE, Referat Biologische Vielfalt vorgegeben.

BL_P	long	numerische Codierung des Bundeslandes (Integer)
NAME_BL	text 100	Langbezeichnung des Bundeslandes (deutsch)
KENNZIFFER_BL	text 4	2-stell. Kurzbezeichnung des Bundeslandes (deutsch)
BL_Sort	integer	Sortierzahl der Bundesländer
BL_Num	integer	Nummer des Bundeslandes
BL_FlaecheBWI2	long	Landesfläche nach BWI 2 (ha), hergeleitet aus x_Gemeinde
BL_FlaecheSBA2002	single	Landesfläche nach Statistischen Bundesamt Deutschland 2002 [km²]
BL_Einwohnerdichte	integer	Einwohnerdichte je km² nach Statistischen Bundesamt Deutschland 2002 [km²]
ID_BL	text 255	Bundeslandschlüssel an der ZADI (Textfeld)
BL_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

DURCHMESSERSTUFE

Angabe der Durchmesserstufestufe eines Bestandes innerhalb eines Genobjektes.

DUST_P	long	Primärschlüssel der Durchmesserstufe
DUST_Sort	long	Sortierzahl der Durchmesserstufe
DUST	text 100	Bezeichnung der Durchmesserstufe
DUST_KU	text 25	Kurzbezeichnung Durchmesserstufe
DUST_Def	text 254	Definition der Altersstufe
DUST_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes
DU_VIT_Faktor	long	Wichtungsfaktor der Durchmesserstufe bei der Genobjekt-Gesmat-Vitalitätsberechnung

EIGENTUMSART

Zur Angabe der überwiegenden Eigentumsart eines Genobjektes. Die Grundlagentabelle wurde aus den Daten der Bundeswaldinventur entnommen und projektspezifisch angepasst.

EGA_P	long	Primärschlüssel der Eigentumsart
EGA	text 100	Bezeichnung der Eigentumsart
EGA_KU	text 25	Kurzbezeichnung der Eigentumsart
EGA_Sort	long	Sortierzahl der Eigentumsart
EGA_engl	text 100	Bezeichnung der Eigentumsart in Englisch
EGA_KU_engl	text 25	Kurzbezeichnung der Eigentumsart in Englisch
EGA_Def	text 254	Definition der Eigentumsart
EGA_ICODE_BW12	integer	Fremdschlüssel zu den Daten der BW12 Tabelle x_Eg
EGA_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

Eingabehinweise

Informationen zum arbeiten mit dem FGR-Datenbankfrontend.

ERHALTUNGSWUERDIGKEIT

Dokumentation der Stufen der Erhaltungswürdigkeit, dies ist ein Auswertungsergebnis der finalen Auswertung des Projektes. Näheres siehe Schlussbericht der Schwarzpappel-Ulmen Projektes.

ERW_P	long	Primärschlüssel der Erhaltungswürdigkeit
ERW_KU	text 20	Kurzbezeichnung der Erhaltungswürdigkeit
ERW	text 100	Bezeichnung der Erhaltungswürdigkeit
ERW_Sort	long	Sortierzahl der Erhaltungswürdigkeit
ERW_Bem	text 254	Bemerkung zur Erhaltungswürdigkeit
Abundanzkl_Max	double	Maximale Abundanzklasse um diese Erhaltungswürdigkeitsstufe zu erhalten
Altersstrukturkl_Min	double	Minimale Altersstrukturklasse um diese Erhaltungswürdigkeitsstufe zu erhalten
Vitalitaet_Min	double	Minimale durchschnittliche Vitalität um diese Erhaltungswürdigkeitsstufe zu erhalten
Vitalitaet_Max	double	Maximale durchschnittliche Vitalität um diese Erhaltungswürdigkeitsstufe zu erhalten

ERHEBUNGSART

Art der Erhebung von Parametern, im Regelfall Trennung zwischen Messung und Schätzung. Je nach Art des zu erhebenden Attributes können noch Sonderfälle der Erhebung vorkommen.

ERHA_P	long	Primärschlüssel der Erhebungsart
ERHA	text 100	Bezeichnung der Erhebungsart
ERHA_KU	text 25	Kurzbezeichnung der Erhebungsart
ERHA_Sort	long	Sortierzahl der Erhebungsart
ERHA_Def	text 254	Definition der Erhebungsart
ERHA_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

ERHA_Koord	bool	diese Erhebungsart wird zur Dokumentation der Koordinatenermittlung verwendet
ERHA_Flaeche	bool	diese Erhebungsart wird zur Dokumentation der Flächenerhebung
ERHA_Anzahl	bool	diese Erhebungsart wird zur Dokumentation der Ermittlung der Artanzahl verwendet
ERHA_Alter	bool	diese Erhebungsart wird zur Dokumentation der Ermittlung der Altersstruktur verwendet
ERHA_ZielBAproz	bool	diese Erhebungsart wird zur Dokumentation der Ermittlung des Zielbaumartprozentanteils verwendet

FORSTBEHOERDE

Liste der Forstbehörden der Bundesrepublik Deutschland. Jedem Genobjekt wurde eine Forstbehörde mit Adressangabe zugeordnet. Zukünftige Kontaktaufnahmen mit den Eigentümer von Genobjekten können über die Forstbehörde erfolgen.

FB_P	long	Primärschlüssel der Forstbehörde (nicht sprechend bundesweit)
FB	text 100	Langbezeichnung der untersten Ebene der Forststruktur (meist Forstamt) in Deutsch
BL_F	long	Fremdschlüssel zum Bundesland, Zuordnung der politischen Landesfläche (Tabelle Bundesland)
FB_Nummer	integer	Codierung der untersten Ebene der Forststruktur (meist Forstamt) innerhalb Bundesland
FB_ha	long	Gesamtfläche Wald und Nichtwald [ha]
FB_Typ	text 5	fakultativ: Typisierung der untersten Ebene der Forststruktur (z.B. FA=Forstamt, OFÖ=Oberförsterei, Min=Ministerium, NP=Nationalpark ... oder für Niedersachsen: "LWK", "BuFoA", "KloKa", "NFÄ")
FBUE_F	long	Fremdschlüssel zur übergeordneten Forstbehörde (Tabelle FORSTBEHOERDEUEBERGEORDNET)
ADR_F	long	Fremdschlüssel zur Adresse
BL_F_forst	integer	Zugehörigkeit zur Forstfläche des Landes (manchmal auch außerhalb der politischen Landesfläche) vgl. x_bl
FB_Herkunft	text 254	Herkunft des Vorkommens dieser Forstbehörde
FB_Aktualitaet	datum	Datum ab wann diese Forstbehörde aktuell gültig ist
FB_Bem	text 254	Freier Bemerkungstext zur Forstbehörde
FB_ICODE_BW12	integer	Fremdschlüssel zu den Daten der BW12 Tabelle x_Fa

FORSTBEHOERDEUEBERGEORDNET

Gibt die Möglichkeit die Forstbehörden innerhalb der Bundesländer zu stratifizieren, bzw. übergeordnete Behörden anzugeben. Übernahme der Daten anhand der Bundeswaldinventur.

FBUE_P	long	numerische Codierung der übergeordneten Ebene der Forststruktur (incl. Bundesland)
FBUE	text 100	Bezeichnung der übergeordneten Ebene der Forststruktur in Deutsch
BL_F	long	Fremdschlüssel zum Bundesland (Tabelle BUNDESLAND)
FBUE_Nummer	integer	Codierung der übergeordneten Ebene der Forststruktur innerhalb
FBUE_FL_ha	long	Gesamtfläche Wald und Nichtwald [ha]
FBUE_Typ	text 5	fakultativ: Typisierung der übergeordneten Ebene der Forststruktur (z.B. OFD=Oberforstdirektion, RK=Regierungsbezirk, Min=Ministerium,
FBUE_ICODE_BW12	integer	Fremdschlüssel zu den Daten der übergeordneten Forstbehörde BW12 Tabelle x_mForstEbene

GEMEINDE

Liste der bundesweit vorkommenden Gemeinden.

GEM_P	long	Primärschlüssel der Gemeinde
GEM	text 100	Langbezeichnung der Gemeinde
BL_F	long	Fremdschlüssel zum Bundesland (Tabelle BUNDESLAND)
LK_F	long	Fremdschlüssel zum Landkreis (Tabelle LANDKREIS)
GEM_Num	integer	Codierung Gemeinde innerhalb des Bundeslandes
GEM_FL_ha	long	Fläche der Gemeinde (ha)
GEM_PLZ	text 5	Postleitzahl der Gemeinde
GEM_ICODE_BW12	integer	Fremdschlüssel zu den Daten der BW12 Tabelle x_Fa

GENOBJEKT

Genetische Ressource einer Baumart zum Zwecke der Generhaltung. Die genetische Ressource wird nach vorgegebenen Kriterien erfasst, bewertet und dokumentiert. Die Ansprache erfolgte nach der Kartieranleitung. Nähere Angaben zur Bezeichnung sind dem Schlussbericht des Schwarz-pappel/Ulmen Projektes zu entnehmen.

Im Rahmen der Kartierung soll das Hauptaugenmerk auf dem Vorkommen von Populationen liegen, Einzelbäume werden nicht erfasst. Ein Genobjekt bezieht sich auf eine Zielbaumart, kommen mehrere Zielbaumarten 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. Ein Genobjekt muss mindestens 5 Individuen der Zielbaumart enthalten.

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 Genobjekts. Weitere Informationen können der Aufnahmeanleitung entnommen werden.

GE_P	long	Primärschlüssel des Genobjektes
BL_F	long	Fremdschlüssel zum Bundesland (Tabelle Bundesland)
GE_lfdNum	long	Laufende Nummer des Genobjektes (innerhalb eines Bundeslandes)
GE_P_Fremd	long	Primärschlüssel des Genobjekt in der Fremddatenbank
AT_F	long	Fremdschlüssel zum Aufnahmetrupp (Tabelle Aufnahmetrupp), eindeutige Kennung der Fremddatenbank
GE_ErhebungsDatum	datum	Datum der Felderhebung
GE_ErhebungJahr	integer	Jahr der Felderhebung, Pflichtfeld, (vierstellige Jahreszahl, -1 = Standardwert keine Angabe, 9 =unbekannt)
GE_Erhebungsjahr_Zusatz	text 254	Zusatzangabe zum Datum der Felderhebung (z.B. Monat oder Jahreszeitangabe oder exakt 5.11)
ART_F	long	Fremdschlüssel zur wissenschaftlichen Artbezeichnung dieses Genobjektes (Tabelle Artenliste)
GE_ArtbestimvorOrt	text 4	Die Artbestimmung wurde beim Feldbegang nach der aktuellsten Aufnahmeanleitung des Genobjekterfassung durchgeführt (ja/nein -) nur bei Einfluß von Fließgewässern, Flusssystem von dem das Genobjektes begleitet wird
GE_Flusssystem	text 254	
KOOS_F	long	Fremdschlüssel zum Koordinatensystem
GEOD_F	long	Fremdschlüssel zum geodätischen Datum (Tabelle
UTM_Zone	integer	Angabe der UTM-Zone / Gitter (Universal Transverse Mercator Projektion, 60 Zonen mit jeweils 6 Längengraden, D ist in 32 und 33)
UTM_Rechts	double	Rechtswert der UTM-Koordinate in m am Flächenmittelpunkt der größten Individuendichte des Genobjektes
UTM_Hoch	double	Hochwert der UTM-Koordinate in m am Flächenmittelpunkt der größten Individuendichte des Genobjektes
GK_Streifen	long	Streifen des Gauß-Krüger Koordinatensystems
GK_Rechts	double	Rechtswert der Gauß-Krügerkoordinaten in m, am Flächenmittelpunkt der größten Individuendichte des Genobjektes
GK_Hoch	double	Hochwert der Gauß-Krügerkoordinaten in m, am Flächenmittelpunkt der größten Individuendichte des Genobjektes
GE_KOOR_ERHA_F	long	Fremdschlüssel zur Erhebungsart der Koordinaten (Tabelle ERHEBUNGSART)
GE_KOOR_Bem	text 254	Freies Bemerkungsfeld zur Koordinatenerhebung
FB_F	long	Fremdschlüssel zur Forstbehörde (Tabelle Forstbehoerde)
GE_FB_Text	text 254	Angabe der für das Genobjekt zuständigen Forstbehörde
GE_Reviernum	long	Reviernummer in dem der größte Teil des Genobjektes liegt
GE_Reviername	text 254	Reviername in dem der größte Teil des Genobjektes liegt
LK_F	long	Fremdschlüssel zum Landkreis (Tabelle Landkreis), nachträgliche Ermittlung durch GIS-Verschneidung
GEM_F	long	Fremdschlüssel zur Gemeinde (Tabelle Gemeinde), nachträgliche Ermittlung durch GIS-Verschneidung
GE_GEM_Text	text 254	Falls bekannt Angabe des Gemeindenamen
WG_F	long	Fremdschlüssel zum Wuchsgebiet (Tabelle Wuchsgebiet)
GE_WG_Text	text 254	Bemerkung zur Wuchsgebietszuordnung
WB_F	long	Fremdschlüssel zum Wuchsbezirk (Tabelle Wuchsbezirk), nachträgliche Ermittlung durch GIS-Verschneidung
EGA_F	long	Fremdschlüssel zur Eigentumsart (Tabelle Eigentumsart)
GE_FL	double	Flächengröße des Genobjektes in ha
GE_FL_ERHA_F	long	Fremdschlüssel zur Erhebungsart der Flächenangabe (Tabelle ERHEBUNGSART)

GE_Anzahl	long	Anzahl Individuen der Zielbaumart <7cm BHD
GE_Anzahl_ERHA_F	long	Fremdschlüssel zur Erhebungsart der Anzahl Individuen (Tabelle ERHEBUNGSART)
GE_genUntersuchung	text 20	Eine ISO/DNA-Untersuchung fand für dieses Genobjekt statt. Die untersuchende Stelle kann im Beschreibungsfeld weiter unten auf dem Erfassungsbogen genannt werden.
GE_genUnterempfohlen	text 20	Eine ISO/DNA-Untersuchung wird anhand des Eindrucks der Aussenaufnahme empfohlen
GE_abgBaeume_abiot	text 20	Anteil abgestorbener Bäume durch abiotische Ursache
GE_abgBaeume_biot	text 20	Anteil abgestorbener Bäume durch biotische Ursache
GE_Naturverjuengung	text 20	Naturverjüngung vorhanden
GE_AntZielBA	text 20	Anteil der Zielbaumart am Gesamtbestand
GE_AntZielBA_ERHA_F	long	Fremdschlüssel zur Erhebungsart der Zielbaumartanteilsermittlung (Tabelle ERHEBUNGSART)
GE_AntKreuzbar	text 20	Anteil kreuzbarer Arten
GE_Beschreibung	memo	Beschreibung des Genobjektes (Besonderheiten, Schadursachen)
GEBA_F	long	Fremdschlüssel zum Bearbeitungsstand dieses Genobjektes (Tabelle Genobjektbearbeitungsstand)
GE_MBA_Bem	text 254	Freier Bemerkungstext zu den Mischbaumarten Angaben
GE_GEBA_Bem	text 255	Freier Bemerkungstext zum Bearbeitungsstand dieses Genobjektes
GE_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes
GE_Stamm_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes in der Stammdatenbank
GE_vitindex	double	Vitalitätsindex der berechnet wurde
GK4RECHTS	double	Rechtswert in Gaus-Krüger 4. Streifen konvertierte Koordinaten
GK4HOCH	double	Hochwert in Gaus-Krüger 4. Streifen konvertierte Koordinaten
GK4_geprueft	bool	Die Koordinaten wurden auf Plausibilität geprüft
GK4_geprueft_Dat	datum	Datum der Koordinatenplausibilitätsprüfung
LK_F_gis	long	Fremdschlüssel zum Landkreis aus GISverschneidung der Zentrumskoordinaten mit den Geodaten
WG_F_gis	long	Fremdschlüssel zum Wuchsgebiet aus GISverschneidung der Zentrumskoordinaten mit den Geodaten
WB_F_gis	long	Fremdschlüssel zum Wuchsbezirk aus GISverschneidung der Zentrumskoordinaten mit den Geodaten
BL_F_gis	long	Fremdschlüssel zum Bundesland aus GISverschneidung der Zentrumskoordinaten mit den Geodaten
AB_Klasse	long	Abundanzklasse (Definition siehe Tabelle Abundanzklasse)
AQS_F	long	Fremdschlüssel der Alterstrukturqualitätsklasse
Vitalitaet	double	durchschnittliche Vitalität Anhand der Herleitung LFE vom 28.11.2006
ERW_F	long	Fremdschlüssel zur Erhaltungswürdigkeit

GENOBJEKT_BAUMART

Beziehungstabelle zwischen Genobjekt und den bestandesbegleitenden weiteren Baumarten neben der Zielbaumart.

GE_F	long	Fremdschlüssel zum Genobjekt
BART_F	long	Fremdschlüssel zur Baumart
GE_BART_Proz	long	Prozentanteil der Baumart-Genobjektzuordnung (obligatorische Angabe,
		wird im Aufnahmebeleg nicht gefordert)
GE_BART_Bem	text 255	Freier Bemerkungstext zur Baumart-Genobjektzuordnung
GE_BART_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

GENOBJEKT_DURCH_VITALITAET_Temp

Hilfstanelle die zur Auswertung temporär gefüllt werden muss. Sie beinhaltet für alle Durchmesserstufen mit Vitalitätsangaben.

GE_F	long	Fremdschlüssel zum Genobjekt
DUST_F	long	Fremdschlüssel zur Durchmesserstufe
BGA_F	long	Fremdschlüssel zur in der Altersstufe dominant vorkommenden Begründungsart (Tabelle Begründungsart)
GE_DUST_proz	integer	geschätzter Anteil der Durchmesserstufe
VIT0proz	integer	Prozentanteil der Vitalitätsstufe 0
VIT1proz	integer	Prozentanteil der Vitalitätsstufe 1

VIT2proz	integer	Prozentanteil der Vitalitätsstufe 2
VIT3proz	integer	Prozentanteil der Vitalitätsstufe 3
GE_DUST_VIT_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

GENOBJEKT_DURCHMESSERSTUFE

Beziehungstabelle zwischen Genobjekt und den Durchmesserstufen. Zuordnung der Durchmesserstufen zu den Genobjekten. Je Durchmesserstufe-Genobjekt wird die Begründungsart angegeben. Je Durchmesserstufe wird der prozentuale Anteil angegeben.

GE_F	long	Fremdschlüssel zum Genobjekt
DUST_F	long	Fremdschlüssel zur Durchmesserstufe
BGA_F	long	Fremdschlüssel zur in der Altersstufe dominant vorkommenden Begründungsart (Tabelle Begründungsart)
GE_DUST_proz	integer	geschätzter Anteil der Durchmesserstufe
GE_DUST_Bem	text 254	Freier Bemerkungstext zur Altersstufe, bzw. zur Vitalität einer Altersstufe
GE_DUST_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

GENOBJEKT_SCHUTZSTATUS

Beziehungstabelle zwischen Genobjekt und den bundesweit gültigen Schutzstufen. Diese wurden nachträglich durch Geo-Verschneidungen ermittelt.

GE_F	long	Fremdschlüssel zum Genobjekt
SCHU_F	long	Fremdschlüssel zum Schutzstatus
GR_SCHU_Sort	integer	Sortierzahl der Schutzstatuszuordnung zum Genobjekt
GR_SCHU_Bem	text 50	Freier Bemerkungstext zur Schutzstatuszuordnung zum Genobjekt
GR_SCHU_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

GENOBJEKT_VITALITAET

Beziehungstabelle zwischen Genobjekt und den Durchmesserstufen mit Angabe des Vitalitätszustandes. Wobei zu den möglichen Vitalitätsklassen (0-3) flach die jeweiligen Prozentanteile angegeben sind. Nähere Information siehe in der Aufnahmeanleitung.

GE_F	long	Fremdschlüssel zum Genobjekt
DUST_F	long	Fremdschlüssel zur Durchmesserstufe
VIT0proz	integer	Prozentanteil der Vitalitätsstufe 0
VIT1proz	integer	Prozentanteil der Vitalitätsstufe 1
VIT2proz	integer	Prozentanteil der Vitalitätsstufe 2
VIT3proz	integer	Prozentanteil der Vitalitätsstufe 3
GE_VIT_Bem	text 254	Freier Bemerkungstext zur Altersstufe, bzw. zur Vitalität einer Altersstufe
GE_VIT_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

GENOBJEKTBEARBEITUNGSSTAND

Zur Dokumentation des Bearbeitungsstandes des Genobjektes.

GEBA_P	long	Primärschlüssel der Vitalität (Gesundheitszustand)
GEBA	text 100	Bezeichnung der Vitalität (Gesundheitszustand)
GEBA_KU	text 25	Kurzbezeichnung der Vitalität (Gesundheitszustand)
GEBA_Sort	long	Sortierzahl der Vitalität (Gesundheitszustand)
GEBA_Def	text 254	Definition der Vitalität (Gesundheitszustand)
GEBA_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

GEOAETISCHESDATUM

Die Definition einer bestimmten Figur als beste Annäherung an die Erdfigur, angegeben durch einen Parametersatz, der Bezugssysteme für die gesamte oder Teile der Erde definiert.

Geodaten, die ein unterschiedliches Geodätisches Datum (Bezugssystem) verwenden, benötigen komplexe Transformationen, um miteinander in Beziehung gebracht oder ausgetauscht zu werden.

GEOD_P	long	Primärschlüssel des geodätischen Datums
--------	------	---

GEOD_KU	text 25	Kurzbezeichnung des geodätischen Datum
GEOD	text 254	Bezeichnung des geodätischen Datum
GEOD_Sort	text 255	Sortierzahl des geodätischen Datum
GEOD_Bem	memo	Bemerkung / Definition dieses geodätischen Datum
GEOD_Aktuell	bool	Dieses geodätischen Datum wird aktuell verwendet
GEOD_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

Init

Programmtechnische Hilfstabelle für Initialisierungsparameter

INITDB

Programmtechnische Hilfstabelle für Initialisierungsparameter

AT_F	long	Aufnahmetrupp die mit dieser Datenbank arbeitet (Standardvorgabe, Pflichtinitialisierung)
ART_F	long	Art dieser Datenbank (Standardvorgabe, Pflichtinitialisierung)
BL_F	long	Bundesland der Datenbank (Standardvorgabe, Pflichtinitialisierung)
Key	long	

KartDBVersand

Programmtechnische Hilfstabelle zum Versand von Kartiererversionen

Versanddatum	datum	Datum des Versands
Versand_an	text 255	Angabe an wenn die Datenbank versandt wurde
VersandDBNr	long	Nummer des Versands
Dateiname	text 255	Dateiname der Datendatei
ErstelDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes
Bemerkung	text 255	Freier Bemerkungstext

KOORDINATENSYSTEM

Angabe des Koordinatensystems, dass zur Angabe der Koordinaten verwendet wurde.

KOOS_P	long	Primärschlüssel des Koordinatensystem
KOOS_KU	text 25	Kurzbezeichnung des Koordinatensystem
KOOS	text 254	Bezeichnung des Koordinatensystem
KOOS_Sort	text 255	Sortierzahl des Koordinatensystem
KOOS_Bem	memo	Bemerkung / Definition dieses Koordinatensystems
KOOS_Aktuell	bool	Dieses Koordinatensystem wird aktuell verwendet
KOOS_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes
GEOD_F	long	Fremdschlüssel zum GEODAETISCHESDATUM

LANDKREIS

Liste der bundesweit vorkommenden Landkreise.

LK_P	long	Primärschlüssel des Landkreis
LK	text 100	Bezeichnung Landkreis
BL_F	long	Fremdschlüssel zum Bundesland (Tabelle x_BL)
LK_KFZ	text 3	KFZ-Kennzeichen des Landkreis
LK_Num	integer	Fremdschlüssel zum Landkreis (Tabelle x_LK)
LK_KreisHauptstadt	text 80	Kreishauptstadt
LK_ICODE_BW12	integer	Fremdschlüssel zu den Daten der BW12 Tabelle x_LK
LK_GIS_Text	text 254	Name des Landkreis in den Geodaten
LK_GIS_F	long	Fremdschlüssel zum Landkreis in den Geodaten

PLAUSI

Programmtechnische Hilfstabelle zur Durchführung und Dokumentation der Plausibilitätsprüfung der Dateneingabe zu den Genobjekten.

SCHUTZSTATUS

Liste nationaler geschützter forstlicher Flächen. Diese werden mit den Koordinaten nachträglich aus bundesweiten Geodatenbeständen der BfN ermittelt.

SCHU_P	long	Primärschlüssel des Schutzstatus (entspricht ID des Naturschutzstatus bei FGR-Deu Datenbank)
SCHU	text 50	Bezeichnung des Schutzstatus, z.B. "Naturschutzgebiet"
SCHU_KU	text 15	Kurzbezeichnung des Schutzstatus, z.B. "NSG"
SCHU_Sort	long	Sortierzahl des Schutzstatus
SCHU_akt	bool	Dieser Schutzstatus wird noch aktuell verwendet
SCHU_Def	memo	Definition, Bemerkungen zum Schutzstatus
SCHU_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes
SCHU_F_BaWue	long	Fremdschlüssel zum Schutzstatus (verwendung FVA)

TableDef

Tabelle des Programms zur Dokumentation der Tabellen der Datenbank.

temp_Plausi

programmatische Hilfstabelle

temp_Plausi_Meldung

programmatische Hilfstabelle

Version

zur Internen Dokumentation der Version des Datenbankfrontends.

Versionstruktur

zur Internen Dokumentation der Version des Datenbankbackends

Versionstruk	text 255	Versionsnummer Standortsdatenbank-Frontend
Versionstruk_Datum	datum	Datum dieser Versionserneuerung
Versionstruk_Bemerkung	text 255	Bemerkung zur Versionserneuerung

Verweis

Programmtechnische Hilfstabelle zur Dokumentation der Verweismodule des Datenbankfrontends

VITALITAET

Beurteilung der Vitalität einer Durchmesserklasse des Genobjekts. Diese wird in 4 Klassen von 0-3 angegeben.
Ansprache der Vitalität durch Einschätzung des Blattverlustes (Vegetationszeit) oder des Feinanteils (im Winter).

VIT_P	long	Primärschlüssel der Vitalität
VIT_KU	text 25	Stufe des Vitalitätsangabe
VIT	text 100	Angabe der Vitalitätsangabe
VIT_Sort	long	Sortierzahl der Vitalität
VIT_Def	memo	Definition der Vitalitätsangabe
VIT_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes

WUCHSBEZIRK

Liste der forstlichen Wuchsbezirke (Waldökologische Naturräume Deutschlands). Veröffentlicht in den Mitteilungen des Vereins für Forstliche Standortskunde und Forstpflanzenzüchtung Nr. 43 August 2005, J. Gauer und E. Aldinger, Druck Henkel Druck Stuttgart, (ISSN 0506-7049). Die Zuordnung der Wuchsbezirke wird mittels GIS-Verschneidung am Ende des Projektes aufgefüllt, dies ist allerdings ungenau da die digitalen Wuchsbezirksgrenzen teilweise größere Unstimmigkeiten aufweisen.

WB_P	long	Primärschlüssel des Wuchsbezirk (bundesweite Waldökologische
WG_F	long	Fremdschlüssel zum Wuchsgebiet (Tabelle Wuchsgebiet)
WB	text 100	Bezeichnung des Wuchsbezirkes
WB_Num	long	Nummer des Wuchsbezirkes
WB_Bem	text 50	Freier bemerkungstext zum Wuchsbezirk
WB_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes
WB_GIS_F	text 16	Fremdschlüssel des Wuchsbezirks in den Geodaten

WUCHSGEBIET

Liste der forstlichen Wuchsgebiete (Waldökologische Naturräume Deutschlands). Veröffentlicht in den Mitteilungen des Vereins für Forstliche Standortskunde und Forstpflanzenzüchtung Nr. 43 August 2005, J. Gauer und E. Aldinger, Druck Henkel Druck Stuttgart, (ISSN 0506-7049). Die Zuordnung der Wuchsgebiete erfolgt in der Vorklärung.

WG_P	long	Primärschlüssel des Wuchsgebietes (Waldökologischer Naturraum Deutschlands)
WG	text 100	Bezeichnung des Wuchsgebietes
WG_Num	long	Nummer des Wuchsgebietes
BL_F_federführend	long	Federführendes Bundesland bei der Beschreibung des Wuchsgebietes
WG_Bem	text 254	Freier Bemerkungstext zum Wuchsgebiet
WG_ErstDat	datum	Erstelldatum dieses Datensatzes
WG_GIS_F	double	Fremdschlüssel zum Wuchsgebiet in den Geodaten

