

Leitfaden zur Auswahl und Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete

Guideline for selecting and establishing genetic reserves

Lothar Frese, Maria Bönisch*

Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

*Korrespondierende Autorin, maria.boenisch@julius-kuehn.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.003

Zusammenfassung

Genetische Erhaltungsgebiete (GenEG) dienen der aktiven und langfristigen In-situ- und Ex-situ-Erhaltung bestimmter Populationen züchterisch relevanter Wildpflanzenarten. Die Gesamtheit der GenEG soll die genetische Diversität dieser Arten bestmöglich repräsentieren. Dieser Leitfaden beschreibt in acht Schritten ein erprobtes Verfahren für die Planung und die Einrichtung von GenEG anhand der Erfahrungen aus dem Modell- und Demonstrationsverfahren „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildselleriearten (*Apium* und *Helosciadium*) als Bestandteil eines Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete in Deutschland (GE-Sell)“. In den ersten vier Schritten wird die Beschaffung und Aufbereitung von Verbreitungsdaten der Zielarten sowie die Auswahl und Bewertung von Fundorten und Vorkommen für genetische Analysen dargestellt. Schritt 5 ist dem Thema genetische Analyse und der Ergebnisbewertung gewidmet. Die Schritte 6 bis 8 befassen sich mit Aspekten der partizipatorischen Projektplanung und der formalen Ausweisung von GenEG sowie dem Aufbau einer Organisationsstruktur, die für das dauerhafte Management eines Netzwerks von GenEG notwendig ist. Das hier dargestellte Verfahren kombiniert den Genpool-Lösungsansatz zum Aufbau von GenEG mit Elementen der partizipativen Planung von Naturschutzprojekten. Alle Interessensgruppen werden möglichst frühzeitig in die Datenerhebung, Planung, Analyse, Ergebnisinterpretation und die Auswahl von GenEG eingebunden. Am Ende eines gemeinsam gestalteten Entscheidungsprozesses werden klar definierte GenEG ausgewiesen. GenEG sind ein neues Modul des Artenschutzes. Deshalb kann dieser Leitfaden nicht alle Aspekte abschließend behandeln. In einigen Textabschnitten wird daher der vorhandene Handlungsbedarf beschrieben und zur Diskussion gestellt.

Stichwörter: Wildarten für Ernährung und Landwirtschaft (WEL), Wildlebende Verwandte von Kulturarten (WVK), In-situ-Erhaltung, Genetische Erhaltungsgebiete (GenEG), Integrativer Lösungsansatz, Leitfaden

Abstract

The genetic reserve conservation technique serves the active and long-term *in situ* and *ex situ* conservation of specific populations of wild plant species relevant for breeding. The sum of all genetic reserves should cover the genetic diversity of a species. This guide describes in eight steps a tested procedure for the planning and establishment of genetic reserves based on the experience gained from the model and demonstration project "Development of a nationwide network of genetic reserves for wild celery (GE-Sell)". The first four steps describe the acquisition and preparation of distribution data of the target species as well as the selection and evaluation of sites and occurrences for genetic analyses. Step 5 is dedicated to genetic analyses and the evaluation of results. Step 6 to 8 deal with aspects of participatory project planning and the formal designation of genetic reserves and the establishment of an organisational structure necessary for the long-term management of a reserves network. The procedure presented combines the gene pool approach to the establishment of genetic reserves with elements of participatory planning of nature conservation projects. All stakeholders are involved as early as possible in the data collection, planning, analysis, interpretation of results and selection of genetic reserves. At the end of a jointly designed decision-making process, clearly defined genetic reserves are identified. Genetic reserves are a new component of species conservation. Therefore, this guideline cannot cover all aspects conclusively and the text also describes and discusses existing needs for action.

Keywords: crop wild relatives, *in situ* conservation, genetic reserves, integrative approach, guideline

Einleitung

JAIN (1975) verwendete erstmals den Begriff „genetic reserve“ oder sinngemäß übersetzt „genetisches Erhaltungsgebiet“ (GenEG). Eine Fläche von 380 ha im Gebiet des Kibbutz Ammiad in Israel gilt als das erste Naturschutzgebiet, dessen ausdrücklicher Zweck in der In-situ-Erhaltung genetischer Diversität des Wildemmers besteht. Untersuchungen zur genetischen Diversität des Wildemmers im Gebiet fanden in den späten 1980er Jahren statt (ANNIKSTER, NOY-MEIR, 1991).

Trotzdem war im Jahr 2005 die formale Ausweisung der Fläche als GenEG noch nicht abgeschlossen, weil damit verbundene Planungen langfristiger und komplexer Natur sind (KAPLAN, 2008). Auch in den Jahren danach wurde im europäisch-mediterranem Raum kein GenEG für krautige Pflanzenarten in formaler Hinsicht ausgewiesen.

Trotz umfassender theoretischer Grundlagen (z. B. MAXTED et al., 1997a, 1997b, 2012) stellen fehlende organisatorische Rahmenbedingungen zur Umsetzung nationaler In-situ-Erhaltungsstrategien Gründe für die verzögerte Einrichtung von GenEG dar. MAXTED et al. (2015) erarbeiteten deshalb eine Konzeption für die In-situ-Erhaltung wilder Verwandter von Kulturarten (WVK), die vom Europäischen Kooperationsprogramm für pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR) befürwortet wurde. Diese soll schrittweise in den Mitgliedsländern des ECPGR umgesetzt werden. Zur Operationalisierung sollen GenEG identifiziert und organisatorisch miteinander vernetzt werden. Sowohl diese Konzeption als auch inzwischen veröffentlichte nationale Strategien (siehe <http://www.cropwildrelatives.org/cwr-strategies>) zur In-situ-Erhaltung von WVK orientieren sich an einem wissenschaftlich begründeten hierarchisch-strukturierten Verfahren zur Identifikation von Populationen, die für den Aufbau von GenEG besonders geeignet erscheinen. Dass dennoch bis 2019 in den europäischen Ländern die formale Ausweisung von GenEG nur wenig und die Einrichtung eines Netzwerks von GenEG gar nicht gelang, hat mehrere Gründe. Einer davon ist sicherlich die Nichtbeachtung der Prinzipien partizipativer Planung von Naturschutzprojekten.

In diesem Beitrag werden unsere Erfahrungen aus dem Modell- und Demonstrationsvorhaben „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildselleriearten (*Apium* und *Helosciadium*) als Bestandteil eines Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete in Deutschland (GE-Sell)“ (siehe BÖNISCH et al., dieser Tagungsband) verwendet, um Handlungsempfehlungen für Folgeprojekte aufzuzeigen. Im Rahmen des GE-Sell-Projektes haben wir eine Kombination aus (1) partizipativer Projektplanung und (2) dem Genpool-Ansatz (KELL et al., 2012; siehe THORMANN, dieser Tagungsband) erprobt. (1) Partizipative Projektplanung bedeutet, dass wir bereits bei der Antragsplanung sowie während der gesamten Projektlaufzeit Kontakt mit relevanten Institutionen und Personen hielten. Dies kann man als Bottom-up Lösungsweg auffassen und dem eher akademisch geprägten Top-down Verfahren (MAXTED et al., 1997a) für die Einrichtung von GenEG gegenüberstellen. Beide Vorgehensweisen stellen keinen Widerspruch dar. Sie entsprechen der Konzeption des ECPGR für die In-situ-Erhaltung von WVK in Europa, denn diese sieht die Integration verschiedener Lösungswege und Ergebnisse in ein gesamteuropäisches Netzwerk von GenEG ausdrücklich vor (MAXTED et al., 2015). (2) Das Ziel des Genpool-Ansatzes besteht in der Erhaltung innerartlicher Vielfalt aller Wildarten, die mit der Kulturform kreuzbar sind. Beispielsweise gehören nach QUIROS (1993) und RONSE et al. (2010) einschließlich der wildwachsenden Urform des Kulturselleries 11 *Apium*- und sechs *Helosciadium*-Arten zum globalen Genpool des Kulturselleries. Davon sind vier Wildselleriearten in Deutschland verbreitet (BfN, 2019), für die im Verlauf des GE-Sell-Projektes artspezifische Netzwerke von GenEG vorgeschlagen wurden. Für drei der Arten gelang bereits die Gründung der Netzwerke (siehe BÖNISCH et al., dieser Tagungsband).

In diesem Beitrag beschreiben wir in acht Schritten, wie die Ausweisung und der Aufbau eines Netzwerks aus GenEG innerhalb eines Zeitraums von rund vier Jahren gelang (Abb. 1). Zudem machen wir auf Eckpunkte aufmerksam, bei denen zur effizienten Einrichtung von GenEG Handlungsbedarf besteht. Diese vorläufige Handlungsanleitung muss in den kommenden Jahren an den aktuellen Kenntnisstand angepasst werden.

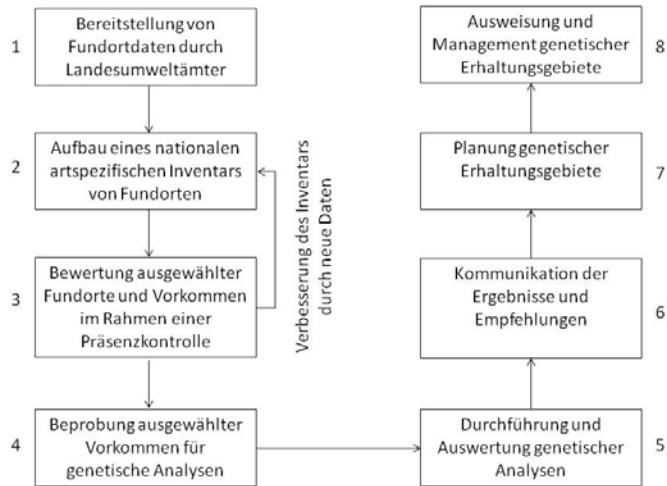


Abb. 1: Leitfaden für die Identifikation von Vorkommen und die Ausweisung von Flächen als genetische Erhaltungsgebiete (aus FRESE et al., 2018b).

Fig. 1 Guideline for the identification of occurrences and for designation of sites as genetic reserves (from FRESE et al., 2018b).

Schritt 1: Beschaffung von Fundortdaten

In Deutschland kommen insgesamt 3651 indigene Pflanzenarten und Archaeophyten vor. Davon sind 30 % bestandsgefährdet oder bereits ausgestorben (METZING et al., 2018). Etwa 200 Blütenpflanzenarten sind nach dem Bundesnaturschutzgesetz (BNatSchG; LOUIS, 2010) besonders bzw. streng geschützt oder sind von gemeinschaftlichem Interesse und nach Gesetzen der Europäischen Union geschützt. Für die Erhaltung der Arten des Anhang II der Flora-Fauna-Habitat (FFH)-Richtlinie müssen besondere Schutzgebiete ausgewiesen werden. Ansonsten besteht nach BNatSchG §6 nur eine Verpflichtung zur "Beobachtung von Natur und Landschaft als Aufgabe von Bund und Ländern". Ein rechtlich verpflichtendes Gebot zur Datenerhebung existiert nur für die 20 Blütenpflanzenarten des Anhang II der FFH-Richtlinie. Danach muss der behördliche Naturschutz im Rahmen eines regulären Monitorings Daten zum Erhaltungszustand dieser Arten ermitteln, um ggf. im Rahmen einer FFH-Verträglichkeitsprüfung aktuelle Daten zur Populationsgröße, Altersstruktur und dem Grad der Isolierung zwischen Populationen einer Art zur Verfügung stellen zu können (FISCHER-HÜFTLE, 2019).

Bisher existieren nur für einzelne Populationen von WVK der deutschen Flora systematisch erhobene Daten zum Erhaltungszustand. Für den Aufbau eines Netzwerks von GenEG für züchterisch relevante Arten müssen diese Daten erst erhoben werden. Die Basis hierfür bilden floristische Informationssysteme des Bundes und der Länder. Dem Bundesamt für Naturschutz (BfN) obliegt die Aufgabe die Daten zentral zusammenzuführen und den Datenfluss aufrecht zu erhalten (BfN, 2019). Die Suche nach Populationen bzw. Wuchsorten, die für die Einrichtung von GenEG geeignet erscheinen, beginnt mit der Zusammenstellung eines Dateninventars aller Vorkommen der Zielart(en). Daten aus der Florenkartierung werden im Informationssystem FloraWeb (<http://www.floraweb.de/>) des BfN zusammengefasst und sind dort öffentlich zugänglich. Mit FloraMap generierte Verbreitungskarten bieten eine gute, allerdings grobe Übersicht über die geographische Verteilung der Arten. Punktscharf georeferenzierte Daten zu Vorkommen liegen vor allem bei den Ländern und den regionalen Kartierungsinitiativen sowie Verbänden und stellt das BfN, sofern vorhanden, nur auf Anfrage zur Verfügung. Die Gründe hierfür sind zum einen

urheberrechtlicher Natur. Zum anderen soll dadurch ein missbräuchlicher Zugriff auf gefährdete Vorkommen vermieden werden (FINK, MAY, 1999; BfN, 2019). Das BfN erhebt die Daten nicht selbst, sondern ist auf die Bereitstellung durch Dritte angewiesen.

Im GE-Sell-Projekt unterschieden sich die erhaltenen Datensätze der Landesumweltämter und -betriebe zu Wildsellerievorkommen stark hinsichtlich ihrer Aktualität, Lagegenauigkeit, Struktur und Integrität. Die Übermittlung von Datensätzen erfolgte digital in Form unterschiedlicher Dateiformate (PDF, Datenbank-Auszug, Excel-Tabelle, GIS-Shapes). Die Datensätze beinhalteten mitunter Angaben aus dem 18. Jahrhundert, nachweislich erloschene und auch Mehrfach-erfassungen von Vorkommen. Daher war nur ein Teil der Daten als Grundlage für eine Auswahl von Vorkommen geeignet.

Handlungsbedarf

Das Informationssystem FloraWeb des BfN kann in kurzer Zeit Daten bereitstellen. Die Aufbereitung von Verbreitungsdaten aus Informationssystemen der Bundesländer ist dagegen zeitaufwändig. Eine Verbesserung des Datenflusses von den Landesumweltämtern und -betrieben zu FloraWeb, z. B. durch die Einrichtung webbasierter Schnittstellen und Austauschformate, wäre sowohl für das länderübergreifende Bestands- und Trendmonitoring und die entsprechenden Berichterstattungspflichten des Bundes als auch für die länderübergreifende Planung weiterer GenEG hilfreich.

Schritt 2: Aufbau einer Inventarliste

Die Fundortdaten der Zielarten werden in einer Datenbank mit harmonisierten Attributen und Deskriptoren sowie bereinigten Datenbankeinträgen (siehe BÖNISCH et al., dieser Tagungsband) zusammengestellt. Diese Datenbank ist die Grundlage für die Auswahl von für GenEG geeigneten Vorkommen. Die im Rahmen von Schritt 3 bei Flächenbegutachtungen erhobenen Daten können bei der Inventarliste ergänzt werden. Hierfür bietet sich insbesondere die Implementierung der Datenbank in einem Kartierungsportal mit webbasierter Benutzeroberfläche an, damit Kartierer neue, unter anderem raumbezogene Daten direkt in das System eingeben können. Im GE-Sell-Projekt enthielt das Kartierungsportal aktuelle Informationen zu 50 Attributen von insgesamt 399 Vorkommen der Arten, die im Rahmen von standortspezifischen Gutachten erhoben wurden. Diese Inventarliste bildete die Planungsgrundlage für die folgenden Arbeitsschritte (siehe BÖNISCH et al., dieser Tagungsband).

Die Daten aus GE-Sell wurden noch im Jahr 2019 als Modul dem Deutschlandflora-Portal (<https://deutschlandflora.de>) angegliedert, um den langfristigen Fortbestand und die Anpassung des Informationssystems an den veränderten Bedarf der Nutzer sowie den technologischen Fortschritt zu gewährleisten. Der Zugriff auf diese Daten wird über gruppenspezifische Nutzerrechte geregelt. Sie stehen grundsätzlich für Nachnutzungen durch andere Netzwerke zur Verfügung. Abb. 2 stellt den Datenfluss im Modell- und Demonstrationsvorhaben GE-Sell dar.

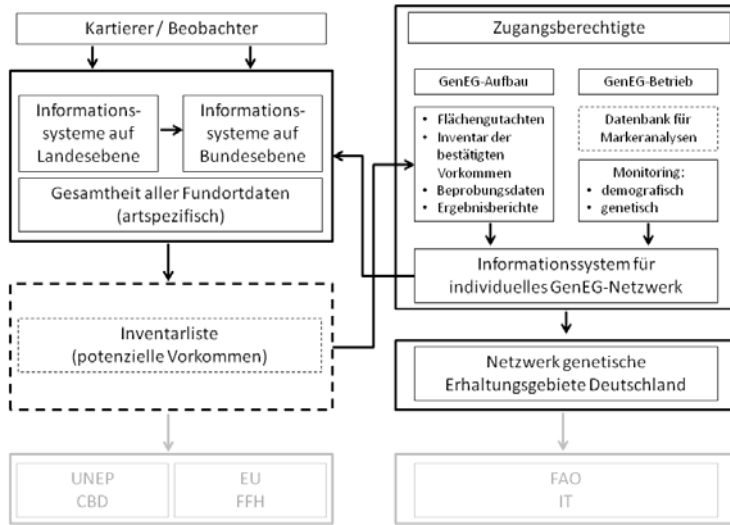


Abb. 2: Datenfluss dargestellt am Modell- und Demonstrationsvorhaben GE-Sell. Daten aus der floristischen Kartierung und anderen Quellen sind in Informationssystemen des Naturschutzes enthalten. Planer eines artspezifischen Netzwerks Genetischer Erhaltungsgebiete (GenEG) erhalten Datenbankauszüge und bereiten die Daten zu einer Inventarliste auf. Sie unterstützt die Auswahl von Vorkommen, deren Existenz überprüft wird. Die Flächengutachten fließen anschließend in das Informationssystem eines Netzwerks von GenEG ein. Es beinhaltet damit Informationen zu bestätigten und verschollenen Vorkommen und dient der Auswahl potentieller GenEG. Daten genetischer Analysen werden in einem externen Laborinformationssystem verwaltet. Das Informationssystem für ein artspezifisches Netzwerk erfasst Daten aus dem demographischen und genetischen Monitoring zum GenEG. Gestrichelte Linien kennzeichnen extern betriebene unterstützende Datenbanken. Graue Linien kennzeichnen zu klärende Aufgaben und Abläufe. Erklärung der Abkürzungen: CBD (Convention on Biological Diversity – Übereinkommen zu die Biologische Vielfalt), EU (Europäische Union), FAO (Food and Agriculture Organisation of the United Nations – Welternährungsorganisation), FFH (Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie), IT (International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture – Internationalen Vertrag über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft), UNEP (United Nations Environment Programme – Umweltprogramm der Vereinten Nationen).

Fig. 2 Data flow shown on the model and demonstration project GE-Sell. Data from floristic surveys and other sources are included in nature conservation information systems. Planners of a species-specific network of genetic reserves (GenEG) receive database extracts and prepare the data for an inventory list. It supports the selection of occurrences whose existence is verified. The reports are then incorporated into the information system of a GenEG network. It thus contains information on confirmed and extinct occurrences and serves for the selection of potential GenEG. Data from genetic analyses are managed in an external laboratory information system. The information system for a species-specific network collects data from demographic and genetic monitoring of the GenEG. Dotted lines indicate externally operated supporting databases. Grey lines indicate tasks and processes to be clarified. Explanation of abbreviations: CBD (Convention on Biological Diversity), EU (European Union), FAO (Food and Agriculture Organisation of the United Nations), FFH (Fauna-Flora-Habitat Directive), IT (International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture), UNEP (United Nations Environment Programme).

Handlungsbedarf

Das Ziel des Deutschlandflora-Portals ist die bundesweite Verknüpfung von Daten aus floristischen Kartierungen. Die Anbindung der standortspezifischen Daten aus GE-Sell als Modul an das Deutschlandflora-Portal ist sinnvoll, da die zum Aufbau des Inventars ursprünglich verwendeten Angaben aus den Datenbanken zur floristischen Kartierung stammen. Neu gewonnene Daten tragen zur Aktualisierung dieser Datensammlung bei. Das Datenmodell der GE-Sell-Anwendung kann zukünftig von anderen Projektgruppen übernommen und mit Hilfe des Entwicklerteams vom Deutschlandflora-Portal an den Bedarf der jeweiligen Pflanzenarten angepasst werden. Geklärt

werden muss, welche Funktion diese Module im Gesamtkontext der floristischen Datensammlung übernehmen sollen. Diese und womöglich weitere organisatorische Fragen müssen mit Vertretern des behördlichen Naturschutzes und der nachgeordneten Organisationen des BMEL gemeinsam erörtert und die Entscheidungen in Form einer Vereinbarung festgelegt werden.

Schritt 3: Bewertung ausgewählter Fundorte

Um mit der in Schritt 2 erstellten Inventarliste für GenEG potenziell geeignete Vorkommen zu identifizieren, kann die Datenbank nach bestimmten Kriterien sortiert oder gefiltert werden. Ein Eintrag zu einem Vorkommen einer Art bedeutet nicht, dass diese Art an diesem Fundort aktuell noch existiert. Aus der Gesamtmenge werden deshalb Vorkommen für eine Präsenzkontrolle ausgewählt. Die Eignungseinschätzung von Fundorten für die Ausweisung eines GenEG erfolgt im Rahmen einer Flächenbegutachtung durch Experten sowie nach ihrer Lage in unterschiedlichen Naturräumen. Als Richtschnur dient dabei eine Liste von Mindeststandards für die Qualität von GenEG (IRIONDO et al., 2008, 2012; Tab. 1; siehe BÖNISCH et al., dieser Tagungsband). Kriterien mit einem starken Gewicht sind die Populationsgröße sowie Hinweise auf eine grundsätzliche Bereitschaft zur Unterstützung eines GenEG durch Personen und Institutionen vor Ort.

Tab. 1. Mindeststandards für GenEG (modifiziert nach IRIONDO et al., 2012).

Tab. 1 Minimum quality standards for genetic reserves (modified according to IRIONDO et al., 2012).

Kriterium	Beschreibung
Standort	<ul style="list-style-type: none"> Die Auswahl erfolgt nach wissenschaftlichen Kriterien. Der Wuchsort liegt innerhalb gesetzlich geschützter Flächen.
Räumliche Struktur	<ul style="list-style-type: none"> Es handelt sich um eine eindeutig abgegrenzte, georeferenzierte Fläche. Die Flächengröße reicht für die Erhaltung der Population und der Habitatdynamik aus.
Zielart	<ul style="list-style-type: none"> Das Netzwerk von GenEG reicht für die Erhaltung von Allelen der Kategorie „häufig, weit verbreitet“ und „lokal häufig“ (MARSHALL und BROWN, 1975) aus. Eine repräsentative Erhebung der demographischen Struktur der Zielart wurde durchgeführt.
Population	<ul style="list-style-type: none"> Die Populationsgröße erlaubt genetische Regeneration der Art und ist größer als die demographisch ermittelte, minimale überlebensfähige Populationsgröße (<i>Minimum Viable Population (MVP)</i>; FRANKLIN, 1980).
Management	<ul style="list-style-type: none"> Das GenEG wird von einer Behörde des Naturschutzes oder der Landwirtschaft anerkannt. Erklärungen oder Vereinbarungen regeln die Zusammenarbeit zwischen Beteiligten. Zielkonflikte zwischen der Flächenplanung zum GenEG und dem Managementplan für die Gesamtfläche sind nicht bekannt. Ein Monitoringplan existiert. Kontroll- und Berichtswesen sind etabliert. Für das Management des GenEG notwendige finanzielle und personelle Ressourcen sind vorhanden. Gemeinden und Personen vor Ort sind eingebunden und können Vorteile nutzen. Die Nutzung der Population für Forschung, Entwicklung und Ausbildung wird ausdrücklich erlaubt. Flächen außerhalb gesetzlich geschützter Gebiete, die für die Einrichtung von GenEG geeignet sind, erfüllen ihrerseits bestimmte Qualitätsstandards.

Handlungsbedarf

Im GE-Sell-Projekt erfolgte die Auswahl potenziell als GenEG geeigneter Standorte auch anhand der Lage von Vorkommen in unterschiedlichen Naturräumen unter Berücksichtigung gutachterlicher Empfehlungen. Nach PARRA-QUIJANO et al. (2011) eignen sich Kartenwerke, wie die naturräumliche Gliederung Deutschlands (MEYNEN et al., 1962) nicht besonders gut für die Vorhersage genetischer Unterschiede zwischen Populationen einer Art. Besser geeignet sind Karten, bei deren Berechnung

jene ökogeographischen Variablen berücksichtigt werden, die für die Beschreibung der adaptiven Variationsbreite einer Art besonders wichtig sind (PARRA-QUIJANO et al., 2012). Solche artspezifischen Kartenwerke fehlen in Deutschland und müssen entwickelt werden.

Schritt 4: Beprobung ausgewählter Vorkommen

Zu Vorkommen, die im Schritt 3 zur Ausweisung als GenEG geeignet erscheinen, findet als Nächstes die Entnahme von Blattproben für genetische Analysen statt. Nach BROWN und MARSHALL (1995) werden 23 Individuen benötigt, um mit einer Wahrscheinlichkeit von 95 % mindestens ein Individuum mit einer seltenen Eigenschaft zu erfassen (das im Vorkommen mit einer Frequenz von 0,125 auftritt). Im Fall des GE-Sell-Projektes wurden Blattproben von bis zu 35 Individuen eines Vorkommens geerntet um mögliche Probenverluste zu kompensieren. Die Probenentnahme kann durch regionale Vertragspartner erfolgen, die mit Hilfe einer genauen Arbeitsanleitung Proben entnehmen, diese für die spätere Analyse durch Trocknung konservieren und an ein genetisches Labor senden.

Handlungsbedarf

Stichprobenrichtlinien, die auf konkreten Kenntnissen über Eigenschaften der Zielarten und deren genetischer Struktur basieren, können eine bessere Erfassung der genetischen Variation ermöglichen als durch MARSHALL und BROWN (1975) vorgeschlagen. Weiterhin können Modellierungen der Artenverteilung oder der ökologischen Nische hilfreich sein um zu entscheiden, wo die Probenahme stattfinden soll. Im Idealfall besteht die Möglichkeit Vorkommen über mehrere Jahre hinweg zu beproben (HOBAN et al., 2018), um Stichprobeneffekte auszuschließen.

Schritt 5: Durchführung und Auswertung genetischer Analysen

Arten bestehen aus Populationen, die mehr oder weniger stark durch Genfluss miteinander verbunden sind. Das räumliche Verteilungsmuster genetischer Diversität einer Art entsteht durch Veränderungen von Allelhäufigkeiten durch Selektion oder durch zufällige Effekte z. B. durch temporäre Auslöschungen von Populationen oder die Fragmentierung von Populationen und die damit verbundene bevorzugte Paarung zwischen verwandten Individuen (GILLET, GREGORIUS, 2008). Ein besseres Verständnis der Faktoren und Prozesse, welche die räumlichen und zeitlichen Verteilungsmuster genetischer Diversität beeinflussen, ist eine wesentliche Voraussetzung für das Management genetischer Diversität einer Art in ihrem natürlichen Verbreitungsareal (MANEL et al., 2003).

Das Ziel genetischer Analysen zum Aufbau von GenEG besteht zunächst nicht in der Analyse dieser Prozesse. Vielmehr sollen auf der Grundlage genetischer Maße Populationen identifiziert werden, die zusammen die genetische Diversität einer Art innerhalb eines bestimmten Verbreitungsareals repräsentieren. Bei der Bewertung der Ergebnisse ist zu berücksichtigen, dass eine einmalige Stichprobe aus den Pflanzenbeständen gezogen wird. Ferner unterscheiden sich die Pflanzenbestände hinsichtlich ihrer Individuenzahl und Bestandsdichte (konzentriert/zerstreut) und diese Bestandsmerkmale verändern sich mit der Zeit. Das Ergebnis der genetischen Analysen ist deshalb eine räumlich-zeitlich begrenzte Momentaufnahme einer Art. Es ist eines von mehreren Kriterien für die Auswahl von Vorkommen für die Einrichtung von GenEG (siehe dazu auch Schritt 3).

Für genetische Analysen stehen unterschiedliche Markertypen mit verschiedenen Vor- und Nachteilen zur Verfügung (SPOONER et al., 2005). Für die Auswahl eines Markersystems ist letztlich der Preis pro Datenpunkt und die gewünschte Abdeckung des Genoms entscheidend. Im GE-Sell-Projekt wurden Mikrosatelliten, d. h. kurze sich wiederholende Abfolgen von 2–6 Nukleotiden, als genetischer Marker verwendet. Diese eignen sich gut für populationsgenetische Analysen, da sie schnell evolvieren. Aufgrund sinkender Kosten in der DNA-Sequenzierung wird dieser Marker zunehmend durch die genomweite Sequenzierung genetischer Information mittels Genotyping-By-Sequencing abgelöst (VON TAKACH DUKAI et al., 2019; HODEL et al., 2016).

Die gewonnenen Daten werden in einer Matrix zusammengeführt, die mit verschiedenen statistischen Verfahren ausgewertet werden. Eine Charakterisierung öffentlich zugänglicher Softwareprodukte ist u. a. bei MANEL et al. (2003) und Excoffier und HECKEL (2006) zu finden. Welche der Verfahren angewendet werden können, hängt davon ab, ob bestimmte Grundannahmen erfüllt sind und in welchem Ausmaß Abweichungen von diesen Voraussetzungen toleriert werden. In diesem Zusammenhang sei insbesondere auf Wrights F-Statistiken und davon abgeleitete Indices hingewiesen (WRIGHT, 1978; HOLSINGER, WEIR, 2009), welche häufig verwendet werden, um den Grad der genetischen Differenzierung zwischen Populationen zu bestimmen. Die mitunter unsachgemäße Verwendung und Interpretation von F-Statistiken wurde von GREGORIUS et al. (2003) beanstandet und die Kritik von GILLET (2013) nochmals argumentativ untersetzt.

Im GE-Sell-Projekt verwendete statistische Analysen bzw. Software-Produkte sind nachstehend beschrieben. Mit dem R Modul adegenet (JOMBART, 2008) wurde eine Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC; JOMBART et al., 2010) berechnet. Mit Hilfe dieser multivariaten Methode werden genetisch ähnliche Individuen identifiziert und Gruppierungen genetisch ähnlicher Individuen sichtbar gemacht. Ferner wird deutlich, inwieweit die Variationsmuster mit der geographischen Herkunft der Individuen übereinstimmen. Abb. 3 zeigt beispielhaft das Ergebnis dieser Analyse für die Individuen des Echten Sellerie (*Apium graveolens* L. subsp. *graveolens*) von 27 verschiedenen Fundorten. Mit dem Submodul K-means ex nihilo Clustering kann die Wahrscheinlichkeit berechnet werden, mit der ein Individuum zu einer bestimmten Gruppe gehört. Diese Methode kann auch genutzt werden, wenn sich Populationen nicht im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (HWG) befinden. Das HWG (CHEN, 2010) ist ein mathematisches Modell, welches besagt, dass die Häufigkeit von Allelen und Genotypen in einer Population von Generation zu Generation konstant bleibt, wenn keine anderen evolutionären Einflüsse vorhanden sind. In der Realität wird man diese ideale Population, bei welcher keine Evolutionsfaktoren greifen, die den Genpool verändern könnten, nicht finden. Daher ist eine DAPC anderen Methoden oft überlegen. Dies gilt z. B. für Analysen mit dem häufig genutzten Programm STRUCTURE (PRITCHARD et al., 2000), welches nur bei Populationen im HWG und bei unabhängig vererbten Loci (MANEL et al., 2003) angewendet werden kann.

Bei den vier Wildselleriearten wichen fast alle verwendeten Mikrosatellitenmarker vom HWG ab. Daher wurde die genetische Diversität und die genetische Differenzierung mit dem Distanzmaß Δ von GREGORIUS et al. (2003) und dem Softwareprodukt DifferInt (GILLET, 2013) berechnet. Für die endgültige Auswahl von Vorkommen für die Einrichtung von GenEG ist es entscheidend, in welchem Ausmaß sich die Vorkommen in ihrer genetischen Zusammensetzung unterscheiden. Die genetische Differenzierung zwischen den Vorkommen wird mit dem Maß $\Delta_{SD(j)}$, d. h. der genetischen Distanz zwischen dem Vorkommen j und der gepoolten Gesamtheit aller übrigen, dem Komplement, bestimmt. $\Delta_{SD(j)} = 0$ bedeutet vollständige und $\Delta_{SD(j)} = 1$ keine Übereinstimmung des Vorkommens j mit seinem Komplement. Δ_{SD} ist der Mittelwert aller $\Delta_{SD(j)}$ und ein Maß für die durchschnittliche Differenzierung im gesamten Material.

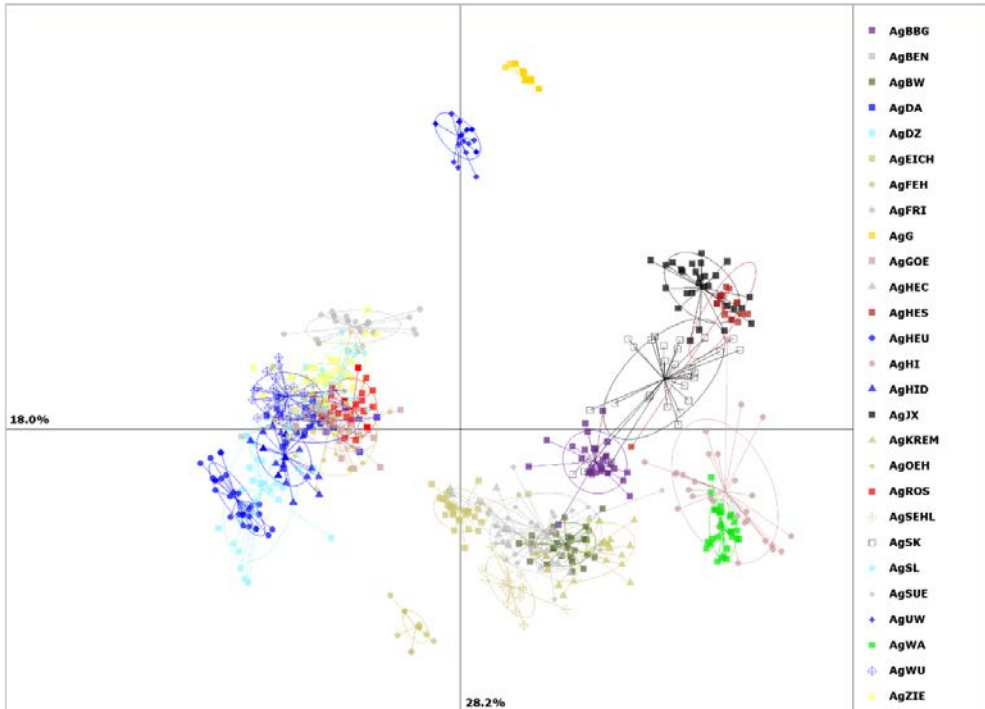


Abb. 3: Dargestellt ist das Ergebnis einer Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC; JOMBART et al., 2010) bei *Apium graveolens* subsp. *graveolens* (FRESE et al., 2018a). Jeder Datenpunkt stellt eine Einzelpflanze dar, die mithilfe von Mikrosatelliten charakterisiert wurde. Die Farben kennzeichnen die naturräumliche Herkunft der Pflanzen. Pflanzen mit gleichen Symbolen formen mehr oder minder abgegrenzte Gruppen, die Standorten zugeordnet werden können (Beispiel: AgDA, Dabitz in Mecklenburg-Vorpommern, oberer Abschnitt der vertikalen Zentrallinie). Neben drei deutlich abgegrenzten Vorkommen (AgG, AgUW, AgFEH), kann man eine Gruppe dominiert von Binnenland-Vorkommen (rechter Punkteschwarm) und ein mit überwiegend küstennahen Vorkommen (linker Punkteschwarm) erkennen. Die Individuen innerhalb der Binnenland- bzw. küstennahen Vorkommen gleichen somit einander stärker als Individuen aus dem jeweils anderen Punkteschwarm.

Fig. 3 Result of a Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC; JOMBART et al., 2010) for *Apium graveolens* ssp. *graveolens* (FRESE et al., 2018a). Each data point represents a single plant, which has been characterised by microsatellite analyses. The colours indicate the ecogeographic region of the plants. Plants with the same symbols form more or less distinct groups that can be associated with locations (example: AgDA, Dabitz in Mecklenburg-Western-Pomerania, upper section of the vertical central line). Besides three clearly distinct occurrences (AgG, AgUW, AgFEH), one group dominated by inland occurrences (cluster on the right) and one with mainly coastal occurrences (cluster on the left) can be identified. Individuals within the inland and coastal occurrences seem to resemble each other more than individuals from the other cluster.

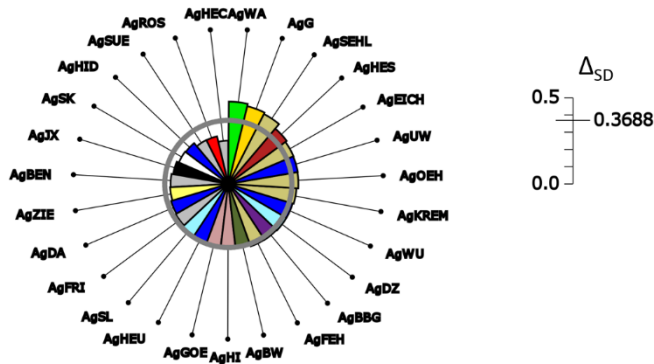


Abb. 4: Dargestellt ist, in welchem Maße die genetische Zusammensetzung eines Vorkommens von *Apium graveolens* subsp. *graveolens* mit der genetischen Zusammensetzung seines Komplements übereinstimmt (FRESE et al., 2018a). Jeder Sektor repräsentiert ein Vorkommen. Die Schenkellänge eines Sektors entspricht der genetischen Distanz zwischen dem betreffenden Vorkommen und dem gepoolten Rest. Ein kurzer Schenkel weist auf eine größere Übereinstimmung in der genetischen Zusammensetzung zwischen dem Vorkommen und seinem spezifischen Komplement, ein langer Schenkel dagegen auf größere Unterschiede zwischen dem Vorkommen und seinem spezifischen Komplement hin. Die Farben kennzeichnen die naturräumliche Herkunft der Vorkommen. Die Farbkodierungen in Abb. 3 und 4 sind identisch.

Fig. 4: It is shown to which extent the genetic composition of an occurrence of *Apium graveolens* ssp. *graveolens* corresponds to the genetic composition of its complement (FRESE et al., 2018a). Each sector represents one occurrence. The length of a sector corresponds to the genetic distance between the relevant occurrence and the pooled data of all individuals of one species. A short length indicates a stronger similarity in genetic composition between the occurrence and its specific complement, while a long length reflects a stronger difference between the occurrence and its specific complement. The colours indicate the ecogeographic region of the occurrence. The colour codes in fig. 3 and 4 are identical.

Abb. 4 illustriert die Verwendung von Δ für die Auswahl von Vorkommen. Untersucht wurden 27 in verschiedenen Regionen Deutschlands beprobte Vorkommen des Echten Selleries. Die genetische Zusammensetzung des Vorkommens bei Staßfurt (AgHEC) stimmt am stärksten mit der Zusammensetzung seines Komplements überein ($\Delta_{SD(AgHEC)} = 0,251$) und repräsentiert die genetische Diversität der übrigen 26 Vorkommen am besten. Bei Helmstedt (AgWA) wurde das Vorkommen mit dem höchsten $\Delta_{SD(j)}$ ($\Delta_{SD(AgWA)} = 0,478$) gefunden. Es unterscheidet sich von seinem Komplement stärker, was als genetische Signatur einer spezifischen Anpassung interpretiert werden kann. Beide Vorkommen sind für die Einrichtung eines GenEG von besonderem Interesse: das erste repräsentiert die insgesamt vorhandene Diversität am besten, das zweite unterscheidet sich am stärksten von der Gesamtheit. Im Uhrzeigersinn verringert sich der $\Delta_{SD(j)}$ -Wert. Die Differenz zwischen dem größeren und kleineren Wert ist niemals größer als 3,4 % der maximal möglichen Radiuslänge und für 20 der 27 Vorkommen sogar kleiner als 1 %. Im Schneckendiagramm aneinander angrenzende Vorkommen unterscheiden sich nur geringfügig in ihrem Beitrag zur genetischen Diversität der Gesamtheit. Leider fehlt ein Testverfahren zur Beurteilung der statistischen Signifikanz dieser Unterschiede und damit ein Bewertungskriterium für die Auswahl jener 10 bis 12 Vorkommen, die benötigt werden, um die genetische Diversität des Untersuchungsmaterials bestmöglich zu repräsentieren. Im GE-Sell-Projekt haben wir deshalb weitere Vorkommen aufgrund ihrer naturräumlichen Herkunft ausgewählt (zur Kritik an diesem Auswahlkriterium siehe Schritt 3, Handlungsbedarf).

Mit dem Index F_{IS} nach WRIGHT (1978) wird die durchschnittliche Abweichung der genotypischen Frequenz innerhalb von Populationen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (HWG) beschrieben (HOLSINGER, WEIR, 2009). Diese Information ist für die Planung von Management- und Pflegemaßnahmen von Bedeutung. Eine ideale Population im HWG würde den Wert $F_{IS} = 0$ auf einer Skala von $F_{IS} = -1$ bis $F_{IS} = +1$ aufweisen. Ein positiver Wert zeigt den Überschuss an Homozygoten, ein negativer Wert den Überschuss an Heterozygoten an. Im Vorkommen bei Staßfurt (AgHEC, Abb. 3)

wurde ein Überschuss an homozygoten Exemplaren festgestellt ($F_{IS} = 0,231$). Dieser Wert kann als genetische Einengung des Vorkommens z. B. als Folge von Auslöschungs- und Wiederansiedelungsvorgängen interpretiert werden. Falls im Verlauf des Monitorings eine weitere Zunahme des F_{IS} festgestellt würde, müssten Maßnahmen zur Förderung der Fremdbefruchtung in Betracht gezogen werden.

Handlungsbedarf

Eine starke genetische Differenzierung kann sowohl positiv also auch negativ interpretiert werden. Wie die Ergebnisse genetischer Analysen zur Ableitung von Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen bewertet werden, hängt u. a. von der Zielsetzung ab (GREGORIUS et al., 2005). Ein Beispiel: Im GE-Sell-Projekt bewerten wir eine starke durchschnittliche genetische Differenzierung gemessen mit Δ_{SD} als positiv, weil wir annehmen, dass genetisch distinkte Populationen Anpassungen an lokale Habitatbedingungen aufweisen und insbesondere mit deren Auswahl die genetische Diversität der betreffenden Art effektiv und effizient erhalten werden kann. Dagegen bewerteten FREI et al. (2014) eine schwache genetische Differenzierung gemessen mit dem Fixierungsindex von WRIGHT (1931, 1978) zwischen Populationen der Kreuzkröte als positiv. Sie interpretierten den Befund als ein Indiz für ungehinderten Genfluss zwischen Populationen innerhalb eines intakten Habitats.

Der Aufbau von Netzwerken von GenEG dient vorrangig der Erhaltung natürlicher dynamischer Reproduktions- und Regenerationsprozesse, die in der Vergangenheit jene genetische Variation hervorbrachten, die wir heute schützen wollen. Schutzmaßnahmen betreffen das Vorkommen (die genetische Ressource) und das Habitat (die ökologischen Rahmenbedingungen). Genetische Ressourcen und ein funktionsfähiges Ökosystem sind Grundvoraussetzung dafür, dass eine Art jene genetische Variation erzeugen kann, die sie für die Anpassung an künftig andersartige Umweltbedingungen benötigt. Mit genetischen Analysen im Rahmen eines genetischen Monitoring sollte festgestellt werden, ob die gegenwärtigen ökologischen Rahmenbedingungen geeignet sind diese dynamischen Prozesse aufrechtzuerhalten. Ist dies nicht der Fall, sollten geeignete Bedingungen zur Erhaltung der genetischen Diversität einer Art hergestellt werden, z. B. mittels integrativen Prozessschutzes. Integrativer Prozessschutz meint dabei das erfolgreiche Erhalten von Nutzungsprozessen, welche eine positive Auswirkung auf Naturschutzziele haben, ohne dass gezielte Pflegeeingriffe stattfinden (JEDICKE, 1998).

Schritt 6: Ausweisung von Vorkommen, die geeignet sind zur Einrichtung eines GenEG, und deren Kommunikation

Anhand der Kriterien von Tab. 1 und auf Basis der Flächengutachten und dem Ergebnis der genetischen Analysen und weiterer Recherchen wird pro Art für eine Anzahl an Vorkommen die Einrichtung von GenEG empfohlen. Die lokal Beteiligten werden über das Ergebnis des Auswahlprozesses informiert und die Machbarkeit der Einrichtung von GenEG diskutiert.

Im Bereich des Naturschutzes bestehen umfangreiche Erfahrungen auf dem Gebiet der partizipativen Projektplanung, die gleichermaßen bei der Entwicklung eines Netzwerks von GenEG zu berücksichtigen sind. Nach FEIGE (2003) wirken im Bereich eines Naturschutzprojektes vier Hauptgruppen: Auftraggeber, Befürworter, Beteiligte sowie potenzielle Kooperationspartner (Abb. 5; FRESE et al., 2017). Im günstigen Fall entwickeln sich Ansprechpartner in den Behörden, Verbänden und Vereinen sowie in der Gruppe der Flächeneigentümer, -nutzer und -anlieger zu Unterstützern. Sie werden damit Teil des Kooperationsfeldes. Im besten Fall wirken Unterstützer als Kooperationspartner beim Aufbau und der Betreuung des Netzwerks aktiv mit.



Abb. 5: Dargestellt ist das Kooperationsfeld, dass bei der Planung eines Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete zu beachten ist (aus FRESE et al., 2017).

Fig. 5 The diagram shows the range of cooperation that must be considered when planning a network of genetic reserves (from FRESE et al., 2017).

Die Art und Weise der Kommunikation von Projektergebnissen und Entscheidungen sollte auf der Grundlage eines eigenen Kommunikationskonzeptes erfolgen. Wichtig ist u. a. welche Personen und Institutionen in welcher Reihenfolge angesprochen werden, welche Kommunikationsmittel zur Verfügung stehen und welche davon im Rahmen eines zeitlich und finanziell begrenzten Projektes eingesetzt werden können (Tab. 2). Eine Schätzung des Zeitaufwandes zeigt, welche Mittel realistisch zum Einsatz kommen können. Von besonderer Wirksamkeit ist nach unseren Erfahrungen der direkte Dialog in Kombination mit einer Webseite als leicht zugänglichen Informationsplattform sowie eines Prospekts (analog und digital) als übersichtliche Kurzinformation.

Veränderungen der Flächennutzung können, sofern sie zu spät mit lokalen Akteuren verhandelt werden, die Ausweisung eines GenEG verhindern. Deshalb muss spätestens mit Beginn der Präsenzkontrolle (siehe Schritt 3, Bewertung ausgewählter Fundorte) der Kontakt mit diesen Personen und Institutionen wiederholt gesucht werden. So können sich Interessengruppen frühzeitig mit der Zielsetzung vertraut machen und sich in den Planungsprozess einbringen. Die Gespräche mit den Beteiligten sind ergebnisoffen zu führen, damit das Anliegen nicht als eine Bedrängung und Einschränkung der persönlichen Handlungsfreiheit empfunden wird. In der Diskussion ist das Risiko einer Zurückweisung durch potenzielle Partner inbegriffen und zu akzeptieren (FEIGE, 2003). Die formale Ausweisung eines GenEG zum Ende der Projektlaufzeit ist ein wichtiger Meilenstein, mit dem das Management eines GenEG für unbestimmte Dauer gesichert wird.

Tab. 2: Kommunikationsmittel und der dafür geschätzte Zeitaufwand. Im GE-Sell-Projekt angewendete Mittel sind in Fettschrift gekennzeichnet. Bei mit * markiertem Zeitaufwand ist i. d. R. eine Dienstreise erforderlich.

Tab. 2 Means and estimated time required for different tools of communication. Resources used in the GE-Sell project are shown in bold. Required time marked with * usually involves a business trip.

Kommunikationsmittel	Zeitaufwand für Produktion eines Exemplars / Durchführen einer Veranstaltung	Mehraufwand an Zeit für eine Reproduktion, eine gleichartige Wiederholung/ Neuanwendung	Beispiel für Zeitaufwand pro Jahr	Gegebenenfalls zuzüglich
Website	80 h	8 h (für Überarbeitung)	Bei vierteljähriger Überarbeitung: 32 h/Jahr	Domain-Gebühr
Beitrag in Fachzeitschrift	25 h	25 h (nicht ohne weiteres reproduzierbar)	Bei 2 Beiträgen: 50 h	Publikationskosten
Prospekte/CD-ROM	40 h	< 1 h (reproduzierbar)	Bei 2 Flyer mit je 300 Exemplaren: 81 h	Material- und Druckkosten
Dokumentarfilm	700* h	< 1 h (reproduzierbar)	Bei Veröffentlichung von 1 Film auf DVD, im TV oder online: 700 h	Produktionskosten, Reisekosten
Runder Tisch mit Besichtigung	40* h	35* h (nur geringfügig reproduzierbar)	Bei Ausrichtung von 7 Runden Tischen: 285 h	Miete Veranstaltungsraum, Catering, Reisekosten
Schauerwerbung	100* h	60* h (anteilig reproduzierbar)	Bei Durchführung von inhaltlich ähnlichen Werbungen bei 2 Veranstaltungen: 160 h	Materialkosten, Standgebühr, Reisekosten
Bildungsangebot	60* h	40* h (anteilig reproduzierbar)	Bei Durchführung von inhaltlich ähnlichem Bildungsangebot an 3 verschiedenen Orten: 140 h	Materialkosten, Reisekosten
Vortrag auf Fachveranstaltungen	50* h	20* h (überwiegend reproduzierbar)	Bei inhaltlich ähnlichen Vorträgen auf 4 Fachveranstaltungen: 110 h	Teilnahmegebühr, Reisekosten
Presseinformation	8 h	0 h (Reproduktion erfolgt durch Dritte)	Bei 2 Presseinformationen: 16 h	-
Plakat/Schild	16 h	1 h (reproduzierbar)	Bei 3 Plakaten / Schildern mit je 20 Exemplare: 51 h	Materialkosten, Pacht Plakatwand, Genehmigungsgebühr für Aufstellung
Soziale Medien (z. B. Twitter)	30 min	30 min (reproduzierbar)	Bei einem wöchentlichen Eintrag: 26 h	-
Einsatz eines Multiplikator (z. B. eines Interessenvertreters)	20* h	20* h (nicht reproduzierbar)	Unterstützung von 4 Multiplikatoren: 80 h	Reisekosten
Direkter Dialogkontakt	35 (*) h	35 (*) h (nicht reproduzierbar)	Kontakt zu 15 konkreten Zielpersonen: 700 h/Jahr	Reisekosten
Bericht zum Stand der Dinge/ Newsletter	8 h	< 1 h (reproduzierbar)	Bei vierteljährigem Newsletter an 15 konkrete Zielpersonen: 33 h	-
Sponsoring/ Patenschaft	45* h	45* h (nicht reproduzierbar)	Bei Einwerbung von 3 Sponsoren / Paten: 135 h	Reisekosten

Handlungsbedarf

Die Identifikation der Flächeneigentümer und -nutzer ist sehr aufwändig: Sobald ein Standort bekannt und abgegrenzt wurde, sind dessen Flurstück-Nummern zu recherchieren. Informationen dazu sind nicht in allen Bundesländern frei verfügbar. Erst mit Hilfe der Flurstück-Nummern können die Eigentümer bei Behörden erfragt werden. Durch die Datenschutzgrundverordnung ist dies häufig nur durch eine kostenpflichtige Abfrage beim Katasteramt möglich. Anschließend sind Pächter und Flächennutzer zu recherchieren. Oft kann dazu nur der Eigentümer Auskunft geben. Für Forschungsinstitutionen ist die Identifikation dieser Personengruppen sehr aufwändig und limitiert die Anzahl einzurichtender GenEG. Daher sollte bei der Planung künftiger Netzwerke von GenEG möglichst eine Institution eingebunden werden, die diesen Prozess unterstützen kann.

Die Kontaktaufnahme zu den Beteiligten sollte bereits bei Schritt 2 in Vorbereitung der Flächenkontrolle erfolgen, da zum Betreten der Flächen häufig deren Einverständnis erforderlich ist. Die gesetzlichen Bestimmungen hinsichtlich des Betretungsrechts variieren in den Bundesländern. Das Betreten von Flächen ist nur zum Zweck der Erholung (dies gilt für Straßen, Wege und ungenutzte Flächen in der freien Landschaft) oder der Erfüllung einer hoheitlichen Aufgabe ohne das Einverständnis gestattet. Bei Schutzgebieten sind hierzu noch die jeweilige Schutzgebietsverordnung bzw. weitere Rechtsvorschriften zu beachten. Zur Vereinfachung des Betretungsprozesses ist zu prüfen, in welcher Weise dazu mit Naturschutzbehörden zusammengearbeitet werden kann und ob die Kartierung eine hoheitliche Aufgabe ist.

Schritt 7: Planung genetischer Erhaltungsgebiete

Bei der Planung eines GenEG spielen die Lage und Flächengröße, die Bereitschaft der Akteure vor Ort zur Mitwirkung sowie die vorhandenen Ressourcen und Mittel für das Management eine Rolle.

HAWKES et al. (1997) schlugen ein Raummodell für GenEG vor, das sich am Modell des UNESCO-Biosphärenreservates orientiert und aus Kern-, Puffer- und Übergangszonen besteht (BATISSE, 1986). Sie erläuterten jedoch nicht die konkrete Umsetzung des Raummodells, weil zum damaligen Zeitpunkt keine Erfahrungen aus der Praxis vorlagen. Wir haben deshalb das Modell von HAWKES et al. (1997) modifiziert und an den Bedarf des GE-Sell-Projektes angepasst. In Abb. 7 ist eine aus drei Teilpopulationen bestehende Meta-Population dargestellt. Das GenEG besteht aus Wuchs- und Migrationsflächen sowie einer diese umgebende Übergangsfläche: Um die Wuchsflächen der Zielart befinden sich Migrationsflächen. Sie sind an die Wuchsfläche angrenzende Bereiche, die für das Wachstum der Zielart grundsätzlich geeignet sind. Sie können von der Art besiedelt werden, z.B. falls sich die Wachstumsbedingungen auf den Wuchsflächen verschlechtern. Die Übergangsfläche umfasst weitere Bereiche mit grundsätzlich geeigneten Biotopen innerhalb der Ausbreitungsdistanz sowie den Bereich zwischen diesen Biotopen und der Wuchs- und Migrationsfläche. Abb. 8 zeigt ein bereits eingerichtetes GenEG.

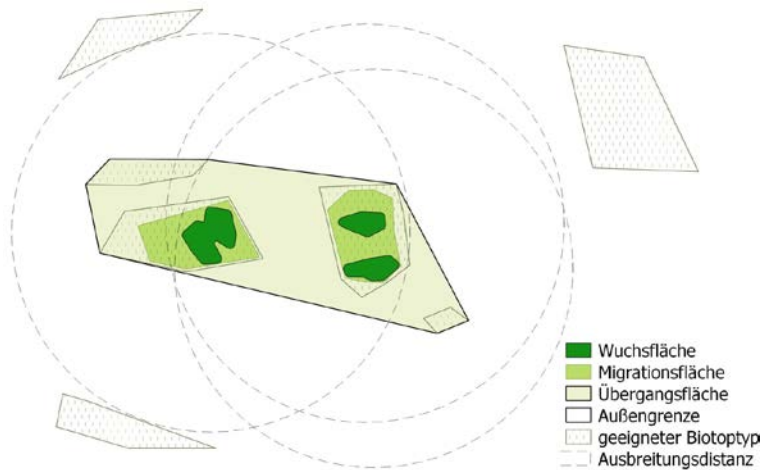


Abb. 7: Das Modell eines genetischen Erhaltungsgebietes in Anlehnung an HAWKES et al. (1997). Dargestellt sind die Wuchsfächen der Zielart, die Migrationsflächen, die aus zur Besiedelung durch die Zielart geeigneten angrenzenden Flächen besteht, und die Übergangsfläche, welche sich aus nahen Flächen mit geeigneten Biotoptypen innerhalb der Ausbreitungsdistanz und den ungeeigneten Bereichen dazwischen zusammensetzt (modifiziert nach FRESE et al., 2017, 2018b).

Fig. 7 The model of a genetic reserve based on HAWKES et al. (1997). It shows the growing areas of the target species, the migration areas consisting of adjacent patches suitable for colonisation by the target species, and the transition area consisting of nearby sites with suitable biotope types within the dispersal distance as well as the unsuitable areas in between (modified according to FRESE et al., 2017, 2018b).

Die äußere Grenze des GenEG wird durch die Ausbreitungsdistanz einer Art und die Verfügbarkeit und Lage von Flächen mit geeigneten Biotoptypen bestimmt. Falls sich das GenEG innerhalb eines Naturschutzgebietes (NSG) befindet, kann das Polygon der Übergangsfläche als formale Grenze eines GenEG im Zuge der Überarbeitung einer NSG-Verordnung festgelegt werden. Auf der Wuchsfäche sind alle Handlungen zu unterlassen, die den Zustand des Teilvorkommens beeinträchtigen, in der Migrationsfläche sind alle Handlungen zu unterlassen, die eine künftige Besiedelung durch die Art verhindern und in der Übergangsfläche sind Handlungen zu unterlassen, die den Genfluss zwischen Teilen der Meta-Population behindern. Geeignete Biotoptypen und weitere Vorkommen der Art können sich auch außerhalb der Ausbreitungsdistanz befinden. Die Ausbreitungsdistanz ist von der Bestäubungsart (Anemophilie, Zoophilie) und den Mechanismen der Samenverbreitung (Anemochorie, Epizoochorie oder Hydrochorie) und den örtlichen Gegebenheiten (z. B. Stand- oder Umtriebsbeweidung, stehende Gewässer oder Fließgewässer) abhängig und ist am konkreten Fallbeispiel zu ermitteln (FRESE et al., 2017, 2018b).

Die Form, Struktur und Größe des GenEG ist biologisch begründet und Monitoring- sowie Pflegemaßnahmen lassen sich flächenscharf zuordnen. Diese Eindeutigkeit erleichtert auch die Verhandlungen über die formale Ausweisung eines GenEG mit Partnern vor Ort. Hierin besteht der Vorteil unseres Modells.

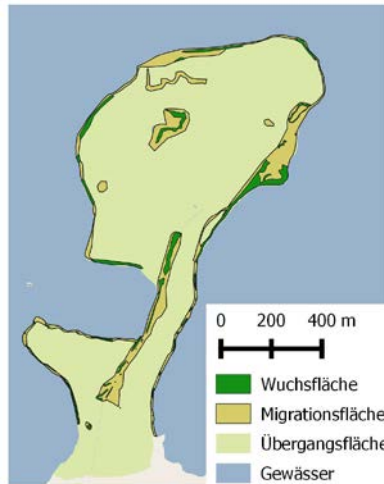


Abb. 8. Im Jahr 2019 eingerichtetes genetisches Erhaltungsgebiet für eine Wildsellerieart. Bei der Kartierung wurden die Wuchs-, Migrations- und Übergangsflächen erfasst. Es befindet sich innerhalb eines Naturschutzgebiets. Die Ortsbezeichnung ist aus Gründen des Artenschutzes nicht abgebildet. (Flächenagentur M-V GmbH, Hintergrundkarte von OpenStreetMap, Lizenz CC-BY-SA 2.0).

Fig. 8 Genetic reserve established in 2019 for a wild celery species. The growing, migration and transition areas were recorded. The genetic reserve is located within a nature reserve. For reasons of species protection, the name of the site is not shown. (Flächenagentur M-V GmbH, background map of OpenStreetMap, license CC-BY-SA 2.0).

Schritt 8: Ausweisung und Management genetischer Erhaltungsgebiete

Untere Naturschutzbehörden oder Landschaftspflegeverbände, welche die Menschen und Interessengruppen vor Ort kennen, spielen bei der Planung, Einrichtung und Ausweisung von GenEG eine entscheidende Rolle. Sie können am besten beurteilen, ob in der lokalen Bevölkerung und bei ehrenamtlich tätigen Naturschützern hinreichendes Interesse an einer langfristigen Absicherung eines GenEG besteht.

Der Begriff „Ausweisung“ umschreibt die formale Einrichtung eines GenEG. Dazu muss die Zusammenarbeit zwischen den Interessensgruppen schriftlich geregelt sein. Ein GenEG für Wildsellerie gilt als ausgewiesen, wenn (1) der Eigentümer und ggf. Bewirtschafter von mindestens einer Fläche (Flurstück) innerhalb des GenEG eine Einverständniserklärung unterzeichnen, die das Betreten der Flächen für das Management von GenEG und die Sammlung, Einlagerung und Abgabe von Saatgut ermöglicht, und (2) ein lokaler Akteur, i. d. R. die Untere Naturschutzbehörde, erklärt, dass sie das Management von GenEG im Rahmen der Möglichkeiten unterstützt (siehe dazu auch THORMANN, dieser Tagungsband).

Mit der Einrichtung einer Fachstelle, wie z. B. der Fachstelle Wildsellerie am Julius Kühn-Institut (siehe BÖNISCH et al., dieser Tagungsband), übernimmt eine Institution die Koordination des Netzwerks von GenEG. Die Fachstelle verknüpft Institutionen und lokale Akteure zur Erhaltung und Erweiterung des Netzwerks und bindet das spezifische Netzwerk in das übergeordnete „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“ ein (Abb. 9; siehe THORMANN, dieser Tagungsband). Darüber hinaus sammelt sie Informationen zu Vorkommen, berät bei deren Erhaltung und koordiniert die Sammlung von Saatgut, das zur Ex-situ-Erhaltung in eine Genbank eingelagert wird bzw. der Züchtungsforschung zur Verfügung gestellt werden soll.

GenEG stellen keine rechtliche Schutzgebietskategorie dar. Sie basieren auf einer freiwilligen Zusammenarbeit zwischen einer zentralen Wissenschaftseinrichtung (der Fachstelle) und den lokalen Akteuren (z. B. Flächeneigentümern, Naturschutzbehörden und -vereinen). Falls eine Nutzungsanpassung oder entsprechende Pflegemaßnahme für die Erhaltung des Vorkommens

erforderlich sein sollte, klärt die Fachstelle gemeinsam mit den lokalen Akteuren, ob eine Umsetzung möglich ist. Ein Zwang besteht in keinem Fall.

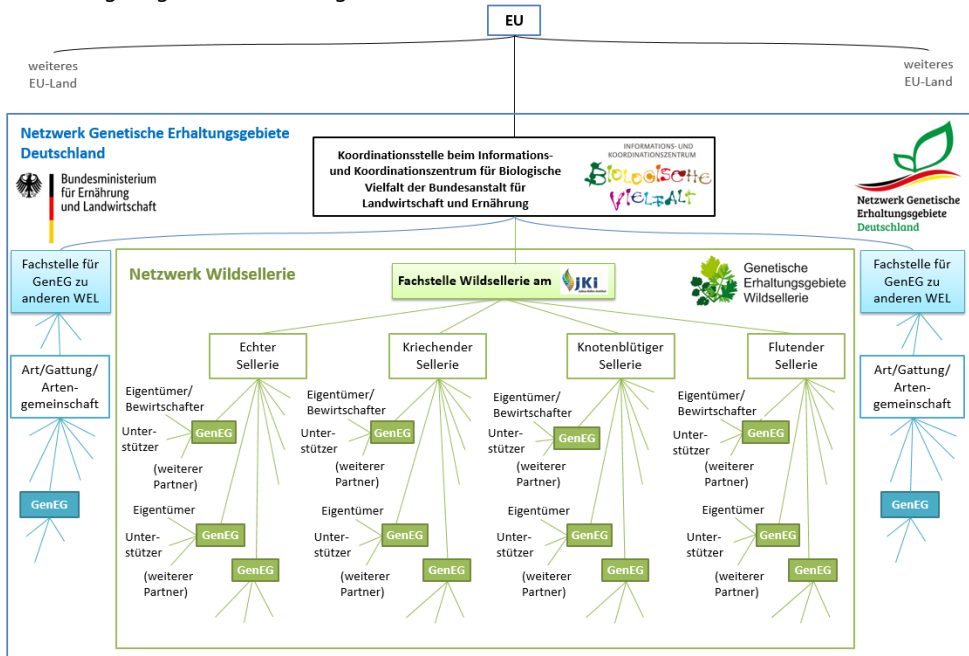


Abb. 9: Dargestellt ist der Aufbau des Netzwerk Wildsellerie und dessen Einbindung in nationale und internationale Strukturen. Der Zusammenschluss aus jeweils 10 bis 12 genetischen Erhaltungsgebieten (GenEG) bildet ein artspezifisches Netzwerk. Das Netzwerk Wildsellerie setzt sich aus allen vier artspezifischen organisatorischen Einheiten zusammen. Die Fachstelle Wildsellerie wurde mit Wirkung vom 8. Mai 2019 am Julius Kühn-Institut (JKI) eingerichtet. Weitere Netzwerke zu Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (WEL) sollen in Deutschland entstehen und werden vom Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV) der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) koordiniert.

Fig. 9 The structure of the Wild Celery Network and its integration into national and international structures is shown. The union of 10–12 genetic reserves (GenEG) forms a species-specific network. The Celery Network consists of all four species-specific organisational units. The coordination unit of the Wild Celery Network was established at the Julius Kühn Institute (JKI) with effect from May 8th 2019. Further networks on crop wild relatives are to be established in Germany and are coordinated by the Information and Coordination Centre for Biological Diversity (IBV) of the Federal Office for Agriculture and Food (BLE).

Handlungsbedarf

Es besteht ein Wissens- und Erfahrungsdefizit hinsichtlich der Frage, wie die vorhandenen Institutionen und Programme im Naturschutz und in der Landwirtschaft, die vorhandenen Ressourcen und die bestehenden Förderinstrumente für den Aufbau und den Betrieb des Netzwerk GenEG Deutschland verwendet und angepasst werden können.

Danksagung

Nadine BERNHARDT (JKI) sei für die redaktionelle Unterstützung bei der Fertigstellung des Manuskripts sowie Hinweisen und Ergänzungen vielmals gedankt. Matthias ZANDER (HU Berlin), Nikolai FRIESEN und Tobias HERDEN (beide Universität Osnabrück) danken wir für die hilfreichen Kommentare im Rahmen des GE-Sell-Projektes, die in die Überlegungen zum Leitfaden eingeflossen sind. Die Erstellung des Leitfadens ist Bestandteil des GE-Sell-Projektes und wurde gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft aufgrund eines Beschlusses des

Deutschen Bundestages über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), Förderkennzeichen 2814BM110 bis 112.

Literatur

- ANNIKSTER, Y., I. NOY-MEIR, 1991: The wild-wheat field laboratory at Ammiad. *Israel Journal of Botany* **40**, 351–362.
- BATISSE, M., 1986: Developing and focusing the biosphere reserve concept. *Nature and Resources* **22**, 1–10.
- BfN – BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ, 2019: FloraWeb – Daten und Informationen zu Wildpflanzen und zur Vegetation. <https://www.floraweb.de/index.html> (aufgerufen am 02.04.2019).
- BROWN A. H. D., D. R. MARSHALL, 1995: A basic sampling strategy: theory and practice. In: GUARINO, V., V. RAMANATHAN RAO, R. REID (Hrsg.) *Collecting Plant Genetic Diversity. Technical Guidelines*. CAB International, Wallingford, UK, 75–91.
- CHEN, J. J., 2010: The Hardy-Weinberg principle and its applications in modern population genetics. *Frontiers in Biology* **5**, 348–353.
- EXCOFFIER L., G. HECKEL, 2006: Computer programs for population genetics data analysis: a survival guide. *Nature Reviews Genetics* **7**, 745–758.
- FEIGE, I., 2003: Management für Akzeptanz – Welche Instrumente werden für kooperative Naturschutzprojekte gebraucht? *Berichte der ANL* **27**, 75–85.
- FINK, H. G., R. MAY, 1999: Datengrundlagen des Bundesamtes für Naturschutz für das Bundesinformationssystem Genetische Ressourcen. *Schriften zu Genetischen Ressourcen* **12**, 80–93.
- FISCHER-HÜFTLE, P., 2019: Aktualisierter Leitfaden der Europäischen Kommission zum Natura 2000-Gebietsmanagement. *ANLien Natur* **41**(1), 177–182.
- FRANKLIN, I. R., 1980: Evolutionary change in small populations. In: SOULÉ, M. E., B. M. WILCOX (Hrsg.) *Conservation Biology: An Evolutionary-Ecological Perspective*. Sinauer, Sunderland, UK, 135–149.
- FREI, M., D. CSENCICS, S. BRODBECK, F. GUGERLI, J. BOLLIGER, 2014: Landscape-genetic analysis of natterjack toad (*Epidalea calanita*) populations in the Suhre valley (Switzerland). Master thesis. Swiss Federal Institute of Technology (ETH) Zurich, Department of Environmental Systems Science (D-USYS), Zürich. 26 S.
- FRESE, L., M. BÖNISCH, M. NACHTIGALL, U. SCHIRMAK, 2018a: Patterns of genetic diversity and implications for *in situ* conservation of wild celery (*Apium graveolens* L. ssp. *graveolens*). *Agriculture* **8**:129.
- FRESE, L., M. BÖNISCH, T. HERDEN, M. ZANDER, N. FRIESEN, 2018b: In-situ-Erhaltung von Wildselleriearten. Ein Beispiel für genetische Ressourcen von Wildlebenden Verwandten von Kulturarten (WVK-Arten). *Naturschutz und Landschaftsplanung* **50**, 155–163.
- FRESE, L., M. BÖNISCH, R. VÖGEL, 2017: Entwicklung einer Strategie für die In-situ-Erhaltung wildlebender Verwandter von Kulturpflanzen (WVK). *Journal für Kulturpflanzen* **69**, 339–350.
- GILLET, E. M., 2013: DifferInt: Compositional differentiation among populations at three levels of genetic integration. *Molecular Ecology Resources* **13**, 953–964.
- GILLET, E. M., H.-R. GREGORIUS, 2008: Measuring differentiation among populations at different levels of genetic integration. *BMC Genetics* **9**:60.
- GREGORIUS H.-R., B. HARLIZIUS, J. ENGELS, 2005: Zusammenfassende Diskussion und Schlussfolgerungen des Beirats für Biodiversität und genetische Ressourcen beim BMVEL. In: BEGEMANN, F., S. SCHRÖDER, S. WEIGEND, ZENTRALSTELLE FÜR AGRARDOKUMENTATION UND -INFORMATION, INFORMATIONSZENTRUM FÜR BIOLOGISCHE VIelfALT (IBV) (Hrsg.): *Analyse und Bewertung der genetischen Vielfalt in der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft zur Ableitung von Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen*, XI–XVII.
- GREGORIUS, H.-R., E. M. GILLET, M. ZIEHE, 2003: Measuring differences of trait distributions between populations. *Biometrical Journal* **45**, 959–973.
- HAWKES, J. G., N. MAXTED, D. ZOHARY, 1997: Reserve design. In: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, J. G. HAWKES (Hrsg.) *Plant Genetic Conservation: The In Situ Approach*. Kluwer Academic Publishers, London, UK, 132–143.
- HOBAN, S., G. VOLK, K. J. ROUTSON, C. WALTERS, C. RICHARDS, 2018: Sampling Wild Species to Conserve Genetic Diversity, In: GREENE, S.L., K. A. WILLIAMS, C. K. KHOURY, M. B. KANTAR, L. F. MAREK (Hrsg.) *North American Crop Wild Relatives, Volume 1*. Springer International Publishing, Cham, Schweiz, 209–228.
- HODEL, R. G. J., M. C. SEGOVIA-SALCEDO, J. B. LANDIS, A. A. CROWL, M. SUN, X. LIU, M. A. GITZENDANNER, N. A. DOUGLAS, C. C. GERMAIN-AUBREY, S. CHEN, D. E. SOLTIS, P. S. SOLTIS, 2016: The report of my death was an exaggeration: A review for researchers using microsatellites in the 21st century. *Applications in Plant Sciences* **4**(6):1600025.
- HOLSINGER, K. E., B. S. WEIR, 2009: Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting F_{ST} . *Nature Reviews Genetics* **10**, 639–650.
- IRIONDO, J. M., N. MAXTED, M. E. DULLOO (Hrsg.), 2008: *Conserving Plant Genetic Diversity in Protected Areas*. CAB International, Wallingford, UK. 212 S.
- IRIONDO, J. M., N. MAXTED, S. KELL, B. V. FORD-LLOYD, C. LARA-ROMERO, J. LABOKAS, J. MAGOS BREHM, 2012: Quality standards for genetic reserve conservation of crop wild relatives. In: MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO, M. A. A. PINHEIRO DE CARVALHO (Hrsg.) *Agrobiodiversity Conserving: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CAB International, Wallingford, UK, 72–77.
- JAIN, S. K., 1975: Genetic reserves. In: FRANKEL, O. H., J. G. HAWKES (Hrsg.) *Crop Genetic Resources for Today and Tomorrow*. International Biological Programme 2. Cambridge University Press, 379–396.
- JEDICKE, E., 1998: Raum-Zeit-Dynamik in Ökosystemen und Landschaften. In: *Naturschutz und Landschaftsplanung* **8**:233.

- JOMBART, T., 2008: adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* **24**, 1403–1405.
- JOMBART, T., S. DEVILLARD, F. BALLOUX, 2010: Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics* **11**:94.
- KAPLAN, D., 2008: A designated nature reserve for *in situ* conservation of wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides* (Körn.) Aaronsohn) in northern Israel. In: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, S. P. KELL, J. M. IRIONDO, M. E. DULLOO, J. TUROK (Hrsg.) *Crop Wild Relative Conservation and Use*. CAB International, Wallingford, UK, 389–393.
- KELL, S., N. MAXTED, L. FRESE, J. M. IRIONDO, 2012: *in situ* conservation of crop wild relatives: a strategy for identifying priority genetic reserves sites. In: MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO, M. A. PINHEIRO DE CARVALHO (Hrsg.) *Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CAB International, Wallingford, UK, 7–19.
- LOUIS, H.W., 2010: Das neue Bundesnaturschutzgesetz. *Natur und Recht* **32**, 77–89.
- MANEL, S., M.K. SCHWARTZ, G. LUIKART, P. TABERLET, 2003: Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology and Evolution* **18**, 189–197.
- MARSHALL, D. R., A. H. D. BROWN, 1975: Optimal sampling strategy in genetic conservation. In: FRANKEL, O. H., J. G. HAWKES (Hrsg.) *Crop Genetic Resources for Today and Tomorrow*. Cambridge University Press, Cambridge, UK, 53–80.
- MAXTED, N., A. AVAGYAN, L. FRESE, J. M. IRIONDO, J. MAGOS BREHM, A. SINGER, S. P. KELL, 2015: ECPGR concept for *in situ* conservation of crop wild relatives in Europe. Wild species in genetic reserves working group. European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources, Rom, Italien, 20 S.
- MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, J. G. HAWKES, 1997a: Chapter 2. Complementary conservation strategies. In: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, J. G. HAWKES (Hrsg.) *Plant genetic conservation: the in situ approach*. Kluwer Academic Publishers, London, UK, 15–39.
- MAXTED, N., J. G. HAWKES, B. V. FORD-LLOYD, J. T. WILLIAMS, 1997b: Chapter 22. A practical model for *in situ* genetic conservation. In: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, J. G. HAWKES (Hrsg.) *Plant genetic conservation: the in situ approach*. Kluwer Academic Publishers, London, UK, 339–364.
- MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO, M. A. PINHEIRO DE CARVALHO (Hrsg.), 2012: *Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CAB International, Wallingford, UK, 365 S.
- METZING, D., E. GARVE, G. MATZKE-HAJEK, J. ADLER, W. BLEEKER, T. BREUNIG, S. CASPARI, F. G. DUNKEL, R. FRITSCH, G. GOTTSCHLICH, T. GREGOR, R. HAND, M. HAUCK, H. KORSCH, L. MEIEROTT, N. MEYER, C. RENKER, K. ROMAHN, D. SCHULZ, T. TAUBER, I. UHLEMANN, E. WELK, K. VAN DE WEYER, A. WÖRZ, W. ZAHLHEIMER, A. ZEHR, F. ZIMMERMANN, 2018: Rote Liste und Gesamtartenliste der Farn- und Blütenpflanzen (Tracheophyta) Deutschlands. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* **70 (7)**, 13–358.
- MEYNE, E., J. SCHMITHÜSEN, J. GELLERT, E. NEEF, H. MÜLLER-MINY, H. J. SCHULTZE (Hrsg.), 1962: *Handbuch der naturräumlichen Gliederung Deutschlands*. Verl. der Bundesanstalt für Landeskunde Remagen 1962. 120 S.
- PARRA-QUIJANO, M., J. M. IRIONDO, E. TORRES, 2011: Ecogeographical land characterization maps as a tool for assessing plant adaptation and their implications in agrobiodiversity studies. *Genetic Resources and Crop Evolution* **59**, 205–217.
- PARRA-QUIJANO, M., J. M. IRIONDO, L. FRESE, E. TORRES, 2012: Spatial and ecogeographic approaches for selecting genetic reserves in Europe. In: MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO, M. A. PINHEIRO DE CARVALHO (Hrsg.) *Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CAB International, Wallingford, UK, 20–28.
- PRITCHARD, J. K., M. STEPHENS, P. DONNELLY, 2000: Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **155**, 945–959.
- QUIROS, C. F., 1993: *Celery – Apium graveolens* L.. In: KALLOO, G., B. O. BERGH (Hrsg.) *Genetic Improvement of Vegetable Crops*. Pergamon Press, Oxford, UK, 523–534.
- RONSE, A. C., Z. A. POPPER, J. C. PRESTON, M. F. WATSON, 2010: Taxonomic revision of European *Apium* L. s. l.: *Helosciadium* W.D.J.Koch restored. *Plant Systematics and Evolution* **287**, 1–17.
- SPOONER D., R. VAN TREUREN, M. C. DE VINCENTE, 2005: Molecular markers for genebank management. IPGRI Technical Bulletin No. 10. International Plant Genetic Resources Institute, Rom, Italien.
- VON TAKACH DUKAI, B., C. JACK, J. BOREVITZ, D. B. LINDENMAYER, S. C. BANKS, 2019: Pervasive admixture between eucalypt species has consequences for conservation and assisted migration. *Evolutionary Applications* **12**, 845–860.
- WRIGHT, S., 1978: *Evolution and the Genetics of Populations*, Vol. 4: Variability Within and Among Natural Populations. The University of Chicago Press, Chicago, Illinois, USA.
- WRIGHT, S., 1931: Evolution in Mendelian populations. *Genetics* **16**, 97–159.