

4 6 6

Julius-Kühn-Archiv

Maria Bönisch, Nadine Bernhardt

Tagungsband einer Fachveranstaltung
Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen
für Ernährung und Landwirtschaft –
ein neues Modul zur Stärkung des Artenschutzes
04.-05. Juni 2019, Quedlinburg

Conference Proceedings
Genetic reserves for crop wild relatives –
a new module to strengthen species conservation
June 04 – 05, 2019, Quedlinburg, Germany



4 6 6

Julius-Kühn-Archiv

Maria Bönisch, Nadine Bernhardt

Tagungsband einer Fachveranstaltung
Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen
für Ernährung und Landwirtschaft –
ein neues Modul zur Stärkung des Artenschutzes
04.-05. Juni 2019, Quedlinburg

Conference Proceedings
Genetic reserves for crop wild relatives –
a new module to strengthen species conservation
June 04 – 05, 2019, Quedlinburg, Germany



Herausgeber/Editoren

Maria Bönisch
maria.boenisch@julius-kuehn.de

Nadine Bernhardt
nadine.bernhardt@julius-kuehn.de

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

Veranstalter

- Julius Kühn-Institut (JKI) - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen
- Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE)
- Bundesamt für Naturschutz (BfN)
- Universität Osnabrück
- Humboldt Universität zu Berlin
- Kompetenzzentrum Kulturlandschaft, Hochschule Geisenheim
- Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL)

Förderung und Unterstützung

Die Veranstaltung wurde gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), Förderkennzeichen 2814BM110-112, und unterstützt von der Gemeinschaft der Förderer und Freunde des Julius Kühn-Instituts e. V. (GFF).

Foto Titel

Wildselleriearten Deutschlands (von links oben nach rechts unten): *Apium graveolens* subsp. *graveolens* (Maria Bönisch, Julius Kühn-Institut), *Helosciadium inundatum* (Ulrich Meyer-Spethmann, BG-Ecoplan), *H. nodiflorum* (Inga Mewis, Humboldt-Universität zu Berlin), *H. repens* (Tobias Herden, Universität Osnabrück)

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation. In der Deutschen Nationalbibliografie: detaillierte bibliografische. Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

ISSN 1868-9892
ISBN 978-3-95547-096-8
DOI 10.5073/jka.2020.466.000



Alle Beiträge im Julius-Kühn-Archiv sind unter einer Creative Commons - Namensnennung - Weitergabe unter gleichen Bedingungen - 4.0 Lizenz veröffentlicht.

Inhaltsverzeichnis

Vorwort der Herausgeber	5
<i>Nadine Bernhardt, Maria Bönisch</i>	

Preface of the editor	6
<i>Nadine Bernhardt, Maria Bönisch</i>	

Grußworte

Grußwort des Julius Kühn-Instituts (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen	7
Welcome address by Julius Kühn Institute (JKI) – Federal Research Centre for Cultivated Plants	
<i>Prof. Dr. Frank Ordon</i>	

Grußwort des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL)	9
Welcome address by the Federal Ministry of Food and Agriculture (BMEL)	
<i>Dr. Eva Ursula Müller</i>	

Grußwort des Ministeriums für Umwelt, Landwirtschaft und Energie (MULE), Sachsen-Anhalt	11
Welcome address by the Ministry of Environment, Agriculture and Energy, Saxony-Anhalt	
<i>Dr. Ralf-Peter Weber</i>	

Vorträge

In-situ-Erhaltung verwandter Wildarten unserer Kulturpflanzen im nationalen und internationalen Kontext	13
CWR <i>in situ</i> conservation in the national and international context	
<i>Imke Thormann</i>	

Entwicklung eines bundesweiten Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete für Wildsellerie (GE-Sell)	24
Development of a network of genetic reserves for wild celery in Germany (GE-Sell)	
<i>Maria Bönisch, Tobias Herden, Matthias Zander, Marion Nachtigall, Nikolai Friesen, Nadine Bernhardt, Lothar Frese</i>	

Leitfaden zur Auswahl und Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete **36**
Guideline for selecting and establishing genetic reserves

Lothar Frese, Maria Bönisch

Historisch altes Grünland – Bedeutung und Bewirtschaftung aus Naturschutzsicht **55**

Historically old grassland – importance and management from a nature conservation point of view

Burkhard Schall

Netzwerk Wildobst: Möglichkeiten und Grenzen der In-situ-Erhaltung von verwandten Wildarten am Beispiel von Wildobstarten in Wald und Forstwirtschaft **57**

Network Wild Fruit Species: Opportunities and limitations of in situ conservation of related wild species at the example of wild fruit species in forests and forestry

Heino Wolf und Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“

Schützen nützt – Netzwerk Europäische Wildrebe **68**
Useful protection – European wild vine network

Peter Nick

Die WEL-Genbank **69**
WEL Gene Bank: The National Gene Bank for German Crop Wild Relative Species

Peter Borgmann, Silvia Oevermann, Nikolai Friesen, Sabine Zachgo

Gebietseigenes Saatgut, § 40 (4) BNatSchG, ein Schnittpunkt zwischen Landwirtschaft und Naturschutz **75**

Indigenous seeds, § 40 (4) BNatSchG, an interface between agriculture and nature conservation

Detlev Finke

Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft im botanischen Artenschutz **77**

Crop wild relatives in plant species conservation

Detlev Metzger

Integrationsmöglichkeiten des Konzepts genetischer Erhaltungsgebiete in die Instrumente und Methoden des Naturschutzes **86**

Options to integrate the concept of genetic reserves in means and method of nature conservation

Ralf Schlüter

Poster

- Genetische Erhaltungsgebiete für *Apium graveolens* L. subsp. *graveolens*** **89**
Genetic reserves for *Apium graveolens* L. subsp. *graveolens*
Marion Nachtigall, Maria Bönisch, Uta Schirmak, Lorenz Bülow, Lothar Frese
- Genetische Erhaltungsgebiete für *Helosciadium inundatum*** **91**
Genetic reserves for *Helosciadium inundatum*
Marion Nachtigall, Uta Schirmak, Maria Bönisch, Lorenz Bülow, Lothar Frese
- Das genetische Erhaltungsgebiet Wildsellerie NSG „Venne“ im Kreis Warendorf (Münsterland, Nordrhein-Westfalen)** **94**
The Genetic Conservation Area Wild Celery "Venne" in the District of Warendorf (Münsterland, North Rhine-Westphalia)
Thomas Hövelmann, Hendrik Lübben, Helena Vandenbroucke
- Genetische Erhaltungsgebiete für *Helosciadium repens* (JACQ.) W. D. J. KOCH** **96**
Genetic reserves for *Helosciadium repens* (JACQ.) W.D.J.KOCH
Tobias Herden, Maria Bönisch, Nikolai Friesen
- Genetische Diversität von *Helosciadium nodiflorum* (L.) W. D. J. KOCH Vorkommen in Deutschland** **98**
Genetic diversity of *Helosciadium nodiflorum* (L.) W. D. J. KOCH occurrences in Germany
Inga Mewis, Annette Naumann, Matthias Zander, Lothar Frese, Maria Bönisch, Christian Ulrichs
- Sedanina – Allergenfreier Röhrensellerie** **100**
Sedanina – Allergy-Free Hydroponic Celery
Winston Beck, Konradin Feierabend, Sören Krempler, Casey Walker, Christian Ulrichs, Dennis Dannehl, Inga Mewis
- Traditionelle Rebsorten: Wiederentdeckt und auf dem Weg zur On-Farm-Erhaltung** **102**
Traditional grape varieties: rediscovered and on the way to on-farm preservation
Erika Maul, Franco Röckel, Toni Schreiber, Reinhard Töpfer
- Naturverjüngung bei der Wildrebe (*Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*) – Nachweis von der Rheininsel bei Ketsch, Deutschland** **104**
Natural regeneration of wild grape (*Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*) – evidence from Ketsch island, Germany
Marion Werling, Gloria Ledesma-Krist, Erika Maul, Gregory Egger

In-situ-Erhaltung von Futterpflanzen	106
<i>In situ</i> conservation of fodder crops	
<i>Christina Kägi, Yvonne Lötscher, Markus Hardegger</i>	
Fazit der Tagung	107
<i>Nadine Bernhardt, Maria Bönisch</i>	
Résumé of the conference	108
<i>Nadine Bernhardt, Maria Bönisch</i>	
Tagungsprogramm	109
Autoren	110

Vorwort der Herausgeber

In Deutschland wachsen viele Wildpflanzenarten, die mit unseren Kulturpflanzen verwandt sind. In ihnen schlummern Gene, die für die züchterische Verbesserung unserer Nahrungspflanzen relevant werden könnten. Das ist ein Grund, warum wir diese Arten schützen sollten. Zudem ist der Erhalt der Artenvielfalt per se ein wichtiges gesellschaftliches Ziel.

Mit der Unterzeichnung des Internationalen Saatgutvertrages und des Übereinkommens über die Biologische Vielfalt hat sich Deutschland verpflichtet, Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (WEL) am Ort ihres Vorkommens (in situ) zu erhalten. Das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) hat dies im Nationalen Fachprogramm für pflanzengenetische Ressourcen als Handlungsbedarf aufgenommen und arbeitet derzeit daran, ein Netzwerk aus genetischen Erhaltungsgebieten (GenEG) zu etablieren – d. h., ein Netzwerk aus abgegrenzten natürlichen Vorkommen von WEL aufzubauen, welche in ihrer Gesamtheit die innerartliche Vielfalt einer Art repräsentieren. Das Netzwerk verfolgt das Ziel diese Vorkommen mittels Monitoring und Management dauerhaft zu bewahren und dabei Evolutionsprozesse zuzulassen. Da die natürlichen Habitate, in denen die Wildpflanzenarten vorkommen, sich oft in ausgewiesenen Naturschutzgebieten oder auf Privatbesitz befinden, ist es für das Gelingen des Unterfangens essenziell, die Akteure vor Ort mit einzubeziehen, sie für die Einzigartigkeit des Vorkommens zu sensibilisieren und als Partner zu gewinnen. Deshalb ist es notwendig, dass Naturschutz und Landwirtschaft beim Erhalt dieser genetischen Ressourcen zusammenarbeiten.

Am 4. und 5. Juni 2019 veranstalteten das BMEL, die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), das Julius Kühn-Institut (JKI), das Bundesamt für Naturschutz (BfN) sowie weitere Partner die Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul zur Stärkung des Artenschutzes“ am JKI in Quedlinburg.

Auf der Tagung wurden die Resultate des Pilotprojektes „GE-Sell“ zur Einrichtung von GenEG für Wildselleriearten sowie Ergebnisse und Erfahrungen aus vergleichbaren Projekten zur Wildrebe, zum Wildobst und zu Arten des Grünlandes vorgestellt und mit Teilnehmern aus wissenschaftlichen Einrichtungen, aus dem behördlichen Naturschutz und einem interessierten Publikum diskutiert. Die Tagung stellte gleichzeitig den Startschuss für das erste Netzwerk von GenEG, das Netzwerk Wildsellerie, dar. Es wird seit Mai 2019 durch die am Julius Kühn-Institut eingerichtete Fachstelle Wildsellerie dauerhaft koordiniert und ist das erste Netzwerk seiner Art in Europa. Der Wildsellerie ist somit Vorreiter für weitere WEL, deren genetische Ressourcen es zu erhalten gilt.

Quedlinburg im Juni 2019

Nadine BERNHARDT, Maria BÖNISCH

Preface of the editor

Many wild plant species related to our crops occur in Germany. They contain genes that could become relevant for the improvement of our crops via breeding. This is a reason why we should protect these species. Also, the preservation of biodiversity *per se* is an important social goal.

By signing the International Seed Treaty and the Convention on Biological Diversity, Germany has committed itself to preserve wild plants for food and agriculture *in situ*. The Federal Ministry of Food and Agriculture (BMEL) has included this as a need for action in the National Programme for Plant Genetic Resources and is currently aiming at establishing a network of genetic reserves (i.e. a network of distinct natural occurrences of crop wild relatives which, taken as a whole, represents the intra-specific diversity and pursue the goal of permanently preserving them by monitoring and management while allowing evolutionary processes to act). Since the natural habitats in which the wild plant species occur are often located in designated nature reserves or on private property, it is essential for the success to involve the local stakeholders, to make them aware of the uniqueness of the occurrence, and to win them as partners. Therefore, it is also necessary for nature conservation and agriculture to work together to conserve these genetic resources.

On June 4 and 5, 2019, the BMEL, the Federal Office for Agriculture and Food (BLE), the Julius Kühn Institute (JKI), the Federal Agency for Nature Conservation (BfN), and other partners organized the conference "Genetic reserves for crop wild relatives – a new module to strengthen species conservation" at the JKI in Quedlinburg.

At the conference, the results of the pilot project "GE-Sell" for the establishment of genetic reserves for wild celery species were presented as well as results and experiences from comparable projects on wild grapevine, wild apple, pear and cherry, and grassland species. Discussions were held with participants from scientific institutions, nature conservation authorities and an interested audience. The conference also marked the start of the first genetic reserves network, the Wild Celery Network. Since May 2019, this network is permanently run by the coordination unit of the Wild Celery Network established at the Julius Kühn Institute and it is the first of its kind in Europe. Wild celery is thus a pioneer for other of wild plants for food and agriculture whose genetic resources must be preserved.

Quedlinburg, June 2019

Nadine BERNHARDT, Maria BÖNISCH

Grußworte

Grußwort des Julius Kühn-Instituts (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Welcome address by Julius Kühn Institute (JKI) – Federal Research Centre for Cultivated Plants

Prof. Dr. Frank Ordon

Präsident

Sehr geehrte Damen und Herren,

ich freue mich sehr, Sie heute hier im Julius Kühn-Institut in Quedlinburg zur Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul zur Stärkung des Artenschutzes“ begrüßen zu dürfen. Es handelt sich bei dieser Fachtagung gleichzeitig um die Abschlussveranstaltung des Projekts „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildselleriearten (*Apium* und *Helosciadium*) als Bestandteil des Netzwerkes genetischer Erhaltungsgebiete in Deutschland (GE-Sell)“.

Pflanzengenetischen Ressourcen und deren Nutzbarmachung kommt eine Schlüsselrolle bei der Bewältigung zukünftiger Herausforderungen zu, d. h. der Anpassung der Pflanzenproduktion an veränderte Produktionsbedingungen vor dem Hintergrund des Klimawandels. Deshalb sind pflanzengenetische Ressourcen auch ein wichtiges Kernthema des Julius Kühn-Instituts.

Ziel aller Arbeiten des JKI ist es, unter Berücksichtigung neuester Erkenntnisse und der gezielten Nutzung zukunftsweisender Technologien und Innovationen die Resilienz pflanzenbaulicher Produktionsverfahren zu stärken, die negativen Auswirkungen landwirtschaftlicher Produktion auf Biodiversität, Umwelt und Gesundheit zu minimieren und das BMEL kompetent und vorausschauend auf dem Weg zur Landwirtschaft der Zukunft zu beraten.

Der Nutzen von Wildpflanzenarten für den Menschen darf nicht auf den züchterisch relevanten Anteil reduziert werden. Als Teil komplexer ökosystemarer Wirkungsketten sind Wildpflanzenarten vor allem für die Funktion von Ökosystemen unverzichtbar. Gleichzeitig ermöglichen funktionsfähige Ökosysteme die Reproduktion und evolutive Anpassung von Arten. Diesen Umstand beschreibt der Wissenschaftliche Beirat der Bundesregierung für Globale Umweltveränderungen (WBGU, 2000¹) als Informationsleistung von Ökosystemen. Funktionsfähige Ökosysteme sind Voraussetzung für die Erhaltung und Weiterentwicklung von Arten, mit deren Hilfe der Mensch die Grundlagen seiner Existenz in Form von Kultur- und Nutzpflanzen entwickelt.

Die Informationsleistung von Ökosystemen ist damit von besonderem Interesse für die Pflanzenzüchtung. Bei Bedarf nutzen Züchter diese Arten als genetische Ressource. Die Biodiversitätsforschung schreibt genetischen Ressourcen deshalb einen Optionswert zu. Der Optionswert ist ein wirtschaftlicher Vorteil, der mit der Offenhaltung einer Nutzungsmöglichkeit angesichts einer ungewissen Zukunft verbunden ist. Ob Nutzen realisiert werden wird, ist zumindest teilweise unbekannt. Klugheitsgründe sprechen dafür, sich solche zukünftigen Nutzungsmöglichkeiten offen zu halten.

Diese Gründe gelten auch für die Erhaltung von Wildarten, die mit unseren Kulturpflanzen verwandt sind. Mit jedem Verlust einer züchterisch nutzbaren Wildart gehen der Pflanzenzüchtung genetische Informationen verloren!

¹ WBGU – WISSENSCHAFTLICHER BEIRAT DER BUNDESREGIERUNG GLOBALE UMWELTVERÄNDERUNGEN (Hrsg.), 2000: Welt im Wandel: Erhaltung und nachhaltige Nutzung der Biosphäre – Jahresgutachten 1999. Springer-Verlag, Berlin/Heidelberg. 482 S.

Gestatten Sie mir bitte den Hinweis, dass Quedlinburg als die Wiege der deutschen Pflanzenzüchtung gilt. Hier in Quedlinburg wurden bereits vor über 1.000 Jahren in den ausgedehnten Gärten des Domstiftes Blumen und Gemüse im größeren Umfang angebaut. Dazu gehörte auch die entsprechende Saatgutproduktion. Die gezielte Pflanzenzüchtung nahm hier ihren Anfang. In den darauffolgenden Jahrhunderten haben Generationen von Gärtnern und Züchtern hier in Quedlinburg zur züchterischen Verbesserung von Kulturpflanzenarten beigetragen.

Pflanzenzüchter wissen, welche Eigenschaften Wildpflanzenarten zur Entwicklung produktiver Sorten in den vergangenen Jahrzehnten beigetragen haben. Sie wissen den Wert dieser Wildarten daher zu schätzen und haben großes Interesse an der Erhaltung züchterisch relevanter Wildarten. Uns allen bereitet die fortschreitende genetische Erosion und der unverminderte weltweite Verlust von Wildpflanzenarten Sorge. Eine Sicherung genetischer Ressourcen in Genbanken ist zwingend erforderlich.

Mit dem Verfahren des genetischen Erhaltungsgebiets sollen In-situ- und Ex-situ-Erhaltungsmaßnahmen aufeinander abgestimmt und kombiniert werden. Wie diese Forderung in der Praxis umzusetzen ist, diskutieren Sie während dieser Fachtagung. Ich wünsche Ihnen dafür viel Erfolg.

Doch bevor ich nun zum Ende komme, möchte ich nicht versäumen, den Referentinnen und Referenten des heutigen und morgigen Tages für ihre Beiträge sehr herzlich zu danken. Und ich möchte auch allen Organisatoren – insbesondere Dr. Lothar FRESE – herzlich danken, die diese Veranstaltung vorbereitet haben und jetzt an der Durchführung mitwirken. Und ich danke allen, die diese Veranstaltung finanziell unterstützen: die Fachtagung wird sowohl aus Mitteln des GE-Sell-Projektes als auch mit Mitteln der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) und der Gemeinschaft der Freunde und Förderer des JKI finanziert. Dafür herzlichen Dank!

Ich wünsche Ihnen eine interessante Fachtagung und fruchtbare Diskussionen!

Grußwort des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL)

Welcome address by the Federal Ministry of Food and Agriculture (BMEL)

Dr. Eva Ursula Müller

Leiterin der Abteilung Wald, Nachhaltigkeit, Nachwachsende Rohstoffe

Sehr geehrte Damen und Herren,

ich freue mich, dass Sie so zahlreich unserer Einladung gefolgt sind und begrüße Sie herzlich im Namen des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft zur Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul zur Stärkung des Artenschutzes“!

Warum sind wir hier? Diese Fachtagung behandelt eine wichtige Fragestellung: Wie kann die Erhaltung von Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (WEL) in Deutschland nachhaltig organisiert und verbessert werden? Wie Sie wissen, hat sich Deutschland zur Erhaltung u. a. der WEL-Arten in internationalen Übereinkommen verpflichtet. Das Nationale Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen – sozusagen unser Arbeitsprogramm im Bereich der pflanzengenetischen Ressourcen – hat diesen Handlungsbedarf aufgegriffen.

Sie, Herr Prof Dr. ORDON, haben gerade schon die hohe Bedeutung für die Ökosysteme und die Pflanzenzüchtung dieser wichtigen pflanzengenetischen Ressourcen dargestellt. Der Erhalt der mit Kulturpflanzen verwandten Wildarten ist eine große Herausforderung und verantwortungsvolle Aufgabe! Um zu untersuchen, wie aktive In-situ-Erhaltung von WEL-Arten in die Praxis umgesetzt werden kann, hat das Bundeslandwirtschaftsministerium in den vergangenen Jahren Entscheidungshilfeporhaben sowie Modell- und Demonstrationsvorhaben zu Wildrebe, Grünland, Wildobst und Wildsellerie auf den Weg gebracht. Deren Ergebnisse werden heute im Laufe der Veranstaltung vorgestellt. Diesen Vorhaben ist gemeinsam, dass bedeutende Vorkommen der vorhin genannten Arten identifiziert werden und dass diese Vorkommen in Zukunft durch ein regelmäßiges Monitoring und angepasste Pflegemaßnahmen in situ erhalten werden sollen.

Genetische Erhaltungsgebiete sind ein zentrales Element des nationalen In-situ-Schutzes für WEL-Arten. Der Beratungs- und Koordinierungsausschusses für genetische Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen des BMEL hat sich ebenfalls für seine 3. Amtsperiode den In-situ-Schutz als wichtiges Aufgabengebiet in den Arbeitsplan geschrieben. Mit dem Modell- und Demonstrationsvorhaben „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildselleriearten als Bestandteil eines Netzwerkes genetischer Erhaltungsgebiete in Deutschland“, welches das BMEL mit ca. 960.000 € fördert, haben wir einen großen Schritt in die richtige Richtung gemacht. Im Rahmen dieses Projekts werden heute Abend offiziell fünf genetische Erhaltungsgebiete – die ersten in Deutschland – und das Netzwerk genetischer Erhaltungsgebiete für Wildsellerie – das erste Netzwerk in Europa – gegründet. Es bildet damit den Startpunkt für das geplante Europäische Netzwerk genetischer Erhaltungsgebiete. Damit sind Sie, liebe Kollegen vom Julius Kühn-Institut, vom Botanischen Garten der Universität Osnabrück und von der Humboldt-Universität zu Berlin Vorreiter in Deutschland und Europa! Eine tolle Leistung! Damit das Erreichte gesichert und kompetent weitergeführt wird, hat BMEL dem Julius Kühn-Institut jüngst entsprechende Aufgaben offiziell übertragen.

Ich möchte aber auch die Kolleginnen und Kollegen des Informations- und Koordinierungszentrum für Biologische Vielfalt bei der BLE in das Lob einbeziehen. Sie haben als Koordinierungsstelle für das Deutsche Netzwerk genetischer Erhaltungsgebiete viel Fleiß und Mühe in den Aufbau des Netzwerkes gesteckt. Vielen Dank dafür! Den Urkundenempfängerinnen und -empfängern und allen Beteiligten gratuliere ich vorab ganz herzlich!

Aber es gibt noch eine weitere Besonderheit in diesem Projekt, die ich hervorheben möchte! Es ist die enge Zusammenarbeit zwischen der landwirtschaftlichen Forschung und dem Naturschutz. Viele der Wildsellerie-Populationen, wie auch alle anderen WEL-Populationen, kommen in Gebieten

vor, die als naturschutzfachliche Schutzgebiete ausgewiesen sind. Somit gibt es ein gemeinsames Interesse der Landwirtschaft und des Naturschutzes, diese Arten zu erhalten. Das Wildsellerie-Projekt zeigt einmal mehr, dass nur eine Kooperation beider Seiten zum Erfolg führen kann! Das BMEL ist bestrebt, diese Zusammenarbeit weiter auszubauen. Und dazu soll auch diese Veranstaltung ihren Beitrag leisten!

Heute und morgen erhalten Sie interessante Informationen über den Stand der Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete. In verschiedenen Beiträgen wird beleuchtet, wie die Ziele und Bedarfe von Landwirtschaft und Naturschutz durch die Schaffung genetischer Erhaltungsgebiete sinnvoll erfüllt werden können und wie eine ressortübergreifende Zusammenarbeit weiterentwickelt werden kann. Herr Prof. Dr. ORDON, Sie haben eingangs die Bedeutung der Kombination von In-situ- und Ex-situ-Erhaltungsmaßnahmen genannt. Deutschland ist es gelungen, eine Genbank für WEL-Arten zu gründen. Dies trägt dazu bei, Material für die Nutzung in der Züchtung zugänglich zu machen. Auch hierzu werden Sie morgen mehr erfahren.

Liebe Gäste, wie Sie hören, erwartet Sie ein spannendes Programm! Ich wünsche Ihnen allen einen fruchtbaren Gedankenaustausch, lebhafte Diskussionen und viel Freude!

Grußwort des Ministeriums für Umwelt, Landwirtschaft und Energie (MULE), Sachsen-Anhalt

Welcome address by the Ministry of Environment, Agriculture and Energy, Saxony-Anhalt

Dr. Ralf-Peter Weber

Staatssekretär

Sehr geehrte Damen und Herren,

ich freue mich sehr, Sie zur Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul zur Stärkung des Artenschutzes“ in Quedlinburg begrüßen zu können und danke dem Julius Kühn-Institut (JKI) für die Ausrichtung dieser Tagung. Das JKI konnte im vergangenen Jahr nicht nur sein 10-jähriges Gründungsjubiläum feiern, sondern blickt auch auf 120 Jahre Kulturpflanzenforschung zurück. Die 1898 gegründete „Biologische Abteilung für Land- und Forstwirtschaft am Kaiserlichen Gesundheitsamt in Berlin-Dahlem“ ist als Keimzelle des heutigen JKI anzusehen. Einhundertzwanzig Jahre züchterischer Erfolg bei unseren Kulturpflanzen!

In den zurückliegenden Jahren mussten wir zunehmend begreifen, dass sich der Wert unserer Pflanzen nicht nur an deren wirtschaftlichen Nutzen bemisst. Viele Vorzüge unserer Pflanzenwelt sind bis heute unentdeckt, unerkannt, verkannt oder wurden wieder vergessen. Unser Blick auf die Vitalität der Wildpflanzen wandelt sich vom vielzitierten Gärtnertrauma „Unkraut vergeht nicht“ zur wiederentdeckten Weisheit von Charles DARWIN, wonach „Alles, was gegen die Natur ist, auf Dauer keinen Bestand haben wird!“

Die Ausweisung genetischer Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen ist für die Ernährung, als Rohstoff und nicht nur für die Landwirtschaft ein wichtiger Beitrag zur Stärkung des Artenschutzes. Das soll das Thema dieser zweitägigen Tagung sein. Durch die Ausweisung von Erhaltungsgebieten werden auch die in diesen Gebieten befindlichen Biotope mit den dort lebenden Arten und Artengemeinschaften geschützt und erhalten. Nicht zuletzt wird damit auch ein wichtiger Beitrag zum Erhalt der Biologischen Vielfalt erbracht. Wir wissen heute nur ansatzweise, welche Arten künftig für die Pflanzenproduktion wichtig sein werden. Daher ist der Erhalt unserer biologischen Vielfalt eine der größten Herausforderungen und gleichzeitig unsere inzwischen auch offen eingeklagte Verantwortung für die kommenden Generationen.

Der letzte Sommer und die extreme Dürre haben gezeigt, dass wir mit den derzeit angebauten Nutzpflanzen an unsere Grenzen stoßen. Genau an dieser Stelle können Wildpflanzen einen essentiellen Beitrag leisten. Die Nutzpflanzenzucht muss wieder von den Wildpflanzen lernen. Denn wenn bei Dürre Kulturpflanzen nicht mehr wachsen, wachsen Wildkräuter trotzdem!

Ein weiteres Potential sehe ich in der Nutzung als Heilpflanzen und als Basis für den Erhalt von Ökosystemen. Viele Arten sind einfach in Vergessenheit geraten. Dabei handelt es sich oft um Arten, die typische Vertreter unserer Wiesen und Magerrasen sind. Aber auch bei der Ernährung können Wildpflanzen eine große Unterstützung darstellen. Viele moderne Nutzsorten rufen Unverträglichkeiten hervor, die in der Vergangenheit unbekannt waren.

Bisher war der Erhalt der genetischen Vielfalt kein Instrument des Artenschutzes, sondern der Artenschutz ein Instrument des Schutzes der genetischen Vielfalt. Arten, die für den Erhalt der genetischen Vielfalt herangezogen werden, stehen teilweise schon unter Schutz. Viele dieser speziellen Arten erfahren ihren Schutz nicht im Einzelnen, sondern zumeist wird die Lebensgemeinschaft, in der die Arten vorkommen, geschützt. Durch diesen indirekten Schutz konnten sie bisher überleben und stehen nun zum Glück für den gezielten Erhalt der genetischen Vielfalt zur Verfügung. Das zuständige Referat des MULE unterstützt das Anliegen zum Aufbau eines Netzwerkes und hat auch die zuständigen Naturschutzbehörden gebeten, in Bezug auf Genehmigungen für Naturentnahmen unterstützend zu wirken.

Durch den Aufbau eines bundesweiten Netzwerkes genetischer Erhaltungsgebiete wird die Erhaltung der genetischen Vielfalt weiter spezialisiert: Der sehr „enge Zweck“ – nur auf Pflanzen für Ernährung und Landwirtschaft zu fokussieren – sollte jedoch um den „möglichst umfassenden Schutz der Natur ihrer selbst willen“ überdacht und erweitert werden. Der Ansatz ist sehr geeignet, das Gesamtanliegen des Wildpflanzenschutzes in die Diskussionen zu transportieren und sichtbar zu machen. Ein bundesweites Netzwerk genetischer Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft kann ein wesentliches Puzzlestück für den gesamten Wildpflanzenschutz, den Erhalt natürlicher Lebensräume und deren weiterer Entwicklung sein.

Ich bin überzeugt, dass die Freude an der Betrachtung von Wildpflanzen nur Bestand haben kann, wenn wir uns heute mit Freude und Engagement der Erforschung der komplexen Zusammenhänge im Artenschutz widmen. Das wünsche ich uns für diese Fachtagung und die daraus erwachsenen Erkenntnisse!

Vielen Dank!

Vorträge

In-situ-Erhaltung verwandter Wildarten unserer Kulturpflanzen im nationalen und internationalen Kontext

CWR in situ conservation in the national and international context

Imke Thormann

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Deichmanns Aue 29, 53179 Bonn

imke.thormann@ble.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.001

Zusammenfassung

Wildpflanzenarten, die mit unseren Kulturpflanzen verwandt sind, sind eine unverzichtbare genetische Ressource für die Pflanzenzüchtung. Zugleich sind sie wichtig für die Funktion von Ökosystemen und ökosystemaren Dienstleistungen. Als Teil der biologischen Vielfalt sind sie wie viele andere Arten zunehmend bedroht. Der Erhalt ihrer Vielfalt als genetische Ressource ist ein gemeinsamer Auftrag und ein gemeinsames Anliegen von Naturschutz und Landwirtschaft.

Die genetische Vielfalt der Wildpflanzen kann nur in begrenztem Umfang langfristig ex situ erhalten werden. Zudem ist eine evolutive Weiterentwicklung und genetische Anpassung an sich verändernde Umweltbedingungen nur möglich, wenn neue genetische Vielfalt im Verlauf der natürlichen Reproduktions- und Ausbreitungsprozesse entsteht. Deswegen ist es notwendig, verwandte Wildarten primär in situ, das heißt die natürlichen Lebensräume der Arten und lebensfähige Population zu erhalten, um so ihr Anpassungspotential zu bewahren. Komplementär dazu sollten Muster in Genbanken, die besonders für gefährdete Populationen ein Sicherheitsduplikat darstellen, erhalten werden. Diese Ressourcen werden so für Charakterisierung, Evaluierung und Nutzung in Forschung und Züchtung leichter zugänglich.

Die Notwendigkeit der Erhaltung der genetischen Diversität der Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (WEL) ist explizit in globalen Übereinkommen und Aktionsplänen wie der Konvention zur Biologischen Vielfalt, den nachhaltigen Entwicklungszielen der Vereinten Nationen, dem Internationalen Vertrag über Pflanzen-genetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (PGREL) und dem Globalen Aktionsplan für PGREL der Welternährungsorganisation festgeschrieben. Mitgliedsländer wie Deutschland verpflichten sich, Erhaltungsstrategien für Wild- und Kulturpflanzenarten, die die Vorzüge der Erhaltung in situ im natürlichen Lebensraum mit den Vorteilen der Konservierung ex situ in Genbanken verbinden, zu entwickeln. Das Fachprogramm für pflanzengenetische Ressourcen des BMEL sieht als Handlungsbedarf besonders die Etablierung von genetischen Erhaltungsgebieten (GenEG) vor, um die Erhaltungssituation von in Deutschland als besonders wichtig angesehenen Arten und Artengruppen zu verbessern.

Mit der Einrichtung des nationalen „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“ wird eine Rahmenstruktur geschaffen, in der sich bestehende und zukünftige WEL-Erhaltungsmaßnahmen eingliedern und koordiniert werden können. Das Netzwerk besteht aus Teilnetzwerken für prioritäre Wildarten, die von Fachstellen koordiniert werden. Teilnetzwerke bestehen aus GenEG für Populationen, die basierend auf wissenschaftlichen Kriterien ausgewählt werden. Das Gesamtnetzwerk wird vom Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung koordiniert.

Je nach Biologie der genetischen Ressourcen gestalten sich die Identifizierung von Populationen und die Ausweisung von GenEG unterschiedlich. Vorgehensweisen wurden in vier durch das BMEL geförderten Modell- und Demonstrationsvorhaben entwickelt. Diese betreffen die letzte überlebende Population der Wildrebe, Wildselleriearten, historische Grünlandflächen und Wildobstarten. Entsprechende Teilnetzwerke befinden sich in unterschiedlichen Phasen des Aufbaus. Der Aufbau, die Ausweisung und das langfristige Management von GenEG erfordert eine ressortübergreifende Zusammenarbeit zwischen Landwirtschaft und Naturschutz.

Stichwörter: In-situ-Erhaltung, Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft, WEL, genetische Diversität, genetische Ressource, genetische Erhaltungsgebiete, GenEG

Abstract

Wild plant species related to our crops (crop wild relatives, CWR) are an indispensable genetic resource for plant breeding. At the same time, they are important components for ecosystems and for ecosystem services. Like

many other species, they are increasingly threatened by climate and environmental changes and preserving their diversity as a genetic resource is a common mission and concern of nature conservation and agriculture.

The genetic diversity of wild plants can only be preserved to a limited extent in *ex situ* conditions. In addition, evolutionary development and genetic adaptation are only possible if new genetic diversity is created through natural reproductive and dispersal processes. It is therefore recommended to preserve CWR primarily *in situ*, i.e. to maintain the natural habitats of species and viable populations, in order to preserve their adaptation potential. *In situ* conservation should be complemented by conserving samples in gene banks, which represent safety duplicates especially for endangered populations. Through *ex situ* conservation these resources also become more easily accessible for characterization, evaluation and use in research and breeding.

The need to preserve CWR genetic diversity is explicitly stated in global conventions and action plans such as the Convention on Biological Diversity, the Sustainable Development Goals of the United Nations, the International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture, and the Food and Agriculture Organization's Global Plan of Action for Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Member countries, such as Germany, undertake to develop conservation strategies for wild and cultivated plant species that combine the advantages of conservation *in situ* in natural habitats with the advantages of conservation *ex situ* in gene banks. The German national programme for plant genetic resources envisages the establishment of genetic reserves, with an initial focus on improving the conservation of species and species groups that are regarded as particularly important in Germany.

The establishment of the "German Network of Genetic Reserves" provides for a framework in which existing and future CWR conservation measures are integrated and coordinated. The network consists of sub-networks for priority CWR species or species communities, which are coordinated by competent agencies. Sub-networks consist of genetic reserves for populations selected on the basis of scientific criteria. The German Network is coordinated by the Information and Coordination Centre for Biological Diversity of the Federal Office for Agriculture and Food.

Depending on the biology of the genetic resources, the identification of populations and the designation of genetic reserves vary. Procedures were developed in four model and demonstration projects funded by the Federal Ministry of Food and Agriculture. These regarded the last surviving populations of wild vines, wild celery species, historical grasslands in the Swabian Alb and Alpine foothills and wild fruit species, primarily in forestry. Corresponding sub-networks are in different phases of establishment. The establishment, designation and long-term management of genetic reserves require interdepartmental cooperation between agriculture and nature conservation.

Keywords: *in situ* conservation, crop wild relatives (CWR), WEL, genetic diversity, genetic resource, genetic reserve

Einleitung

Mehr als 2.800 der etwa 3.500 Arten der deutschen Flora sind verwandte Wildarten unserer Kulturpflanzen oder potenziell nutzbar für Ernährung und Landwirtschaft. Viele dieser Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (WEL) sind nicht nur Bestandteile unserer Ökosysteme, sondern liefern auch eine weitere ‚Ökosystemdienstleistung‘ als bedeutende Ressource für die Pflanzenzüchtung. Die natürlichen Bestände dieser Wildarten sind jedoch zunehmend durch den Klimawandel und andere Ursachen gefährdet. Die große Bedeutung dieser Arten ebenso wie der voranschreitende Verlust ihrer Vielfalt hat in Deutschland und weltweit zunehmend an Beachtung gewonnen.

Die Notwendigkeit der Erhaltung der genetischen Diversität der WEL ist explizit in globalen Übereinkommen und Aktionsplänen wie der Konvention zur Biologischen Vielfalt, den nachhaltigen Entwicklungszielen der Vereinten Nationen, dem Internationalen Vertrag über Pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (PGREL) und dem Globalen Aktionsplan für PGREL der Welternährungsorganisation festgeschrieben. Vertragsstaaten wie Deutschland verpflichten sich, Erhaltungsstrategien für Wild- und Kulturpflanzenarten, die die Vorzüge der Erhaltung *in situ* im natürlichen Lebensraum mit den Vorteilen der Konservierung *ex situ* in Genbanken verbinden, zu entwickeln. Zudem bedarf es einer verstärkten Förderung der Koordination zwischen Landwirtschafts- und Umweltinstitutionen, um die Erhaltung von WEL zu gewährleisten.

In Deutschland wird die In-situ-Erhaltung verwandter Wildarten unserer Kulturpflanzen primär durch den Aufbau des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“ umgesetzt. Die Struktur, Bestandteile und der aktuelle Stand der Implementierung des Netzwerks werden geschildert. Im Folgenden werden dazu zunächst die Definition der verwandten Wildarten, ihre Bedeutung und Erhaltungsmaßnahmen und die Notwendigkeit der Zusammenarbeit von Landwirtschaft und Naturschutz beschrieben, ebenso wie die nationalen und internationalen Rahmenbedingungen, in denen der Aufbau des Netzwerks stattfindet.

Definition von verwandten Wildarten

Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (WEL) sind Wildpflanzentaxa, die eng mit unseren Nutzpflanzen verwandt sind oder potenziell für Ernährung und Landwirtschaft nutzbar sind. Die folgenden Definitionen beziehen sich speziell auf die Wildarten, die mit unseren Kulturarten verwandt sind. Aufgrund ihrer relativ engen genetischen Beziehung zu den Nutzpflanzen haben sie einen wichtigen Nutzen als Genspender für die Verbesserung von Nutzpflanzen.

Eine einfache, weitgefaste Definition von verwandten Wildarten basiert auf der botanischen Gattung der Kulturpflanze. Alle Wildarten in derselben Gattung der Kulturpflanze gehören zu den WEL dieser Kulturpflanze. Die Wildarten in der Gattung *Beta* z. B. werden dieser Definition entsprechend als verwandte Wildarten der Kulturrübe (*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*) betrachtet.

Folgende Arbeitsdefinition wurde von MAXTED et al. (2006) vorgeschlagen, die eine weitere Eingrenzung bzw. Auswahl von verwandten Wildarten ermöglicht. Diese Definition basiert auf dem Konzept des Genpools oder, bei Mangel an Informationen zu Kreuzungen und genetischer Vielfalt, auf dem Konzept der Taxongruppe und lautet: Eine verwandte Wildart einer Kulturpflanze ist ein Taxon mit indirekter Nutzung aufgrund seiner relativ engen genetischen Beziehung zu der Kulturpflanze. Diese Beziehung wird durch die verwandten Wildarten definiert, die zu den Genpools 1 oder 2 oder den Taxongruppen 1 bis 4 der Kulturpflanze gehören.

Unter dem Genpoolkonzept werden Arten je nach Ausprägung der Kreuzungsbarrieren in den primären (keine oder sehr schwache Kreuzungsbarrieren), sekundären (ausgeprägte Kreuzungsbarrieren) und tertiären (Überwindung von Kreuzungsbarrieren sehr schwierig) Genpool eingeordnet (HARLAN, DE WET, 1971). Das Genpoolkonzept ist am Beispiel der Kulturrübe in Abbildung 1 dargestellt.

Liegen keine Kenntnisse über Kreuzungsbarrieren vor, kann man den Verwandtschaftsgrad durch die taxonomische Hierarchie annähern. Folgende Taxongruppen werden von MAXTED et al. (2006) benutzt: TG1a – Kulturpflanze, TG1b – dieselbe Art wie die Kulturpflanze, TG2 – dieselbe Serie oder Sektion wie die Kulturpflanze, TG3 – dieselbe Untergattung wie die Kulturpflanze, TG4 – dieselbe Gattung wie die Kulturpflanze.

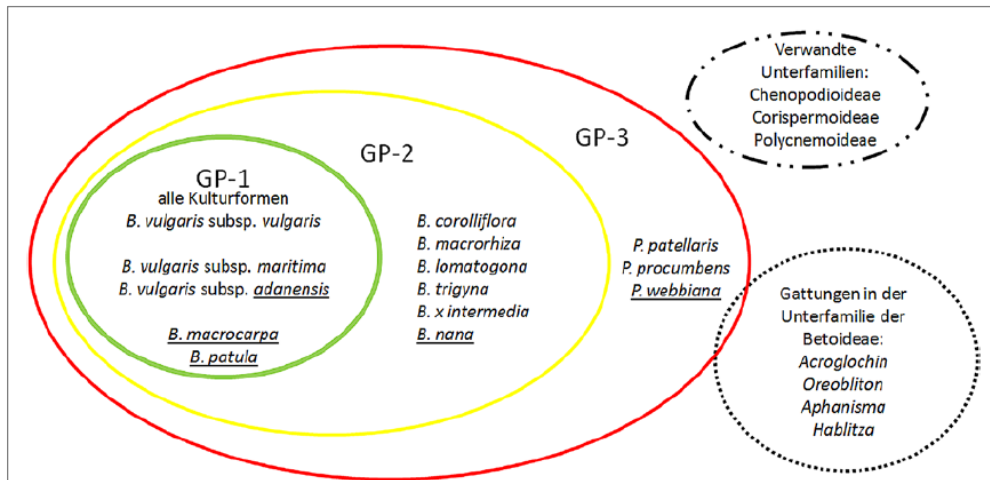


Abb. 1 Genpool der Kulturrübe – *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris* (FRESE, 2014).

Fig. 1 Gene pool of cultivated beet – *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris* (FRESE, 2014).

Bedeutung der verwandten Wildarten als genetische Ressource

Pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (PGREL) sind Rohstoffe von grundlegender Bedeutung, wenn es gilt, die Landwirtschaft bei der Ernährungssicherung und der Bewältigung des Klimawandels zu unterstützen. Seit Anfang des 20. Jahrhunderts werden verwandte Wildarten zunehmend in der Pflanzenzüchtung als genetische Ressource eingesetzt, um Kulturpflanzen an die sich ändernden Lebens- und Klimabedingungen anzupassen, u. a. um Resistenz gegen Schädlinge und Krankheiten zu vermitteln, die Toleranz gegenüber Umweltbedingungen wie extremen Temperaturen, Dürre und Überschwemmungen zu verbessern oder Ernährung, Geschmack, Farbe, Textur und Handhabungseigenschaften zu verbessern (siehe HAJJAR, HODGKIN, 2007; MAXTED, KELL, 2009 für Überblicke). Zum Beispiel wurde die Resistenz gegen den Echten Mehltau aus einer Wildart in die Kulturrübe eingekreuzt. Dies hat zur Entwicklung der Rebsorte Regent geführt und die Mehlauresistenz trägt zu einem deutlich geringeren Einsatz von Fungiziden im Weinbau bei (ZYPRIAN, 2011). Der monetäre Beitrag der WEL von 29 Hauptfruchtarten zur Wertschöpfungskette wurde 2010 weltweit auf 42 Milliarden US\$ geschätzt (PWC, 2013).

Weltweit gibt es schätzungsweise ca. 60.000 Kultur- und WEL-Arten (MAXTED, KELL, 2009). Etwa 2.500 Gattungen enthalten Kulturarten (KELL et al., 2008). Konzentriert man sich hier unter dem Gesichtspunkt Ernährungssicherheit auf die in GROOMBRIDGE und JENKINS (2002) gelisteten 28 Haupt- und 51 Nebenkulturen, dann ergibt sich eine Anzahl von etwa 10.700 WEL-Taxa, basierend auf der allgemeinen Definition über die Gattung. Davon gehören etwa 700 Taxa zum 1. und 2. Genpool der Kulturarten und stellen somit besonders prioritäre Taxa für die Erhaltung dar.

Mehr als 2.800 der etwa 3.500 Arten der deutschen Flora sind verwandte Wildarten unserer Kulturpflanzen oder potenziell nutzbar für Ernährung und Landwirtschaft. Davon sind knapp 2.700 im Nationalen Inventar der Pflanzengenetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft PGRDEU mit ‚Nutzung in Züchtung und Forschung‘ gekennzeichnet. Jedoch nicht alle WEL-Arten können und müssen erhalten werden, und es ist daher eine Priorisierung empfohlen. Der Beratungs- und Koordinierungsausschuss für genetische Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen (BEKO) hat eine Arbeitsliste prioritärer verwandter Wildarten erarbeitet, die 44 Arten besonderer Priorität und 82 Arten mit einfacher Priorität enthält. Diese Priorisierung dient u. a. zur Schwerpunktsetzung von Erhaltungsmaßnahmen auf nationaler Ebene, zur Meldung von prioritären Arten und evtl. Schutzmaßnahmen im Rahmen internationaler Berichtspflichten, als

Beitrag zur Abstimmung von Strategien und Maßnahmen auf europäischer und internationaler Ebene, und zur Unterstützung bei Entscheidungen über Fördermaßnahmen. 64 der 92 Verantwortungsarten, d. h. Arten für die Deutschland aus globaler Perspektive eine besondere Verantwortlichkeit zugemessen wird, weil sie nur in Deutschland vorkommen, ein bedeutender Teil der Weltpopulation hier vorkommt oder die Art weltweit gefährdet ist, sind WEL-Arten. Ebenso sind 26 der 54 nach Bundesnaturschutzgesetz streng geschützten Pflanzenarten und elf der 40 in Deutschland vorkommenden Pflanzenarten der Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie WEL-Arten.

Erhaltungsmaßnahmen

Der aktuelle Bericht des Weltbiodiversitätsrates (IPBES, 2019) hat erneut das Ausmaß des Artensterbens verdeutlicht, das immer weiter fortschreitet. Durch Klimawandel, Landnutzungswandel, Habitat-Fragmentierung, etc. verlieren Arten geeignete Habitats, was den Verlust genetischer Diversität innerhalb der Art und damit genetischer Ressourcen und Adaptionspotential zur Folge hat und schließlich zum Aussterben der Art führen kann. Auch die natürlichen Bestände der WEL sind zunehmend durch den Klimawandel und andere Ursachen gefährdet, aber eben diese natürlichen Bestände mit einer intakten Adaptionsfähigkeit an sich ändernde Umweltbedingungen gilt es als wichtige Ressource für die heutige und zukünftige Forschung und Züchtung zu erhalten. WEL können ex situ in Genbanken und in situ an ihren natürlichen Standorten erhalten werden. Sowohl die Ex-situ- als auch die In-situ-Erhaltung von WEL ist jedoch nach wie vor unzureichend, wie der zweite Weltzustandsbericht für PGREL gezeigt hat (FAO, 2010). In Genbanksammlungen sind sie mit etwa 10 % deutlich unterrepräsentiert (MAXTED, KELL, 2009; VINCENT et al., 2013). Viele WEL Standorte liegen zwar in Schutzgebieten, deren Anzahl gewachsen ist. WEL werden dort jedoch meist nicht aktiv durch regelmäßiges Monitoring und Pflegemaßnahmen erhalten. In der Erhaltung von WEL außerhalb von Schutzgebieten verzeichnete der Bericht kaum Fortschritte.

Die systematische Erhaltung der WEL-Diversität beinhaltet die ergänzende Anwendung von In-situ- und Ex-situ-Strategien. Da Genbanken die genetische Vielfalt von WEL nur in begrenztem Umfang langfristig erhalten können, erfolgt die Erhaltung vorzugsweise in situ, indem lebensfähige Populationen an ihren natürlichen Standorten erhalten bzw. wiederhergestellt werden. Diese haben so die Möglichkeit, sich auch weiterhin an wechselnde Umweltbedingungen anzupassen und ihr Anpassungspotential zu erhalten, wodurch ihre genetische Vielfalt auch in Zukunft als Ressource für die Pflanzenzüchtung zur Verfügung stehen kann. Komplementär zur In-situ-Erhaltung werden nach Möglichkeit Muster in Genbanken erhalten, die besonders für gefährdete Populationen ein Sicherheitsduplikat darstellen. Die Genbankmuster erleichtern zudem wesentlich die Nutzung dieser Ressourcen in Forschung und Züchtung.

Zur Umsetzung einer In-situ-Erhaltungsstrategie für WEL, die die Vorzüge der Erhaltung im natürlichen Lebensraum mit der Erhaltung in Genbanken verbindet, wurde das Konzept des GenEG zur Erhaltung der innerartlichen genetischen Vielfalt entwickelt (JAIN, 1975; MAXTED et al., 1997, 2008, 2015; MAXTED, KELL, 2009). Ein GenEG ist ein Areal, das der Pflege und des Monitorings der genetischen Diversität von WEL-Populationen oder Artengemeinschaft zur langfristigen aktiven Erhaltung dient. Ein einzelnes Gebiet enthält möglichst eine repräsentative Stichprobe der genetischen Vielfalt einer Art oder Artengemeinschaft.

Internationale Rahmenbedingungen

Die Notwendigkeit der Erhaltung der genetischen Diversität der WEL ist explizit in globalen Übereinkommen und Aktionsplänen wie der Konvention zur Biologischen Vielfalt (CBD, Convention on Biological Diversity), den nachhaltigen Entwicklungszielen der Vereinten Nationen (SDG, sustainable development goal), dem Internationalen Vertrag über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (ITPGRFA, International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture) und dem Globalen Aktionsplan (GPA) für Pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft der Welternährungsorganisation (FAO, Food and Agriculture Organisation of the United Nations) festgeschrieben.

Die CBD benennt WEL sowohl in den Aichi Zielen des Strategischen Plans für 2011–2020 als auch in der globalen Strategie zur Erhaltung der Pflanzen.

- Der Strategische Plan 2011–2020 der CBD, enthält fünf strategische Ziele (A–E) für den Erhalt der Biodiversität, die durch 20 Kernziele, die sog. *Aichi Biodiversity Targets*, spezifiziert werden. Für WEL ist insbesondere das Ziel „Verbesserung des Zustands der biologischen Vielfalt durch Sicherung der Ökosysteme und Arten sowie der genetischen Vielfalt“ relevant und hier v.a. Kernziel 13 „Bis 2020 ist die genetische Vielfalt der Nutzpflanzen und der landwirtschaftlichen Nutztiere und ihrer wilden Artverwandten, einschließlich anderer sozioökonomisch sowie kulturell wertvoller Arten, gesichert und sind Strategien zur größtmöglichen Begrenzung der genetischen Verarmung und zur Bewahrung der genetischen Vielfalt entwickelt und umgesetzt worden.“
- Die Globale Strategie zur Erhaltung der Pflanzen (GSPC) 2011–2020, enthält 16 Ziele. Entsprechend Ziel neun sollen bis 2020 70 % der genetischen Vielfalt der Kulturarten, ihrer verwandten Wildarten und anderer sozioökonomisch besonders wertvoller Pflanzenarten einschließlich des damit verbundenen indigenen und lokalen Wissens, erhalten werden.

Im September 2015 verabschiedeten die Vereinten Nationen die Agenda 2030 mit den 17 nachhaltigen Entwicklungszielen – weltweit als SDGs bekannt, die den Kern der Agenda darstellen. Ziel zwei – „den Hunger beenden, Ernährungssicherheit und eine bessere Ernährung erreichen und eine nachhaltige Landwirtschaft fördern“ – ist in mehrere Unterziele geteilt, unter denen Unterziel 2.5 festschreibt „bis 2020 die genetische Vielfalt von Saatgut, Kulturpflanzen sowie Nutz- und Haustieren und ihren wildlebenden Artverwandten zu bewahren, unter anderem durch gut verwaltete und diversifizierte Saatgut- und Pflanzenbanken auf nationaler, regionaler und internationaler Ebene, ...“.

Der Internationale Vertrag über pflanzengenetische Ressourcen verpflichtet seine Vertragsstaaten in Artikel 5.1 d), „die In-situ-Erhaltung von verwandten Wildarten der Kulturpflanzen und von Wildpflanzen für die Nahrungsmittelerzeugung – auch in Schutzgebieten – [zu] fördern und zwar durch Unterstützung unter anderem der Bemühungen eingeborener und ortsansässiger Gemeinschaften“.

Die Kommission für Genetische Ressourcen für Landwirtschaft und Ernährung der FAO (CGRFA, Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture) hat 2011 ihren aktualisierten globalen Aktionsplan für PGREL veröffentlicht (FAO, 2011). Er enthält 18 prioritäre Aktionsfelder, von denen Aktionsfeld 4 speziell WEL adressiert: „Förderung der In-situ-Erhaltung und Management verwandter Wildarten von Kulturpflanzen und der für die Ernährung relevanten Wildpflanzen“. Die Kommission hat freiwillige Richtlinien für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung von WEL veröffentlicht (FAO, 2017), und es wird die Einrichtung eines globalen Netzwerks zur In-situ-Erhaltung von WEL diskutiert.

Auf Europäischer Ebene arbeiten im Europäischen Programm für Pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR, European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources) über 30 Europäische Länder an der Erhaltung und Nutzung von PGREL zusammen. Das Programm ist bereits in seiner 10. Phase, 2019–2023. Ziel drei der insgesamt fünf ECPGR Ziele richtet sich speziell auf die Verbesserung der In-situ-Erhaltung und Nutzung von WEL. Das ECPGR hat zudem eine spezifische Arbeitsgruppe, die ECPGR Arbeitsgruppe zu der Erhaltung der Wildarten in GenEG. Diese Arbeitsgruppe hat ein Konzept zur In-situ-Erhaltung von WEL in Europa entwickelt (MAXTED et al., 2015), welches beschreibt, wie die Kenntnisse und Methoden, die u. a. in verschiedenen europäischen Projekten gewonnen wurden, auf Europäischer und nationaler Ebene umgesetzt werden können. Um eine effektive und systematische Erhaltung von WEL zu erreichen, sollten Erhaltungsaktivitäten komplementär auf nationaler und europäischer Ebene geplant werden. Auf beiden Ebenen sollten prioritäre Populationen als „most appropriate wild populations (MAWPs)“ ausgewiesen werden, um sie im Rahmen einer integrierten Erhaltungsstrategie in ein In-situ-Netzwerk einzubetten.

Deutschland ist Vertragsstaat der CBD und des Internationalen Vertrags über pflanzengenetische Ressourcen. Es arbeitet aktiv in der CGRFA und im ECPGR mit. Zudem unterstützt das Ministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) Projekte zur Verbesserung der Erhaltung und Nutzung von PGREL.

Nationaler Kontext und Umsetzung

Den nationalen Rahmen zur Erhaltung und Nutzung von PGREL setzten die Strategie zur biologischen Vielfalt des Bundesumweltministeriums (BMU, 2007) und die Agrobiodiversitätsstrategie des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMELV, 2007).

Die Strategie zur biologischen Vielfalt formuliert folgende Vision für die Zukunft: „Die Vielfalt von heimischen Wildformen und verwandten Wildarten von Nutzpflanzen und Nutztieren ist durch Maßnahmen des Naturschutzes in und außerhalb von Schutzgebieten (in situ) gesichert. Ex-situ-Erhaltung (unter anderem zoologische und botanische Gärten, Genbanken, Kryoreserven und sonstige Sammlungen öffentlicher und privater Akteure) genetischer Ressourcen unterstützt dies wirksam.“

Auch die Agrobiodiversitätsstrategie stellt in den Vordergrund der Bemühungen zur Erhaltung der biologischen Vielfalt die Erhaltung der Lebensräume, in denen die jeweilige Art überleben und sich evolutiv weiterentwickeln kann, was sich im Falle der genutzten Lebewesen im Wesentlichen auf wildlebende Arten und unter natürlichen Bedingungen vorkommende Verwandte von Kulturarten bezieht.

Die Ziele und Handlungsbedarfe der Agrobiodiversitätsstrategie zum Erhalt der genetischen Ressourcen in den Bereichen der Landwirtschaft (unterschieden nach pflanzlicher und tierischer Erzeugung), Forstwirtschaft und Fischerei bilden die Grundlage der jeweiligen nationalen Fachprogramme für pflanzen-, tier-, forst- und aquatische genetische Ressourcen. Das ‚Nationale Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen‘, kurz Fachprogramm PGR (BMELV, 2012) beschreibt in seinem Arbeitsprogramm die entsprechenden Handlungsbedarfe zur In-situ-Erhaltung von WEL. Dazu gehört im Besonderen die Etablierung von GenEG, um die Erhaltungssituation von in Deutschland als besonders wichtig angesehener WEL-Arten und Artengruppen zu verbessern.

Das BMEL hat bereits eine Reihe von Modellvorhaben zur Umsetzung der In-situ-Erhaltung von WEL und Einrichtung von GenEG gefördert. Dazu gehören u.a. die in Tabelle 1 aufgeführten Projekte. Je nach Biologie der genetischen Ressourcen gestalten sich die Identifizierung von Populationen und die Ausweisung von GenEG unterschiedlich. Die Projekte arbeiteten daher an sehr unterschiedlichen Arten und unterschiedlichen Gebieten: der letzten überlebenden Population der Wildrebe auf der Rheininsel Ketsch, vier über das ganze Bundesgebiet verteilte Wildselleriearten, historische Grünlandflächen in der Schwäbischen Alb und dem Alpenvorland und Wildobstarten, vornehmlich im Forst in Sachsen.

Wie oben beschrieben ist bei WEL-Arten die Erhaltung der natürlichen Standorte von herausragender Bedeutung, da die Pflanzen an diesen Standorten eine hohe innerartliche Variabilität aufweisen, die nur durch die natürlichen Reproduktionsprozesse erhalten wird. Die Identifizierung eines In-situ-Standortes als GenEG stellt hier eine zusätzliche Maßnahme des Artenschutzes dar, der die Interessen von Naturschutz und Landwirtschaft vereint. GenEG sind jedoch keine neue Schutzgebietskategorie, sondern ein zusätzliches Prädikat, das den Gebieten für die aktive Erhaltung verliehen wird.

Die Standorte der WEL-Populationen können zu einem großen Teil in Schutzgebieten liegen. Während die Standorte also im Kompetenzbereich des Naturschutzes liegen, findet sich das Interesse, gerade diese Arten zu erhalten, vor allem in der Landwirtschaft und Züchtungsforschung. Der Aufbau, die Ausweisung und das langfristige Management von GenEG erfordert daher eine ressortübergreifende Zusammenarbeit zwischen Landwirtschaft und Naturschutz. Diese

Zusammenarbeit ist ein sehr wichtiger Aspekt bei der Einrichtung des ‚Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland‘ als zentrale Maßnahme zur Umsetzung der In-situ-Erhaltung von WEL.

Tab. 1 Vom BMEL geförderte Projekte zur In-situ-Erhaltung von WEL und der Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete

Tab. 1 *Projects for in situ conservation of CWR and for implementation of genetic reserves funded by BMEL*

Projektname	Projektlaufzeit	Charakteristik und Gebiet
Genetische Erhaltungsgebiete für Wildselleriearten (<i>Apium</i> und <i>Helosciadium</i>) als Bestandteil eines Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete in Deutschland	2015–2019	Genpool Ansatz, bundesweit
Überlebenssicherung der Wildrebe <i>Vitis vinifera</i> L. subsp. <i>sylvestris</i> C.C. Gmel. in den Rheinauen durch gezieltes In-situ-Management	2008–2013	Einzigste Population mit Selbstreproduktion in Deutschland, Rheininsel Ketsch
Identifikation und Erhaltung historisch alten Grünlands	2014–2019	Grünlandgemeinschaften und prioritäre WEL, Schwäbische Alb und Alpenvorland
Erhaltung von <i>Malus sylvestris</i> unter In-situ-Bedingungen im Osterzgebirge	2007–2011	Langlebige Population und Individuen, hauptsächlich in Forstgebieten
Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen	2012–2017	Langlebige Population und Individuen, hauptsächlich in Forstgebieten

Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland

Mit der Einrichtung des nationalen „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“ wird eine Rahmenstruktur geschaffen, in der sich bestehende und zukünftige WEL-Erhaltungsmaßnahmen eingliedern und koordiniert werden können. Das Netzwerk hat folgende Ziele:

- Die Verbesserung der In-situ-Erhaltung von Artengemeinschaften und WEL-Arten in Deutschland an Standorten im natürlichen Lebensraum, sowie die komplementäre Erhaltung der betreffenden Vorkommen in Genbanken.
- Die Förderung der Nutzung von WEL durch Inventarisierung und Dokumentation, und Bereitstellung frei verfügbarer In-situ-, Ex-situ-, Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten in nationalen und internationalen Informationssystemen.
- Die Unterstützung des Fachprogramms PGR in der internationalen Zusammenarbeit und der Umsetzung der CBD, des globalen Aktionsplans für PGREL, und des Internationalen Saatgutvertrages.
- Die Unterstützung der Erfüllung internationaler Berichtspflichten bezüglich des Monitorings der Umsetzung des globalen Aktionsplans, des internationalen Saatgutvertrages, des Weltzustandsberichts PGREL.

Struktur des „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“

Die Struktur des Netzwerks ist in Abbildung 2 graphisch dargestellt. Als ‚Gesamtnetzwerk‘ besteht es aus spezifischen Netzwerken für prioritäre WEL-Arten oder Artengemeinschaften. Die spezifischen Netzwerke bestehen aus GenEG für Populationen, die basierend auf vereinbarten Kriterien ausgewählt werden, und werden von Fachstellen koordiniert. Das Gesamtnetzwerk wird vom Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV) der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) koordiniert.

Die Fachstellen werden mittels einer Kooperationsvereinbarung zwischen der BLE und der fachlich kompetenten Institution, die die Funktion der Fachstelle ausübt, eingerichtet. Die Einrichtung einzelner GenEG in den spezifischen Netzwerken erfolgt mittels Einverständniserklärungen zwischen der Fachstelle und den lokalen Akteuren, die wesentlich zum Erhalt der Zieltart/en oder Zielartengemeinschaften innerhalb des GenEG beitragen, wie zum Beispiel Flächeneigentümer, gegebenenfalls deren Bewirtschafter, oder Naturschutzinstitutionen. Muster von WEL- Populationen werden, wo dies möglich ist, komplementär ex situ in Genbanken erhalten.

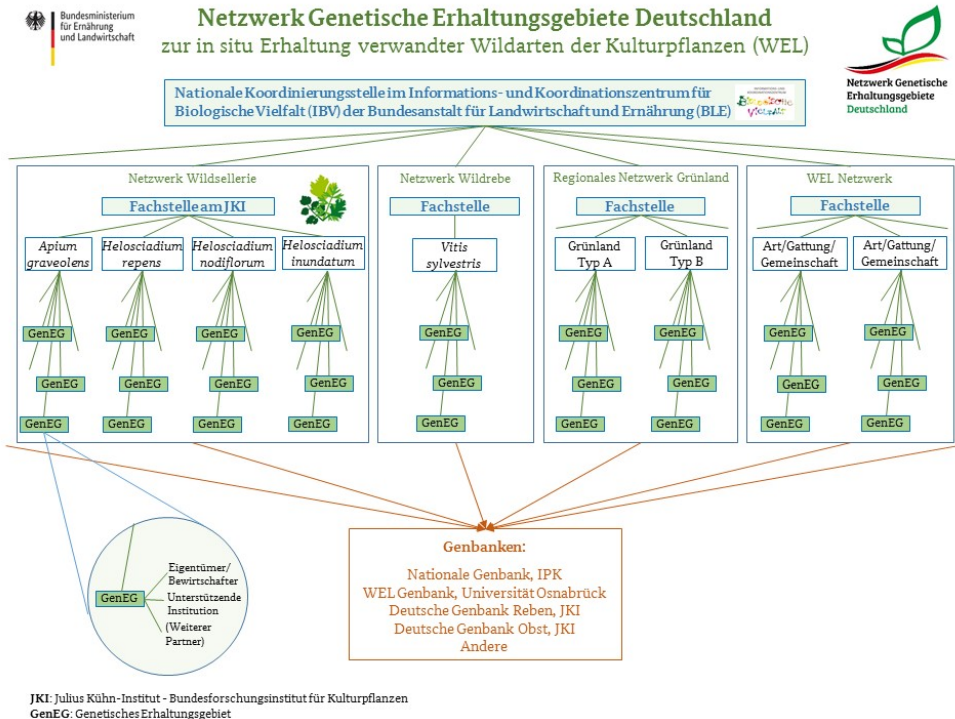


Abb. 2 Struktur des Netzwerks Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland (Stand: Feb. 2020).

Fig. 2 Structure of the German Network of Genetic Reserves (As of February 2020).

Aufgaben der Koordinations- und der Fachstelle

Die Koordinationsstelle koordiniert die Einbindung der spezifischen Netzwerke in das Nationale Fachprogramm PGR, ebenso die internationale Zusammenarbeit und damit die Einbindung des nationalen Netzwerks in alle relevanten internationalen Prozesse. Sie dokumentiert den Gesamtbestand der GenEG in Deutschland und die Einbindung der Dokumentation des Gesamtbestandes der spezifischen Netzwerke in nationale und internationale Informationssysteme.

Die Aufgaben einer Fachstelle als Koordinatorin eines spezifischen Netzwerks beinhalten die Einrichtung von GenEG, deren Dokumentation, und die Unterstützung im Rahmen der Möglichkeiten der Aktivitäten innerhalb der Erhaltungsgebiete, besonders des periodischen Monitorings der Populationen sowie ggf. die Optimierung von Pflegemaßnahmen.

Auszeichnung eines genetischen Erhaltungsgebiets

Um offiziell als GenEG ausgewiesen zu werden, sollte eine Reihe von Mindestanforderungen erfüllt sein, die sicherstellen, dass die WEL-Populationen erhalten werden können, notwendige Erhaltungsmaßnahmen durchgeführt werden und Muster für die Erhaltung in Genbanken entnommen werden können.

Die Flächeneigentümer oder Bewirtschafter müssen einverstanden sein, dass Vertreter der Fachstelle zur Erfüllung ihrer Aufgaben im Rahmen des Managements von GenEG die Gebiete für Datenerfassung, Monitoring, Materialentnahme und Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen betreten dürfen. Möglicherweise muss die Fachstelle dazu erforderliche Genehmigungen der Naturschutzbehörde einholen.

Des Weiteren sollten die Flächeneigentümer oder Bewirtschafter einverstanden sein, dass Saatgut der Zielart(en) oder Artengemeinschaften nach Maßgabe des Naturschutzrechts auf der Fläche gesammelt, in der von der Fachstelle identifizierten Genbank zur komplementären Erhaltung eingelagert und von dieser zu SMTA-Bedingungen² zum Zweck der Ausbildung, Forschung und Züchtung an Dritte abgegeben werden kann.

Die fachlichen Informationen zu den GenEG sollen über die Fachstelle an die Koordinationsstelle weitergegeben werden können, damit die notwendige Dokumentation und Information über das Netzwerk möglich ist.

In Anerkennung des Engagements zur Erhaltung der WEL-Arten als wichtiger Teil der biologischen Vielfalt für Ernährung und Landwirtschaft wird den lokalen Akteuren von der BLE eine Urkunde verliehen. Ebenso wird es begrüßt, wenn Tafeln oder Informationsschilder in einem GenEG aufgestellt werden dürfen. Das BMEL hat Möglichkeiten, Monitoring-Aktivitäten für prioritäre WEL in GenEG zu unterstützen.

Wildsellerienetzwerk

Die Urkunden für die ersten fünf GenEG im Netzwerk Wildsellerie wurden im Rahmen der Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul zur Stärkung des Artenschutzes“ am 4. und 5. Juni 2019 in Quedlinburg überreicht. Damit wurde das Netzwerk genetische Erhaltungsgebiete Deutschland und das spezifische Netzwerk genetischer Erhaltungsgebiete für Wildsellerie gegründet. Deutschland nimmt hiermit in der Einrichtung von GenEG und In-situ-Netzwerken zur Erhaltung von WEL eine Vorreiterrolle in Europa ein.

Das Julius Kühn-Institut in Quedlinburg koordiniert als Fachstelle das Wildsellerienetzwerk, in dem Populationen von vier Wildselleriearten erhalten werden. Weitere Gebiete sind bereits identifiziert und werden als GenEG ausgezeichnet werden. Details über die Entwicklung des Wildsellerie Netzwerks sind in anderen Beiträgen in diesem Tagungsband enthalten.

Weitere im Aufbau befindliche spezifische Netzwerke

Im Rahmen des Projektes ‚Identifikation und Erhaltung historisch alten Grünlands‘ werden GenEG für wertvolle Grünlandflächen identifiziert, die das zweite spezifische Netzwerk für genetische Erhaltungsgebiete Grünland in Südwestdeutschland – Schwäbische Alb und Alpenvorland – begründen können.

In bereits abgeschlossenen Projekten, die die Verbreitung und Erhaltung von WEL-Arten untersucht haben, im Besonderen der Wildrebe und Wildobstarten, sind wichtige Populationen identifiziert worden. Mit damaligen Akteuren, Fachleuten und BMEL wird versucht, Möglichkeiten zu finden,

² SMTA = Standard-Materialübertragungsvereinbarung des Internationalen Vertrags über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft. Weitere Informationen unter <https://www.genres.de/internationales/internationaler-saatgutvertrag/>

diese Gebiete als GenEG einzurichten und somit das Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland zu erweitern.

Literatur

- BMELV – BUNDESMINISTERIN FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND VERBRAUCHERSCHUTZ, 2012: Pflanzengenetische Ressourcen in Deutschland: Nationales Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen. BMEL, Bonn.
- BMELV – BUNDESMINISTERIN FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND VERBRAUCHERSCHUTZ, 2007: Agrobiodiversität erhalten, Potenziale der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft erschließen und nachhaltig nutzen. BMELV, Bonn.
- BMU – BUNDESMINISTERIUM FÜR UMWELT, NATURSCHUTZ UND REAKTORSICHERHEIT, 2007: Nationale Strategie zur biologischen Vielfalt. BMU, Berlin.
- FAO, 2010: Second Report on the State of the World's Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rom, Italien.
- FAO, 2001: Second Global Plan of Action for Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Food and Agriculture Organisation of the United Nations, Rome, Italien.
- FAO, 2017: Voluntary Guidelines for the Conservation and Sustainable Use of Crop Wild Relatives and Wild Food Plants. Food and Agriculture Organisation of the United Nations, Rom, Italien.
- FRESE, L., 2014: Erhalt der genetischen Vielfalt wildlebender Verwandter unserer Kulturarten (WVK) in ihren natürlichen Lebensräumen. *Anliegen Natur* **36(2)**, 58–66.
- GROOMBRIDGE, B., M.D. JENKINS, 2002: World Atlas of Biodiversity. Prepared by the UNEP World Conservation Monitoring Centre, University of California Press, Berkeley, Kalifornien, USA.
- HAJJAR, R., T. HODGKIN, 2007: The use of wild relatives in crop improvement: a survey of developments over the last 20 years. *Euphytica* **156(1–2)**, 1–13.
- HARLAN, J., J. DE WET, 1971: Towards a rational classification of cultivated plants. *Taxon* **20**, 509–517.
- IPBES, 2019: Summary for policymakers of the global assessment report on biodiversity and ecosystem services of the Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services. S. DIAZ, J. SETTELE, E. S. BRONDIIZIO, H. T. NGO, M. GÜEZE, J. AGARD, A. ARNETH, P. BALVANERA, K. A. BRAUMAN, S. H. M. BUTCHART, K. M. A. CHAN, L. A. GARIBALDI, K. ICHII, J. LIU, S. M. SUBRAMANIAN, G. F. MIDGLEY, P. MILOSLAVICH, Z. MOLNÁR, D. OBURA, A. PFAFF, S. POLASKY, A. PURVIS, J. RAZZAQUE, B. REYERS, R. ROY CHOWDHURY, Y. J. SHIN, I. J. VISSEREN-HAMAKERS, K. J. WILLIS, C. N. ZAYAS (Hrsg.). IPBES secretariat, Bonn.
- JAIN, S. K., 1975: Genetic reserves. In: FRANKEL, O. H., J. G. HAWKES, (Hrsg.) *Crop genetic resources for today and tomorrow*. Cambridge University Press, Cambridge, UK, 379–396.
- KELL, S. P., H. KNÜPFER, S. L. JURY, B. V. FORD-LLOYD, N. MAXTED, 2008: Crops and wild relatives of the Euro-Mediterranean region: making and using a conservation catalogue. In: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, S. P. KELL, J. M. IRIONDO, M. E. DULLO, J. TUROK (Hrsg.) *Crop Wild Relative Conservation and Use*. CABI Pub., Wallingford, UK, 69–109.
- 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 Conservation in Genetic Reserves Working Group, European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources, Rom, Italien.
- MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, S. L. JURY, S. P. KELL, M. A. SCHOLTEN, 2006: Towards a definition of a crop wild relative. *Biodiversity and Conservation* **15(8)**, 2673–2685.
- MAXTED, N., J. G. HAWKES, B. V. FORD-LLOYD, J. T. WILLIAMS 1997: 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*. Chapman & Hall, London, UK, 545–592.
- MAXTED, N., J. M. IRIONDO, L. DE HONDO, E. DULLOO, F. LEFÈVRE, A. ASDAL, S. P. KELL, L. GUARINO, 2008: Genetic reserve management. In: IRIONDO J. M., E. DULLOO, M. MAXTED (Hrsg.) *Conserving plant genetic diversity in protected areas: population management of crop wild relatives*. CAB International Publishing, Wallingford, UK, 65–87.
- MAXTED, N., S. P. KELL, 2009: Establishment of a Global Network for the *In Situ* Conservation of Crop Wild Relatives: Status and Needs. FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture, Rom, Italien. 266 S.
- PWC – PriceWaterhouseCoopers, 2013: Crop wild relatives – A valuable resource for crop development. PWC valuations, 1–6.
- VINCENT, H., J. WIERSEMA, S. P. KELL, H. FIELDER, S. DOBBIE, N. P. CASTAÑEDA-ÁLVAREZ, L. GUARINO, R. EASTWOOD, B. LEON, N. MAXTED, 2013: A prioritized crop wild relative inventory to help underpin global food security. *Biological Conservation* **167**, 265–275.
- ZYPRIAN, E., 2011: Untersuchungen zur Abwehr von Echtem Mehltau beim Regent. Geilweilerhof akt. **39(1)**, 6–11.

Entwicklung eines bundesweiten Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete für Wildsellerie (GE-Sell)

Development of a network of genetic reserves for wild celery in Germany (GE-Sell)

Maria Bönisch^{1,*}, Tobias Herden², Matthias Zander³, Marion Nachtigall¹, Nikolai Friesen², Nadine Bernhardt¹, Lothar Frese¹

¹Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

²Botanischer Garten der Universität Osnabrück, Albrechtstr. 29, 49076 Osnabrück

³Humboldt-Universität zu Berlin, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Invalidenstraße 42, 10099 Berlin

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

DOI 10.5073/jka.2020.466.002

Zusammenfassung

Die Technik des genetischen Erhaltungsgebiets ist ein anwendungsbereites Verfahren zur In-situ-Erhaltung von wildlebenden Verwandten unserer Kulturpflanzen. Bei dem Verfahren wird die dynamische Erhaltung von Populationen, die in ihren natürlichen Lebensräumen Evolutionsprozessen ausgesetzt sind, mit der statischen Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen in Genbanken kombiniert und somit die nachhaltige Nutzung dieser Arten ermöglicht. Im Modell- und Demonstrationsvorhaben "Genetische Erhaltungsgebiete für Wildselleriearten (*Apium* und *Helosciadium*) als Bestandteil eines Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete in Deutschland" (GE-Sell) wurden wissenschaftliche und organisatorische Fragestellungen zur Umsetzung dieser Technik bearbeitet. Ziel des Projekts war die modellhafte Einrichtung von 45 genetischen Erhaltungsgebieten (GenEG) für Wildselleriearten und der Aufbau eines bundesweiten Netzwerks aus lokalen Akteuren. Zur Identifizierung der GenEG wurde das monografische Verfahren angewendet.

Für die vier in Deutschland vorkommenden Wildselleriearten wurden zum Projektstart im Jahr 2015 aus 2400 Fundortdaten 322 Standorte für Präsenzkontrollen ausgewählt. Im Anschluss wurden für rund 100 möglichst vitale und ungefährdete Vorkommen, die sich über verschiedene Naturräume und Habitate verteilen, genetische Diversitätsanalysen durchgeführt. Anhand der Kartierungs- und Analyseergebnisse wählte das Projektteam zwischen 11 und 15 Vorkommen pro Art aus, die insgesamt die innerartliche Vielfalt der jeweiligen Arten bestmöglich repräsentieren. Für diese Vorkommen wurden die Einrichtung und ein langfristiges Management der GenEG in Zusammenarbeit mit lokalen Akteuren angestrebt. Bis zum April 2020 wurden bereits 15 GenEG eingerichtet.

Stichwörter: *Apium*, *Helosciadium*, Sellerie, In-situ-Erhaltung, pflanzengenetische Ressource, genetisches Erhaltungsgebiet

Abstract

The genetic reserve conservation technique is a ready-to-use procedure for *in situ* conservation of crop wild relatives. The approach combines the dynamic conservation of populations exposed to evolutionary processes in their natural habitats with the static conservation of plant genetic resources in gene banks, thus enabling the sustainable use of these species. In the model and demonstration project "Genetic reserves for wild celery species (*Apium* and *Helosciadium*) as part of a network of genetic reserves in Germany" (GE-Sell) scientific and organisational aspects of the implementation of genetic reserves were investigated. The aim of the project was the establishment of 45 genetic reserves for wild celery species and the establishment of a nationwide network of local stakeholders. The monographic approach was used to identify the genetic reserves.

For the four wild celery species occurring in Germany, around 350 occurrences were selected from 2400 known sites for the verification of these occurrences at the project start in 2015. Thereafter, genetic diversity analyses were carried out for approximately 100 occurrences that are as vital as possible, non-endangered and distributed over various ecogeographic regions and habitat types. Based on the survey and analysis results, the project team selected between 11 and 15 occurrences per species, which together represent the intra-species diversity of the respective species best. For these occurrences, the project team aimed at the establishment and long-term management of the genetic reserves in cooperation with local stakeholders. By April 2020, 15 genetic reserves had already been established.

Keywords: *Apium*, *Helosciadium*, celery, *in situ* conservation, plant genetic resources, genetic reserve

Einleitung

In Wildpflanzenarten für Ernährung und Landwirtschaft (WEL) enthaltene Gene und Genvarianten sind für die züchterische Anpassung von Kulturarten an sich stetig ändernde Produktionsbedingungen unverzichtbar (siehe THORMANN, dieser Tagungsband). Der wirtschaftliche Beitrag von WEL bei der landwirtschaftlichen Produktion ist immens. Trotzdem ist die langfristige Erhaltung von WEL keineswegs gesichert. Nach BILZ et al. (2011) sind von den untersuchten 572 und in Europa vorkommenden wildlebenden Verwandten der Kulturarten (WVK) 11,5 % unterschiedlich stark gefährdet und weitere 4,5 % auf der Vorwarnliste. In mehreren globalen Übereinkommen und Aktionsplänen ist die Notwendigkeit der WEL-Erhaltung bereits festgeschrieben und auch national in der Biodiversitäts- und Agrobiodiversitätsstrategie verankert (siehe THORMANN, dieser Tagungsband).

MAXTED et al. (1997) entwickelten ein Erhaltungsverfahren, das sie als "genetic reserve conservation technique" bezeichnen. Diese Erhaltungstechnik ist definiert als „die Verortung, das Management und das Monitoring genetischer Diversität in natürlichen Wildpopulationen innerhalb definierter Flächen, die für die aktive und langfristige Erhaltung vorgesehen sind“. Diese Flächen werden als genetic reserve bzw. im Deutschen als genetisches Erhaltungsgebiet (GenEG) bezeichnet. GenEG bzw. ein daraus aufgebautes Netzwerk kann sich auf eine bestimmte WEL-Art (individueller Lösungsansatz), einen bestimmten WEL-Genpool (Genpool- oder monographischer Lösungsansatz (KELL et al., 2012; zum Genpool-Konzept siehe THORMANN, dieser Tagungsband), nach ökonomischen und artenschutzrechtlichen Kriterien ausgewählten WEL (floristischen Lösungsansatz; MAXTED, KELL, 2009) oder z. B. WEL-Schirmarten (IRIONDO et al., 2012) beziehen. Die In-situ-Erhaltung ist durch die dazu komplementäre Ex-situ-Erhaltung zu ergänzen um eine Sicherheitskopie der innerartlichen Vielfalt vorzuhalten (MAXTED et al., 1997). Durch die Kombination dieser beiden Erhaltungsverfahren werden deren Vorteile miteinander kombiniert: Durch die In-situ-Erhaltung wird der Wildart die evolutive Weiterentwicklung durch genetische Anpassungen an zeitlich und räumlich wechselnde Umweltbedingungen ermöglicht. Durch die Ex-situ-Erhaltung, z. B. als Saatgutprobe in einer Genbank, wird diese genetische Ressource als Rückstellmuster statisch erhalten und der Zugang für die Forschung und Pflanzenzüchtung erleichtert.

Bei dem Modell- und Demonstrationsvorhaben „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildselleriearten (*Apium* und *Helosciadium*) als Bestandteil eines Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete in Deutschland“ (GE-Sell) wurde der Genpool- bzw. monographische Lösungsansatz beispielhaft umgesetzt. In diesem Rahmen war in der Projektlaufzeit von März 2015 bis November 2019 modellhaft ein bundesweites Netzwerk von GenEG für die vier in Deutschland vorkommenden Wildselleriearten aufzubauen. Das heißt, es wurden nur Arten für die systematische In-situ-Erhaltung berücksichtigt, die in Deutschland vorkommen und zum Genpool des Kulturselleries gezählt werden und damit mit dieser Art mehr oder weniger gut kreuzbar sind.

Im GE-Sell-Projekt sollten außerdem wissenschaftliche und organisatorische Fragestellungen zur Verbesserung des Schutzes von WEL in ihren natürlichen Lebensräumen als wesentliche Voraussetzung für ihre nachhaltige Nutzung bearbeitet und beantwortet werden. Für die bestmögliche und effiziente Erhaltung der innerartlichen Vielfalt der Wildselleriearten sollten GenEG (bis zu 15 pro Art) für 45 Vorkommen eingerichtet werden. Der Aufbau des Netzwerk Wildsellerie beinhaltet neben der Einrichtung der GenEG auch die Vernetzung der am Aufbau und Management beteiligten Akteure.

Modellarten

In Deutschland kommen vier Wildselleriearten vor. Sie sind in unterschiedlichem Maße gefährdet und mit dem Kultursellerie (Knollen-, Blatt- oder Stangensellerie) verwandt. *Apium graveolens* L. subsp. *graveolens* (Echter Sellerie) ist die Urform des Kulturselleries und wird dem primären Genpool der Kulturart zugeordnet. Diese Art kann aufgrund ihrer uneingeschränkten Kreuzbarkeit mit dem Kultursellerie insbesondere zur Verbreiterung der genetischen Basis des Kulturselleries genutzt werden. Die anderen drei Wildselleriearten werden der Gattung *Helosciadium* und dem tertiären

Genpool zugeordnet (DOWNIE et al., 2000; FRESE et al., 2018a; QUIROS, 1993; RONSE et al., 2010). Alle Arten sind an feuchten bis nassen Standorten zu finden.

Apium graveolens L. subsp. *graveolens* (Echter Sellerie) ist ein obligater Halophyt und kommt zum einen im Brackwasser-beeinflussten Röhricht und im Salzgrünland an der Ostsee sowie vereinzelt an der Nordsee vor. Zum anderen ist die Art an natürlichen als auch sekundären Binnensalzstellen zu finden. Die konkurrenzschwache Art profitiert von der natürlichen Dynamik (z. B. Eisgang, Hochwasser), Störungen (z. B. Trampelpfade durch Wild und Angler, Gänsefraß) und extensiven Bewirtschaftung in Kombination mit für andere Arten ungeeigneten Standortbedingungen, insbesondere verursacht durch den Salzgehalt (pers. Mitteilungen von D. HANSPACH, November 2016, von K. HEMM, September 2016, von C. MARTIN und H. GRELL, November 2016, von A. KRUMBIEGEL, September 2016; RINGEL, 2017; KRUMBIEGEL et al., 2015). Ohne hinreichende Störungen am Standort ist der Echte Sellerie häufig durch die Konkurrenz mit anderen Arten gefährdet. Aber auch eine zu intensive Störung oder das Aussüßen eines Standortes beeinträchtigt die Populationen. Sofern die natürlichen Störungen zum Zurückdrängen von Konkurrenzarten nicht ausreichen, ist eine zusätzliche extensive Beweidung oder Mahd für die Erhaltung des Echten Selleries erforderlich. Entsprechend der Roten Liste (METZING et al., 2018) ist die Art deutschlandweit selten und die Bestände sind in den vergangenen ca. 100 Jahren stark zurückgegangen. Sie wird als gefährdet eingestuft.

Helosciadium repens (JACQ.) W. D. J. KOCH (Kriechender Sellerie) kommt in Europa zerstreut und selten vor. Die Schwerpunktverkommen in Deutschland befinden sich in der Moränenlandschaft Nordostdeutschlands sowie im Donau- und Voralpenraum. Die Art ist auf Weide- oder Mähweideflächen sowie an Seeufern (z. B. Badestellen und Bootsanlegestellen) zu finden und ist eher niederwüchsig. In Bayern kommt sie auch flutend in Bächen vor. Die Art ist sehr konkurrenzschwach aber störungsresistent. Neben ungeeigneten hydrologischen Bedingungen des Standorts wirken sich insbesondere eine zu niedrige Störungsintensität, Eutrophierung sowie die Überlagerung mit Mahdgut durch Mulchen negativ auf die Bestände aus. In der Regel sind zur dauerhaften Erhaltung der Vorkommen die Vegetation kurz zu halten und kleinräumig offene Bodenstellen zu schaffen (pers. Mitteilungen von A. WAGNER und I. WAGNER, März 2016 und April 2017, von D. HANSPACH, November 2016, von C. MARTIN und H. GRELL, November 2016; RINGEL, 2017). Dieses Ziel kann insbesondere durch Beweidung erreicht werden. Auch eine häufige Mahd mit Abräumen des Mahdguts ist grundsätzlich geeignet. Bei dieser Bewirtschaftungsform fehlen jedoch häufig die zur Etablierung von Jungpflanzen erforderlichen offenen Bodenstellen. Eine generative Fortpflanzung und damit eine evolutive Anpassung finden dadurch nur im geringen Maß statt. Des Weiteren sind die Nährstoffeinträge an den Standorten gering zu halten. Dies ist insbesondere in Fließgewässern in der Agrarlandschaft problematisch. Die Art ist deutschlandweit selten und weist einen starken Rückgang im langfristigen Bestandstrend auf (METZING et al., 2018).

Als nach Bundesartenschutzverordnung (BArtSchVO) streng geschützte Art sowie durch die Listung im Anhang II und IV der Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie der EU steht die Art bereits im Fokus des Artenschutzes. Die Art hat einen Petersilie-ähnlichen Geschmack und kann mitunter als winterharter Petersilie-Ersatz dienen.

Helosciadium nodiflorum (L.) W. D. J. KOCH (Knotenblütiger Sellerie) hat sein Hauptverbreitungsgebiet in Südwesteuropa. Sein Areal reicht im Nordosten bis nach Rheinland-Pfalz, Hessen, Baden-Württemberg und Nordrhein-Westfalen. Dort kommt die Art in kleinen Fließgewässern oder deren Böschungsbereichen an lichten Stellen vor. Neben Beschattung wirken sich die Konkurrenz durch wüchsigeren Pflanzenarten, Hochwasserereignisse oder eine zu intensive Gewässerunterhaltung negativ auf die Bestände aus. In der Regel profitiert die Art jedoch von der Gewässerpflege und Mahd des Uferbereichs (pers. Mitteilungen von U. MEYER-SPETHMANN, November 2016, von P. THOMAS und C. WEINGART, September 2016). Die Art ist deutschlandweit selten und weist einen mäßigen Rückgang im langfristigen Bestandstrend auf (METZING et al., 2018). In der Roten Liste wird sie als gefährdet eingestuft (METZING et al., 2018). Der Knotenblütige Sellerie wird in südeuropäischen Ländern als aromatisches Blattgemüse genutzt, verfügt über eine Blattminierfliegenresistenz

(TRUMBLE et al., 2000, 1990) und kann Schwermetalle aus Gewässern filtern (KARA, 2014; siehe auch MEWIS et al., dieser Tagungsband).

Helosciadium inundatum (L.) KOCH (Flutender/Untergetauchter Sellerie) kommt überwiegend in den atlantischen bis subatlantischen Regionen Westeuropas vor. In Deutschland befinden sich Vorkommen insbesondere in Niedersachsen, weniger häufig in Nordrhein-Westfalen und vereinzelt auch in Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein und Mecklenburg-Vorpommern. Die konkurrenzschwache Art wächst vor allem in und an kleinen, zeitweise trockenfallenden, nährstoffarmen Tümpeln. Die Bestände können durch Beschattung sowie durch Verlandung und Eutrophierung der Gewässer beeinträchtigt werden. Zur Erhaltung günstiger Habitatbedingungen sind aus diesem Grund häufig Beweidung oder alternativ Mahd mit Abräumen des Mahdguts im Uferbereich und eine Entkrautung und Entschlammung von Tümpeln erforderlich (pers. Mitteilungen von U. MEYER-SPEITHMANN, November 2016, von C. MARTIN und H. GRELL, November 2016; KRUMBIEGEL et al., 2015; RINGEL, 2017). Nährstoffeinträge sollten vermieden und ein Wechsel der Wasserstandhöhe (bis hin zum temporären Trockenfallen) ermöglicht werden. Deutschlandweit ist die Art selten und langfristig sind die Bestände stark zurückgegangen. In der Roten Liste wird sie als stark gefährdet eingestuft (METZING et al., 2018). Ein Nutzungspotential ist für die Art noch nicht bekannt.

Identifikation und Auswahl von als GenEG geeigneter Wildsellerie-Vorkommen

Zur Identifikation von Wildsellerievorkommen, mit denen die innerartliche Vielfalt bestmöglich repräsentativ erhalten werden kann, wurden zunächst Funddaten der vier Wildselleriearten bei Umweltbehörden, insbesondere Landesumweltämtern, abgefragt. Auch weitere Artenkenner stellten Daten bereit. Auf Basis der überlieferten Informationen lagen 2400 Datensätze zu Wildsellerie-Beobachtungen vor. Die Übermittlung der Daten erfolgte in unterschiedlichen Dateiformaten (z. B. Excel, PDF, Word, Shape) und mit unterschiedlicher Aktualität und Strukturierung der Daten. Sämtliche Daten wurden zur Angleichung der Formatierungen in eine Excel-Tabelle übertragen. Hierbei wurden u. a. taxonomische Bezeichnungen angepasst. Nach der Homogenisierung der Datensätze wurde aus den Fundortangaben eine Inventarliste für Deutschland erstellt. Mittels dieser Liste sollten möglichst große und ungefährdete Vorkommen unter der Annahme identifiziert werden, dass bei diesen Vorkommen von einem geringen Extinktionsrisiko und hohem Potential zur evolutiven Anpassung auszugehen ist. Um die innerartliche Vielfalt bestmöglich zu repräsentieren, sollten solche Vorkommen ausgewählt werden, die zusammen unterschiedliche Naturräume Deutschlands und Habitattypen abdecken und somit genetische Adaptionen an verschiedene Standortbedingungen aufweisen. Entsprechend dieser Kriterien wurden für die Arten insgesamt 322 Fundorte ausgewählt, die über einen möglichst aktuellen und lagescharfen Artnachweis verfügen. Für einige Regionen Deutschlands wurde die Auswahl aufgrund von Empfehlungen regionaler Artenkenner vorgenommen.

Für die ausgewählten Fundorte wurden in der Vegetationsperiode des Jahres 2015 Präsenzkontrollen durchgeführt. Die Begutachtung der Standorte und Vorkommen erfolgte im Rahmen von Werkverträgen durch regionale Botaniker und mithilfe eines standardisierten Datenerfassungsbogens. Für die Organisation und Speicherung der neu erhobenen Daten wurde eine Zugang-geschützte GE-Sell-spezifische Anwendung im webbasierten Botanischen Kartierungsportal (<http://vm323.rz.uos.de/mapportal>) erstellt. Die Anwendung ermöglicht es zu jedem Vorkommen Steckbrief- und Lagedaten darzustellen. Die Datenbank beinhaltet Informationen zu 399 im Rahmen der Präsenzkontrollen begutachteten Standorten mit bestätigten als auch nicht bestätigten Artvorkommen.

Bei 217 der 312 tatsächlich aufgesuchten Fundorte (Tab. 1) konnte eine der vier Wildselleriearten bestätigt werden. Abweichende Angaben wie in NACHTIGALL et al. und HERDEN et al. (dieser Tagungsband) ergeben sich durch die getrennte oder gemeinsame Betrachtung von Vorkommen, die aus mehreren Teilflächen bestehen. Auf Basis der Steckbriefdaten, georeferenzierten Lageangaben und

der Empfehlung der Botaniker wurden rund 25 Vorkommen je Art für die weitere Bearbeitung ausgewählt. Die Vorkommen sollten möglichst groß, vital und ungefährdet sein und in ihrer Gesamtheit je Art die Naturräume Deutschlands und Habitattypen bestmöglich abbilden. Zu diesen Vorkommen wurden in der Vegetationsperiode des Jahres 2016 zusätzliche Informationen erfasst, Blattmaterial für genetische Analysen von ca. 30 Pflanzen sowie ein Exemplar als Herbarbeleg gesammelt.

Tab. 1: Anzahl an Fundorten je Art in Deutschland, die im Jahr 2015 aufgesucht und bestätigt werden konnten, zu denen genetische Analysen stattfanden, die zur Einrichtung eines genetischen Erhaltungsgebiets (GenEG) grundsätzlich geeignet sind und für die bis zum April 2020 GenEG eingerichtet wurden.

Tab. 1: Number of sites per species visited and confirmed in Germany in 2015, for which genetic analyses were performed, which are in principle suitable for establishing a genetic reserve (GenEG) and number of GenEG established by April 2020.

Art	aufgesuchte Fundorte	bestätigte Fundorte	genet. analysierte Vorkommen	GenEG-Kandidaten	eingerichtete GenEG
<i>A. graveolens</i>	78	64	27	15	5
<i>H. repens</i>	82	64	27	14	5
<i>H. nodiflorum</i>	58	43	22	15	0
<i>H. inundatum</i>	94	46	21	11	5

Die beprobten Vorkommen wurden mittels Mikrosatelliten genetisch charakterisiert (Tab. 2). Für *A. graveolens* wurden dafür bereits publizierte Marker (ACQUADRO et al., 2006; FU et al., 2014, 2013) ausgewählt und getestet, sodass polymorphe und informative Marker identifiziert werden konnten. Für die *Helosciadium*-Arten mussten zunächst Marker entwickelt und getestet werden (HERDEN et al., 2020).

Tab. 2: Übersicht zu genetischen Analysen: Anzahl der verwendeten SSR-Marker und analysierten Vorkommen, Werte des Distanzmaß Δ_{SD} (Mittelwert aller analysierten Vorkommen je Art sowie bei den Vorkommen geringster und höchster festgestellter Wert).

Tab. 2: Overview of genetic analyses: number of SSR markers used and occurrences analysed, values of the distance measure Δ_{SD} (mean value of all occurrences analysed for each species as well as the lowest and highest obtained values for the occurrences).

Art	Anzahl SSR-Marker	genet. analysierte Vorkommen	Mittelwert (Δ_{SD})	$\Delta_{SD(j)}$ - Minimum	$\Delta_{SD(j)}$ - Maximum
<i>A. graveolens</i>	16	27	0,369	0,251	0,478
<i>H. repens</i>	6	27	0,36	0,25	0,49
<i>H. nodiflorum</i>	17	22	0,488	0,29	0,676
<i>H. inundatum</i>	15	21	0,388	0,278	0,542

Für die Auswertung wurde eine Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC; JOMBART et al., 2010) durchgeführt und der Index F_{IS} nach WRIGHT (1978) berechnet. Zur Identifikation von Vorkommen, mit denen die innerartliche genetische Diversität bestmöglich repräsentiert werden kann, wurde die Diversitätsanalyse mit dem Distanzmaß Δ (GREGORIUS et al., 2003) unter Nutzung der Software DifferInt (GILLET, 2013) durchgeführt. Mit dem Distanzmaß kann bestimmt werden, in welchem Ausmaß sich Vorkommen einer Art in ihrer genetischen Zusammensetzung unterscheiden. Für die graphische Darstellung eignet sich ein Schneckendiagramm, das in Abb. 1 für *H. repens* dargestellt ist. Der Mittelwert (Δ_{SD}) ist ein Maß für die durchschnittliche Differenzierung im gesamten Material. Δ_{SD} betrug bei allen vier Wildselleriearten weniger als 0,5 (Tab. 2). Das bedeutet, dass die Vorkommen einer Art untereinander im Durchschnitt keine starke Differenzierung aufweisen. Mit dem Maß $\Delta_{SD(j)}$ wird für ein Vorkommen j die genetische Distanz zu der gepoolten Gesamtheit der anderen untersuchten Vorkommen der Art, d. h. dem Komplement,

bestimmt. Es kann dazu genutzt werden, um für jede Art das Vorkommen zu identifizieren, welches das Komplement und damit die genetische Ausstattung der anderen untersuchten Vorkommen am besten repräsentiert (Vorkommen mit dem kleinsten $\Delta_{SD(j)}$). Außerdem kann damit jenes Vorkommen bestimmt werden, welches am stärksten in seiner genetischen Zusammensetzung vom Komplement abweicht (Vorkommen mit größtem $\Delta_{SD(j)}$). Die größere Differenz dieses Vorkommens zu den anderen wird hierbei als genetische Anpassung an spezifische Einflüsse vor Ort interpretiert. Mittels der genetischen Analyse wurden zwei Vorkommen pro Art als GenEG-Kandidat ausgewählt. Für *H. repens* waren dies das Vorkommen bei Regensburg (18R in Abb. 1, Vorkommen mit dem kleinsten $\Delta_{SD(j)}$) und das Vorkommen beim Tegernsee (22R in Abb. 1, Vorkommen mit dem größten $\Delta_{SD(j)}$; HERDEN et al., 2020). Weitere Informationen zu genetischen Analysen sind den Beiträgen von FRESE und BÖNISCH, NACHTIGALL et al., HERDEN et al. und MEWIS et al. (dieser Tagungsband) zu entnehmen.

Die Ergebnisse der genetischen Analyse für *A. graveolens* und *H. repens* sind bereits publiziert (FRESE et al., 2018b; HERDEN et al., 2020). Veröffentlichungen zu *H. nodiflorum* und *H. inundatum* sind in Vorbereitung.

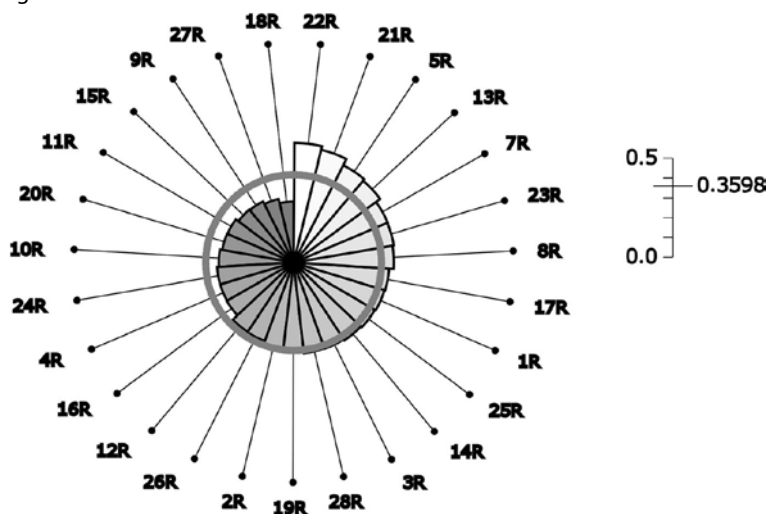


Abb. 1: Das Schneckendiagramm zeigt die Differenzierung zwischen 27 Vorkommen von *Helosciadium repens*. Jedes Segment stellt ein Vorkommen dar. Die Schenkellänge eines Segments entspricht dem Distanzmaß $\Delta_{SD(j)}$ des Vorkommens *j* als Maß für die genetische Distanz des Vorkommens zu der gepoolten Gesamtheit der anderen Vorkommen der Art. Der Radius des grauen Kreises bzw. der Wert in der Skala rechts stellt den Wert der durchschnittlichen Differenzierung zwischen den Vorkommen (Δ_{SD}) dar (HERDEN et al., 2020).

Fig. 1: The snail diagram shows the differentiation between 27 occurrences of *Helosciadium repens*. Each segment represents one occurrence. The length of a segment corresponds to the distance measure $\Delta_{SD(j)}$ of occurrence *j* as a measure of the genetic distance of the occurrence to the pooled data of all other occurrences of the species. The radius of the grey circle and the value in the scale on the right represents the value of the average differentiation between occurrences (Δ_{SD}) (HERDEN et al., 2020).

Im Anschluss an die Auswahl von zwei Vorkommen mittels der genetischen Analysen sollten für jede Art ca. zehn weitere Vorkommen als GenEG-Kandidaten gewählt werden, die die folgenden Kriterien in Anlehnung an die Mindestqualitätsstandards nach IRIONDO et al. (2012; siehe auch FRESE und BÖNISCH, dieser Tagungsband) hinreichend erfüllten: 1) Durch die Gesamtheit der ausgewählten Vorkommen soll die genetische Diversität von jeder Wildsellerieart bestmöglich repräsentiert werden. Dazu wurden solche Vorkommen ausgewählt, die in ihrer Gesamtheit (unter Berücksichtigung der mittels $\Delta_{SD(j)}$ ausgewählten Vorkommen) unterschiedliche Naturräume abdecken unter der Annahme, dass damit genetische Anpassungen an die jeweiligen ökogeographischen

Eigenschaften des Naturraums in der Auswahl enthalten sind. 2) Die Vorkommen sollen einen guten und stabilen Erhaltungszustand aufweisen. Hierfür wurden insbesondere Vorkommen mit einem großen und vitalen Bestand ausgewählt, bei denen keine akuten Gefährdungen festgestellt werden konnten bzw. bei denen die aktuelle Bewirtschaftung oder die Unterhaltungsmaßnahmen die weitere Existenz des Vorkommens ermöglichen. Vorkommen in bestehenden Schutzgebieten wurden bevorzugt ausgewählt, da dort i. d. R. von langfristig günstigen Erhaltungskonditionen auszugehen ist. Um Erfahrungen zur GenEG-Einrichtung außerhalb der bestehenden Schutzgebietskulisse zu sammeln, wurden auch einige geeignete Vorkommen ohne bestehenden Flächenschutz ausgewählt. 3) Die in die GenEG-Einrichtung und das anschließende Management einzubindenden lokalen Akteure sind kooperationsbereit (soweit bekannt). Dies sind insbesondere die Flächeneigentümer und -nutzer sowie die zuständigen Naturschutzbehörden.

Im Jahr 2018 wurden 55 Vorkommen (je 15 für *A. graveolens* und *H. nodiflorum*, 14 für den *H. repens* und 11 für *H. inundatum*; Tab. 1; Abb. 2) als GenEG-Kandidaten ausgewählt. Die Summe übersteigt die geplanten 45 einzurichtenden GenEG für den Fall, dass die Einrichtung eines oder mehrerer GenEG nicht gelingt.

Kommunikation mit lokalen Akteuren

Spätestens nach der Nominierung der Vorkommen (vorzugsweise bereits in Vorbereitung der Geländearbeit in den Jahren 2015 und 2016) erfolgte die sukzessive Identifikation, Kontaktaufnahme und Information der lokalen Akteure. Ziel war die Zusicherung von Unterstützung bei der Etablierung des GenEG durch die Flächeneigentümer und -nutzer sowie durch mindestens eine dauerhafte Institution mit naturschutzfachlichem Hintergrund (z. B. Naturschutzbehörden, örtlich aktive Naturschutzorganisationen oder Unterhaltungsverbände). Dies gestaltete sich i. d. R. als sehr zeitaufwendig, da die Kommunikation überwiegend Vorkommen- und Akteur-spezifischen Direktkontakt erforderte. Dieser wurde durch eine Broschüre und eine Webseite mit kompakten sowie weiterführenden Informationen ergänzt (siehe auch FRESE und BÖNISCH, dieser Tagungsband).

Das Betreten von Flurstücken und die Entnahme von Pflanzenmaterial erfordern ggf. privatrechtliche Einverständnisse sowie Befreiungen oder Genehmigungen entsprechend der Naturschutzgesetze und Schutzgebietsverordnungen. Aus diesem Grund wurden erforderliche Einverständnisse so früh wie möglich von den Flächeneigentümern und -nutzern sowie ggf. von zuständigen Naturschutzbehörden für alle (potentiell) zu betretenden Flächen eingeholt.

Vorbereitungen zur GenEG-Einrichtung

Im Jahr 2018 und 2019 fand parallel zur weiteren Identifikation und Information der lokalen Akteure die Planung der GenEG statt. Dazu waren insbesondere die Lage der GenEG zu verorten und standortspezifische Pflegepläne zu erstellen. Im Rahmen der dazu erforderlichen Geländearbeit sollten zudem Saatgutproben zur Einlagerung von Rückstellmustern in die Genbank für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (Genbank WEL; siehe BORGMANN et al., dieser Tagungsband) gesammelt werden. Die Sammlung erfolgte entsprechend der ENSCONET-Sammelanleitung (http://ensconet.maich.gr/PDF/Collecting_protocol_German.pdf). Diese sieht vor, dass maximal 20 % der verfügbaren reifen Samen gesammelt werden, sodass der Bestand durch die Entnahme nicht gefährdet wird. Des Weiteren wurden vor Ort Monitoring-Quadranten eingerichtet und Informationen zur Demographie des Vorkommens erhoben. Sie stellen die Vergleichsgrundlage für kommende Monitoringaktivitäten dar. Die Arbeiten erfolgten durch örtliche Naturschutzgruppen und Biologen, welche die GenEG i. d. R. auch künftig unterstützen möchten.

Für die langfristige Speicherung der Daten zu GenEG wird seit dem Jahr 2019 die GE-Sell-Anwendung beim Portal Deutschlandflora.de (<https://netzwerk-wildsellerie.deutschlandflora.de>) neu implementiert. Durch die Integration in der mit dem Bundesamt für Naturschutz assoziierten

Artendatenbank, stehen die im Rahmen des GE-Sell-Projektes und Netzwerk Wildsellerie erhobenen Daten auch dem Naturschutz und der interessierten Öffentlichkeit zur Verfügung.

Die GenEG-Einrichtung

Der erarbeitete Pflegeplan sowie die georeferenzierte Verortung des GenEG war die Grundlage für die Abstimmung mit lokalen Akteuren zur formalen Einrichtung der GenEG. Neben Informationen zum aktuellen Zustand des Vorkommens erhielten die Akteure einen Überblick über die zur Umsetzung des GenEG erforderlichen Maßnahmen, über die Ziele des Netzwerk Wildsellerie und die vorgesehene Zusammenarbeit der Netzwerkpartner. Für die Einrichtung und das Betreiben eines GenEG ist die Einigung mit allen die Fläche betreffenden Beteiligten erforderlich. Dies betrifft insbesondere die Erlaubnis die Fläche für die Datenerfassung, das Monitoring, die Materialentnahme und die Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen zu betreten sowie gesammeltes Saatgut in die Genbank WEL einzulagern und von dieser zu SMTA-Bedingungen abzugeben (siehe auch THORMANN, dieser Tagungsband). Diese Erlaubnis kann nur der Flächeneigentümer und ggf. zusätzlich der Flächennutzer erteilen. Dafür eignet sich eine Einverständniserklärung. Liegen GenEG in bestimmten Schutzgebieten, ist darüber hinaus, auch in Vorbereitung des Flächenbesuchs, die Genehmigung der Naturschutzbehörde einzuholen. Als Weiteres sollte mindestens eine Institution als dauerhafter Partner (z. B. Naturschutzinstitution, Gemeinde) die Erhaltung des Vorkommens unterstützen. Auch hierfür eignet sich eine Erklärung. Der Entwurf der Einverständniserklärung des Eigentümers/ Nutzers und der Erklärung der unterstützenden Institution wurde im Projekt unter Mitarbeit des JKI-Justizariats erarbeitet (<https://netzwerk-wildsellerie.julius-kuehn.de/index.php?menuid=28>).

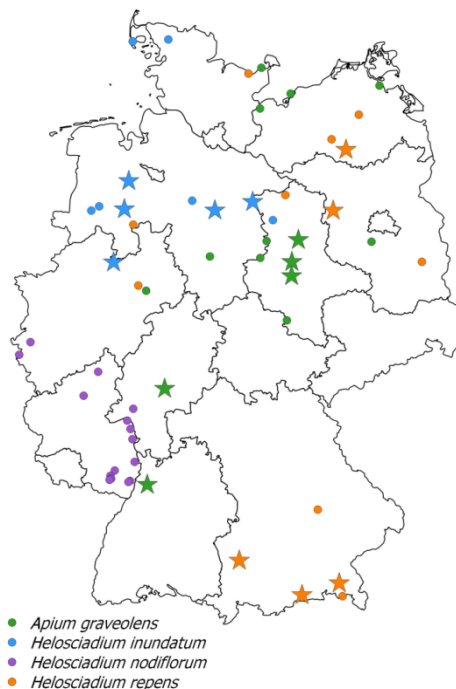


Abb. 2: Vorkommen der vier Wildselleriearten in Deutschland, für die bereits genetische Erhaltungsgebiete eingerichtet wurden (Symbol: Stern) bzw. für die wir die Einrichtung vorschlagen (Symbol: Punkt); Stand: April 2020; (Karte: M. BÖNISCH (JKI), © GeoBasis-DE / BKG (2016)).

Fig. 2: Occurrences of the four wild celery species in Germany for which genetic reserves have already been established (symbol: star) or for which we propose an establishment (symbol: dot); as of April 2020; (Map: M. BÖNISCH (JKI), © GeoBasis-DE / BKG (2016)).

Akteure, die erklären, dass sie die Erhaltung eines Wildsellerievorkommens unterstützen, erhalten in Anerkennung ihres Engagements eine Urkunde der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE). Alle Unterstützer eines GenEG bilden zusammen mit der zentralen Koordinationsstelle, d. h. der Fachstelle Wildsellerie, den Kooperationsverbund zur Erhaltung des GenEG. Die Fachstelle Wildsellerie ist seit Mai 2019 durch Erlass des Bundesministeriums für Landwirtschaft und Ernährung (BMEL) mit der dauerhaften Koordination und Erweiterung des Netzwerk Wildsellerie beauftragt und am Julius Kühn-Institut (JKI) angesiedelt. Die Fachstelle Wildsellerie

- ist der Ansprechpartner für die lokalen Akteure,
- unterstützt das Monitoring in GenEG sowie die Erstellung von Pflegeplänen,
- ist verantwortlich für die Aufrechterhaltung und den Ausbau des Netzwerk Wildsellerie,
- sammelt, sichert und pflegt Daten zu GenEG und weiteren Wildsellerievorkommen und bindet das Netzwerk Wildsellerie in das übergeordnete „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“ ein.

Die ersten fünf GenEG wurden zum Juni 2019 eingerichtet. Auf der Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul des Artenschutzes“ fand dazu die feierliche Übergabe der Urkunden an Personen und Organisationen statt, welche die Erhaltung eines Vorkommens unterstützen (Abb. 3). Bis zum April 2020 wurden für zehn weitere Vorkommen GenEG eingerichtet (Abb. 2). Derzeit bestehen folgende GenEG:

für *A. graveolens*

- bei Ubstadt-Weiher in Baden-Württemberg
- bei Sülzetal in Sachsen-Anhalt
- bei Staßfurt in Sachsen-Anhalt
- bei Wolmirstedt in Sachsen-Anhalt
- bei Nidda in Hessen

für *H. repens*

- am Rathenow in Brandenburg
- beim Chiemsee in Bayern
- bei Mindelheim in Bayern
- beim Tegernsee in Bayern
- an der Müritz in Mecklenburg-Vorpommern

für *H. inundatum*

- bei Warendorf in Nordrhein-Westfalen (siehe HÖVELMANN et al., dieser Tagungsband)
- in der Aller-Talsandebene in Niedersachsen
- bei Wittingen in Niedersachsen
- bei Dinklage in Niedersachsen
- bei Oldenburg in Niedersachsen



Abb. 3: Auf der Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul des Artenschutzes“ wurden die ersten Urkunden an Personen und Organisationen übergeben, welche die Erhaltung von Wildsellerie-Vorkommen unterstützen (Foto: S. HAHN (JKI)).

Fig. 3: At the conference "Genetic reserves for crop wild relatives – a new module to strengthen species conservation" the first certificates were handed over to persons and organisations supporting the conservation of wild celery (photo: S. HAHN (JKI)).

Die Fachstelle Wildsellerie arbeitet derzeit an der Einrichtung von weiteren 30 GenEG, um das Ziel von 45 GenEG in den kommenden Monaten zu erreichen.

Diskussion

Mit dem Modell- und Demonstrationsvorhaben gelang es die ersten GenEG in Deutschland einzurichten und den Einrichtungsprozess zu etablieren bzw. Handlungserfordernisse aufzuzeigen (siehe FRESE und BÖNISCH, dieser Tagungsband). Das deutsche Netzwerk Wildsellerie wird alle in Deutschland vorkommenden Arten des Genpools einer Kulturpflanze abdecken. Das erarbeitete Verfahren kann für den Aufbau eines europäischen Netzwerks von GenEG für Wildselleriearten sowie von Netzwerken von GenEG für weitere WEL entsprechend des floristischen Lösungsansatzes (z. B. bei WEL-Hotspots) oder des Schirmartenansatzes (IRIONDO, 2012) genutzt werden, um unsere pflanzengenetischen Ressourcen zu sichern. Damit leistet es zusammen mit weiteren Projekten mit WEL-Bezug (siehe THORMANN, dieser Tagungsband) einen wichtigen Beitrag zu den Arbeiten des Europäischen Kooperationsprogramms für pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR) und weiterer internationaler Initiativen wie z. B. Farmers Pride (<http://www.farmerspride.eu>). Von entscheidender Bedeutung ist die Einrichtung einer zentralen Stelle, die das Netzwerk auch nach dessen Gründung aufrecht hält. In der Regel ist dafür eine dauerhafte Finanzierung erforderlich. Beim GE-Sell-Projekt gelang diese Verstetigung durch die Einrichtung der Fachstelle Wildsellerie am JKI durch das BMEL.

Im GE-Sell-Projekt wurden Vorkommen für die Ausweisung von GenEG anhand von Basisdaten und den durch das Projektteam pragmatisch interpretierten Kriterien von IRIONDO et al. (2012) ausgewählt. Dies erleichterte die Initiierung des Netzwerks. Mögliche Veränderungen von Artvorkommen in der Zukunft durch sich ändernde Habitatbedingungen konnten hierbei jedoch

nur in geringem Maß berücksichtigt werden. Es ist unklar, wie mit der räumlichen Wanderung von Populationen, z. B. aufgrund klimawandelbedingter Verschiebungen von Wuchsarealen, umzugehen ist, da GenEG, wie andere Schutzgebiete auch, lagekonkret eingerichtet werden. Auch die Wildsellerie-Populationen könnten von dieser Problematik betroffen sein. Als Arten, die an mäßig-feuchten bis nassen Standorten vorkommen, sind sie besonders durch Austrocknen ihrer Wuchsorte bei längeren Dürrephasen gefährdet. Der Verlust von geeigneten Habitaten wird durch den fortdauernden Landnutzungswandel (z. B. Verlandung kleiner von *H. inundatum* besiedelter Tümpel) noch verschärft.

Durch die Einrichtung der ersten GenEG in Europa konnten Akteure aus dem Naturschutzsektor für die Erhaltung von pflanzengenetischen Ressourcen sensibilisiert werden. Im Naturschutz wird die Intention des vom BMEL geförderten Ansatz zur Erhaltung von Arten zwar positiv bewertet, häufig gleichzeitig aber auch mit der Frage nach der Finanzierung von Maßnahmen verbunden, die bisher in der bestehenden Struktur noch nicht konkret vorgesehen ist. Grundsätzlich ist der Mehrwert bzw. Anreiz für die lokalen Akteure noch gering, da neben dem Erkenntnisgewinn zum Vorkommen durch ggf. finanzierte Studien lediglich eine Urkunde in Anerkennung des Engagements zur Erhaltung der Art übergeben wird. Für Akteure, die Öffentlichkeitsarbeit betreiben oder diese Urkunde als persönliche Wertschätzung anerkennen, kann dies genügen. Die meisten Akteure betonen jedoch, dass der eigentliche Anreiz eine direkte Finanzierung der Management-Maßnahmen wäre, die jedoch bisher nicht vorgesehen ist. Somit profitieren wir häufig von dem Engagement, dass die Akteure bereits zur Unterhaltung oder Pflege des Vorkommens aufbringen.

Zwiespältig sind auch die aktuellen GenEG-Rahmenbedingungen zu betrachten, da lokale Akteure keine rechtliche Verpflichtung zur Einrichtung der GenEG eingehen. Die Arbeiten bis zur Einrichtung eines GenEG sind aufwändig. Eine Einverständniserklärung zum Betreten einer Fläche und Besammeln der Population sowie die Erklärung, die Erhaltung der Art zu unterstützen, kann jedoch jederzeit ohne eine Frist widerrufen werden. Die Abhängigkeit von den lokalen Akteuren ist sicherlich eine Schwachstelle der aktuellen Konzeption. Dennoch hat diese organisatorische Vorgehensweise einen wesentlichen Vorteil: Durch die Unverbindlichkeit sind lokale Akteure i. d. R. dazu bereit die Einrichtung eines GenEG zu unterstützen und eine Erklärung zu unterzeichnen. Bei einigen Flächeneigentümern und -nutzern bestehen jedoch Befürchtungen, dass sich aus der Beteiligung am Netzwerk Wildsellerie zukünftig Verpflichtungen ergeben könnten, die sie in der Entscheidungsfreiheit über ihre Ressourcen einschränken. Es gelingt nicht immer diese Befürchtungen zu zerstreuen.

Die Fortführung des Netzwerk Wildsellerie wird zeigen, wie und ob die weitere Zusammenarbeit der Akteure und die Erhaltung der Vorkommen in dieser Weise gelingen oder ob das Konzept weiterentwickeln ist. Die bisherigen Erfahrungen lassen auf eine positive Entwicklung schließen.

Danksagung

Für die hervorragende Zusammenarbeit und die vielfältigen Hilfestellungen danken wir den Kartierern, den beteiligten Behörden, den beteiligten Naturschutzstationen und -vereinen sowie den engagierten Eigentümern, Bewirtschaftern und Unterstützern, deren Mithilfe maßgeblich zum Erfolg des GE-Sell-Vorhabens beitrug und die sich vielfach auch künftig für die Erhaltung der Wildsellerievorkommen einsetzen möchten. Das Vorhaben wurde gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), Förderkennzeichen 2814BM110 bis 112.

Literatur

- ACQUADRO, A., F. MAGURNO, E. PORTIS, S. LANTERI, 2006: DbEST-derived microsatellite markers in celery (*Apium graveolens* L. var. *dulce*). *Molecular Ecology Notes* **6**: 1080–1082.
- BILZ, M., S. KELL, N. MAXTED, R. V. LANSDOWN (Hrsg.), 2011: European red list of vascular plants. Publications Office of the European Union, Luxemburg.

- DOWNIE, S.R., M. F. WATSON, K. SPALIK, D. S. KATZ-DOWNIE, 2000: Molecular systematics of Old World Apioideae (Apiaceae): Relationships among some members of tribe Peucedaneae *sensu lato*, the placement of several island-endemic species, and resolution within the apioid superclade. *Canadian Journal of Botany* **78**, 506–528.
- FRESE, L., M. BÖNISCH, T. HERDEN, M. ZANDER, N. FRIESE, 2018a: In-situ-Erhaltung von Wildselleriearten. *Natur und Landschaftsplanung* **50(5)**, 155–163.
- FRESE, L., M. BÖNISCH, M. NACHTIGALL, U. SCHIRMAK, 2018b: Patterns of genetic diversity and implications for *in situ* conservation of wild celery (*Apium graveolens* L. ssp. *graveolens*). *Agriculture* **8**, 129.
- FU, N., P.-Y. WANG, X.-D. LIU, H.-L. SHEN, 2014: Use of EST-SSR markers for evaluating genetic diversity and fingerprinting celery (*Apium graveolens* L.) cultivars. *Molecules* **19**, 1939–1955.
- FU, N., Q. WANG, H.-L. SHEN, 2013: *De novo* assembly, gene annotation and marker development using Illumina paired-end transcriptome sequences in celery (*Apium graveolens* L.). *PLOS ONE* **8**, e57686.
- GILLET, E.M., 2013: *DifferInt*: Compositional differentiation among populations at three levels of genetic integration. *Molecular Ecology Resources* **13**, 953–964.
- GREGORIUS, H.-R., F. BERGMANN, C. WEHENKEL, 2003: Analysis of biodiversity across levels of biological organization – A problem of defining traits. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics* **5(4)**, 209–218.
- HERDEN, T., M. BÖNISCH, N. FRIESE, 2020: Genetic diversity of *Helosciadium repens* (Jacq.) W.D.J. Koch (Apiaceae) in Germany, a crop wild relative of celery. *Ecology and Evolution* **10**, 875–890.
- IRIONDO, J.M., 2012: CWR umbrella conservation approach. Working document prepared by AEGRO, Annex 9_2, <http://aegro.jki.bund.de/aegro/index.php?id=174> (aufgerufen am 23.05.2019).
- IRIONDO, J., N. MAXTED, S. KELL, B. FORD-LLOYD, C. LARA-ROMERO, J. LABOKAS, J. M. 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 Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CAB International, Wallingford, UK, 72–77.
- 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.
- KARA, Y., 2014: The uptake of nickel and copper from water by *Apium nodifolium* (L.) Lag. *Bioscience Research* **11**, 20–24.
- 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. A. PINHEIRO DE CARVALHO (Hrsg.) *Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CAB International, Wallingford, UK, 7–19.
- KRUMBIEGEL, A., S. KLEIN, M. BÖNISCH, L. FRESE, 2015: Aktuelle Bestandssituation von *Apium graveolens*, *Helosciadium inundatum* und *H. repens* an ausgewählten Fundorten in Sachsen-Anhalt und Thüringen. *Mitteilungen zur floristischen Kartierung in Sachsen-Anhalt* **20**, 55–61.
- 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., S. KELL, 2009: Establishment of a global network for the *in situ* conservation of crop wild relatives: status and needs. *FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture*, Rom, Italien. 266 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. TÄUBER, 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.
- QUIROS, C.F., 1993: Celery: *Apium graveolens* L., In: KALLOO, G., B. O. BERGH (Hrsg.) *Genetic Improvement of Vegetable Crops*. Pergamon, Amsterdam, Niederlande, 523–534.
- RINGEL, H., 2017: Wilder Sellerie in Mecklenburg-Vorpommern. *Botanischer Rundbrief für Mecklenburg-Vorpommern* **54**, 16–25.
- 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.
- TRUMBLE, J. T., W. DERCKS, C. F. QUIROS, R. C. BEIER, 1990: Host plant resistance and linear furanocoumarin content of *Apium* accessions. *Journal of Economic Entomology* **83**, 519–525.
- TRUMBLE, J. T., M. M. DIAWARA, C. F. QUIROS, 2000: Breeding resistance in *Apium graveolens* to *Liriomyza trifolii*: Antibiosis and linear furanocoumarin content. *Acta Horticulturae* **513**, 29–37.
- WRIGHT, S., 1978: Evolution and the genetics of populations: A treatise in four volumes: Vol. 4: Variability within and among natural populations. University of Chicago Press.

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 pflanzen genetische 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.

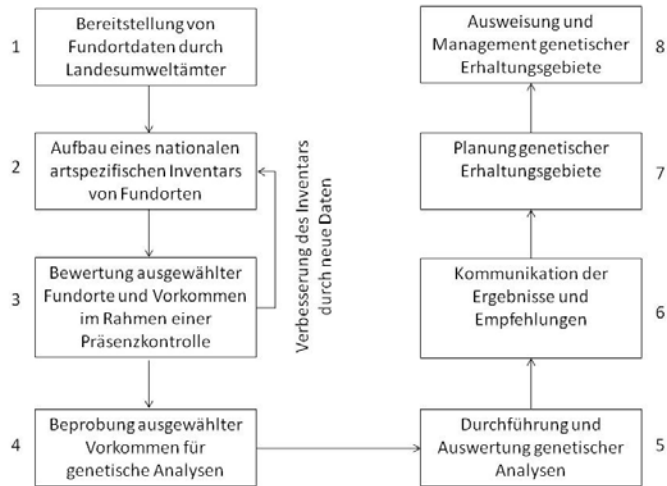


Abb. 1: Leitfaden für die Identifikation von Vorkommen und die Ausweisung von Flächen als genetische Erhaltungsgebiete (aus FRESE et al., 2018b).

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.

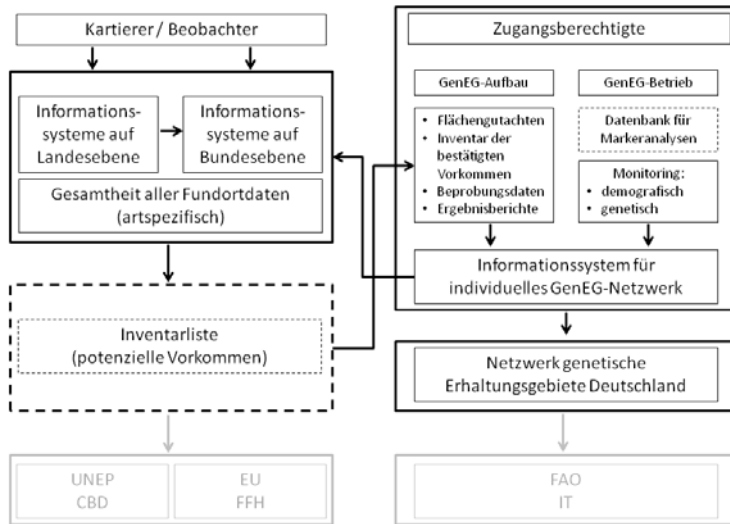


Abb. 2: Datenfluss dargestellt am Modell- und Demonstrationsvorhaben GE-Sell. Daten aus der floristischen Kartierung und anderen Quellen sind in Informationssystemen des Naturschutzes enthalten. Planer eines artspezifischen Netzwerks Genetischer Erhaltungsgebiete (GenEG) erhalten Datenbankauszüge und 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.

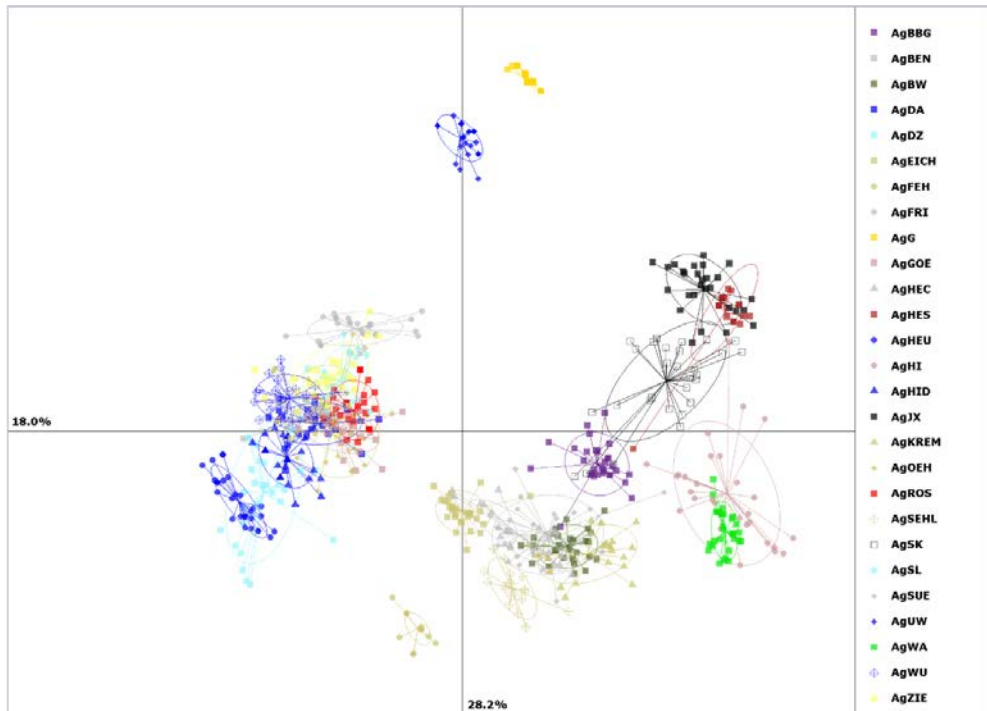


Abb. 3: Dargestellt ist das Ergebnis einer Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC; JOMBART et al., 2010) bei *Apium graveolens* subsp. *graveolens* (FRESE et al., 2018a). Jeder Datenpunkt stellt eine Einzelpflanze dar, die mithilfe von Mikrosatelliten charakterisiert wurde. Die Farben kennzeichnen 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.

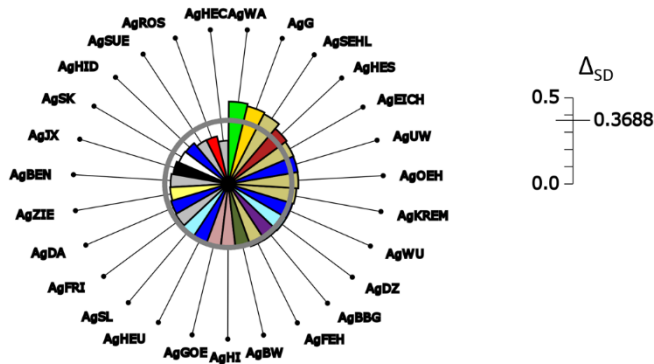


Abb. 4: Dargestellt ist, in welchem Maße die genetische Zusammensetzung eines Vorkommens von *Apium graveolens* subsp. *graveolens* mit der genetischen Zusammensetzung seines Komplements übereinstimmt (FRESE et al., 2018a). Jeder Sektor repräsentiert ein Vorkommen. Die Schenkellänge eines Sektors entspricht 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 Interessenvertreter)	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.

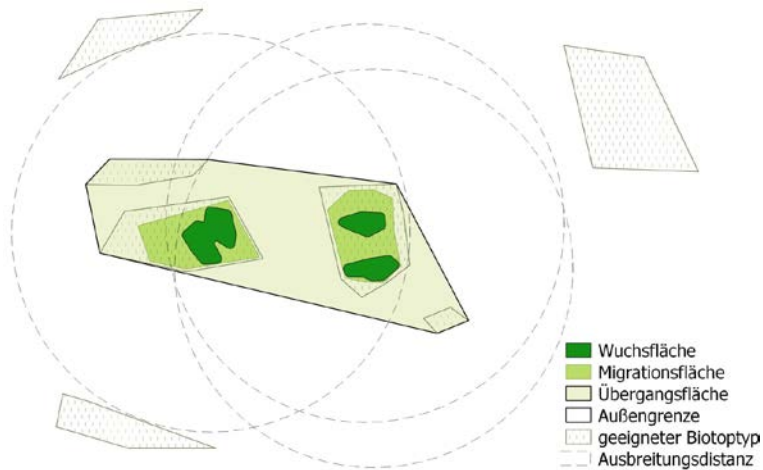


Abb. 7: Das Modell eines genetischen Erhaltungsgebietes in Anlehnung an HAWKES et al. (1997). Dargestellt sind die Wuchsfächen der Zielart, die Migrationsflächen, die aus zur Besiedelung durch die Zielart geeigneten angrenzenden Flächen besteht, und die Übergangsfläche, welche sich aus nahen Flächen 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.

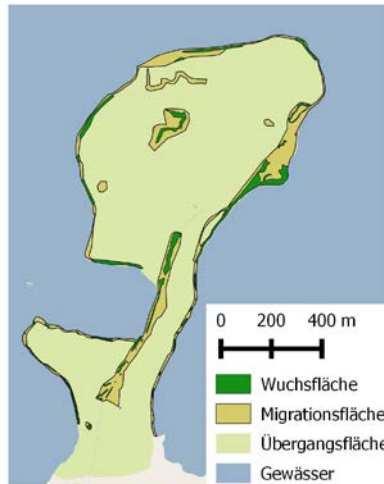


Abb. 8. Im Jahr 2019 eingerichtetes genetisches Erhaltungsgebiet für eine Wildsellerieart. Bei der Kartierung wurden die Wuchs-, Migrations- und Übergangsflächen erfasst. Es befindet sich innerhalb eines Naturschutzgebiets. Die Ortsbezeichnung ist aus Gründen des Artenschutzes nicht abgebildet. (Flächenagentur 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.

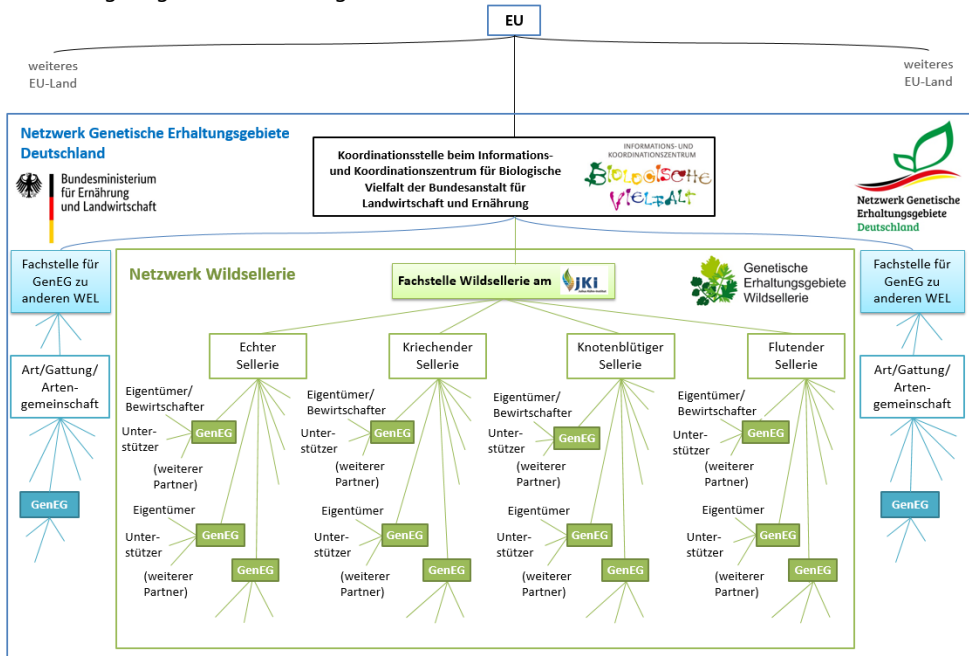


Abb. 9: Dargestellt ist der Aufbau des Netzwerk Wildsellerie und dessen Einbindung in nationale und internationale Strukturen. Der Zusammenschluss aus jeweils 10 bis 12 genetischen Erhaltungsgebieten (GenEG) bildet ein artspezifisches Netzwerk. Das Netzwerk Wildsellerie setzt sich aus allen vier artspezifischen 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. NEFF, 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.

Historisch altes Grünland – Bedeutung und Bewirtschaftung aus Naturschutzsicht

Historically old grassland – importance and management from a nature conservation point of view

Burkhard Schall

Regierungspräsidium Tübingen, Referat 56 – Naturschutz und Landschaftspflege, Konrad-Adenauer-Straße 20, 72072 Tübingen

burkhard.schall@rpt.bwl.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.004

Zusammenfassung

Im Regierungsbezirk Tübingen wurden im Rahmen des Modell- und Demonstrationsvorhabens „Identifikation und Erhaltung historisch alten Grünlandes“ verschiedene Flächen als historisch altes Grünland identifiziert. Diese Flächen sind potentiell geeignet als genetische Erhaltungsgebiete für Grünland.

Die untersuchten Flächen umfassen Kalk-Magerrasen (insbesondere Wacholderheiden), und (artenreiche) Glatthaferwiesen auf der schwäbischen Alb sowie Feuchtwiesen und Pfeifengras-Streuwiesen in Oberschwaben.

Die untersuchten Kalk-Magerrasen sind geschützte Biotope § 30 BNatschG und Lebensraumtypen nach Anhang I der FFH-Richtlinie (FFH-LRT). Sie haben sowohl für den Schutz von Pflanzenarten als auch von Tierarten eine hohe Bedeutung. Geänderte ökonomische Rahmenbedingungen in der Landwirtschaft und Stickstoffeinträge über die Luft führen zu Veränderungen in der Vegetation, auf die durch ein spezifisches Pflegemanagement (Vertragsnaturschutz) reagiert werden muss.

Artenreiche Glatthaferwiesen sind als FFH-LRT geschützt. Der landes- und bundesweite Erhaltungszustand ist schlecht. Die Bedeutung für die tierische Ernährung nimmt seit Jahrzehnten ab. Die Erhaltung der Flächen erfolgt deshalb durch spezielle Förderung und über Vertragsnaturschutz.

Feuchtwiesen sind nach § 30 BNatschG als Biotop geschützt. Sie kommen typischerweise in Auen oder auf Niedermoorstandorten vor und sind i. d. R. floristisch sehr artenreich. Die landwirtschaftliche Bedeutung ist heute sehr gering; die Bewirtschaftung erfolgt deshalb überwiegend über Vertragsnaturschutz.

Pfeifengras-Streuwiesen sind als Biotope durch das NatschG BW und als FFH-LRT geschützt. Sie haben eine sehr hohe Bedeutung für den Artenschutz. Früher auch auf wechsellässigen mineralischen Standorten verbreitet, kommen sie heute in Oberschwaben fast nur noch auf Moorböden vor. Als oligotrophe Lebensräume sind sie stark durch Eutrophierung gefährdet. Auf Grund von Moordegradation können sie auf vielen Niedermoorstandorten langfristig nicht mehr erhalten werden.

Für alle untersuchten historisch alten Grünlandflächen gilt, dass es starke Verschiebungen in der Artenzusammensetzung gibt. Diese lassen sich nur zum Teil über ein angepasstes Management ausgleichen.

Stichwörter: Grünland, Erhaltung, Bewirtschaftung, genetisches Erhaltungsgebiet

Abstract

Within the framework of the model and demonstration project "Identification and Conservation of Historically Old Grassland", various areas in the administrative district of Tübingen were identified as historically old grassland. These areas are potentially suitable as genetic conservation areas for grassland.

The investigated areas include limestone grasslands (especially juniper heaths) and (species-rich) smooth oat meadows on the Swabian Alb as well as wet meadows and moor grass meadows in Upper Swabia.

The low calcareous grasslands investigated are protected biotopes § 30 BNatschG and habitat types according to Annex I of the FFH Directive (FFH-LRT). They are of great importance for the protection of both plant and animal species. Changing economic conditions in agriculture and nitrogen inputs via the air lead to changes in the vegetation, to which a specific care management (contractual nature conservation) has to respond.

Species-rich smooth oat meadows are protected as FFH-LRT. The statewide and nationwide conservation status is poor. The importance for animal nutrition has been declining for decades. The conservation of the areas is therefore carried out through special subsidies and contractual nature conservation.

Wet meadows are protected as biotopes according to § 30 BNatschG. They typically occur in floodplains or on fen sites and are usually very species-rich in floristic terms. The agricultural importance is very low today; therefore, the management is predominantly carried out by contractual nature conservation.

Pipe grass litter meadows are protected as biotopes by the NatschG BW and as FFH-LRT. They are very important for the protection of species. In the past, they were also widespread on alternating mineral sites, but today they occur almost exclusively on moor soils in Upper Swabia. As oligotrophic habitats, they are highly endangered by

eutrophication. Due to bog degradation, they can no longer be preserved on many lowland bog sites in the long term.

For all historically old grasslands investigated, there are major shifts in the species composition. These can only be partially compensated through adapted management.

Keywords: pasture land, conservation, management, genetic reserve

Netzwerk Wildobst: Möglichkeiten und Grenzen der In-situ-Erhaltung von verwandten Wildarten am Beispiel von Wildobstarten in Wald und Forstwirtschaft

Network Wild Fruit Species: Opportunities and limitations of in situ conservation of related wild species at the example of wild fruit species in forests and forestry

Heino Wolf* und Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“

Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum für Wald und Forstwirtschaft, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna
*Korrespondierender Autor, Heino.Wolf@smul.sachsen.de
DOI 10.5073/jka.2020.466.005

Zusammenfassung

Deutschland ist zu 32 % mit Wald bedeckt. Die Verteilung des Waldes in der Landschaft, seine Artenzusammensetzung und seine Struktur sind das Ergebnis menschlicher Einflussnahme von unterschiedlicher Intensität. Hierzu gehören zum Beispiel die Rodung von Wäldern auf 2/3 der Fläche, die Übernutzung der verbliebenen Wälder, die Bevorzugung wirtschaftlich bedeutender Baumarten und Veränderungen der Standorte sei es durch Streunutzung oder Luftverschmutzung. Dadurch wurden die Vorkommen vieler anspruchsvoller Laubbaumarten stark zurückgedrängt, von Natur aus seltene Arten noch seltener. Zu der zuletzt genannten Gruppe von Baumarten zählen auch Wildobstarten wie der Wildapfel (*Malus sylvestris* [L.] MILL.), die Wildbirne (*Pyrus pyraeaster* [L.] BURGSD.) oder die Vogelkirsche (*Prunus avium* L.).

Im vorliegenden Beitrag werden zunächst die Ziele, Strategien und Aktivitäten zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland vorgestellt. Die Arbeiten werden seit 1985 auf der Grundlage eines im Auftrag des Bundesrates erarbeiteten nationalen Konzeptes durch die heutige Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ koordiniert und von den zuständigen forstlichen Institutionen der Länder zusammen mit Institutionen des Bundes durchgeführt.

Von den drei Wildobstarten Wildapfel, Wildbirne und Vogelkirsche besitzt letztere die größte ökonomische und damit waldbauliche Bedeutung. Die Vogelkirsche unterliegt dem Forstvermehrungsgutgesetz. Sie kommt in ganz Deutschland vor, nimmt jedoch mit unter einem Prozent nur einen geringen Anteil an der Waldfläche ein. Auf Grund ihrer Bedeutung haben Erhaltungsmaßnahmen bei der Vogelkirsche sowohl in situ als auch ex situ stetig zugenommen. Darüber hinaus ist die Vogelkirsche Gegenstand von weiterführenden genetischen Untersuchungen und züchterischen Arbeiten.

Im Gegensatz zur Vogelkirsche sind Wildapfel und Wildbirne sehr seltene und in ihrem Bestand bedrohte Wildobstarten. Eine erste bundesweite Erhebung von Vorkommen dieser Arten fand im Rahmen des Vorhabens „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland“ statt, das durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft gefördert wurde. Im Ergebnis der Erhebungen konnte ein Großteil der in Deutschland auf Waldstandorten noch vorhandenen Wildäpfel und Wildbirnen erfasst werden. Unter Berücksichtigung der Anzahl Individuen, der Altersstruktur und der Vitalität der jeweiligen Vorkommen müssen 80 % der erfassten Vorkommen als gefährdet eingestuft werden.

Am Beispiel von Ergebnissen des ebenfalls vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft geförderten Modell- und Demonstrationsvorhabens „Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen“ werden die Möglichkeiten und Grenzen der In-situ-Erhaltung seltener Wildobstarten im Wald und in der Forstwirtschaft vorgestellt und diskutiert. Bei der Umsetzung der Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Ressourcen von Wildobstarten kommt den öffentlichen Forstbetrieben des Bundes und der Länder einschließlich der Beratung von privaten und kommunalen Forstbetrieben eine besondere Rolle zu.

Stichwörter: In-situ-Erhaltung, forstliche Genressourcen, Wildobstarten, Möglichkeiten, Grenzen, Wald, Forstwirtschaft

Abstract

In Germany, about 32% of the total land area is covered by forests. Their distribution in the landscape, their species composition and their structures are the result of human influences of different intensity. These include the removal of forests on 2/3 of the area, the over-exploitation of the remaining forests, the preference of economically important trees species and the changes of site conditions whether by littering or by air pollution. Through these the occurrences of many demanding broadleaved species were forced back a lot, by nature rare species still more scarcely. To the latter mentioned group of tree species also the wild fruit species belong to

such as Wild apple (*Malus sylvestris* [L.] MILL.), Wild pear (*Pyrus pyraster* [L.] BURGSD.) or Wild cherry (*Prunus avium* L.).

In the following contribution, the objectives, strategies and activities are described for the conservation and sustainable utilization of forest genetic resources in Germany. Based on a national concept commissioned by the Bundesrat, the work is coordinated by the Federal-State-Working Group "Forest Genetic Resources and Legislation on Forest Reproductive Material" and carried out by the forest institutions in charge of the states together with federal institutions since 1985.

From the three Wild fruit species Wild apple, Wild pear and Wild cherry, the latter has the greatest economical and therefore silvicultural importance. Wild cherry is subject to the Law on Forest Reproductive Material. Wild cherry occurs in all Germany, however has a very small share on the forest area of less than one percent. Due to its importance, conservation activities related to Wild cherry have increased steadily *in situ* as well as *ex situ*. Over and above Wild cherry is object of further genetic research and breeding activities.

In opposite to Wild cherry, Wild apple and Wild pear are very rare and endangered species. A first assessment of occurrences on the national level was done with the project "Assessment and Documentation of Genetic Resources of Rare and Endangered Tree Species in Germany" promoted by the Federal Ministry for Food and Agriculture. It was possible to assess most of the wild apples and wild pears growing on forest sites in Germany. Taking into account the number of individuals, the age structure and the vitality of the respective occurrences, 80% of the occurrences assessed must be considered as endangered.

At the example of the project "Conservation of the within Species Variation of Wild Fruit Species indigenous to Saxony" also promoted by the Federal Ministry for Food and Agriculture, the opportunities and limitations of the *in situ* conservation of rare wild fruit species in forests and forestry are presented and discussed. For the implementation of activities for the conservation of genetic resources of wild fruit species public forest enterprises of the Federal Government as well as the State Governments have a specific responsibility including the advice of private and municipal owned forest enterprises.

Keywords: *in situ* conservation, forest gene resources, wild fruit tree species, possibilities, limitations, forests, forestry

Einleitung

Wälder bedecken in Deutschland eine Fläche von ca. 11,4 Millionen Hektar. Dies ist nahezu ein Drittel der Landfläche (BWI³, 2014). Der überwiegende Teil der Wälder wird im Rahmen einer nachhaltigen Forstwirtschaft genutzt. Die Zusammensetzung der Wälder wird derzeit durch vier Baumarten Gewöhnliche Fichte (*Picea abies* [L.] KARST.), Waldkiefer (*Pinus sylvestris* L.), Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.), Trauben- (*Quercus petraea* L.) und Stieleiche (*Quercus robur* L.) bestimmt, die zusammen 73,5 % der Waldfläche einnehmen (BWI³, 2014). Dabei ist diese Artenzusammensetzung ebenso wie die Verteilung in der Landschaft und Struktur der Wälder das Ergebnis menschlicher Einflussnahme von unterschiedlicher Intensität. Hierzu gehören zum Beispiel die Rodung von Wäldern auf 2/3 der Fläche, die Übernutzung der verbliebenen Wälder, die Bevorzugung wirtschaftlich bedeutender Baumarten und Veränderungen der Standorte sei es durch Streunutzung oder Luftverschmutzung. Dadurch wurden die Vorkommen vieler anspruchsvoller Laubbaumarten stark zurückgedrängt, von Natur aus seltene Arten noch seltener. Zu der letzten Gruppe von Baumarten zählen auch Wildobstarten wie der Wildapfel (*Malus sylvestris* [L.] MILL.), die Wildbirne (*Pyrus pyraster* [L.] BURGSD.) oder die Vogelkirsche (*Prunus avium* L.).

Abgesehen von ihrer Seltenheit besitzen die genannten Baumarten einen großen ökologischen und potenziell ökonomischen Wert. Sie sind Bestandteile sowohl der natürlichen Ökosysteme als auch der Kulturlandschaft. Als „wilde“ Verwandte der seit über 2.000 Jahren gezüchteten Kultursorten stellen sie auch ein potenzielles Reservoir für Resistenzeigenschaften dar. Aufgrund ihrer Seltenheit, der meist sehr geringen Vorkommensgröße, der oft nicht erfolgreichen Naturverjüngung sowie der Hybridisierung mit Kultursorten sind die Wildobstarten in unterschiedlichem Ausmaß gefährdet (KLEINSCHMIDT, STEPHAN, 1998; BLE, 2015). Bereits seit den 1980er Jahren stehen Wildobstarten im Fokus von Maßnahmen zur Erhaltung forstlicher Genressourcen. In diesem Zusammenhang förderte die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) mit Haushaltsmitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages folgende Vorhaben: „Erfassung und Dokumentation genetischer

Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland: Wildapfel (*Malus sylvestris*) und Wildbirne (*Pyrus pyrastrer*)“ (SCHULZE et al., 2013a, b) von 2010 bis 2013 sowie das Modellvorhaben „Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen“ (ANONYMUS, 2017) von 2012 bis 2017.

Der vorliegende Beitrag stellt die Ziele und Aufgaben der forstlichen Generhaltung unter besonderer Berücksichtigung der Baumarten Vogelkirsche, Wildapfel und Wildbirne sowie die sich aus deren Verbreitung und Status ergebenden Maßnahmen dar. Dazu bilden die Ergebnisse der genannten Vorhaben sowie die Arbeiten der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ (BLAG-FGR) seit 1985 die Grundlage. Die konkrete Umsetzung der Maßnahmen im Bereich der Forstwirtschaft wird beispielhaft für die Landesforstverwaltungen und -betriebe in Deutschland anhand des Staatsbetriebes Sachsenforst vorgestellt.

Ziele und Maßnahmen der forstlichen Generhaltung

Die zunehmenden Waldschäden in den 1980er Jahren und die damit einhergehende Gefährdung der genetischen Vielfalt waren 1985 Anlass für die Aktivitäten des Bundesrates und der Bundesregierung im Rahmen des Aktionsprogramms „Rettet den Wald“ zur Einsetzung einer Bund-Länder-Arbeitsgruppe für die Erhaltung forstlicher Genressourcen (KLEINSCHMIT, 1995). Die BLAG-FGR erarbeitete zunächst ein Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (BLAG-FGR, 1989). Durch Beschluss der Agrarministerkonferenz wurde die BLAG-FGR 1988 mit der Umsetzung des Konzeptes betraut. Im Jahr 2000 erfolgte eine grundlegende Überarbeitung, im Jahr 2010 eine Aktualisierung des Konzeptes (PAUL et al., 2000, 2010). Das Konzept in seiner jeweils gültigen Fassung ist Bestandteil des deutschen Programms zur Erhaltung genetischer Ressourcen.

Die Durchführung der im Konzept benannten Maßnahmen ist Aufgabe der Bundesländer und deren zuständigen forstlichen Institutionen. Dazu haben eine Reihe von Bundesländern eigene länderspezifische Konzepte unter Berücksichtigung der regionalen Besonderheiten erarbeitet und veröffentlicht (u. a. KÄTZEL, BECKER, 2014; KONNERT et al., 2015; WOLF, BRAUN, 1995). Die BLAG-FGR koordiniert die Umsetzung der Maßnahmen sowie die Forschungsaktivitäten zur Erhaltung der forstlichen Genressourcen und berichtet über ihre Aktivitäten in einem fünfjährigen Turnus. In der BLAG-FGR sind derzeit neun Länderinstitutionen, die die 13 Flächenländer repräsentieren, das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung sowie das Johann Heinrich von Thünen-Institut vertreten (BLE, 2015).

Grundsätzlich verfolgt das Konzept folgende Ziele (PAUL et al., 2010):

- Erhaltung von Baum- und Straucharten (Artenvielfalt),
- Erhaltung der Vielfalt innerhalb der Baum- und Straucharten (genetische Vielfalt),
- nachhaltige Nutzung forstlicher Genressourcen,
- Wiederherstellung lebensfähiger Populationen von Baum- und Straucharten (genotypische Vielfalt),
- Beitrag zur Erhaltung und Wiederherstellung vielfältiger Waldökosysteme (Ökosystemvielfalt).

Die aktuelle Bewirtschaftung der Wälder in Deutschland erfolgt überwiegend naturnah durch natürliche Verjüngung und lange Verjüngungszeiträume. Dies trägt grundsätzlich, vor allem bei den flächig vorkommenden Baumarten, den Grundsätzen und Notwendigkeiten der Erhaltung forstlicher Genressourcen Rechnung. Auf Grund der durch den Menschen in der Vergangenheit vorgenommenen Eingriffe in die Waldökosysteme und die sich daraus ergebenden Veränderungen sind weiterhin Maßnahmen zur gezielten Erhaltung einzelner Baum- und Straucharten sowie zur Erhaltung der genetischen Vielfalt innerhalb verschiedener Baumarten erforderlich. Diese Maßnahmen können dabei von Region zu Region je nach Zustand der vorhandenen Genressourcen unterschiedlichen Charakter haben.

Wesentliche Grundlage für Erhaltung der genetischen Ressourcen holziger Arten ist die flächendeckende und Waldbesitzarten übergreifende Erfassung der noch vorhandenen Vorkommen und deren Evaluierung in Hinsicht auf ihre Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsdringlichkeit und Erhaltungsfähigkeit durch die zuständigen forstlichen Länderinstitutionen (BLAG-FGR, 2017). Anschließend erfolgt die Abgrenzung und genaue Beschreibung der erfassten und evaluierten Vorkommen als Generhaltungseinheiten. Diese werden in Abhängigkeit von Individuenzahl und Flächengröße in die Kategorien Kleinvorkommen (Einzelbäume und Vorkommen bis zu 20 Individuen), Generhaltungsbestände (Vorkommen mit mehr als 20 Individuen und bis zu 20 ha Fläche) und Generhaltungswälder (zusammenhängende Vorkommen einer Art mit mehr als 20 ha Fläche) eingeteilt (BLAG-FGR, 2017).

Im Anschluss wird in Abhängigkeit vom Ergebnis der Evaluierung über die Art und den Zeitpunkt der erforderlichen In-situ- und/oder Ex-situ-Maßnahmen entschieden. Dabei werden unter In-situ-Erhaltung alle Erhaltungsmaßnahmen verstanden, die am Wuchsort der Genressource unter den gegebenen Standorts- und Bestandesbedingungen durchgeführt werden können. Hierzu gehören zunächst die Erhaltung und Förderung der Genressource an sich und deren natürliche Verjüngung. Falls die Naturverjüngung ausbleibt, erfolgt die künstliche Verjüngung mit Vermehrungsgut, das in der Genressource erzeugt wurde. Eine Voraussetzung für eine nachhaltige In-situ-Erhaltung ist jedoch eine Mindestgröße der betreffenden Population, die es ihr ermöglicht, sich zu erhalten und zu verjüngen, ohne dass die Gefahr einer genetischen Verarmung bzw. eines zufallsbedingten Erlöschens besteht (MASCHINSKI et al., 2013). Zum anderen müssen Umweltbedingungen vorliegen, die eine dauerhafte Erhaltung vor Ort überhaupt ermöglichen (PAUL et al., 2010; BLE, 2015). Sind die genannten Voraussetzungen nicht gegeben oder treten weitere Gefährdungen wie Hybridisierung, anthropogene Eingriffe und andere auf, müssen gegebenenfalls geeignete Ex-situ-Maßnahmen ergriffen werden (BLAG-FGR, 2017). Ist eine nachhaltige Erhaltung vor Ort nicht möglich oder ist auf Grund der Einzigartigkeit einer Generhaltungseinheit eine Doppelsicherung erforderlich, können die genetischen Ressourcen nach Auslagerung an einem anderen Ort ex situ erhalten werden. Dies ist zum einen dynamisch unter natürlichen Bedingungen durch die Anlage von Erhaltungsbeständen durch Saat oder Pflanzung, von Erhaltungssamenplantagen oder von Klonsammlungen möglich. Zum anderen können die genetischen Ressourcen auch durch Einlagerung von Saatgut, Pollen oder Pflanzenteilen in forstlichen Genbanken oder durch fortgesetzte vegetative Vermehrung zum Beispiel durch In-vitro-Verfahren statisch, d.h. weitgehend ohne den Einfluss evolutionärer Prozesse gesichert werden (PAUL et al., 2010, BLE, 2015).

In-situ-Maßnahmen haben für die Erhaltung der genetischen Ressourcen von Baum- und Straucharten des Waldes eine besondere Bedeutung. Ein Grund dafür liegt in ihrer langen Lebensdauer und der im Vergleich zu landwirtschaftlichen Nutzpflanzen sehr langen Generationenfolge. Die Erhaltung vor Ort ermöglicht zum einen die Erhaltung einer Vielzahl von Genotypen und zum anderen die Weitergabe und Rekombination der genetischen Informationen im Zuge der natürlichen Verjüngung in einem Ausmaß, das mit anderen Methoden nicht annähernd möglich ist, bei geringen Kosten und Risiken (ALBRECHT, 1987). Erst die genetischen Prozesse während der Reproduktionsphase bieten die Voraussetzungen für eine Weiterentwicklung der genetischen Strukturen einer Ressource unter den sich ändernden Bedingungen des Wuchsortes. Ein weiterer Vorteil der In-situ-Erhaltung liegt in ihrer Integrationsfähigkeit in forstbetriebliche Prozesse in einer an den Grundsätzen eines naturnahen Waldbaus orientierten Waldbewirtschaftung.

Insgesamt sind in den Wäldern Deutschlands 188 holzige Arten (77 Baumarten, 111 Straucharten) heimisch (SCHMIDT et al., 2003). Bis Ende 2017 wurden in Deutschland für ca. 170 Baum- und Straucharten Generhaltungsbestände und Kleinvorkommen ausgewiesen und in situ erhalten. Für ca. 95 Baum- und Straucharten wurden Ex-situ-Maßnahmen unterschiedlichster Art durchgeführt (BLAG-FGR, 2020).

Tab. 1 Stand der Erhaltungsarbeiten und geschätzte Anzahl erhaltener Genotypen in Deutschland zum 31.12.2017 (BLAG-FGR, 2020)**Tab. 1** Status of forest genetic conservation and estimated number of genotypes in Germany on 31.12.2017 (BLAG-FGR, 2020)

Erhaltungsmethode	Anzahl Arten	Anzahl Generhaltungseinheiten	Fläche in Hektar	Geschätzte Anzahl erhaltener Genotypen	Anteil in %
In-situ-Bestände	127	10.882	34.396	13.748.400 ¹	93
In-situ-Kleinvorkommen	148	92.170		92.170	1
Ex-situ-Bestände	46	1.182	1.418	567.200 ¹	4
Ex-situ-Samenplantagen	78	336	358	143.124 ¹	1
Ex-situ-Klonsammlungen	29	132		10.020	0
Ex-situ-Saatgutlagerung	69	7.676		230.280 ²	2
Ex-situ-Pollenlagerung	9			2.199	0
Geschätzte Gesamtanzahl erhaltener Genotypen				14.803.393	

¹ Geschätzte Anzahl von Genotypen unter der Annahme von durchschnittlich 400 Genotypen/ha Generhaltungsfläche

² Geschätzte Anzahl von Genotypen unter Annahme von durchschnittlich 30 Mutterbäumen/Saatgutposten (Beitrag von Bestäubern nicht berücksichtigt)

Die In-situ-Erhaltung nimmt dabei an Hand einer Überschlagsrechnung an dem Gesamtumfang der bisher durchgeführten Maßnahmen einen Anteil von 94 % ein. Zum Stichtag 31.12.1997 betrug der Anteil der In-situ-Erhaltung noch 79 % bei einer deutlich geringeren Anzahl von bearbeiteten Arten und erhaltenen Einheiten (WOLF, 1999). Diese Größenordnungen unterstreichen eindrücklich das Gewicht, dass In-situ-Maßnahmen im Rahmen der Erhaltung forstlicher Genressourcen aus genannten Gründen besitzen.

Wildobstarten – Vorkommen, Status und Erhaltung

Vorkommen und Status

Vogelkirsche, Wildapfel und Wildbirne sind insektenbestäubte Baumarten der Pflanzenfamilie Rosengewächse, die in nahezu allen europäischen Ländern einschließlich Deutschland natürlich vorkommen. Auf Grund ihres Wärmebedürfnisses und ihrer Lichtbedürftigkeit sind sie von Natur aus in Eichen dominierten und anderen lichten Laubmischwäldern der tieferen und damit wärmeren Lagen aufzufinden. In Vergesellschaftung mit wuchsstarken Baumarten wie z. B. der Rotbuche sind sie nicht konkurrenzfähig. Grundsätzlich sind die drei Arten von Natur aus selten, wobei die Vogelkirsche noch in natürlichen Populationen mit geringer Größe vorkommt. In der Hauptsache sind die drei Arten jedoch als Einzelbäume oder in kleinen Gruppen mit wenigen Individuen an Waldrändern, in Hecken oder auf extremen Standorten zu beobachten, wo die konkurrenzkräftigeren Arten nicht überleben (KLEINSCHMIT, STEPHAN, 1998).

Abgesehen von ihrem Vorkommen in natürlichen Ökosystemen sind die Vogelkirsche, Wildapfel und Wildbirne auch Elemente der Kulturlandschaft. Sie sind mit Ausnahme der Vogelkirsche extrem selten und in ihrer Existenz stark gefährdet. Das wirtschaftliche Interesse an Wildapfel und Wildbirne ist im Gegensatz zur Vogelkirsche gering. Beide Arten spielen im praktischen Waldbau keine Rolle und wurden von SCHUMANN (1989) als „vergessene Baumarten“ bezeichnet, obwohl sie ein hochwertiges Holz besitzen (KLEINSCHMIT, STEPHAN, 1998). Unabhängig von ihrer potenziell wirtschaftlichen Bedeutung besitzen die Wildobstarten als Lebensraum, als Bienenweide und als ökologische Nische für andere Lebewesen einen großen ökologischen Wert. Für die Obstbaumzüchtung stellen sie ein Reservoir für Resistenzeigenschaften dar. Für die Landschaftspflege sind sie von großer ästhetischer und landschaftskultureller Bedeutung (WAGNER, 1999). Weiterführende Informationen zu den drei Arten können den jeweiligen Baumarten-Monographien von SCHMID (2006) und WAGNER (2005, 2009) entnommen werden.

Bis zu Beginn der 2000er Jahre fehlte für die Vogelkirsche, Wildapfel und Wildbirne ein bundesweiter Überblick über die tatsächlich im Wald vorhandenen Vorkommen dieser Arten auf Grundlage einheitlicher Erfassungs- und Auswertemethoden (SCHULZE et al., 2013a, b). In der durch die BLE finanzierten Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland konnte dies zumindestens für den Wildapfel und die Wildbirne von 2010 bis 2013 durchgeführt werden. Im Ergebnis dieser Arbeiten konnten in Deutschland ca. 480 Vorkommen mit ca. 24.000 Individuen der beiden Arten im Wald erfasst werden. Die Anzahl Individuen pro Vorkommen bewegt sich im Durchschnitt zwischen 33 und 69 Bäumen (Tab. 2).

Für die Vogelkirsche liegt keine entsprechende Erfassung vor. Im Gegensatz zu Wildapfel und Wildbirne besitzt die Vogelkirsche aber auf Grund ihres schnellen Wachstums und ihres wertvollen Holzes eine gewisse waldbauliche Bedeutung und unterliegt dem Forstvermehrungsgutgesetz. Im Jahr 2019 waren in Deutschland 152 Bestände mit einer Gesamtfläche von 155 ha als Erntebestände für die Erzeugung von Forstvermehrungsgut der Kategorie „Ausgewählt“ zugelassen (Tab. 2). Eine Mindestvoraussetzung für die Zulassung ist dabei eine Mindestanzahl von 20 Individuen, die eine Bestäubungseinheit bilden. Für jeden zugelassenen Bestand gibt es entsprechend den Vorgaben der Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung eine Dokumentation über die Zulassungskriterien. Diese Informationen sind jedoch nicht allgemein verfügbar.

Tab. 2 Erfasste Vorkommen von Wildobstarten in Deutschland (BLE 2019, SCHULZE et al., 2013a, b).

Tab. 2 Occurrences of wild fruit tree species recorded in Germany (BLE, 2019, SCHULZE et al., 2013a, b).

Art	Anzahl		Individuen/ Vorkommen
	Vorkommen	Individuen	
Wildapfel ¹	251	8.325	33
Wildbirne ¹	227	15.734	69
Vogelkirsche ²	152 (155 ha)	Nicht bekannt	Min. 20

¹ Nur Vorkommen mit mind. 5 Individuen

² Nach Forstvermehrungsgutgesetz in der Kategorie „Ausgewählt“ zugelassene Erntebestände

Voraussetzungen für eine In-situ-Erhaltung von Wildobstarten

Die Erhaltung von Wildobstarten in situ unterliegt verschiedenen Voraussetzungen. Diese werden nachfolgend exemplarisch für den Wildapfel und die Wildbirne dargestellt, da für diese Arten entsprechende weitreichende Erhebungen im Rahmen der deutschlandweiten Erfassung von 2010 bis 2013 durchgeführt wurden (SCHULZE et al., 2013a, b).

Die intensive Obstzüchtung seit mehr als 2.000 Jahren beeinflusste die morphologische und genetische Eigenständigkeit der Wildbirne und des Wildapfels mehr oder weniger stark (WAGNER, 2005, 2009). Die Abgrenzung der möglicherweise vorhandenen Wildformen von den Kulturformen ist daher eine unverzichtbare Voraussetzung für jegliche Maßnahmen zur Erhaltung und Bereitstellung genetischer Ressourcen dieser Arten (WAGNER, 1995). Im Vorhaben „Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen“ bewegte sich der Anteil der Individuen mit in unterschiedlichem Maße eingekreuzten Kulturformen in den untersuchten Vorkommen zwischen 17 % beim Wildapfel und 20 % bei der Wildbirne (ANONYMUS, 2017). Die in Sachsen festgestellten Anteile weichen nur unwesentlich von den in der bundesweiten Erfassung ermittelten Hybridanteilen von 18 % beim Wildapfel und 19 % bei der Wildbirne ab (SCHULZE et al., 2013a, b).

Neben dem Vorhandensein von Hybriden innerhalb der Vorkommen können auch im unmittelbaren Umfeld der Wildobst-Vorkommen wachsende kreuzbare Kultursorten einen Einfluss auf das Genmaterial der Wildformen Einfluss nehmen. Bei der bundesweiten Erfassung konnten nur bei ca. einem Viertel der Wildobst-Vorkommen keine kreuzbaren Arten im unmittelbaren Umfeld beobachtet werden (SCHULZE et al., 2013a, b). Bei Untersuchungen zu den Pollentransportdistanzen an Sämlingspflanzen des Wildapfels im Osterzgebirge wurden Entfernungen zwischen 6 Meter bis

zu 10,7 Kilometer ermittelt. Auch wenn ein Großteil der Bestäubung mit ca. 57 % von Bäumen in einem Radius von 100 Metern um den Mutterbaum herum stattfand, wurden fast 20 % der Sämlinge von Vaterbäumen bestäubt, die in einer Entfernung von mehr als 350 Metern wuchsen. Es zeigte sich auch, dass die Bestandesdichte die Pollentransportdistanz beeinflusst. Je dichter ein Bestand ist, desto geringer ist die Pollentransportdistanz (REIM et al., 2015).

Sowohl bei der Durchführung von In-situ-Erhaltungsmaßnahmen wie der natürlichen Verjüngung von Wildobstvorkommen als auch bei der Gewinnung von Saatgut für weiterführende Erhaltungsmaßnahmen sollte der mögliche Einfluss von Kultursorten bzw. kreuzbarer Arten innerhalb und im unmittelbaren Umfeld der Vorkommen berücksichtigt werden.

Weitere Eigenschaften der Vorkommen, die einen unmittelbaren Einfluss auf deren Erhaltungsfähigkeit in situ haben, sind die Vitalität, die Populationsgröße und die Altersstruktur. Dauerhaft überlebensfähig ohne weitere Erhaltungsmaßnahmen sind Vorkommen mit einer hohen Individuenzahl, einer ausgeglichenen Altersstruktur und einer hohen Vitalität (KÄTZEL, REICHLING, 2009).

Die bundesweit erfassten Vorkommen des Wildapfels und der Wildbirne sind mehrheitlich sehr klein und bestehen aus 5 bis 10 Individuen (47 bzw. 37 %). Große und sehr große Vorkommen mit mehr als 50 Individuen sind beim Wildapfel mit 11 % noch seltener als bei der Wildbirne mit 23 %. Zwischen 19 und 22 % aller anderen Vorkommen der beiden Arten weisen zwischen 11 und 20 sowie zwischen 21 und 50 Individuen je Vorkommen auf (SCHULZE et al., 2013a, b).

Die Altersstruktur der Vorkommen, die über den Brusthöhendurchmesser ermittelt wurde und sich an einer pyramidalen Verteilung mit großem Verjüngungsanteil orientiert, ist bei der Mehrheit als befriedigend anzusprechen (43 bzw. 54 %). Beim Wildapfel weisen 39 % der Vorkommen eine schlechte bis sehr schlechte Altersstruktur mit einem Überhang an stärkeren, das heißt älteren Bäumen auf. Dagegen besitzen ca. zwei Drittel der Wildbirnen-Vorkommen eine gute bis sehr gute Altersstruktur (SCHULZE et al., 2013a, b).

In einem Fünftel der erfassten Wildapfel- und einem Drittel der Wildbirnen-Vorkommen war Naturverjüngung vorhanden. In allen anderen Vorkommen konnte keinerlei Verjüngung festgestellt werden (SCHULZE et al., 2013a, b).

Die Vitalität der Wildäpfel und Wildbirnen konnte zu 50 bzw. 71 % als sehr gut angesprochen werden, während 20 % der Wildäpfel und 12 % der Wildbirnen merklich geschwächt bzw. absterbend waren (SCHULZE et al., 2013a, b).

In der zusammenfassenden Bewertung der In-situ-Erhaltungsfähigkeit der erfassten Wildapfel- und Wildbirnen-Vorkommen in Deutschland sind 80 % aller Vorkommen als bedroht einzustufen, nur 4 % der insgesamt 471 Vorkommen beider Arten besitzen eine gute bis sehr gute Erhaltungsfähigkeit (SCHULZE et al., 2013a, b).

Von den erfassten Wildapfel-Vorkommen befinden sich 84 %, von den Wildbirnen-Vorkommen 66 % in Wäldern der öffentlichen Hand, davon überwiegend im Landeswald. Weitere 12 % (Wildapfel) bzw. 24 % (Wildbirne) der Vorkommen sind in Privatwäldern. Über die Eigentumsverhältnisse der restlichen Vorkommen liegen keine Angaben vor (SCHULZE et al., 2013a, b).

Mehr als die Hälfte der Wildapfel- und Wildbirnen-Vorkommen befinden sich in Natura 2000-Schutzgebieten (FFH, SPA), ein weiteres Viertel in Naturschutzgebieten unterschiedlicher Kategorie. Ca. ein Fünftel der Vorkommen unterliegt keiner Schutzkategorie (SCHULZE et al., 2013a, b).

Maßnahmen zur Erhaltung der Wildobst-Arten

Auf Grundlage erfasster und evaluierter Vorkommen entscheiden die zuständigen Länderinstitutionen über die Ausweisung von Generhaltungseinheiten und legen im Bedarfsfall weiterführende Maßnahmen zu deren Erhaltung fest. Das Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland gibt dabei In-situ-Erhaltungsmaßnahmen

grundsätzlich den Vorrang, zumindest bis die genetischen Informationen einer Einheit gesichert sind (PAUL et al., 2010).

Unter der Berücksichtigung länderspezifischer Prioritäten wurden bis Ende 2017 insgesamt 548 Erhaltungsbestände der drei Wildobst-Arten mit einer Gesamtfläche von 1.166,7 Hektar sowie 8.270 Einzelbäume für eine In-situ-Erhaltung ausgewiesen (Tab. 3). Das Verhältnis von Generhaltungsbeständen zu erhaltenen Einzelbäume ist ein Indikator für die bereits angesprochene geringe Individuenzahl vieler Wildobst-Vorkommen.

Tab. 3 Bis Ende 2017 in Deutschland ausgewiesene In-situ-Generhaltungseinheiten (Bestände und Einzelbäume) von Wildapfel, Wildbirne und Vogelkirsche (Quelle: BLAG-FGR, 2020).

Tab. 3 In Germany delineated in situ gene conservation units of wild apple, wild pear and wild cherry until the end of 2017 (source: BLAG-FGR, 2020).

Art	Bestände		Einzelbäume
	Anzahl	Fläche in ha	Anzahl
Wildapfel	121	155,8	3.400
Wildbirne	120	440,8	1.830
Vogelkirsche	307	570,1	3.040

Die In-situ-Erhaltung von Einzelbäumen dient dabei in der Hauptsache deren Förderung gegenüber anderen Baumarten sowie als Grundlage für weiterführende Maßnahmen ex situ. Dies spiegelt sich in dem Umfang der bis Ende 2017 durchgeführten Ex-situ-Maßnahmen für die drei Wildobst-Arten wider (Tab. 4). Neben der Begründung von Ex-situ-Erhaltungsbeständen lag ein besonderer Schwerpunkt auf der Anlage von Erhaltungssamenplantagen mit einer großen Anzahl an Genotypen als künstliche Fortpflanzungsgemeinschaften.

Tab. 4 Bis Ende 2017 in Deutschland angelegte Ex-situ-Generhaltungseinheiten (Bestände, Samenplantagen und Klonarchive) von Wildapfel, Wildbirne und Vogelkirsche (Quelle: BLAG-FGR 2020)

Tab. 4 Stands, seed orchards and clone collections of wild apple, wild pear and wild cherry established for ex situ conservation purposes until the end of 2017 in Germany (source: BLAG-FGR 2020)

Art	Bestände		Samenplantagen			Klonarchive	
	Anzahl	Fläche in ha	Anzahl	Fläche in ha	Anzahl Klone	Anzahl Klone	Anzahl Klone
Wildapfel	23	19,8	29	29,9	536	6	257
Wildbirne	20	9,1	22	19,6	357	8	206
Vogelkirsche	50	33,8	26	38,3	620	2	125

Umsetzung von Maßnahmen zur Erhaltung der Wildobstarten

Die Umsetzung der Maßnahmen wird nachfolgend am Beispiel des Staatsbetriebes Sachsenforst dargestellt, mehr oder weniger stellvertretend für die jeweiligen Forstbetriebe und Forstverwaltungen der Bundesländer mit Ausnahme der Stadtstaaten.

Der 2006 gegründete Staatsbetrieb Sachsenforst (SBS) bearbeitet aufbauend auf seine Vorgängerinstitutionen seit insgesamt mehr als 65 Jahren intensiv Fragestellungen der Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung (WOLF, 2015). Organisatorisch setzt sich der SBS aus der Geschäftsleitung in Pirna mit fünf Abteilungen sowie aus 12 Forstbezirken mit 181 Forstrevieren (davon 63 Reviere für den Privat- und Körperschaftswald) und drei Großschutzgebieten zusammen. Zu den Aufgaben des SBS gehören die Bewirtschaftung des Landeswaldes, die Beratung und Betreuung des Privat- und Körperschaftswaldes, die angewandte Forschung und Entwicklung im Kompetenzzentrum für Wald und Forstwirtschaft sowie die Wahrnehmung jagd- und forstbehördlicher Funktionen. Insgesamt arbeiten ca. 1.400 Beschäftigte für den SBS (SBS, 2018).

Im Rahmen der Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen ist der SBS verantwortlich für die Entwicklung und Durchführung der erforderlichen Maßnahmen im Freistaat

Sachsen. Im Zusammenhang mit Wildobstarten war der SBS von 2010 bis 2013 an dem Vorhaben der Bundesanstalt für Ernährung und Landwirtschaft (BLE) „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland: Wildapfel (*Malus sylvestris*) und Wildbirne (*Pyrus pyraster*)“ sowie von 2012 bis 2017 an dem BLE-Modellvorhaben „Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen“ beteiligt (SCHULZE et al., 2013a, b; ANONYMUS, 2017).

Das Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung im Kompetenzzentrum für Wald und Forstwirtschaft des SBS ist verantwortlich für die Waldbesitzarten übergreifende Erfassung und Evaluierung von Generhaltungseinheiten aller Baum- und Straucharten in den Wäldern Sachsens. Die als erhaltungswürdig beschriebenen Generhaltungseinheiten werden durch die Obere Forstbehörde im Rahmen der Waldfunktionenkartierung als Wald mit besonderer Generhaltungsfunktion ausgewiesen (ANONYMUS, 2010; WFK, 2015). Durch diese Ausweisung besitzen Generhaltungseinheiten den Status einer Waldfunktion. Nach dem Sächsischen Waldgesetz haben Träger öffentlicher Vorhaben bei Planung und Durchführung von Vorhaben die Funktionen des Waldes zu berücksichtigen. Für den Landes- und Kommunalwald stellt die Waldfunktionen-kartierung eine verbindliche Planungsunterlage dar. Ihre Angaben sind bei der forstlichen Rahmenplanung, der periodischen Forstbetriebsplanung, der jährlichen Wirtschaftsplanung, dem Vollzug der geplanten Maßnahmen, den forstbehördlichen Entscheidungen sowie bei allen sonstigen, den Wald berührenden Planungen und Maßnahmen, verbindlich zu beachten (ANONYMUS, 2010). Für den privaten Waldbesitzer ergibt sich aus dem Sächsischen Waldgesetz die Vorgabe, den Wald ordnungsgemäß so zu bewirtschaften, dass seine Funktionen, und damit auch Generhaltungsfunktionen, stetig und auf Dauer erfüllt werden.

Schlussfolgerungen

Die In-situ-Erhaltung der sehr seltenen und zum Teil in ihrer Existenz bedrohten Wildobstarten in Deutschland stellt für alle Beteiligten eine große Herausforderung dar. Zum einem ist die Überlebensfähigkeit von vier Fünfteln der erfassten Vorkommen bedroht. Bei der Mehrzahl der Vorkommen befinden sich einkreuzbare Kultursorten und Arten in unmittelbarer Nähe. Eine Übernahme von Naturverjüngung oder Verwendung von Vermehrungsgut aus freier Abblüte ist unter diesen Umständen nur sehr eingeschränkt möglich. Überall dort, wo keine Hybridisierungsgefahr besteht, ist das Ankommen von Naturverjüngung durch geeignete waldbauliche Maßnahmen zu fördern wie Entfernung von Bedrängern zur Förderung von Blüte und Fruktifikation, Beseitigung von Verjüngungshemnissen am Boden, Durchführung von Maßnahmen gegen Wildverbiss. Alle In-situ-Maßnahmen sollten weiterhin durch geeignete Ex-situ-Maßnahmen begleitet werden, die eine Erzeugung von nicht-hybridisiertem Pflanzenmaterial der Wildobstarten zum Ziel haben. Dieses Pflanzenmaterial sollte dann konsequent für Anreicherungspflanzungen, die Etablierung von Trittsteinen oder zur Anpflanzung im Rahmen von Erst- und Wiederaufforstungsmaßnahmen verwendet werden. Eine weitere Erhöhung des Hybridisierungsdruckes zum Beispiel durch die Anlage von Streuobstwiesen mit alten Kultursorten in Nähe von Wildobst-Vorkommen sollte unter allen Umständen vermieden werden.

Für den Wald gibt es bereits ein etabliertes und funktionsfähiges Netzwerk für die In-situ-Erhaltung der Wildobstarten, das in der Lage ist, viele Erhaltungsmaßnahmen unkompliziert und geräuschlos umzusetzen. Für die offene Landschaft gibt es ein solches System bedauerlicherweise nicht, da die Zuständigkeit hier bei einer Vielzahl von Akteuren liegt.

Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forsts Saatgutrecht

Herr Dr. B. DEGEN, Thünen-Institut für Forstgenetik, Großhansdorf

Frau Dr. M. HAVERKAMP, Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Bonn

Herr Dr. A. JANßen, Bayerisches Amt für Waldgenetik, Teisendorf (BY)

Frau K. KAHLERT, ThüringenForst, Anstalt öffentlichen Rechts, Forstliches Forschungs- und Kompetenzzentrum, Gotha (TH)

Herr Prof. Dr. R. KÄTZEL, Landeskompetenzzentrum Forst, Eberswalde (BB)

Herr Dr. J.R.G. KLEINSCHMIT, Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (BW)
Herr Dr. M. LIESEBACH, Thünen-Institut für Forstgenetik, Großhansdorf
Herr M. PAUL, Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Hann. Münden (HE, NI, SH, ST)
Herr B. ROGGE, Landesbetrieb Wald und Holz Nordrhein-Westfalen, Arnsberg (NW)
Herr B. ROSE, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Trippstadt (RP/SL)
Frau Dr. D. STEINHAUSER, Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, Bonn
Herr W. VOTH, Landesforst Mecklenburg-Vorpommern, Anstalt öffentlichen Rechts, Malchin (MV)
Herr Dr. H. WOLF, Staatsbetrieb Sachsenforst, Pirna (SN)

Literatur

- ALBRECHT, J., 1987: Erhaltung genetischer Ressourcen am Beispiel der Fichte in Hessen. Der Forst- und Holzwirt **42**, 208–210.
- ANONYMUS, 2010: Waldfunktionenkartierung. Grundsätze und Verfahren zur Erfassung der besonderen Schutz- und erholungsfunktionen des Waldes im Freistaat Sachsen. Staatsbetrieb Sachsenforst, Pirna. 71 S. (<https://publikationen.sachsen.de/bdb/artikel/16532>).
- ANONYMUS, 2017: Abschlussbericht zum Projekt „Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen“. Grüne Liga Osterzgebirge e. V. Dippoldiswalde, Staatsbetrieb Sachsenforst, Pirna. 150 S. (http://www.wildobstsachsen.de/fileadmin/user_upload/Download/Abschlussbericht_Wildobstprojekt.pdf).
- BLE – BUNDESANSTALT FÜR LANDWIRTSCHAFT UND ERNÄHRUNG, 2015: Nationaler Bericht über die Erhaltung und nachhaltige Nutzung von forstgenetischen Ressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Agrobiodiversität Band **35**, Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV) der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung. 185 S.
- BLE – BUNDESANSTALT FÜR LANDWIRTSCHAFT UND ERNÄHRUNG, 2019: Zusammenstellung über zugelassenes Ausgangsmaterial für forstliches Vermehrungsgut in der Bundesrepublik Deutschland (Stand: 01.07.2019). (https://www.ble.de/SharedDocs/Downloads/DE/Landwirtschaft/Saat-und-Planzgut/Ausgangsmaterial_Zusfassg.pdf).
- BLAG-FGR – BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE „ERHALTUNG FORSTLICHER GENRESSOURCEN“, 1989: Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Forst und Holz **44**, 379–404.
- BLAG-FGR – BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE „FORSTLICHE GENRESSOURCEN UND FORSTSAATGUTRECHT“, 2017: Handlungsempfehlungen zur Ausweisung von Generhaltungseinheiten unter Berücksichtigung von Mindestkriterien.
- BLAG-FGR – BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE „FORSTLICHE GENRESSOURCEN UND FORSTSAATGUTRECHT“, 2020: Tätigkeitsbericht 2014–2018. Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Bonn, in Vorbereitung.
- BW³ – BUNDESWALDINVENTUR III, 2014: Alle Ergebnisse und Berichte. Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, Berlin. <https://www.bundeswaldinventur.de>. (aufgerufen Mai 2019)
- KÄTZEL, R., F. BECKER, 2014: Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen im Land Brandenburg. Eberswalder Forstliche Schriftenreihe Bd. **58**, Landesbetrieb Forst Brandenburg, Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde. 147 S.
- KÄTZEL, R., A. REICHLING, 2009: Genetische Ressourcen der Flatter-Ulme (*Ulmus laevis*) in Deutschland. Archiv f. Forstwesen u. Landsch. ökol. **43**, 49–56.
- KLEINSCHMIT, J., 1995: In-situ-Erhaltung forstlicher Genressourcen. In: KLEINSCHMIT, J., F. BEGEMANN, K. HAMMER (Hrsg.): Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen in der Land- und Forstwirtschaft – Waldbäume und Sträucher. Schriften zu genetischen Ressourcen, Band **1**, Schriftenreihe des Informationszentrums für genetische Ressourcen, Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI), Bonn, 14–27.
- KLEINSCHMIT, J., B. R. STEPHAN, 1998: Wild fruit trees (*Prunus avium*, *Malus sylvestris* and *Pyrus pyrastris*). In: TUROK, J., E. COLLIN, B. DEMESURE, G. ERIKSON, M. KLEINSCHMIT, J. RUSANEN, R. STEPHAN (Bearb.). Noble Hardwoods Network. Report of the 2nd Meeting. International Plant Genetic Resources Institute, Rom, Italien: 51–60.
- KONNERT, M., D. MÜLLER, R. BAIER, G. HUBER (Hrsg.), 2015: Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Bayern. Bayerisches Amt für Waldgenetik, Teisendorf. 23 S.
- MASCHINSKI, J., S. J. WRIGHT, S. KOPTUR, E. C. PINTO-TORRES, 2013: When is local best? Breeding history influences conservation reintroduction survival and population trajectories in times of extreme climate events. Biological Conservation **159**, 277–284.
- PAUL, M., T. HINRICHS, A. JANBEN, H.-P. SCHMITT, B. SOPPA, B. R. STEPHAN, H. DÖRFLINGER, 2000: Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Sächsische Landesanstalt für Forsten. 66 S.
- PAUL, M., T. HINRICHS, A. JANBEN, H.-P. SCHMITT, B. SOPPA, B. R. STEPHAN, H. DÖRFLINGER, 2010: Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Aktualisierte Neuauflage, Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz, Bonn. 83 S.
- REIM, S., A. PROFT, S. HEINZ, F. LOCHSCHMIDT, M. HÖFER, U. TRÖBER, H. WOLF, 2015: Pollen movement in a *Malus sylvestris* population and conclusions for conservation measures. Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization, 1–9 (doi: 10.1017/S1479262115000301)
- SCHMID, T., 2006: *Prunus avium* Linné, 1755. In: ROLOFF, A., H. WEISGERBER, U. M. LANG, B. STIMM (Hrsg.): Enzyklopädie der Holzgewächse. Handbuch und Atlas der Dendrologie. **43**. Erg. Lfg. 3/06. 16 S.

- SCHMIDT, M., J. EWALD, A. FISCHER, G. VON OHEIMB, W.-U. KRIEBITZSCH, H. ELLENBERG, W. SCHMIDT, 2003: Liste der Waldgefäßpflanzen Deutschlands. Mitteilungen der Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft **12**, Verlag Max Wiedebusch, Hamburg. 34 S. (mit Anhang)
- SCHULZE, T., J. SCHRÖDER, R. KÄTZEL, 2013a: Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland: Wildapfel (*Malus sylvestris*). Landesbetrieb Forst Brandenburg, Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde. 126 S.
- SCHULZE, T., J. SCHRÖDER, R. KÄTZEL, 2013b: Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland: Wildbirne (*Pyrus pyraeaster*). Landesbetrieb Forst Brandenburg, Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde. 132 S.
- SCHUMANN, K., 1989: Obstgehölze und Nußbäume — die vergessenen Baumarten. AFZ **44**, 1036–1039.
- SBS – STAATSBETRIEB SACHSENFORST, 2018: Sachsenforst 2017 – Geschäftsbericht. Pirna. 80 S.
- WAGNER, I., 1995: Identifikation von Wildapfel (*Malus sylvestris* (L.) MILL.) und Wildbirne (*Pyrus pyraeaster* (L.) BURGSD.) – Voraussetzung zur Generhaltung des einheimischen Wildobstes. Forstarchiv **66(2)**, 39–47.
- WAGNER, I., 1999: Schutz und Nutzen von Wildobst – Probleme bei der direkten Nutzung von Wildobstrelikten. Forstarchiv **70**, 23–27.
- WAGNER, I., 2005: *Malus sylvestris* (L.) MILL., 1768. In: ROLOFF, A., H. WEISGERBER, U. M. LANG, B. STIMM (Hrsg.): Enzyklopädie der Holzgewächse. Handbuch und Atlas der Dendrologie. **42**. Erg. Lfg. 12/05. 16 S.
- WAGNER, I., 2009: *Pyrus pyraeaster* (L.) BURGSDORF, 1787. In: ROLOFF, A., H. WEISGERBER, U. M. LANG, B. STIMM (Hrsg.): Enzyklopädie der Holzgewächse. Handbuch und Atlas der Dendrologie. **52**. Erg. Lfg. 4/09. 20 S.
- WFK – PROJEKTGRUPPE WALDFUNKTIONENKARTIERUNG DER AG FORSTEINRICHTUNG (Hrsg.), 2015: Leitfaden zur Kartierung der Schutz- und Erholungsfunktionen des Waldes. Forstliche Forschungs- und Versuchsanstalt Baden-Württemberg, Freiburg. 73 S.
- WOLF, H., H. BRAUN, 1995: Erhaltung und Förderung forstlicher Genressourcen. Schriftenreihe der Sächsischen Landesanstalt für Forsten, Heft **3**, Pirna OT Graupa. 36 S.
- WOLF, H., 1999: Methods and Strategies for the Conservation of Forest Genetic Resources. In: EDWARDS, S., A. DEMISSIE, T. BEKELE, G. HAASE (Hrsg.): Forest Genetic Resources Conservation: Principles, Strategies and Actions. Institute of Biodiversity Conservation and Research, Addis Ababa, Äthopien, 83–100.
- WOLF, H., 2015: Forstliche Genetik und Pflanzenzüchtung in Graupa. AFZ-Der Wald **70**, 30–32.

Schützen nützt – Netzwerk Europäische Wildrebe

Useful protection – European wild vine network

Peter Nick

Botanisches Institut, Karlsruher Institut für Technologie, Fritz-Haber-Weg 4, 76131 Karlsruhe
peter.nick@kit.edu
DOI 10.5073/jka.2020.466.006

Zusammenfassung

Die Weinrebe ist sehr anfällig gegen Krankheitserreger, was großen Aufwand für den Pflanzenschutz mit sich bringt. Beispielsweise gehen etwa 70 % der Europäischen Fungizidproduktion auf das Konto des Weinbaus. Infolge des Klimawandels kommen neue Krankheiten dazu, wie das Esca-Syndrom. Aus einem Artenschutzprojekt für die fast ausgestorbene Europäische Wildrebe (die Stammform unserer Kulturrebe) entstand über die Jahre eine wertvolle genetische Ressource, die nun für die Züchtung krankheitsresistenter Reben eingesetzt werden kann. Inzwischen bildet diese Sammlung die komplette genetische Vielfalt ab, die in Deutschland noch übrig ist, ein wertvoller Schatz. In den letzten Jahren gelang es uns, in dieser Sammlung besonders aktive Varianten von Immunitätsgenen zu finden, die man nun über markergestützte Züchtung in Kulturreben einbringen kann. Auch Genvarianten für Resilienz gegen Salz- und Kältestress stehen zur Verfügung. Gemeinsam mit der Chinesischen Akademie der Wissenschaften wurde die Sammlung durchsequenziert und daraus eine Datenbank generiert, in der man gezielt nach den in der Sammlung vorhandenen Allelen eines Gens von Interesse suchen kann. Derzeit wird die Sammlung und die Datenbank durch weitere Wildreben aus Europa erweitert, darunter auch Akzessionen aus dem Kaukasus, wo die Weinrebe vor etwa 8000 Jahren erstmals domestiziert wurde. Langfristiges Ziel ist es, die gesamte genetische Diversität der Europäischen Wildrebe sowohl physisch als auch in silico erschließen zu können. Gleichzeitig wollen wir an diesem Beispiel paradigmatisch vorführen, dass Schutz und Nutzung sich nicht ausschließen, sondern sich gegenseitig ergänzen können.

Stichwörter: Wildrebe, Weinrebe, genetische Ressource, genetische Diversität, Resistenz, Erhaltung

Abstract

Grapevine is very susceptible to pathogens, which entails great effort in terms of plant protection. For example, viticulture accounts for about 70% of European fungicide production. As a result of climate change, new diseases are emerging, such as the grape disease Esca. Over the years, a species protection project for the almost extinct European wild vine (the parent form of our cultivated vine) has produced a valuable genetic resource that can now be used to breed disease-resistant vines. In the meantime, this collection represents the complete genetic diversity – a valuable treasure – that is left in Germany. In recent years, we have succeeded in finding particularly active variants of immunity genes in this collection, which can now be introduced into cultivated vines via marker-assisted breeding. Gene variants for resistance against salt and cold stress are also available. Together with the Chinese Academy of Sciences, the collection was sequenced and a database was generated from it, in which one can search for alleles of a gene of interest. Currently, the collection and the database are being expanded with further wild vines from Europe, including accessions from the Caucasus, where the vine was first domesticated about 8000 years ago. The long-term goal is to be able to access the entire genetic diversity of the European wild vine, both physically and in silico. At the same time, we want to use this example to demonstrate paradigmatically that protection and use are not mutually exclusive, but can complement each other.

Keywords: wild grape, genetic resource, genetic diversity, resistance, conservation

Die WEL-Genbank

WEL Gene Bank: The National Gene Bank for German Crop Wild Relative Species

Peter Borgmann, Silvia Oevermann, Nikolai Friesen, Sabine Zachgo*

Botanischer Garten der Universität Osnabrück, Albrechtstraße 29, 49076 Osnabrück

*Korrespondierende Autorin, szachgo@uni-osnabrueck.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.007

Zusammenfassung

Die "Genbank Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft" (Genbank WEL) wurde 2009 als ein bundesweites Netzwerk gegründet, um die Nutzung wildlebender pflanzengenetischer Ressourcen in Deutschland zu sichern und deren Verfügbarkeit als Saatgut gewährleisten zu können. Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (WEL-Arten, im englischen *crop wild relatives*) stellen mit mehr als 2.800 Arten einen beachtlichen Anteil der ca. 4.300 heimischen Farn- und Blütenpflanzen dar. Mit der Saatgutgenbank WEL wurde eine wertvolle Ressource für zukünftige Forschungsprojekte und Anwendungen in der Pflanzenzüchtung geschaffen, die derzeit über 4.500 Akzessionen von 272 WEL-Arten umfasst. An dem Netzwerk sind die Botanischen Gärten Berlin, Karlsruhe, Osnabrück und Regensburg sowie die Pädagogische Hochschule Karlsruhe beteiligt. Der WEL-Genbankbestand soll durch weitere Sammlungsaktivitäten ausgebaut werden. Aufgrund fehlender Finanzierungsmittel kann dies nicht zielgerichtet durchgeführt werden und es besteht dringender Handlungsbedarf zur Weiterentwicklung der WEL-Genbank.

Stichwörter: Saatgutgenbank, WEL, Wildpflanzen, pflanzengenetische Ressourcen

Abstract

The German "Genbank für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft" (WEL) is a gene bank for crop wild relatives for which the German term 'WEL' species has been coined. The WEL gene bank was established in 2009 as a national network to protect wild plant genetic resources in Germany to protect and ensure availability of WEL seed material. The 2,800 species of wild plants used for nutrition and agriculture (crop wild relatives) represent a substantial proportion of our native 4,300 fern and flowering plant species. The WEL gene bank project has produced a valuable resource for future research projects and for use in crop breeding. Participating in this network are the Botanical Gardens of Berlin, Karlsruhe, Osnabrück and Regensburg, as well as the Educational College of Karlsruhe. The WEL gene bank is under management of the Botanical Garden of Osnabrück, Germany. The Information and coordination centre of the Federal Office for Agriculture and Food (BLE) is responsible for the integration of the WEL gene bank in the "National Specialist Programme for Plant Genetic Resources" (PGDEU).

There are currently 4,500 accessions of 272 species in the WEL gene bank. Currently no further funding is available, although the WEL gene bank needs further development.

Keywords: Gene bank, WEL, wild plants, plant genetic resources

Erhaltung von pflanzengenetischen Ressourcen

Die langfristige Sicherung und Bewahrung der genetischen Vielfalt pflanzlicher Ressourcen haben für die zukünftige Ernährungssituation der Bevölkerung und die Verfügbarkeit pflanzlicher Rohstoffe eine hohe Bedeutung. In den letzten Jahrzehnten konnten die Ernteerträge der wichtigsten Nutzpflanzen pro Flächeneinheit durch die Umsetzung der Erkenntnisse aus der Züchtungsforschung gesteigert werden. Es zeigt sich jedoch, dass durch diese Selektionsprozesse die genetische Vielfalt innerhalb einiger Nutzpflanzenarten abnimmt. Die Wildarten, aus denen die Nutzpflanzen gezüchtet wurden, weisen hingegen noch vielfältige Standortanpassungen und Schädlingsresistenzen auf.

Von den ca. 4.300 in Deutschland wild vorkommenden Farn- und Blütenpflanzen gehören 2.800 Arten zum Inventar der sogenannten pflanzengenetischen Ressourcen (PGR). Hierunter versteht man alle Pflanzen, die entweder kultiviert werden oder wild vorkommen und die aktuell oder potentiell für Ernährung, Gartenbau, Land- und Forstwirtschaft genutzt werden können. Die PGR Liste (<http://pgrdeu.genres.de/pgr/art>) umfasst folgende Nutzungsformen:

AG:	Arznei- und Gewürzpflanzen (einschl. Gift-, Heil- und Zauberpflanzen, Genussmittel, Stimulanzen)
BW:	Bienenweide
EW:	Eiweiß liefernde Pflanzen
FG:	Forstgehölze
FU:	Futterpflanzen
KH:	Kohlenhydratliefernde Pflanzen (beinhaltet Stärke, Inulin, Zucker)
ÖF:	Öle und Fette liefernde Pflanzen
OG:	Obst und Gemüse
TK:	Technische Kulturen (Energie-, Färbe-, Faserpflanzen, Gründünger, nachwachsende Rohstoffe außer Holz)
WEL:	Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft
WS:	Windschutz- und Schattenbäume (einschl. Erosionsschutz, Bodendecker)
ZG:	Zier- und Grünpflanzen (einschl. Schnittgrün, Aquarien- und Zimmerpflanzen)
ZÜ:	Nutzung in Züchtung und Züchtungsforschung

Eine Vielzahl der aktuell oder potenziell nutzbaren PGR wird weder in situ noch ex situ geschützt. Nach Schätzungen der Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO, 1996) sind im Laufe des letzten Jahrhunderts weltweit etwa 75 % der genetischen Variabilität der Kulturpflanzen verloren gegangen. Auch die Listen gefährdeter und bedrohter Wildpflanzenarten der einzelnen Bundesländer (Rote Listen) werden von Jahr zu Jahr länger. Die Erhaltung einer hohen genetischen Vielfalt zwischen (interspezifisch) und besonders innerhalb einzelner Arten (intraspezifisch) ist von großer Bedeutung für den Schutz und den Bedarf an pflanzen genetischen Ressourcen.

Die Genbank WEL

Zur Bewahrung der in Deutschland wild vorkommenden pflanzen genetischen Ressourcen hat der Botanische Garten der Universität Osnabrück die Genbank für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (Genbank WEL) initiiert. Das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) und die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) haben die Genbank WEL im Rahmen eines fünfjährigen Modell- und Demonstrationsvorhaben gefördert (ZACHGO et al., 2010).

Für die deutschlandweite Saatgutbeprobung wichtiger wildpflanzengenetischer Ressourcen wurden zu Projektbeginn Auswahlkriterien zur Erstellung der Zielartenliste erarbeitet (BORGMANN et al., 2014). Ein wichtiges Kriterium bei der Erstellung der Zielartenliste und der Saatgutbeprobung war eine möglichst umfangreiche Erfassung verschiedener ökologischer und biologischer Eigenschaften und auch die Verbreitungsmuster der Wildarten. Zur Erfassung unterschiedlicher Standortparameter wurde die naturräumliche Gliederung Deutschlands nach MEYNEN et al. (1962) berücksichtigt. Die Naturräume unterscheiden sich in ihrer Bodenstruktur und -beschaffenheit, ihrem Wasserhaushalt und ihren klimatischen Bedingungen. Dementsprechend können Arten an diese unterschiedlichen Bedingungen spezifische Anpassungen entwickelt haben. Insgesamt wurden 536 Naturräume berücksichtigt, deren automatische Zuordnung zu einem Beprobungsort mittels der in Osnabrück entwickelten WEL-Webmapping Anwendung möglich ist (BORGMANN et al., 2012).

Struktur und Aufgaben der Genbank WEL

Die am WEL-Netzwerk beteiligten vier Botanischen Gärten (BG) Berlin, Karlsruhe, Osnabrück, Regensburg sowie die Pädagogische Hochschule (PH) Karlsruhe waren von 2009–2014 für die deutschlandweite Wildpflanzensaatgutsammlung verantwortlich. Für die Koordinierung und Umsetzung der Sammlung, Saatgutaufbereitung und Sicherung der PGR wurde Deutschland in vier Beprobungsräume (BR) aufgeteilt. Die Tätigkeiten der Netzwerkpartner verteilten sich wie in Tabelle 1 dargestellt auf die BR:

Tab. 1 Netzwerkpartner und ihre Tätigkeiten in den Beprobungsräumen.*Tab. 1 Partner of the network and their activities in the sampling areas.*

Netzwerkpartner	BG Osnabrück	BGBM Berlin	BG Karlsruhe	PH Karlsruhe	BG Regensburg
Beprobungsraum	BR Nordwest	BR Nordost	BR Südwesten		BR Südost
Saatgutsammlung in den Bundesländern/ Stadtstaaten	Schleswig-Holstein, Hamburg, Bremen, Niedersachsen, Nordrhein-Westf., anteilig Hessen	Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg, Berlin, Sachsen-Anhalt, Sachsen	-	Baden-Württemberg, Rheinland-Pfalz, Saarland, anteilig Hessen	Bayern, Thüringen, anteilig Hessen
Saatgutsäuberung, -trocknung, -erfassung (Datenbank)	X	X	X	-	X
Saatgutlagerung Lagerung Duplikate	X Duplikate aus den BR NO, SW, SO	X Duplikate aus dem BR NW	X	-	X

Die Sammlung, Weiterbearbeitung und Lagerung der WEL-Arten wird auf Basis der ENSCONET-Richtlinien (ENSCONET, 2009) zum Sammeln und Lagern von Wildpflanzen durchgeführt.

Nach Ende der Sammlungsreisen wird das Saatgut aus den einzelnen BR in den jeweils zuständigen Botanischen Gärten weiterbearbeitet (Tab. 1). Zum Aufbau der eigenen Bilddatenbank haben in der Projektlaufzeit die Botanischen Gärten Karlsruhe, Osnabrück, Regensburg und Berlin über 1.000 Saatgutdigitalfotos der WEL-Arten erstellt. Die Saatgutproben werden in den vier Botanischen Gärten auf Schädlingsbefall überprüft, gereinigt und getrocknet. Sofern keine geregelten Trocknungsanlagen vorhanden sind, werden die Saatgutproben bei Zimmertemperatur mehrere Tage getrocknet. Nach Überprüfung der Restfeuchte werden die Saatgutakzessionen unter Vakuum in Aluverbundbeuteln verschweißt. Die jeweiligen WEL-Saatgutakzessionen aus den einzelnen BR lagern unter Tiefkühlbedingungen in den entsprechenden Botanischen Gärten. Jeweils eine Probe der Netzwerkpartner wurde bislang als Sicherheitsduplikat nach Osnabrück geschickt bzw. die Sicherheitsduplikate der Saatgutproben aus dem Beprobungsraum NW zum BGBM Berlin gesendet. Nach dem Ende der Projektförderung kann Wildpflanzensaatgut für die WEL-Genbank wegen fehlender Personalmittel nur noch in geringem Umfang von den beteiligten Netzwerkpartnern gesammelt und eingelagert werden.

Sämtliche Sammlungsdaten sind auf der WEL-Homepage unter www.genbank-wel.uni-osnabrueck.de abrufbar. Auf der WEL-Homepage erhält die Öffentlichkeit nähere Informationen zur WEL-Genbank und erfährt, bei welchem der vier Botanischen Gärten welches Wildpflanzensaatgut für Forschungszwecke bestellt werden kann. Für eine bessere internationale Sichtbarkeit der WEL Genbank wurde auch eine englische Homepage-Version erstellt.

Auswahlkriterien zu beprobender Wildpflanzen

Im Rahmen der Projektlaufzeit konnten nicht sämtliche der in Deutschland vorkommenden Wildpflanzenarten gesammelt werden. Zur Reduktion des Beprobungsumfangs wurden zu Beginn des Modell- und Demonstrationsvorhabens Auswahlkriterien erarbeitet, die zu einem zu beprobenden Arteninventar von insgesamt 299 Wildpflanzen geführt haben. Unterschieden wird dabei zwischen einem "identischen Arteninventar", welches 170 in allen BR vorkommende Arten umfasst, und

einem sogenannten "spezifischen Arteninventar", dessen Artenvorkommen sich auf einen bis zwei BR konzentrieren und von dem insgesamt 129 Arten zu beproben waren.

Identisches Arteninventar:

Die Beprobung derselben Art in unterschiedlichen geografischen Naturräumen Deutschlands führt dazu, dass verschiedene intraspezifische Variationen mit verschiedenen genetischen Anpassungen an unterschiedliche Standorte gesichert werden.

Spezifisches Arteninventar:

Es wurden auch Arten beprobt, die sich in ihren Ansprüchen an die Umwelt so sehr unterscheiden, dass sie nur in speziellen Lebensräumen vorkommen und sich überwiegend auf einen oder maximal zwei BR beschränken. Verantwortlich hierfür sind oftmals spezifische Klima- und Bodenansprüche. Die Saatgutsammlung von ausgewählten Arten der Mittel- und Hochgebirge oder der Salzwiesenflora der Nord- und Ostsee erhöhte die intra- und interspezifische Diversität der WEL-Genbank-Muster weiter.

Im Folgenden sind die acht Kriterien für die Auswahl von insgesamt 299 WEL-Arten beschrieben, die in Abb. 1 grafisch zusammengefasst sind.

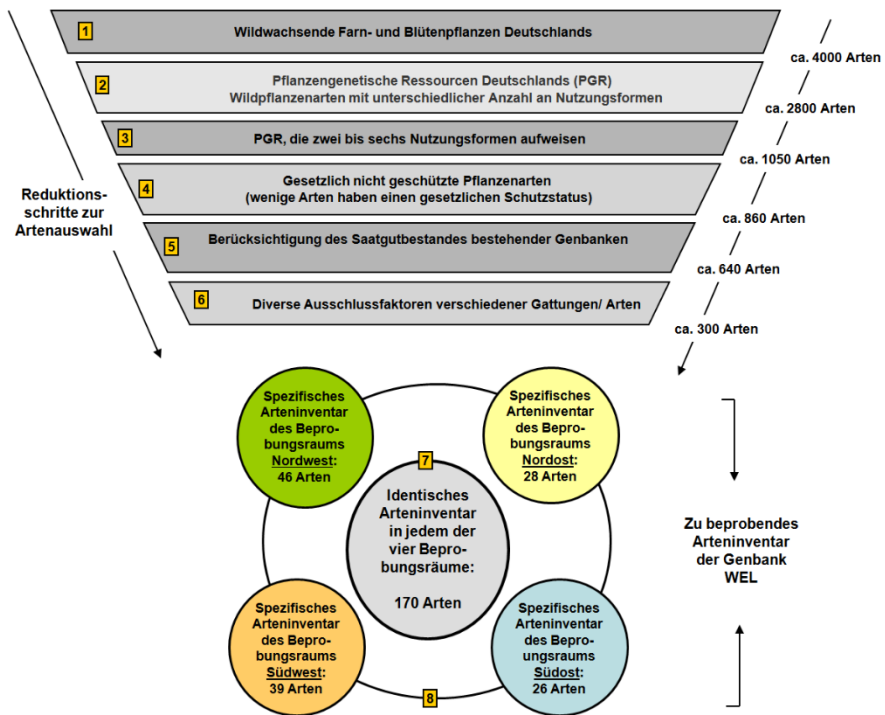


Abb. 1 Auswahlkriterien zur Festlegung zu beprobender WEL-Arten.

Fig. 1 Selection criteria for the determination of WEL-species to sample.

Die Auswahl der zu beprobenden Wildpflanzenarten im Genbanknetzwerk wurde mit der BLE und dem Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) abgestimmt.

Ergebnisse und Ausblick

Mit der langjährigen Expertise der beteiligten Netzwerkpartner wurde von Projektbeginn an die Grundlage für ein funktionsfähiges Netzwerk gelegt, das darauf ausgerichtet ist, die Erhaltung der national vorkommenden wildpflanzengenetischen Ressourcen langfristig zu sichern. Gegenwärtig verfügt die Genbank WEL über ein Inventar an PGR von 4.500 bundesweit gesammelten Saatgutakzessionen von 272 Wildpflanzenarten, das für zukünftige Anforderungen an Landwirtschaft und Ernährung durch Struktur- und/oder Klimawandel zur Verfügung steht.



Abb. 2 Bundesweite Verteilung der Beprobungsorte der gesammelten WEL-Saatgutakzessionen

Fig. 2 Nationwide distribution of the sampling sites of the collected seed accessions of WEL

Ca. die Hälfte der Akzessionen lässt sich fünf großen heimischen Pflanzenfamilien zuordnen, den Asteraceae (664 Akz.), Fabaceae (593 Akz.), Rosaceae (371 Akz.), Lamiaceae (350 Akz.) und den Apiaceae (233 Akz.). Die in den 16 Bundesländern bzw. Stadtstaaten gesammelten Akzessionen verteilen sich auf insgesamt 256 Kreise und 293 Naturräume.

Mit dieser ersten bundesweit koordinierten Beprobung wildpflanzengenetischer Ressourcen wurde begonnen, Defiziten und Problemen bezüglich der Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen von Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft in der Bundesrepublik Deutschland entgegenzuwirken.

Auf dieser Grundlage aufbauend sollten unmittelbar weitere Anstrengungen unternommen und finanzielle Mittel bereitgestellt werden, die Ex-situ-Aktivitäten weiterzuführen und Saatgutakzessionen noch nicht beprobter PGR bundesweit zu sammeln und zu sichern bzw. bestehende Bestände aufzufrischen. Eine Kombination des hier durchgeführten Ex-situ-Schutzes mit weiteren In-situ-Schutzmaßnahmen ist wünschenswert, um umfassend und nachhaltig die PGR Deutschlands für Ernährung und Landwirtschaft zu sichern. Das im Projektzeitraum entwickelte Web-Mapping Portal erfasst Standortfaktoren, wertet sie räumlich aus und kann für die Auswahl und Einrichtung von Schutzgebieten, in denen Wildpflanzen mit PGR Status vorkommen, einen wertvollen Beitrag leisten. So können zukünftig Synergieeffekte zwischen den verschiedenen bislang getrennt durchgeführten In-situ- und Ex-situ-Fördermaßnahmen generiert werden und einen umfassenden und nachhaltigen Schutz der WEL-Arten ermöglichen.

Literatur

- BORGMANN, P., R. WESTERHOLT, B. ZIMMER, S. ZACHGO, 2012: Einsatz eines Geoportals in der Saatguterfassung. Ber. Ges. Pflanzenbauwiss. **6**, 17–19.
- BORGMANN, P., S. OEVERMANN, N. FRIESEN, S. ZACHGO, 2014: Die Genbank für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (WEL). In: POSCHLOD, P., P. BORGMANN, D. LISTL, C. REISCH, S. ZACHGO (Hrsg.): Handbuch Genbank WEL. Regensburg: HOPPEA Denkschriften der Regensburgischen Botanischen Gesellschaft, 41–69.
- ENSCONET, 2009: ENSCONET Anleitung zum Sammeln von Wildpflanzen Samen. http://www.ensconet.eu/PDF/Collecting_protocol_German.pdf. Deutsche Übersetzung, BGBM, 2009.
- FAO, 1996: The state of the world's plant genetic resources for food and agriculture. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rom, Italien.
- MEYNEN, 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.
- ZACHGO, S., N. FRIESEN, P. BORGMANN, 2010: Genbank für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (WEL). Ber. Ges. Pflanzenbauwiss. **5**, 74–76.
- ZACHGO, S., N. FRIESEN, P. BORGMANN, 2012: Genbank für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (WEL). Ber. Ges. Pflanzenbauwiss. **6**, 5–8.

Gebietseigenes Saatgut, § 40 (4) BNatSchG, ein Schnittpunkt zwischen Landwirtschaft und Naturschutz

Indigenous seeds, § 40 (4) BNatSchG, an interface between agriculture and nature conservation

Detlev Finke

Deutscher Verband für Landschaftspflege e. V. (DVL), Seekoppelweg 16, 24113 Kiel

finke@lpv.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.008

Zusammenfassung

Grün- und Offenlandökosysteme stellen mit die artenreichsten Biotoptypen in Deutschland und in Mitteleuropa dar. Durch eine zunehmende Intensivierung in der Landwirtschaft seit Mitte des letzten Jahrhunderts ist es hier zu einem massiven Biodiversitätsverlust gekommen. Hinzu kommen eine Florenverfälschung und eine Vereinheitlichung von Graslandökosystemen in der freien Landschaft und auf urbanen Grünflächen durch den Landschaftsbau im großen Stil. Die hohen Biodiversitätsverluste bis in die jüngere Zeit machen deutlich, dass ein reiner Schutz des noch verbliebenen artenreichen Grün- und Offenlandes nicht mehr ausreicht, um den Artenreichtum und die damit verbundenen Ökosystemdienstleistungen dieser Lebensräume auf Dauer zu retten. Artenreiche Grün- und Offenlandökosysteme müssen im erheblichen Umfang wiederhergestellt werden.

Diese Entwicklung ist seit Jahrzehnten bekannt. Die sogenannte „Bestäuberkrise“ führt uns die gesamte Dramatik in der letzten Zeit vor Augen. Zumindest für die Begrünung und Renaturierung von Flächen in der „freien Natur“ untersagt der Gesetzgeber das Ausbringen gebietsfremder Arten ab 2020 bzw. stellt dies unter einem Genehmigungsvorbehalt. Saatgutmischungen nach dem Regio-Saatgutkonzept stellen bei der Verwendung gebietseigener Arten ein Grundsortiment an Arten dar, die pauschal bei Begrünungsvorhaben in ihren jeweiligen Vorkommensgebieten ausgebracht werden können. Für anspruchsvollere Vorhaben und zum Erhalt der vollen genetischen Variabilität wird die Verwendung naturreaumtreuen Saatguts empfohlen.

Sowohl zum Erhalt artenreicher Grün- und Offenlandflächen als Spenderflächen als auch zur Produktion von Regio-Saatgut stellt die Landwirtschaft ein wesentlicher Partner des Naturschutzes dar. Auch ergeben sich hier Möglichkeiten zur Einkommensbildung und Diversifizierung für den landwirtschaftlichen Betrieb.

Nach einem kurzen Einstieg in die aktuelle Problemlage des Biodiversitätsverlustes im Grün- und Offenland wurden das Konzept und die rechtlichen Grundlagen zur Verwendung von gebietseigenem Saatgut vorgestellt. Es wurden Beispiele zur Verwendung von gebietseigenem Saatgut in Renaturierungs- und Begrünungsvorhaben aufgezeigt. Die Integration von Regio-Saatgut anbau und von artenreichen Grünland- und Spenderflächen in den landwirtschaftlichen Betrieb wurde dargestellt.

Stichwörter: Regio-Saatgut, gebietseigen, Begrünung, Renaturierung, Grünland

Abstract

Green and open land ecosystems are among the most species-rich biotope types in Germany and Central Europe. However, increasing intensification in agriculture since the middle of the last century has led to a massive loss of biodiversity. In addition to this, there is a falsification of flora and a standardisation of grassland ecosystems in the open countryside and on urban green spaces through large-scale landscaping. The high biodiversity losses up to recent times make it clear that pure protection of the remaining species-rich grassland and open land is no longer sufficient to save the species richness and associated ecosystem services of these habitats in the long term. Species-rich grassland and open land ecosystems must be restored to a considerable extent.

This development has been known for decades. The so-called "pollinator crisis" has recently brought the whole drama to our attention. At least for the greening and renaturation of areas in the wild, the legislation prohibits the spreading of alien species from 2020 or requires a permit. Seed mixtures according to the indigenous seed concept represent a basic assortment of species for the use of native species, which can be applied in their respective areas of occurrence for greening projects. For more demanding projects and in order to maintain full genetic variability, the use of seeds that are true to nature is recommended.

Agriculture is an essential partner of nature conservation both for the preservation of species-rich grassland and open land as donor areas and for the production of indigenous seed. It also provides opportunities for income generation and diversification for the agricultural enterprise.

After a short introduction to the current problem of biodiversity loss in grassland and open land, the concept and legal basis for the use of indigenous seeds were presented. Examples for the use of locally grown seeds in

renaturation and greening projects were shown. The integration of indigenous seed cultivation and species-rich grassland and donor areas into the farm was described.

Keywords: regional seeds, regional specific, greening, renaturation, pasture land

Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft im botanischen Artenschutz

Crop wild relatives in plant species conservation

Detlev Metzger

Bundesamt für Naturschutz (BfN), II 1.2 Botanischer Artenschutz, Konstantinstr. 110, 53179 Bonn
detlev.metzger@bfn.de
DOI 10.5073/jka.2020.466.009

Zusammenfassung

Die „Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft“ (WEL) umfassen mit 2471 Arten 67,9 % der in Deutschland etablierten Gefäßpflanzen (ohne Neophyten), 11,3 % der Gefäßpflanzen werden als prioritäre WEL-Arten eingestuft. 25,7 % der WEL-Arten sind nach der aktuellen Roten Liste Deutschlands bestandsgefährdet. Für die weltweite Erhaltung von 453 der WEL-Arten hat Deutschland eine hohe Verantwortlichkeit. Das WEL-Konzept bietet neben der Gefährdung und der Verantwortlichkeit ein weiteres Kriterium für Priorisierungen im Artenschutz.

Stichwörter: Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft, WEL, Gefäßpflanzen, Flora Deutschlands, Artenschutz

Abstract

With 2471 species, crop wild relatives (CWR) comprise 67.9% of the vascular plants established in Germany (excluding neophytes), 11.3% of the vascular plants are classified as priority CWR species. According to the Red List of Germany, 25.7% of CWR species are endangered. Germany has a high responsibility for the worldwide conservation of 453 WEL species. The WEL concept offers a further criterion for prioritization in species conservation in addition to the criteria of endangering and responsibility.

Keywords: crop wild relatives, CWR, vascular plants, German flora, species conservation

Einleitung

Pflanzen nehmen weltweit eine elementare Rolle in fast allen Ökosystemen ein. Obwohl die Artenanzahl der Pflanzen deutlich geringer ist als die der Tiere und Pilze, bilden sie den weitaus größten Teil der Biomasse und sind damit die Nahrungsgrundlage für die ökologischen Gruppen der Konsumenten (Tiere und Menschen) und Zersetzer (Bakterien, Pilze u. a.) (BARTHOLOTT et al., 2014). Von den ca. 71.500 in Deutschland vorkommenden Arten der Tiere, Pflanzen und Pilze sind ca. 13 % Pflanzen (BfN, 2016).

Die Gefäßpflanzen (traditionell auch als Farn- und Blütenpflanzen bezeichnet) sind von besonderer Bedeutung in den terrestrischen Bereichen: Als Vegetation prägen sie das Bild der Natur- und Kulturlandschaften, aber auch die Lebensräume der Tier-, Pilz- und anderer Pflanzenarten. Es gibt viele, oftmals artspezifische Abhängigkeiten zwischen Pflanzen, Tieren und Pilzen. Bestandsveränderungen bei den Gefäßpflanzen dürfen daher nicht isoliert betrachtet werden, denn sie haben vielfältige Auswirkungen auf die Vielfalt anderer Organismengruppen – und umgekehrt.

Gefährdung und Schutz der Gefäßpflanzen

Spätestens seit den 1970er Jahren hat die Wissenschaft auf den weltweiten Rückgang der biologischen Vielfalt hingewiesen. In Deutschland gehören die Gefäßpflanzen in Bezug auf die Erfassung und Dokumentation ihrer Bestandssituation und Gefährdung traditionell zu den besonders gut untersuchten Organismengruppen. Der Rückgang der biologischen Vielfalt zeigt sich damit leider auch bei den Gefäßpflanzen Deutschlands: Nach der aktuellen Roten Liste sind 28,2 % der Arten (ohne Neophyten) bestandsgefährdet (Abb. 1), d.h. sie werden in die Rote-Liste-Kategorien 1 (vom Aussterben bedroht), 2 (stark gefährdet), 3 (gefährdet) oder G (Gefährdung unbekanntes Ausmaßes) eingestuft. Ein Vergleich der Ergebnisse der aktuellen Roten Liste mit denen vorheriger Fassungen zeigt, dass trotz des hohen gesellschaftlichen Bewusstseins für den Wert und den Rückgang der Biodiversität (BMU, BfN, 2018), trotz ambitionierter politischer Absichtserklärungen wie der Nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt (BMU, 2007) und trotz

verschiedenster Maßnahmen und Programme des Natur- und Artenschutzes die Trendumkehr, der Stopp des Rückgangs der Artenvielfalt für die Gefäßpflanzen Deutschlands bisher nicht erreicht wurde (METZING et al., 2018).

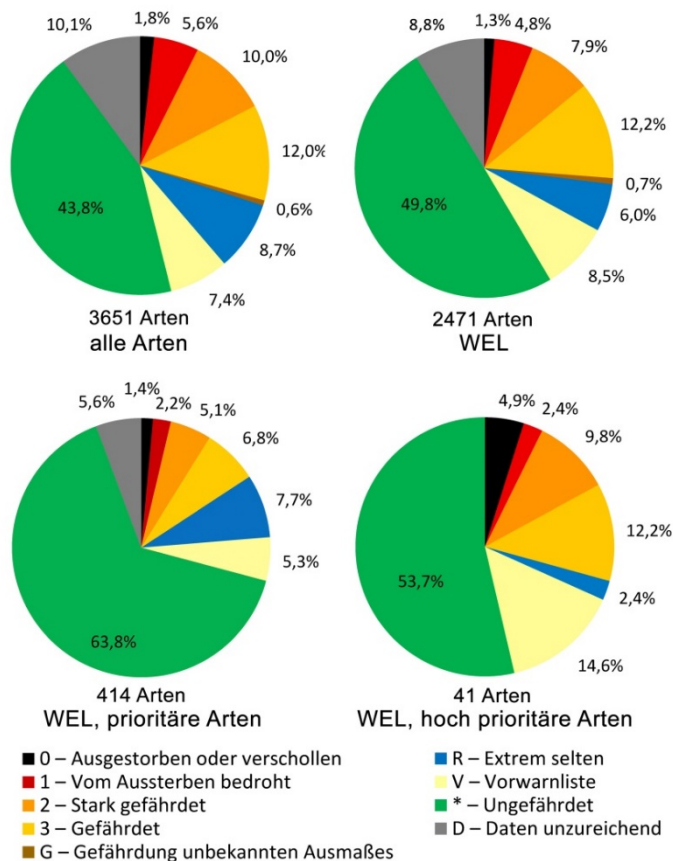


Abb. 1 Gefährdung der Gefäßpflanzen Deutschlands nach der Einstufung der Roten Liste. Anteil der Pflanzenarten in den Rote-Liste-Kategorien für alle Gefäßpflanzenarten (ohne Neophyten) (o. l.), WEL-Arten (o. r.), WEL-Arten mit einfacher oder hoher Priorität (u. l.) und WEL-Arten mit hoher Priorität (u. r.). Zuordnung der WEL-Arten nach BLE (2019) und BEKO (2019), Rote-Liste-Einstufungen nach METZING et al. (2018).

Fig. 1 Endangering of vascular plants in Germany according to the classification of the Red List of Germany. Proportion of plant species in the Red List categories for all vascular plant species (excluding neophytes) (top left), CWR species (top right), CWR species with basic or high priority (bottom left) and CWR species with high priority (bottom right). Categorization of CWR species after BLE (2019) and BEKO (2019), Red List classification after METZING et al. (2018).

Natur- und Artenschutz ist eine Querschnittsaufgabe unter Beteiligung aller gesellschaftlichen Akteure (BMU, 2007). Grundsätzlich soll der Gesamtbestand der Arten erhalten werden. Der Schutz der wild lebenden Pflanzenarten ist dabei das Ziel des Botanischen Artenschutzes als Teildisziplin des Naturschutzes.

Idealerweise wäre der Schutz durch eine nachhaltige Landnutzung und den Erhalt naturnaher Landschaften sowie ein umfangreiches Schutzgebietssystem zu erreichen, in denen die Lebensraumansprüche aller Arten erfüllt sind. Für viele Arten ist dies in unserer vielfältig genutzten Kulturlandschaft aber nicht mehr gegeben und spezifische Schutzbemühungen sind damit

unabdingbar. Da nicht alle Arten gleichermaßen bedroht sind, vor allem aber auch angesichts der knappen Ressourcen im Naturschutz (Geld, Personal) und unterschiedlicher fachlicher Zielvorstellungen ist eine Prioritätensetzung im Artenschutz notwendig.

Das Bundesnaturschutzgesetz (BNatSchG) definiert die Aufgaben des Artenschutzes (§ 37) und formuliert zunächst einen Allgemeinschutz für die wild lebenden Pflanzen (§ 39). Daneben nimmt es aber auch eine Priorisierung vor, in dem es die in den Anhängen verschiedener Rechtsverordnungen gelisteten Arten unter besonderen bzw. besonders strengen Schutz stellt und für diese Vorschriften wie Zugriffs-, Besitz- und Vermarktungsgebote festsetzt. Bei den für die Pflanzen relevanten Verordnungen handelt es sich um die Verordnung (EG) Nr. 338/97, die das Washingtoner Artenschutzübereinkommen (CITES) auf europäischer Ebene umsetzt, die europäische Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie (92/43/EWG), die den Schutz der gelisteten Pflanzenarten und ihrer Lebensräume als Ziel hat, sowie die Bundesartenschutzverordnung, die die Liste der auf nationaler Ebene besonders bzw. streng geschützten Arten erweitert.

Neben der rechtlichen Priorisierung ausgewählter Arten oder Artengruppen besteht die Notwendigkeit einer weiteren fachlichen Prioritätensetzung im Artenschutz. Hier sind es im Wesentlichen zwei Kriterien, die für eine entsprechende Bewertung herangezogen werden: die Gefährdung in Deutschland und die Verantwortlichkeit, die Deutschland für die weltweite Erhaltung der einzelnen Arten hat.

Für den Artenschutz gibt es viele gute Gründe aus ökologischer, sozialer, kultureller und ethischer Sicht. Nicht zuletzt werden vermehrt auch ökonomische Argumente für den Erhalt der Biodiversität als Teil des sog. Naturkapitals herangezogen (BMU, 2007). Kulturpflanzen als eine Lebensgrundlage des Menschen basieren auf der Selektion und züchterischen Bearbeitung von Wildpflanzen, somit auf dem Potential der biologischen Vielfalt. Der Erhalt der Kulturpflanzen-Verwandten ist daher – als genetische Ressource für die Züchtung – auch ökonomisch begründbar. Entsprechend wird der Schutz pflanzengenetischer Ressourcen (BMEL, 2015) in verschiedenen internationalen und nationalen Abkommen, Programmen und Absichtserklärungen wie dem Übereinkommen über die Biologische Vielfalt (CBD), dem Internationalen Vertrag über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (Saatgutvertrag) oder der Nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt als Ziel formuliert (siehe THORMANN, dieser Tagungsband). Im Rahmen des „Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen“ (BMEL, 2015) wurde ein Verzeichnis aller in Deutschland vorkommenden Pflanzenarten (Wild- und Kulturpflanzen) mit ihren jeweiligen Nutzungsformen erstellt (BLE, 2019), von denen im Folgenden nur die „Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft“ (WEL) betrachtet werden sollen. Welchen Anteil an der deutschen Flora nehmen sie ein, wie ist ihr Gefährdungsstatus und welche Rolle können Sie für die Priorisierung im Natur- oder Artenschutz einnehmen?

Die Gefäßpflanzen Deutschlands und WEL – eine Bilanz

Um quantitative Aussagen aus dem Vergleich verschiedener Florenlisten ableiten zu können, ist zunächst ein taxonomischer Abgleich erforderlich: Beziehen sich die aufgelisteten Namen auf Taxa mit identischem Umfang, wo wurden Taxa aufgespalten oder zusammengefasst? Für den vorliegenden Beitrag wurde die Liste der als WEL eingestuft Taxa aus der PGR-Liste (BLE, 2019) übernommen. Die vom „Beratungs- und Koordinierungsausschuss für genetische Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen“ (BEKO) erstellte Arbeitsliste der prioritären WEL-Arten wurde von der Bundesanstalt für Ernährung und Landwirtschaft (BLE) zur Verfügung gestellt (Stand Juli 2019). Für die Datenverknüpfung dieser Listen und der Roten Liste wurde zunächst ein taxonomischer Abgleich mit der „Liste der Gefäßpflanzen Deutschlands“ (BUTTLER et al., 2018) als taxonomischer Referenzliste durchgeführt, nach der sich auch die Benennung der Pflanzen in diesem Beitrag richtet.

Taxa, die in der PGR-Liste nicht ausdrücklich genannt sind, aber darin durch die Aufnahme des übergeordneten Taxons erfasst sind, wurden ergänzt. Ein Beispiel: In der PGR-Liste ist *Rubus*

fruticosus agg. (= *Rubus* sect. *Rubus* nach BUTTLER et al., 2018) als WEL mit einfacher Priorität gelistet. Entsprechend wurden die Segregate (= Taxa innerhalb von Aggregaten, oft auch als Kleinarten bezeichnet) dieser Sektion in der dieser Arbeit zugrundeliegenden Arbeitsliste ebenso eingestuft. In der PGR-Liste ist die Sektion *Taraxacum* sect. *Ruderalia* als WEL-Taxon aufgeführt, zusätzlich zahlreiche Arten dieser Sektion. Verschiedene Arten wie *Taraxacum aberrans* sind in der PGR-Liste nicht aufgeführt, gehören nach BUTTLER et al., (2018) aber zu den in Deutschland etablierten Arten der *Taraxacum* sect. *Ruderalia*. Durch die Ergänzung dieser und weiterer Segregate der Gattung *Taraxacum* würde sich die Anzahl der WEL-Arten um fast 11 % erhöhen. In diesem Fall wurde der WEL-Status nicht auf die in der PGR-Liste nicht genannten Taxa übertragen. Die in Deutschland etablierten Neophyten sind für die folgenden Zählungen grundsätzlich nicht berücksichtigt, denn diese werden im Naturschutz allgemein nicht als Schutzgut gesehen. (Ob in Deutschland etablierte Neophyten aufgrund möglicher Anpassungen an die hiesigen Standorte aber für die Züchtung potentiellen Nutzen haben könnten, soll hier nicht betrachtet werden.) Ausgeschlossen sind auch die Taxa, die hier nur unbeständige Vorkommen haben oder die auf Fehlangaben in der Literatur beruhen (vgl. BUTTLER et al., 2018).

Von den 3651 in Deutschland etablierten Gefäßpflanzenarten (Indigene und Archäophyten) sind 2471 als WEL eingestuft, also etwa zwei Drittel (67,9 %). Werden auch infraspezifische Taxa berücksichtigt und auf jeweils unterster taxonomischer Rangstufe gezählt (so wird z. B. eine Art mit zwei Unterarten als zwei Taxa gewertet), sind es 2643 von 3880 Gefäßpflanzenarttaxa (68,1 %).

414 Arten wird in der Arbeitsliste der prioritären WEL-Arten eine (einfache oder hohe) Priorität zugewiesen, das sind 11,3 % der Gefäßpflanzen Deutschlands, 41 Arten eine hohe Priorität (1,1 %). Von den 373 Arten mit einfacher Priorität gehören allerdings 287 Arten zu der Apomiktengruppe *Rubus* sect. *Rubus* (syn. *Rubus fruticosus* agg.). Fasst man diese apomiktischen Arten hier als eine zu zählende „Art“ zusammen, verbleiben 87 Arten mit einfacher Priorität.

Gefährdung

Etwa ein Viertel (25,7 %) der WEL-Arten wird in der Roten Liste (METZING et al., 2018) als bestandsgefährdet eingestuft, das ist etwas weniger als bei allen Gefäßpflanzenarten, die zu 28,2 % als bestandsgefährdet gelten (Abb. 1). Fast die Hälfte (49,8 %) der WEL-Arten ist nach der Roten Liste ungefährdet, bei allen Arten sind es mit 43,8 % etwas weniger. Von den 414 WEL-Arten mit einfacher oder hoher Priorität sind 67 Arten (16,2 %) bestandsgefährdet (davon gehören 33 zu *Rubus* sect. *Rubus*). Bei den WEL-Arten mit hoher Priorität sind zehn Arten (24,4 %) bestandsgefährdet: *Allium angulosum*, *A. suaveolens*, *Apium graveolens*, *Arnica montana*, *Helosciadium inundatum*, *H. nodiflorum*, *H. repens*, *Lactuca quercina*, *L. saligna* und *Vitis gmelinii* (syn. *V. vinifera* subsp. *sylvestris*). Drei prioritäre Arten (*Hordeum marinum*, *Lactuca viminea* und *Lolium temulentum*) gelten in Deutschland als ausgestorben oder verschollen.

Verantwortlichkeit

Neben der Gefährdungseinstufung in den Roten Listen ist die Analyse der nationalen Verantwortlichkeit für die Erhaltung der Arten eine weitere Grundlage für die Prioritätensetzung im Arten- und Naturschutz. Anhand der Kriterien „Anteil am Weltbestand“, „Lage im Areal“, und „Weltweite Gefährdung“ lässt sich die Zuständigkeit bzw. Verantwortung z. B. von Staaten für die Erhaltung der Arten aus globaler Sicht ermitteln. Das Verantwortlichkeitskonzept beruht auf der Erkenntnis, dass verschiedene Arealbereiche unterschiedliche Beiträge zur Entwicklung und zum Fortbestand von Arten leisten (WELK in METZING et al., 2018). Für die Gefäßpflanzen wurde eine vorläufige Liste von LUDWIG et al. (2007) publiziert, die für die Rote Liste (METZING et al., 2018) noch einmal erweitert wurde.

Für die weltweite Erhaltung von 600 Arten (19,4 %) der Gefäßpflanzenarten besteht eine besondere Verantwortlichkeit Deutschlands (Abb. 2). Bei den WEL-Arten sind es 453 (20,8 %), davon 291 Arten, für die Deutschland in besonders hohem Maße verantwortlich ist. Von den 453 Arten entfallen fast drei Viertel auf die Apomikten-Gattungen *Rubus* und *Taraxacum*, die aufgrund ihres Artenreichtums

das Bild verzerren. Dieser Effekt wird auch besonders deutlich, wenn man den Anteil der „Verantwortungsarten“ für die mit (einfacher oder hoher) Priorität eingestuften WEL-Arten betrachtet: Die 287 Arten der *Rubus* sect. *Rubus*, für die (als *Rubus fruticosus* agg.) eine einfache Priorität bestimmt wurde, bewirken, dass für fast die Hälfte (47,4 %) der prioritären Arten eine besonders hohe Verantwortlichkeit besteht. Wird diese *Rubus*-Gruppe als ein Taxon gezählt, sind es nur noch 8,5 %.

Deutlich wird durch dieses Beispiel, dass man abhängig von der taxonomischen Zuordnung und Zählweise zu unterschiedlichen Bewertungen kommen kann. Dies ist bedingt durch die bei den Gefäßpflanzen übliche infraspezifische Gliederung vieler Arten sowie durch die zu Aggregaten zusammengefassten schwer bestimmbareren Formenkreise, darunter besonders die artenreichen apomiktischen Gattungen wie *Hieracium*, *Rubus* und *Taraxacum*.

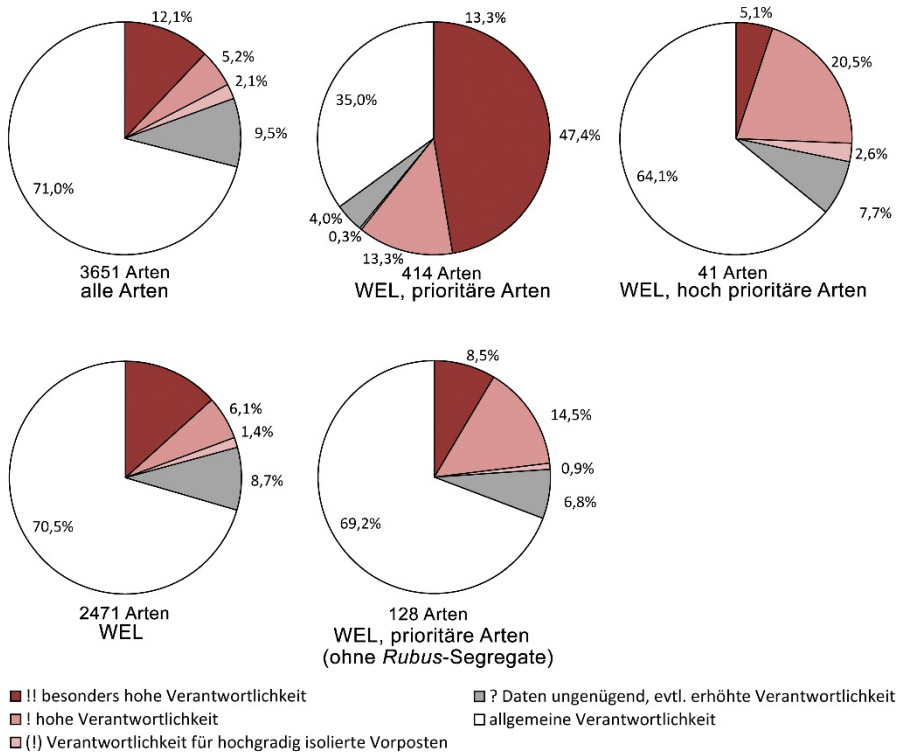


Abb. 2 Verantwortlichkeit Deutschlands für die weltweite Erhaltung der Gefäßpflanzenarten. Anteile in den Kategorien der Verantwortlichkeitseinstufung für alle Gefäßpflanzenarten Deutschlands (ohne Neophyten) (o. l.), WEL-Arten (u. l.), WEL-Arten mit einfacher oder hoher Priorität inkl. der *Rubus* sect. *Rubus*-Segregate (o. m.), WEL-Arten mit einfacher oder hoher Priorität, die *Rubus* sect. *Rubus*-Segregate als ein Taxon gezählt (u. r.), und WEL-Arten mit hoher Priorität (top right).

Fig.2 Germany's responsibility for the worldwide conservation of vascular plant species. Percentages in the categories of the responsibility classification for all vascular plant species in Germany (without neophytes) (top left), CWR species (right below), CWR species with basic or high priority incl. *Rubus* sect. *Rubus* segregates (top center), CWR species with basic or high priority, the *Rubus* sect. *Rubus* segregates counted as one taxon (right below), and CWR species with high priority (top right).

Pflanzenformationen

KORNECK und SUKOPP (1988) sowie KORNECK et al. (1998) erstellten eine Zuordnung der Gefäßpflanzen Deutschlands zu 24 verschiedenen „Pflanzenformationen“, in denen diese Arten Vorkommen

aufweisen. Hierfür wurden die Pflanzenlebensräume auf der Grundlage der pflanzensoziologischen Gliederung in 24 Einheiten zusammengefasst, die wiederum anhand ihrer Naturnähe zu drei Klassen gruppiert sind (Abb. 3). Anhand des Anteils gefährdeter Arten lässt sich die jeweilige Bedeutung der Formationen für die Erhaltung der heimischen Pflanzenvielfalt bewerten und kann der prioritäre Schutzbedarf bestimmter Lebensraumgruppen abgeleitet werden. So sind die Anteile der nach der aktuellen Roten Liste bestandsgefährdeten Arten bei den naturnahen Formationen „Vegetation oligotropher Gewässer“ und „Oligotrophe Moore und Moorwälder“ besonders hoch, bei den naturfernen Formationen ist besonders die „Ackerunkrautvegetation“ in ihrer Vielfalt gefährdet (METZING et al., 2018).

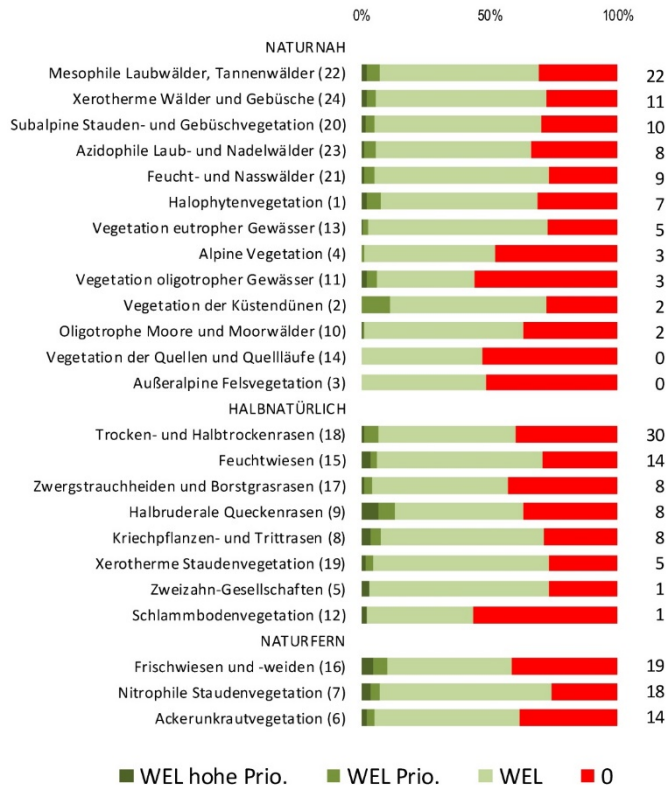


Abb. 3 Anteile der WEL-Arten mit Schwerpunkt- oder Hauptvorkommen in den Pflanzenformationen. Klassifikation und Nummerierung (in Klammern) der Formationen basierend auf KORNECK et al. (1998), erweitert; Zuordnung der WEL-Arten nach BLE (2019) und BEKO (2019). Die Zahlen rechts neben dem Balkendiagramm zeigen jeweils die Anzahl (einfach und hoch) prioritärer WEL-Arten. Da Arten Hauptvorkommen in mehreren Formationen haben können, sind diese Zahlen nicht zu einer Gesamtartenzahl zu summieren. 0 = Nicht-WEL-Arten.

Fig. 3 Percentages of CWR species with main occurrences in the plant formations. Classification and numbering (in brackets) of formations based on KORNECK et al. (1998), extended; classification of CWR species according to BLE (2019) and BEKO (2019). The numbers to the right of the bar charts show the number of priority CWR species. Since species can have main occurrences in several formations, the sum of these numbers does not give the total number of species. 0 = Non-CWR species

Übertragen auf die WEL-Arten ermöglicht das Konzept, die Lebensraumgruppen zu identifizieren, in denen besonders viele WEL vorkommen, und somit eine Priorisierung potentieller Schutzprogramme.

Für die folgende Analyse wurde die von KORNECK et al. (1998) überarbeitete Liste der den Pflanzenformationen zugeordneten Taxa erweitert. Soweit möglich, wurde für diese Liste die Zuordnung von Arten auf die Unterarten übertragen und umgekehrt, außerdem wurde für mehrere Taxa die Zuordnung ergänzt. Von den 3651 Gefäßpflanzenarten sind in der so erweiterten Arbeitsliste 2817 Arten einer oder mehreren Formationen zugeordnet. Für die folgenden Zählungen sind die *Rubus*-Segregate unter ihren Aggregaten zusammengefasst, da in KORNECK et al. (1998) die apomiktischen und vergleichbar artenreichen *Taraxacum*- und *Hieracium*-Aggregate den Formationen nur auf Aggregatsrang zugeordnet sind. Berücksichtigt werden für alle Arten nur die Haupt- und Schwerpunktorkommen, nicht die Neben- und neophytischen Vorkommen.

Den höchsten Anteil von WEL-Arten hat die Formation „Nitrophile Staudenvegetation“ (74,0 %), den geringsten die „Schlammbodenvegetation“ (43,5 %). Die höchsten Artenanzahlen prioritärer WEL-Arten innerhalb der drei Naturnäheklassen sind in den Formationen „Mesophile Laubwälder, Tannenwälder“ (22 Arten), „Trocken- und Halbtrockenrasen“ (30 Arten) sowie „Frischwiesen und -weiden“ zu finden (Abb. 3, Tab. 1).

Tab. 1 Prioritäre WEL-Arten der drei Pflanzenformationen mit den höchsten Anzahlen dieser Arten.

Tab. 1 Priority CWR species of the three plant formations with the highest numbers of these species.

Naturnah: Mesophile Laubwälder, Tannenwälder	Halbnatürlich: Trocken- und Halbtrockenrasen	Naturfern: Frischwiesen und -weiden
<i>Allium ursinum</i>	<i>Achillea millefolium</i>	<i>Achillea millefolium</i>
<i>Arum maculatum</i>	<i>Allium carinatum</i>	<i>Carum carvi</i>
<i>Carex brizoides</i>	<i>Allium lusitanicum</i>	<i>Dactylis glomerata</i>
<i>Crataegus laevigata</i>	<i>Allium sphaerocephalon</i>	<i>Daucus carota</i>
<i>Dactylis glomerata</i>	<i>Allium strictum</i>	<i>Festuca brevipila</i>
<i>Festuca heterophylla</i>	<i>Asparagus officinalis</i>	<i>Festuca pratensis</i>
<i>Fragaria moschata</i>	<i>Carex arenaria</i>	<i>Festuca nigrescens</i>
<i>Malus sylvestris</i>	<i>Festuca brevipila</i>	<i>Festuca rubra</i>
<i>Poa chaixii</i>	<i>Festuca duvalii</i>	<i>Hordeum secalinum</i>
<i>Prunus avium</i>	<i>Festuca filiformis</i>	<i>Lolium perenne</i>
<i>Prunus fruticans</i>	<i>Festuca guestfalica</i>	<i>Phleum pratense</i>
<i>Prunus spinosa</i>	<i>Festuca heteropachys</i>	<i>Poa chaixii</i>
<i>Pyrus pyraster</i>	<i>Festuca pallens</i>	<i>Poa pratensis</i>
<i>Ribes alpinum</i>	<i>Festuca patzkei</i>	<i>Trifolium campestre</i>
<i>Ribes uva-crispa</i>	<i>Festuca polesica</i>	<i>Trifolium ormithopodioides</i>
<i>Rosa arvensis</i>	<i>Festuca psammophila</i>	<i>Trifolium pratense</i>
<i>Rosa sherardii</i>	<i>Festuca rupicola</i>	<i>Trifolium repens</i>
<i>Rubus caesius</i>	<i>Festuca valesiaca</i>	<i>Vicia cracca</i>
<i>Rubus idaeus</i>	<i>Hypericum perforatum</i>	<i>Vicia sepium</i>
<i>Rubus saxatilis</i>	<i>Lactuca perennis</i>	
<i>Rubus sect. Rubus</i>	<i>Medicago falcata</i>	
<i>Vicia sepium</i>	<i>Thymus pulegioides</i>	
	<i>Thymus praecox</i>	
	<i>Thymus serpyllum</i>	
	<i>Trifolium arvense</i>	
	<i>Trifolium campestre</i>	
	<i>Trifolium pratense</i>	
	<i>Valerianella carinata</i>	
	<i>Valerianella locusta</i>	
	<i>Vicia lathyroides</i>	

Erhaltung der WEL – eine Herausforderung für Artenschutz und Landwirtschaft

Die WEL-Taxa bilden – unabhängig von der Zählung von Arten oder Taxa und dem Ein- oder Ausschluss der apomiktischen Arten – einen großen Teil der heimischen Gefäßpflanzenflora. Hier

besteht ein gemeinsames Interesse von Naturschutz und Landwirtschaft für den Erhalt dieser Pflanzen. Neben den Naturschutzkriterien (Gefährdung, Verantwortlichkeit) und rechtlichen Kriterien besteht mit der WEL-Einstufung ein weiteres Kriterium für die Priorisierung im Natur- und Artenschutz. Mit der WEL-Liste (BLE, 2019), der Prioritätenliste (BEKO, 2019) und der Roten Liste für Deutschland liegen die notwendigen Grundlagen für die Priorisierung vor. Die Zuordnung zu Pflanzenformationen oder Lebensräumen sowie weitere Angaben etwa zur Vergesellschaftung der Arten aus der Literatur stehen zusammen mit den Daten zur bundesweiten Verbreitung (NETPHYD, BfN, 2013; s. a. www.floraweb.de) für eine weitere ökologische oder geographische Schwerpunktsetzung zur Verfügung.

Je nach Gewichtung der einzelnen Kriterien und Wahl der taxonomischen Ebene lassen sich mehr oder wenige umfangreiche Sets von Taxa ermitteln, für deren Erhaltung ein gemeinsames, besonderes Interesse von Naturschutz und Landwirtschaft besteht. So ergibt eine Filterung nach bestandsgefährdeten, prioritären WEL-Arten mit hoher Verantwortlichkeit eine Liste mit zehn Arten (Tab. 2). Davon stehen zwei Arten im Anhang IV der Flora-Fauna-Habitat-Richtlinie und sind bereits in Artenschutzprogramme eingebunden. Auch für weitere Arten gibt es bereits Schutzprojekte, die z. B. durch die Länder oder Verbände im Rahmen ihrer Natur- und Artenschutzprogramme umgesetzt wurden bzw. werden oder mit Mitteln des Bundes gefördert werden (z. B. im „Bundesprogramm Biologische Vielfalt“).

Tab. 2 Prioritäre WEL-Arten, die nach der Roten Liste Deutschlands bestandsgefährdet sind und für deren weltweite Erhaltung Deutschland eine hohe Verantwortlichkeit hat.

RL = Rote-Liste-Kategorie, 1 = Vom Aussterben bedroht, 2 = Stark gefährdet, 3 = Gefährdet. V = Verantwortlichkeit Deutschlands für die Erhaltung der Art, ! = hohe Verantwortlichkeit, !! = besonders hohe Verantwortlichkeit. FFH = Flora-Fauna-Habitat-Richtlinie, IV = Art auf Anhang IV gelistet. BS = Bestandssituation nach der Roten Liste, es = extrem selten, ss = sehr selten, s = selten, mh = mäßig häufig (nach METZING et al., 2018).

Tab. 2 Priority CWR species which are endangered according to the Red List of Germany and for whose worldwide conservation Germany has a high responsibility.

RL = Red List category, 1 = critically endangered, 2 = endangered, 3 = vulnerable. V = Germany's responsibility for the conservation of the species, ! = high responsibility, !! = very high responsibility. FFH = EU Habitats Directive, IV = species listed in Annex IV. BS = population status according to the Red List, es = extremely rare, ss = very rare, s = rare, mh = moderately common (according to METZING et al., 2018).

Art	WEL Priorität	RL	V	FFH	BS
<i>Allium suaveolens</i>	hoch	3	!!		s
<i>Arnica montana</i>	hoch	3	!		mh
<i>Atriplex calotheca</i>	einfach	2	!		ss
<i>Carex pseudobrizoides</i>	einfach	3	!!		s
<i>Carex trinervis</i>	einfach	2	!		ss
<i>Deschampsia wibeliana</i>	einfach	3	!!		ss
<i>Deschampsia setacea</i>	einfach	2	!!		es
<i>Festuca psammophila</i>	einfach	3	!		s
<i>Helosciadium repens</i>	hoch	2	!!	IV	s
<i>Oenanthe conioides</i>	einfach	1	!!	IV	ss

Für den Naturschutz und die Landwirtschaft ergeben sich aus dem gemeinsamen Interesse am Erhalt der WEL Chancen und Verpflichtungen. Mit dem Einbezug der WEL ergibt sich für den Natur- und Artenschutz eine weitere Argumentationsbasis, die die oft formulierte Begründung für den Natur- und Artenschutz als Erhalt der Lebensgrundlage belegt. Daraus ergibt sich aber auch die Verpflichtung für die Naturschutzseite, die nachhaltige Nutzung von WEL für die Züchtung zuzulassen. Eine Entnahme und Nutzung der Pflanzen sowie eine Vernichtung ihrer Bestände oder Lebensstätten ist nach dem Bundesnaturschutzgesetz „ohne vernünftigen Grund“ verboten, wobei

die land- und forstwirtschaftliche Flächennutzung als vernünftiger Grund angesehen wird (STÄNDIGER AUSSCHUSS „ARTEN- UND BIOTOPSCHUTZ“, 2010). Die private Entnahme wildlebender Pflanzen(teile) ist unter bestimmten Voraussetzungen erlaubt, die gewerbsmäßige Entnahme wildlebender Pflanzen von nicht landwirtschaftlichen Flächen bedarf hingegen der Genehmigung durch die für Naturschutz und Landschaftspflege zuständige Behörde. Hier ist es Aufgabe der beteiligten Akteure, das Konzept der WEL bei den zuständigen Stellen im Naturschutz zu kommunizieren, auch um die Genehmigungsverfahren im Interesse von Landwirtschaft und Naturschutz zu erleichtern.

Die Landwirtschaft nutzt bundesweit über die Hälfte der Flächen und hat schon daher großen Einfluss auf die Artenvielfalt. Vor allem die Intensivierung der Landwirtschaft ist eine Hauptursache für den Bestandsrückgang vieler Pflanzenarten (BfN, 2015), gleichzeitig ist sie Nutznießer der natürlichen Pflanzenvielfalt, wie das Beispiel der WEL zeigt. Die Züchtungsforschung kann das Potential der WEL nutzen, um neue Sorten für die landwirtschaftliche Nutzung zu schaffen, die den Herausforderungen der Zukunft wie dem Klimawandel oder der Notwendigkeit geringeren Pestizideinsatzes gerecht werden. Auch wenn sich der Natur- und Artenschutz nicht auf die WEL-Arten beschränkt, sondern die Erhaltung des Gesamtbestands der heimischen Arten zum Ziel hat, kann der Schutz der WEL beispielhaft für eine Win-Win-Situation und eine Zusammenarbeit von Naturschutz und Landwirtschaft stehen.

Danksagung

Frau Dr. Imke THORMANN (Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Bonn) danke ich für die Liste der prioritären Arten und die konstruktive Zusammenarbeit.

Literatur

- BARTHOLOTT, W., W. R. ERDELEN, M. D. RAFIQPOOR, 2014: Biodiversity and technical innovations: bionics. In: LANZERATH, D., M. FRIELE (Hrsg.): Concepts and values in biodiversity. Routledge Studies in Biodiversity Politics and Management. Routledge, London und New York, 300–315.
- BEKO – BERATUNGS- UND KOORDINIERUNGS-AUSSCHUSS FÜR GENETISCHE RESSOURCEN LANDWIRTSCHAFTLICHER UND GARTENBAULICHER KULTURPFLANZEN, 2019: Arbeitsliste der prioritären, mit Kulturpflanzen verwandten Wildarten (WEL). Vervielf. Manuskript.
- BfN – BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ, 2015: Artenschutz-Report 2015. BfN, Bonn. 61 S.
- BfN – BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ, 2016: Daten zur Natur 2016. BfN, Bonn. 162 S.
- BLE – BUNDESANSTALT FÜR ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT, 2019: Liste pflanzengenetischer Ressourcen in Deutschland. <https://pgrdeu.genres.de/pgr> (letzter Zugriff August 2019).
- BMEL – BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT, 2015: Pflanzengenetische Ressourcen in Deutschland. BMEL, Berlin. 64 S.
- BMU – BUNDESMINISTERIUM FÜR UMWELT, NATURSCHUTZ UND REAKTORSICHERHEIT, 2007: Nationale Strategie zur biologischen Vielfalt. BMU, Berlin. 178 S.
- BMU, BfN – BUNDESMINISTERIUM FÜR UMWELT, NATURSCHUTZ UND NUKLEARE SICHERHEIT, BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ, 2018: Naturbewusstsein 2017. BMU, Berlin und BfN, Bonn. 72 S.
- BUTTLER, K. P., R. MAY, D. METZING, 2018: Liste der Gefäßpflanzen Deutschlands. Florensynopse und Synonyme. BfN-Skripten **519**. 286 S.
- KORNECK, D., H. SUKOPP, 1988: Rote Liste der in der Bundesrepublik Deutschland ausgestorbenen, verschollenen und gefährdeten Farn- und Blütenpflanzen und ihre Auswertung für den Arten- und Biotopschutz. Schriftenreihe für Vegetationskunde **19**. 210 S.
- KORNECK, D., M. SCHNITTLER, F. KLINGENSTEIN, G. LUDWIG, M. TAKLA, U. BOHN, R. MAY, 1998: Warum verarmt unsere Flora? Auswertung der Roten Liste der Farn- und Blütenpflanzen Deutschlands. Schriftenreihe für Vegetationskunde **29**, 299–358.
- LUDWIG, G., R. MAY, C. OTTO, 2007: Verantwortlichkeit Deutschlands für die weltweite Erhaltung der Farn- und Blütenpflanzen – vorläufige Liste. BfN-Skripten **220**. 32 S., Anhang.
- 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. TÄUBER, I. UHLEMANN, E. WELK, K. VAN DE WEYER, A. WÖRZ, W. ZAHLHEIMER, A. ZEHRM, F. ZIMMERMANN, 2018: Rote Liste und Gesamtartenliste der Farn- und Blütenpflanzen (Tracheophyta) Deutschlands. Naturschutz und Biologische Vielfalt **70 (7)**, 13–358.
- NETPHYD, BfN – NETZWERK PHYTODIVERSITÄT DEUTSCHLANDS, BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ (Hrsg.), 2013: Verbreitungsatlas der Farn- und Blütenpflanzen Deutschlands. Landwirtschaftsverlag, Münster.
- STÄNDIGER AUSSCHUSS „ARTEN- UND BIOTOPSCHUTZ“, 2010: Vollzugshinweise zum Artenschutzrecht. <https://www.bfn.de/fileadmin/MDb/documents/themen/cites/Vollzugshinweise.pdf> (letzter Zugriff August 2019).

Integrationsmöglichkeiten des Konzepts genetischer Erhaltungsgebiete in die Instrumente und Methoden des Naturschutzes

Options to integrate the concept of genetic reserves in means and method of nature conservation

Ralf Schlüter

Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz (LANUV) Nordrhein-Westfalen, Abteilung 2 – Naturschutz, Landschaftspflege, Jagdkunde, Fischereiökologie, Leibnizstr. 10, 45659 Recklinghausen
Ralf.Schlueter@lanuv.nrw.de
DOI 10.5073/jka.2020.466.010

Zusammenfassung

Der Erhalt der genetischen Vielfalt der Pflanzenarten ist ein Teilziel des Naturschutzes. Unter dem Aspekt der pflanzengenetischen Ressourcen für die Landwirtschaft ist sie auch aus landwirtschaftlicher Sicht von zunehmender Bedeutung, was u.a. vor dem Hintergrund von Entwicklungen wie dem Klimawandel deutlich wird. Der Anteil, den die Wildpflanzenarten für Ernährung und Landwirtschaft (WEL) an der Gesamtzahl der in Deutschland vorkommenden Farn- und Blütenpflanzenarten haben, zeigt, dass hier potenziell eine große Schnittmenge in den Schutzziele und -objekten besteht.

Der Naturschutz bietet ein umfangreiches Ziel- und Instrumentenset für den Erhalt der Pflanzenartenvielfalt, das in beträchtlichem Umfang auch pflanzengenetische Ressourcen für die Landwirtschaft schützt und erhält. Zentrale Instrumente sind:

- Schutzgebiete und Biotopverbund: Naturschutzgebiete, Natura 2000-Gebiete, Nationalparks, Biosphärenreservate, gesetzlich geschützte Biotope (u.a. Ausweisung, Managementplanung, Betreuung, Abstimmung mit Akteuren, Beobachtung)
- Vertragsnaturschutz und weitere Förderinstrumente wie LIFE und Förderrichtlinien für investive Maßnahmen (einschl. Bewirtschaftungsvorgaben für öffentliche Flächen)
- Artenschutz (u.a. § 40 BNatSchG)
- Landschaftsplanung
- Eingriffsregelung, Artenschutzprüfung, FFH-Verträglichkeitsprüfung
- Beobachtung von Natur und Landschaft (z. B. Biotop- und Artenkartierungen und -monitoring)

Die Instrumente sind in diesem Zusammenhang von unterschiedlicher Bedeutung. Schutzgebiete und gesetzlich geschützte Biotope sind die Hotspots der Artenvielfalt in Deutschlands. Sie sind auch ein zentrales Instrument zur Sicherung der Pflanzenartenvielfalt und ermöglichen insbesondere den Schutz vor direkten Beeinträchtigungen bzw. den Erhalt durch Managementmaßnahmen. Viele der WEL kommen im Offenland auf extensiv genutzten landwirtschaftlichen Flächen vor (vgl. METZING, dieser Tagungsband) und benötigen entsprechend eine gezielte extensive Nutzung oder Pflege. Hier kommt dem Vertragsnaturschutz eine herausragende Bedeutung zu. Instrumente des Artenschutzes sind auch außerhalb des Schutzgebietssystems wirksam. Voraussetzung für den Schutz ist eine Kenntnis der Vorkommen. Für die prioritären WEL erscheint es sinnvoll, den Erfassungsgrad und Vorkommensschwerpunkte anhand vorhandener Biotop- und Artkartierungen sowie Monitoringprogramme zu ermitteln. Für weitere Schritte, wie die Einrichtung von genetischen Erhaltungsgebieten, sind gesonderte Untersuchungen durch die jeweiligen Projektträger nötig (siehe GE-Sell-Projekt, beschrieben von BÖNISCH et al., dieser Tagungsband).

Beispiele wie das GE-Sell-Projekt zeigen, dass das Instrumentenset des Naturschutzes vom Prinzip her gut geeignet ist, auch die Anforderungen des Schutzes pflanzengenetischer Ressourcen zu gewährleisten. Bei Zielarten des Naturschutzes, zu denen insbesondere die seltenen und gefährdeten Arten gehören, sind so auch Synergieeffekte zu erkennen. Daneben sind aber auch Fälle möglich, in denen die Schutz- und Erhaltungsprioritäten aus Naturschutz- und Landwirtschaftssicht unterschiedlich bewertet werden. Vor dem Hintergrund der begrenzten Ressourcen des Naturschutzes ist es daher wichtig, dass von landwirtschaftlicher Seite gezielte, ergänzende Ressourcen bzw. Förderinstrumente zur Verfügung gestellt werden.

Die Analyse und Bewertung der Bedeutung und Eignung konkreter Vorkommen von WEL für genetische Erhaltungsgebiete ist relativ aufwendig und langwierig. Daraus ergibt sich, dass es aus Vorsorgegesichtspunkten zunächst vorrangig ist, die genetische Vielfalt der WEL insgesamt möglichst weitgehend zu erhalten. Der Schutz und Erhalt der Hotspots der Pflanzenartenvielfalt insbesondere durch Schutzgebiete und den Vertragsnaturschutz stellt in diesem Sinne eine wichtige Ökosystemleistung sicher. Instrumente des Naturschutzes stoßen in ihrer Wirksamkeit jedoch an Grenzen. Zum Beispiel ist die repräsentative Abdeckung der Hotspots der Pflanzenartenvielfalt durch Schutzgebiete in Deutschland regional sehr unterschiedlich und

der Vertragsnaturschutz stößt oft an strukturelle Grenzen (Mittelausstattung, Anwendbarkeit auf landwirtschaftliche Grenzstandorte von hoher Biodiversität, Verwaltungsaufwand). Die extensive landwirtschaftliche Nutzung selbst trägt häufig zum Erhalt, intensive Nutzung aber auch zur Gefährdung der Pflanzenartenvielfalt bei.

Die Initiativen zur Einrichtung von genetischen Erhaltungsgebieten sind wichtig, um die Bedeutung der In-situ-Erhaltung von Agrobiodiversität und die Ökosystemleistung, die Schutzgebiete und Vertragsnaturschutz in diesem Punkt bereitstellen, stärker in das Bewusstsein der Politik auf EU-, Bundes- und Landesebene aber auch der Akteure vor Ort zu bringen.

Neben der Einrichtung von Genetischen Erhaltungsgebieten ist es notwendig, das Ziel „Erhalt der Agrobiodiversität“ deutlicher in der Landwirtschaftspolitik zu verankern und mit konkreten Maßnahmen zu stützen. Für die laufende Reform der Gemeinsamen Agrarpolitik (GAP) der Europäischen Union und ihre nationale Umsetzung ist z. B. eine Stärkung von Agrarumweltmaßnahmen und hier speziell des Vertragsnaturschutzes von entscheidender Bedeutung (u. a. Stärkung der Mittelausstattung, Verringerung des Verwaltungsaufwandes und Verbesserung der Förderbedingungen auf landwirtschaftlichen Grenzstandorten).

Stichwörter: genetisches Erhaltungsgebiet, genetische Ressource, Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft, WEL, Schutzgebiet, Vertragsnaturschutz

Abstract

The maintenance of the genetic diversity of plant species is one of the goals of nature conservation. It is also of increasing importance from an agricultural point of view with regard to plant genetic resources for agriculture, especially in the light of the ongoing climate change. The proportion of crop wild relatives (CWR) of fern and flowering plant species occurring in Germany shows that there is potentially a large overlap in the protection goals and objects.

Nature conservation offers a comprehensive set of objectives and instruments for the maintenance of plant species diversity, which also protects and conserves plant genetic resources for agriculture to a considerable extent. Central instruments are:

- Protected areas, system of interlinked biotopes: nature reserves, Natura 2000 areas, national parks, biosphere reserves, legally protected biotopes (including designation, management planning, supervision, coordination with stakeholders, monitoring)
- Contractual nature conservation and other funding instruments such as LIFE and funding guidelines for investment-related measures (including management requirements for public areas)
- Species protection (inter alia § 40 BNatSchG)
- Landscape planning
- Legal provisions on interventions, species protection assessment, FFH directive compatibility assessment
- Observation of nature and landscape (e.g. biotope and species mapping and monitoring)

The instruments are of different importance in this context. Protected areas and legally protected biotopes are the hotspots of biodiversity in Germany. They are also a central instrument for conserving plant species diversity and, in particular, enable protection against direct threats or conservation through management measures. Most species of the CWR occur in the open countryside on extensively used agricultural land (see METZING, these conference proceedings) and therefore require specific extensive use or management. Here, contractual nature conservation is of outstanding importance. Species protection instruments are also effective outside the protected area system. A precondition for protection is knowledge of the occurrences. For the priority CWR, it appears to make sense to determine the degree of coverage and focal points of occurrence using existing biotope and species mapping and monitoring programs. For further steps, such as the establishment of genetic reserves, separate investigations by the respective project sponsors are necessary (see GE-Sell project, described by BÖNISCH et al., these conference proceedings).

Examples like the GE-Sell project show that, in principle, the set of instruments of nature conservation is well suited to ensure that the requirements of the protection of plant genetic resources are met as well. Synergy effects can also be identified for target species of nature conservation, which include in particular rare and endangered species. However, there may also be circumstances in which the protection and conservation priorities are assessed differently from a nature conservation and agricultural perspective. Considering the limited resources of nature conservation, it is therefore important that targeted complementary resources or support instruments are made available by the agricultural side.

The analysis and evaluation of the significance and suitability of specific occurrences of CWR for genetic reserve is relatively complex and time consuming. As a result, from a precautionary point of view the priority is initially to maintain the genetic diversity of CWR as far as possible. The protection and maintenance of the hotspots of plant species diversity, in particular by means of protected areas and contractual nature conservation, ensures an important ecosystem service in this context. However, nature conservation instruments are limited in their effectiveness. For example, the representative coverage of hotspots of plant species diversity by protected areas in Germany varies greatly from region to region, and contractual nature conservation often encounters structural limitations (financial resources, applicability to agricultural marginal yield locations of high biodiversity, administrative costs). Extensive agricultural exploitation itself often contributes to conservation. On the other hand, intensive farming can be a threat to plant species diversity.

The initiatives for the establishment of genetic reserves are important in order to raise awareness of the importance of *in situ* conservation of agrobiodiversity and the ecosystem services provided by protected areas and contractual nature conservation not only among politicians at the European Union, federal and state level, but also among local stakeholders.

In addition to the establishment of genetic reserves, it is necessary to integrate conservation of agrobiodiversity as a goal more clearly into agricultural policy and to support it with concrete measures. In the context of the ongoing reform of the Common Agricultural Policy (CAP) of the European Union and its national implementation, it is essential to (as an example) strengthen agro-environmental measures and in particular contractual nature conservation (including strengthening funding, reducing the administrative burden and improving the conditions for support at agricultural marginal yield locations).

Keywords: genetic reserve, genetic resource, crop wild relatives, CWR, protected area, contractual nature conservation

Poster

Genetische Erhaltungsgebiete für *Apium graveolens* L. subsp. *graveolens*

Genetic reserves for Apium graveolens L. subsp. *graveolens*

Marion Nachtigall*, Maria Bönisch, Uta Schirmak, Lorenz Bülow, Lothar Frese

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

*Korrespondierende Autorin, marion.nachtigall@julius-kuehn.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.011

Zusammenfassung des Posters von NACHTIGALL et al. (2019)

Der Verlust an Artenvielfalt schreitet unaufhaltsam voran. Besonders besorgniserregend ist der Verlust innerartlicher genetischer Vielfalt von Wildarten, die mit unseren Kulturpflanzen verwandt (WVK) und als genetische Ressource für die Pflanzenzüchtung unverzichtbar sind. Deshalb soll im Rahmen eines vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung geförderten Modell- und Demonstrationsprojektes für Wildsellerie (FKZ 2814BM110 bis 112) beispielhaft für andere WVK ein Netzwerk genetischer Erhaltungsgebiete aufgebaut werden. Ein genetisches Erhaltungsgebiet (GenEG) ist definiert als eine für aktive und dauerhafte Erhaltungsmaßnahmen ausgewiesene Fläche, auf der ein Management und Monitoring genetischer Vielfalt natürlich vorkommender Wildpflanzenpopulationen durchgeführt wird (MAXTED et al., 1997).

Für die genetischen Analysen wurden 27 *A. graveolens*-Vorkommen aus unterschiedlichen Naturräumen und Habitattypen ausgewählt. Je Vorkommen wurden rund 30 Individuen beprobt und mit 16 polymorphen SSR Markern untersucht, die von ACQUADRO et al. (2006) bzw. FU et al. (2013, 2014) entwickelt wurden. Mit dem ProcAllele-Verfahren (SAS 9.4) wurden deskriptive genetische Parameter (Polymorphic Information Content, PIC; erwartete Heterozygotie, H_e ; beobachtete Heterozygotie, H_o) berechnet. Die Abweichung vom Hardy-Weinberg-Prinzip (HWP) wurde mit dem χ^2 -Test ($p = 0,05$) überprüft. Mit dem genetischen Distanzmaß Δ (GREGORIUS et al., 2003) und dem Programm DifferInt (GILLET, 2013) wurden die genetische Diversität im Material, die paarweise genetische Distanz sowie die genetische Differenzierung zwischen den *A. graveolens*-Vorkommen bestimmt. Die Visualisierung der geographischen Verteilungsmuster genetischer Variation erfolgte mit R-Version 3.5.1. und der Funktion nj (Neighbor-Joining) aus dem Paket ape (Version 5.1).

Die Anzahl detektierter Allele schwankt zwischen 4 (Fn09) und 18 (ECMS06, QC43), der kleinste PIC-Wert beträgt 0,042 und der größte 0,803. Ein überwiegender Teil der Marker-Vorkommen-Kombinationen (80 %) befindet sich nicht im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht. Unterschiede in der genetischen Zusammensetzung der 27 Vorkommen wurden deshalb mit dem Maß $\Delta_{SD(i)=1 \dots 27}$ ermittelt, wobei $\Delta_{SD(i)} = 0$ vollständige und $\Delta_{SD(i)} = 1$ keine Übereinstimmung mit seinem Komplement bedeutet. Das Komplement stellt die genetische Zusammensetzung aller gepoolten Vorkommen ausgenommen des Vorkommens $\Delta_{SD(i)}$ dar. Die mittlere genetische Differenzierung Δ_{SD} , d. h. der Mittelwert aus allen $\Delta_{SD(i)}$, ist mit 0,3688 unterdurchschnittlich ausgeprägt. Das Vorkommen AgHEC bei Staßfurt (Sachsen-Anhalt) zeigt die geringste genetische Distanz ($\Delta_{SD(AgHEC)} = 0,251$) zum Komplement und repräsentiert somit die genetische Zusammensetzung der gepoolten 26 Vorkommen am besten, während das Vorkommen AgWA bei Helmstedt die größte Distanz ($\Delta_{SD(AgWA)} = 0,478$) zum Komplement aufweist und sich am stärksten vom Komplement unterscheidet. Die *A. graveolens*-Vorkommen bilden zwei große und zwei kleinere Gruppen. Während in den Gruppen II und III nur Vorkommen aus Binnensalzstellen (Binnenland) vertreten sind, befinden sich in Gruppe IV ausschließlich Vorkommen von der Ostseeküste. Demgegenüber umfasst die Gruppe I Vorkommen sowohl aus dem Binnenland als auch von der Ostseeküste.

Unter Berücksichtigung weiterer Auswahlkriterien wurden 15 Vorkommen für die Einrichtung von GenEG für *A. graveolens* ausgewählt.

Stichwörter: *Apium graveolens*, Echter Sellerie, In-situ-Erhaltung, genetische Diversität, Mikrosatelliten Marker

Abstract of the poster by NACHTIGALL et al. (2019)

The loss of species diversity is continuously progressing. Of particular concern is the loss of intraspecific genetic diversity of crop wild relatives (CWR), which are an indispensable genetic resource for plant breeding. Therefore

an exemplary network of genetic reserves for CWR will be established within the framework of a model and demonstration project for wild celery, financially supported by the German Federal Ministry of Food and Agriculture through the Federal Office for Agriculture and Food (grant number 2814BM110 to 112). A genetic reserve is defined as “the location, management and monitoring of genetic diversity in natural populations within defined areas designated for long-term active conservation” (MAXTED et al., 1997).

Twentyseven *A. graveolens* occurrences from different ecogeographic units were selected for genetic analyses. Sixteen polymorphic SSR markers developed by ACQUADRO et al. (2006) and FU et al. (2013, 2014) were identified and used to genotype up to 30 individuals per occurrence. The SAS procedure ProcAllele (SAS 9.4) was employed to calculate the descriptive genetic parameters (Polymorphic Information Content, PIC; expected heterozygosity, H_e ; observed heterozygosity, H_o). The deviation from the Hardy-Weinberg principle (HWP) was tested with the χ^2 test ($p = 0.05$). The genetic distance measure Δ (GREGORIUS et al., 2003) and the software DifferInt (GILLET, 2013) was used to determine the genetic diversity within the material and to calculate the pair wise genetic distances between occurrences and the genetic differentiation among the *A. graveolens* occurrences. The visualisation of the geographical distribution patterns of genetic diversity was performed with R (Version 3.5.1.) and the function nj (Neighbor-Joining) from the package ape (version 5.1).

The number of detected alleles varies between 4 (Fn09) and 18 (ECMS06, QC43), the lowest PIC value is 0.042 and the highest is 0.803. The majority of the marker-occurrence-combinations (80%) deviate from Hardy-Weinberg equilibrium. Differences in the genetic composition of the 27 occurrences were determined with the measure $\Delta_{SD(j=1 \dots 27)}$. The measure Δ ranges between 0 and 1, whereby $\Delta_{SD(j)} = 0$ signifies complete and $\Delta_{SD(j)} = 1$ no agreement of occurrence j with the genetic composition of the pooled remainder. The mean complementary genetic differentiation, i.e. the average of all $\Delta_{SD(j)}$, is $\Delta_{SD} = 0.3688$ and is below average. The occurrence AgHEC ($\Delta_{SD(AgHEC)} = 0.251$) located near Staßfurt (Saxony-Anhalt) represents the genetic composition of the pooled remaining 26 occurrences best while the genetic composition of AgWA ($\Delta_{SD(AgWA)} = 0.478$) at Helmstedt differs most from its complement. The *A. graveolens* occurrences cluster into two large and two smaller groups. While in the groups II and III only occurrences at inland salt meadows are represented, in group IV Baltic Sea coast occurrences, respectively, were recognised. In contrast, the group I includes both occurrences of inland salt meadows and of the Baltic Sea coast.

Next to the genetic data additional selection criteria were applied to select 15 sites for the establishment of genetic reserves for *A. graveolens*.

Keywords: *Apium graveolens*, wild relative of celery, *in situ* conservation, microsatellite marker, genetic diversity

Literatur

- ACQUADRO, A., F. MAGURNO, E. PORTIS, S. LANTERI, 2006: dbEST-derived microsatellite markers in celery (*Apium graveolens* L. var. *dulce*). *Molecular Ecology Notes* **6**, 1080–1082.
- FU, N., Q. WANG, H.-L. SHEN, 2013: De Novo Assembly, Gene Annotation and Marker Development Using Illumina Paired-End Transcriptome Sequences in Celery (*Apium graveolens* L.). *PLoS ONE* **8**:e57686.
- FU, N., P.-Y. WANG, X.-D. LIU, H.-L. SHEN, 2014: Use of EST-SSR Markers for Evaluating Genetic Diversity and Fingerprinting Celery (*Apium graveolens* L.) Cultivars. *Molecules* **19**, 1939–1955.
- GILLET, E.M., 2013: DifferInt: compositional differentiation among populations at three levels of genetic integration. *Molecular Ecology Resources* **13**, 953–964.
- GREGORIUS, H.-R., E. M. GILLET, M. ZIEHE, 2003: Measuring Differences of Trait Distributions between Populations. *Biometrical Journal* **45**, 959–973.
- MAXTED, N., J. G. HAWKES, B. V. FORD-LLOYD, J. T. WILLIAMS, 1997: Chapter 22. A practical model for *in situ* genetic conservation. In: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, J. G. HAWKES (Hrsg.) *Plant genetic conservation: in situ approach*. Kluwer Academic Publishers, London, UK, 339–364.
- NACHTIGALL, M., M. BÖNISCH, U. SCHIRMAK, L. BÜLOW, L. FRESE, 2019: Genetische Erhaltungsgebiete für *Apium graveolens* L. subsp. *graveolens*. *Quedlinburg*. <https://doi.org/10.5073/20190508-125726>.

Genetische Erhaltungsgebiete für *Helosciadium inundatum*

Genetic reserves for Helosciadium inundatum

Marion Nachtigall*, Uta Schirmak, Maria Bönisch, Lorenz Bülow, Lothar Frese

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

*Korrespondierende Autorin, marion.nachtigall@julius-kuehn.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.012

Zusammenfassung des Posters von NACHTIGALL et al. (2019)

Mit der Unterzeichnung des Internationalen Vertrages über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (IT) verpflichtete sich Deutschland, wildvorkommende Verwandte der Kulturpflanzen (WVK) in ihren natürlichen Lebensräumen (in situ) zu erhalten und lebensfähige Populationen wiederherzustellen. Zu diesem Zweck sollen die Bemühungen ortsansässiger Gemeinschaften zur Erhaltung der biologischen Vielfalt im Rahmen des Modell- und Demonstrationsvorhabens GE-Sell gefördert und unterstützt werden. Das GE-Sell-Projekt wird gefördert vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (FKZ 2814BM110 bis 112).

Der Flutende Sellerie (*H. inundatum* (L.) W. D. J. KOCH) ist eine von insgesamt vier in Deutschland vorkommenden Wildselleriearten und wird als „stark gefährdet“ (METZING et al., 2018) eingestuft. In Deutschland wird insbesondere das nordwestdeutsche Tiefland (Niedersachsen) vom Flutenden Sellerie besiedelt. *H. inundatum* bevorzugt nährstoffarme, lichte Stillgewässer, welche oft durch schwankende Wasserstände bzw. Austrocknungsphasen charakterisiert sind. Die Erhaltung der noch vorhandenen intraspezifischen genetischen Vielfalt ist das Ziel der Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete. Von 54 bestätigten *H. inundatum*-Standorten wurden 21 Vorkommen ausgewählt, die unterschiedliche Naturräume 3. Ordnung und Habitattypen repräsentieren. Die Firma SGS Trait Genetics (Gatersleben) entwickelte mit NGS (MiSeq Illumina) ein SSR-Marker-Set für *H. inundatum*. Je Vorkommen wurden bis zu 30 *H. inundatum*-Individuen beprobt und mit 15 polymorphen SSR Markern untersucht. Mit dem ProcAllele-Verfahren (SAS 9.4) wurden deskriptive genetische Parameter (Polymorphic Information Content, PIC; erwartete Heterozygotie, H_e ; beobachtete Heterozygotie, H_o) berechnet. Auf der Grundlage der Allelgrößen wurde eine Diskriminanzanalyse der Hauptkomponenten (DAPC) durchgeführt (JOMBART, 2008). Um die räumlichen genetischen Strukturen der Vorkommen zu untersuchen wurde unter R (Version 3.5.1) die Funktion dapc aus dem Paket adegenet (Version 2.1.1) verwendet. Einzelne Individuen und Cluster wurden mittels der Funktion scatter.dapc visualisiert. Die Abweichung vom Hardy-Weinberg-Prinzip (HWP) wurde mit dem Chi²-Test ($p = 0,05$) für alle Marker-Vorkommen-Kombinationen überprüft. Mit dem Distanzmaß Δ (GREGORIUS et al., 2003) und dem Programm DifferInt (GILLET, 2013) wurden die genetische Diversität innerhalb des gesammelten Materials sowie Unterschiede in der genetischen Zusammensetzung der Vorkommen ermittelt.

Die Anzahl detektierter Allele schwankt zwischen 5 (ARM0015) und 17 (ARM0021) und der PIC-Wert zwischen 0,156 und 0,809. Die DAPC ergab keine Aufteilung aller Individuen in deutlich unterscheidbare Gruppen, mit Ausnahme von sechs der 21 Vorkommen. Die Abweichungen vom HWP belegen, dass es sich bei den Vorkommen nicht um ideale panmiktische Populationen handelt. Deshalb wurde die weitere genetische Analyse mit Δ ausgeführt. Die mittlere genetische Differenzierung im Material ist mit $\Delta_{SD} = 0,3883$ unterdurchschnittlich. Das Vorkommen HiBH bei Oldenburg (Niedersachsen) weist mit $\Delta_{SD(HiBH)} = 0,2782$ die geringste genetische Distanz zu seinem Komplement auf und repräsentiert die genetische Zusammensetzung der gepoolten übrigen Vorkommen am besten, während sich das Vorkommen HiAM auf Amrum (Schleswig-Holstein) mit $\Delta_{SD(HiAM)} = 0,5415$ am stärksten vom Komplement unterscheidet. Die Differenzierung der Vorkommen lässt an einzelnen Loci große Unterschiede erkennen. Am Locus ARM0009 mit $\Delta_{SD} = 0,6643$ sind die Vorkommen überdurchschnittlich stark differenziert. Im Gegensatz dazu differenziert der Locus ARM0015 mit $\Delta_{SD} = 0,1118$ die Vorkommen nur geringfügig. Die Vorkommen HiAHT, HiSOH und HiWA bestehen zu einem großen Teil (10, 19, 12) aus identischen Multi-Locus-Genotypen, welche zudem an den meisten Loci homozygot waren. Bei diesen Individuen handelt es sich vermutlich um Selbstungsnachkommen. Für die Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete (GenEG) wurde zunächst das Vorkommen mit dem kleinsten bzw. größten $\Delta_{SD(i)}$ ausgewählt. Danach wurde für jeden Naturraum jeweils ein Vorkommen mit großem $\Delta_{SD(i)}$ und weiteren Kriterien ausgewählt, um möglichst viel adaptive genetische Variation zu erfassen. Für 11 Vorkommen wird die Einrichtung eines Netzwerkes von GenEG empfohlen.

Stichwörter: Genetisches Erhaltungsgebiet, *Helosciadium inundatum*, Mikrosatelliten Marker, genetische Diversität, In-situ-Erhaltung

Abstract of the poster by NACHTIGALL et al. (2019)

By signing the International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture, Germany is committed to conserve crop wild relatives *in situ* and to re-establish viable populations by supporting local communities engaged in the conservation of biological diversity. Activities are to be promoted in the model and demonstration project GE-Sell, which is financially supported by the German Federal Ministry of Food and Agriculture through the Federal Office for Agriculture and Food (grant number 2814BM110 to 112).

The Flooding Celery (*Helosciadium inundatum* (L.) W. D. J. KOCH) is one of four species of wild celery found in Germany and is classified as "highly endangered" (METZING et al., 2018). In Germany, *H. inundatum* occurs particularly in the northwestern lowland. The species prefers nutrient-poor, light puddles with changing water levels and drought periods. The objective of the establishment of genetic reserves is to maintain the current status of intraspecific genetic diversity.

Out of 54 confirmed *H. inundatum* sites, 21 sites located in differing ecogeographic units were selected. SGS Trait Genetics (Gatersleben) developed an SSR marker set for *H. inundatum* by using NGS (MiSeq Illumina). Within the 21 sites up to 30 individuals were sampled and genotyped with fifteen polymorphic SSR markers. The SAS procedure ProcAllele (SAS 9.4) was employed to calculate descriptive genetic parameters (Polymorphic Information Content, PIC; expected heterozygosity, H_e ; observed heterozygosity, H_o). The deviation from the Hardy-Weinberg principle (HWP) was tested with the Chi² test ($p = 0.05$). The distance measure Δ (GREGORIUS et al., 2003) and the program DifferInt (GILLET, 2013) was used to establish the genetic diversity within the collection as well as differences in the genetic composition among the *H. inundatum* occurrences. To investigate the genetic structure within the research material, a Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC) was performed by using R version 3.5.1 and the package adegenet version 2.1.1. The scatter.dapc function was employed to visualize the individuals and occurrences on a scatter plot.

The number of detected alleles varies between 5 (ARM0015) and 17 (ARM0021), the lowest PIC value is 0.156 and the highest is 0.809. With the exception of six of the 21 occurrences the DAPC analysis did not separate the material into clearly distinguishable groups. The deviations from HWP show that the occurrences are not ideal random mating populations. The measure Δ ranges between 0 and 1, where $\Delta_{SD(ij)} = 0$ means complete and $\Delta_{SD(ij)} = 1$ represents no agreement with the complement. Mean genetic differentiation Δ_{SD} is 0.3883 and is below average. The occurrence HiBH ($\Delta_{SD(HiBH)} = 0.2782$) near Oldenburg (Lower Saxony) shows the smallest distance to its complement and represents the genetic composition of the pooled remaining 20 occurrences best while the genetic composition of HiAM ($\Delta_{SD(HiAM)} = 0.5415$) on Amrum (Schleswig-Holstein) differs most from its complement. The degree of mean differentiation depends on the loci. In the case of locus ARM0009 the differentiation among occurrences is above average and with $\Delta_{SD} = 0.6643$ quite high as compared to locus ARM 0015 with $\Delta_{SD} = 0.1118$. Here, only a weak differentiation among occurrences can be observed.

The occurrences HiAHT, HiSOH and HiWA contain a large number (10, 19 and 12) of duplicated multi-locus genotypes. Since the multi-locus genotypes are homozygous at most loci, these individuals are likely the result of repeated self-fertilisation. For the establishment of the network of genetic reserve, first the occurrence with the smallest as well as largest $\Delta_{SD(ij)}$ was selected. Secondly, for each ecogeographic units an occurrence with a large $\Delta_{SD(ij)}$ was selected to capture as much adaptive genetic variation as possible. Additional selection criteria were used and the establishment of genetic reserves for 11 occurrences recommended.

Keywords: genetic reserve, *Helosciadium inundatum*, microsatellite marker, genetic distance, *in situ* conservation

Literatur

- GILLET, E.M., 2013: DifferInt: compositional differentiation among populations at three levels of genetic integration. *Molecular Ecology Resources* **13**, 953–964.
- GREGORIUS, H.-R., E.M. GILLET, M. ZIEHE, 2003: Measuring Differences of Trait Distributions between Populations. *Biometrical Journal* **45**, 959–973.
- 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.
- JOMBART, T., 2008: adegenet: A R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* **24**, 1403–1405.
- 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. TÄUBER, 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.
- NACHTIGALL, M., U. SCHIRMAK, M. BÖNISCH, L. BÜLOW, L. FRESE, 2019: Genetische Erhaltungsgebiete für *Helosciadium inundatum*. Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190508-130359>.

R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
<https://www.R-project.org/> version 3.5.1. (aufgerufen am 08.08.2018).

Das genetische Erhaltungsgebiet Wildsellerie NSG „Venne“ im Kreis Warendorf (Münsterland, Nordrhein-Westfalen)

The Genetic Conservation Area Wild Celery "Venne" in the District of Warendorf (Münsterland, North Rhine-Westphalia)

Thomas Hövelmann, Hendrik Lübben, Helena Vandenbroucke

NABU-Naturschutzstation Münsterland, Haus Heidhorn, Westfalenstraße 490, 48165 Münster

*Korrespondierender Autor, t.hoelmann@NABU-Station.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.013

Zusammenfassung des Posters von HÖVELMANN et al. (2019)

Das genetische Erhaltungsgebiet NSG „Venne“ für den Flutenden Sellerie (*Helosciadium inundatum*) liegt nördlich des Ortsteils Warendorf-Milte (Kreis Warendorf, Nordrhein-Westfalen) im Münsterland und hat eine Größe von 14 ha, bestehend aus Kleingewässern, Pionierfluren, Grünland und Wald. Die Ausweisung des als Ausgleichsmaßnahme im Zuge der Flurbereinigung um 1980 entstandenen Geländes als Naturschutzgebiet erfolgte 2004 u. a. zum Schutz der niederwaldartigen Bruchwälder als Lebensraum seltener und gefährdeter Pflanzen- und Tierarten, insbesondere in den zeitweise überstauten Bereichen und zum Schutz des Feuchtgrünlandes und des angelegten Kleingewässerkomplexes als wertvoller Lebensraum.

Ein Pflege- und Entwicklungsplan der NABU-Naturschutzstation Münsterland als Biologische Station des Landes NRW, der mit dem Kreis Warendorf und der Bezirksregierung Münster abgestimmt worden war, empfahl u.a. die Entkusselung und das Abschieben von Oberboden im Kleingewässer-Komplex sowie naturnahe Waldentwicklung und -bewirtschaftung. Die Umsetzung erfolgte 2011–2013 und führte zur Entwicklung einer Artenvielfalt von sehr hoher floristischer Bedeutung mit 29 Rote Liste-Arten.

Seitdem erfolgt weiterhin die jährliche Pflegemahd und das Entkusseln von Gehölzen durch die NABU-Naturschutzstation Münsterland mit Hilfe zahlreicher ehrenamtlicher Helfer, u. a. auch aus dem Christopherus-Haus Ennigerloh für Menschen mit geistiger Behinderung.

In Abstimmung mit dem Julius Kühn-Institut wurden durch die NABU-Naturschutzstation Münsterland im Jahr 2018 u. a. Wuchs-, Migrations- und Übergangsfächen definiert, vier Monitoringflächen eingerichtet und der Datensteckbrief „Demographisches Monitoring“ ausgefüllt. Die Lage der Fläche im Uferbereich der Kleingewässer ermöglicht eine Überflutung der Bestände bei hohem Wasserstand.

Über die Ausweisung als Naturschutzgebiet ist eine Sicherung der Wildsellerie-Bestände vor unmittelbaren Beeinträchtigungen gewährleistet. Eine potenzielle Gefährdung stellen diffuse Stoffeinträge aus der umliegenden intensiven Landwirtschaft und der Atmosphäre dar, die die unerwünschte natürliche Sukzession wie beispielsweise die Ausbreitung von Weiden und Erlen aus dem angrenzenden Erlenbestand fördern.

Ziel des Pflege- und Entwicklungsplanes für das NSG „Venne“ ist der dauerhafte Erhalt der offenen Kleingewässer und Sandfluren für gefährdete, konkurrenzschwache Arten der Heideweiher wie den Flutenden Sellerie. Dazu ist u.a. die regelmäßige Pflege des offenen Bereiches mit den Wuchs- und Übergangsfächen von *Helosciadium inundatum* vorgesehen mit dem Ziel, diesen Bereich offen zu halten und vor allem vor dem Aufwuchs von Gehölzen zu schützen.

Die Sukzession wird durch die laufenden Biotoppflegearbeiten wirksam aufgehalten. Zudem bemühen sich der Kreis Warendorf und die NABU-Naturschutzstation Münsterland um Regelungen des Vertragsnaturschutzes, um angrenzende landwirtschaftliche Nutzflächen zu extensivieren. Weiterhin ist geplant, das Gebiet einzuzäunen, so dass eine für den Sellerie und die anderen konkurrenzschwachen Arten förderliche Beweidung des genetischen Erhaltungsgebietes möglich sein wird.

Stichwörter: *Helosciadium inundatum*, Biotoppflege, Monitoring, Genetisches Erhaltungsgebiet, ehrenamtlicher Naturschutz, Kreis Warendorf, NABU-Naturschutzstation Münsterland, Biologische Station

Abstract of the poster by HÖVELMANN et al. (2019)

The genetic conservation area NSG "Venne" for the lesser marshwort (*Helosciadium inundatum*) lies north of the district Warendorf-Milte (district Warendorf, North Rhine-Westphalia) in the Münsterland and has a size of 14 ha, consisting of small water bodies, pioneer areas, grassland and forest. The designation of the site as a nature reserve, which was created as a compensatory measure in the course of the land consolidation in 1980, was carried out in 2004, among other things, to protect the coppice marsh forests as a habitat for rare and endangered plant and animal species, especially in the temporarily dammed areas, and to protect the wet grassland and the established complex of small water bodies as a valuable habitat.

A maintenance and development plan of the NABU Nature Conservation Station Münsterland as a Biological Station of the State of North Rhine-Westphalia, which had been agreed on with the District of Warendorf and the District Government of Münster, recommended, among other things, the removal of young woody plants and of topsoil in the small water body complex as well as near-natural forest development and management. The implementation took place in 2011–2013 and led to the development of a species diversity of very high floristic importance including 29 red listed species.

Since then, the NABU Nature Conservation Station Münsterland has continued maintenance mowing and the removal of woody plants annually with the help of numerous volunteers, including those from the Christopherus House Ennigerloh for people with intellectual disabilities.

In coordination with the Julius Kühn-Institute, the NABU Nature Conservation Station Münsterland has defined growth-, migration- and transition-areas in 2018, set up four monitoring areas and completed the data profile "Demographic Monitoring". The location of the area on the banks of small water bodies enables the stocks to be flooded at high water levels.

The designation as a nature reserve ensures that the stocks of wild celery are protected from direct damage. A potential hazard is the diffuse input of substances from the surrounding intensive agriculture and the atmosphere, which promote undesirable natural succession such as the spread of willows and alders from the adjacent alder population.

The aim of the maintenance and development plan for the nature reserve "Venne" is the permanent preservation of the open small waters and sand fields for endangered, low-competitive species of heath ponds such as the lesser marshwort. For this purpose, regular maintenance of the open area with the growth and transition areas of *Helosciadium inundatum* is planned with the aim of keeping this area open and above all protecting it from the growth of woody plants.

The succession is effectively halted by the ongoing biotope maintenance work. In addition, the District of Warendorf and NABU Nature Conservation Station Münsterland are endeavouring to regulate contractual nature conservation in order to intensify adjacent agricultural areas. Furthermore, it is planned to fence in the area so that grazing in accordance with the genetic conservation area will be possible which is beneficial for celery and the other low-competitive species.

Keywords: *Helosciadium inundatum*, biotope maintenance, monitoring, genetic conservation area, voluntary nature conservation, District of Warendorf, NABU-Naturschutzstation Münsterland, Biological Station

Literatur

- HÖVELMANN, T., 2017: Verdienter Lohn für praktizierten Naturschutz – Julius Kühn-Institut untersucht Bestände des Flutenden Sellerie im NSG Venne bei Milte. *Naturzeit im Münsterland* **28**, S. 29.
- HÖVELMANN, T., H. LÜBBEN, H. VANDENBROUCKE, 2019: Das Genetische Erhaltungsgebiet Wildsellerie NSG „Venne“ im Kreis Warendorf (Münsterland, Nordrhein-Westfalen). Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190508-133241>.
- RAABE, U., 2017: Zur Verbreitung der Schimmernden Glanzleuchteralge (*Nitella translucens*) in Westfalen. *Rostocker Meeresbiologische Beiträge* **27**, 53–62.

Genetische Erhaltungsgebiete für *Helosciadium repens* (JACQ.) W. D. J. KOCH

Genetic reserves for Helosciadium repens (JACQ.) W.D.J.KOCH

Tobias Herden^{1,*}, Maria Bönisch², Nikolai Friesen¹

¹Botanischer Garten der Universität Osnabrück, Albrechtstr. 29, 49076 Osnabrück

²Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

*Korrespondierender Autor, therden@uos.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.014

Zusammenfassung des Posters HERDEN et al. (2019)

Laut einer Studie von BILZ et al. (2011) sind 11 % der 572 untersuchten WEL Arten (Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft) in Europa gefährdet und bei 29 % ist die Datenlage unzureichend. Das Modell- und Demonstrationsvorhaben GE-Sell (Genetische Erhaltungsgebiete Wildsellerie) hat sich zur Aufgabe gemacht, genetische Erhaltungsgebiete für die vier in Deutschland vorkommenden Wildselleriearten (*Apium graveolens* subsp. *graveolens*, *Helosciadium repens*, *H. nodiflorum*, *H. inundatum*) einzurichten. Das Vorhaben wird gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (2814BM110 bis 112).

In einem Auswahlverfahren wurden die Daten der Umweltämter und Botanischen Institute evaluiert und für die Begutachtung ausgewählt. Von den 1040 Datenpunkten für *H. repens* wurden 78 für die Begutachtung ausgewählt. Von diesen konnten nach Begehungen der Fläche 59 bestätigt werden. Es wurden 27 Populationen aus verschiedenen Naturräumen ausgewählt und analysiert. Dafür wurden SSRs (simple sequence repeats) als Marker eingesetzt. Es wurden sechs polymorphe Marker eingesetzt um bis zu 30 Individuen pro Population zu analysieren. Die Daten wurden mit dem Programm DifferInt auf genetische Diversität überprüft. Die räumliche Verteilung der Diversität wurde mit einer discriminant analysis of principle components (DAPC) dargestellt.

Die genetische Differenzierung in Deutschland ist sehr gering ($\Delta_{SD} = 0,3455$; $0 < \Delta_{SD} < 1$). Die Population 22R konnte als am höchsten differenzierte Population identifiziert werden. Die Population 18R besitzt die höchste Übereinstimmung mit allen analysierten Populationen und repräsentiert somit die genetische Zusammensetzung der deutschen Vorkommen am besten. Beide Populationen wurden als prioritär für die Auswahl genetischer Erhaltungsgebiete (GenEG) erachtet. Basierend auf den Analysen und den erhobenen Daten bei den Begehungen, konnten zusätzlich 11 weitere potentielle GenEG vorgeschlagen werden. Die Populationen dieser Auswahl liegen zu 38 % in Naturschutzgebieten. Die DAPC ergab keine Gruppierung in Naturräume. Eine klare Trennung zwischen nördlichen und südlichen Populationen konnte nachgewiesen werden, wobei die Populationen im Süden eine höhere genetische Diversität aufwiesen.

Stichwörter: *Helosciadium repens*, Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft, WEL, genetische Erhaltungsgebiete, SSR, genetische Diversität

Abstract of the poster by HERDEN et al. (2019)

According to BILZ et al. (2011), 11% of the 572 investigated European CWRs (crop wild relatives) are considered as threatened, whereas for 29% the data is insufficient. The pilot project GE-Sell (Genetic Reserves for Wild Celery) was aimed to establish genetic reserves for all four wild celery species native to Germany (*Apium graveolens* subsp. *graveolens*, *Helosciadium repens*, *H. nodiflorum*, *H. inundatum*). The project was financially supported by the German Federal Ministry of Food and Agriculture through the Federal Office for Agriculture and Food (grant number 2814BM110 to 112).

Database excerpts provided by the Landesumweltämter (environmental agencies, EA) and data from local botanical institutes were evaluated. Out of the 1040 datapoints for *H. repens*, 78 were selected for a preliminary assessment and 59 were confirmed. Twenty-seven sites from different eco-geographic units (with up to 30 individuals per population) were assessed using six simple sequence repeat markers. The complementary compositional genetic differentiation $\Delta_{SD(i)}$ was calculated using the software DifferInt, to designate a subset of populations representing the overall genetic diversity the best. The discriminant analysis of principal components (DAPC) was used to identify clusters of genetically similar individuals.

The genetic diversification in Germany was very low ($\Delta_{SD} = 0.3455$; $0 < \Delta_{SD} < 1$). Entry 18R represented the average diversity of all the investigated populations the best, while entry 22R differed the most from its complement (showed the highest Δ_{SD} from the average investigated genetic diversity). Both populations were given priority when selecting genetic conservation areas. Based on the results of the genetic analysis and information of the current conservation status, a total of 13 populations were selected to serve as a potential genetic reserve. Thirty-

eight per cent of the selected populations were situated in conservation areas, whereas 62% were located in areas with no protection status. The eco-geographic units were not recognized in the DAPC. However, a clear clustering in northern and southern populations was visible. The southern populations showed a higher genetic diversity.

Keywords: *Helosciadium repens*, crop wild relatives, CWR, genetic reserves, SSR, genetic diversity

Literatur

- BILZ, M., IUCN REGIONAL OFFICE FOR EUROPE, IUCN SPECIES SURVIVAL COMMISSION (Hrsg.), 2011: European red list of vascular plants. Publications Office of the European Union, Luxemburg.
- FRESE L., M. BÖNISCH, T. HERDEN, M. ZANDER, N. FRIESEN, 2018: In-situ-Erhaltung von Wildselleriearten. Naturschutz und Landschaftsplanung **50**, 155–163.
- HERDEN, T., M. BÖNISCH, N. FRIESEN, 2019: Genetische Erhaltungsgebiete für *Helosciadium repens* (Jacq.) W.D.J.Koch. Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190508-131858>.
- HERDEN T., M. BÖNISCH, N. FRIESEN, 2020: Genetic diversity of *Helosciadium repens* (Jacq.) W.D.J. Koch (Apiaceae) in Germany, a Crop Wild Relative of celery. Ecology and Evolution **10**, 875–890. <https://doi.org/10.1002/ece3.5947>.
- 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. TÄUBER, I. UHLEMANN, E. WELK, K. VAN DE WEYER, A. WÖRZ, W. ZAHLHEIMER, A. ZEHM, F. ZIMMERMANN, 2018: Rote Liste und Gesamtartenliste der Farn- und Blütenpflanzen (Tracheophyta) Deutschlands. Naturschutz und Biologische Vielfalt **70 (7)**, 13–358.

Genetische Diversität von *Helosciadium nodiflorum* (L.) W. D. J. KOCH Vorkommen in Deutschland

Genetic diversity of Helosciadium nodiflorum (L.) W. D. J. KOCH occurrences in Germany

Inga Mewis^{1*}, Annette Naumann², Matthias Zander², Lothar Frese³, Maria Bönisch³, Christian Ulrichs²

¹Humboldt-Universität zu Berlin, Thaer-Institut, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Fachgebiet Biosystemtechnik, Albrecht-Thaer Weg 3, 14195 Berlin

²Humboldt-Universität zu Berlin, Thaer-Institut, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Fachgebiet Urbane Ökophysiologie der Pflanzen, Lentzeallee 55–57, 14195 Berlin

³Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Bauer-Str. 27, 06484 Quedlinburg

*Korrespondierende Autorin, inga.mewis@hu-berlin.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.015

Zusammenfassung des Posters von MEWIS et al. (2019)

Helosciadium nodiflorum (L.) W. D. J. KOCH (Syn. *Apium nodiflorum* L.) – eine Wildart des Kulturselleriees – wurde als Modellspezies für die Etablierung genetischer Erhaltungsgebiete pflanzen genetischer Ressourcen in Deutschland ausgewählt. Die genetische Diversität und das geografische Muster der genetischen Differenzierung wurden innerhalb des vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung geförderten Modell- und Demonstrationsvorhabens GE-Sell untersucht (FKZ 2814BM110 bis 112).

H. nodiflorum kommt vor allem in westlichen und südwestlichen Bundesländern Deutschlands vor, wie Rheinland-Pfalz, Nordrhein-Westfalen, Saarland und Hessen. Insgesamt wurden 24 Vorkommen zur Untersuchung der genetischen Diversität der Art ausgewählt, von welchen 20 in die finale Analyse einbezogen wurden. Ein Satz von 17 polymorphen SSR-Marker wurde identifiziert und für die genetische Analyse der Variation in den *H. nodiflorum*-Vorkommen verwendet. Die DNA-Fragmente wurden mittels PCR amplifiziert und die Fragmente mittels Mikrosatelliten-Analyse (ABI) und nach dem Mittelwert der Kapillarelektrophorese analysiert. Die festgestellte Heterozygotität (H_o) lag zwischen 0,043 und 0,543 und die erwartete Heterozygotität (H_e) zwischen 0,308 und 0,848. Der Parameter $\Delta_{SD(i)}$ wurde berechnet, um die Variationen für die Vorkommen zu gewichten. Hierbei repräsentiert HnLOE ($\Delta_{SD(HnLOE)} = 0,2901$) die beste genetische Übereinstimmung der gepoolten 19 Vorkommen und HnROD ($\Delta_{SD(HnROD)} = 0,6754$) wich am weitesten davon ab. Basierend auf molekularbiologischen und anderen biologischen Parametern wurden 15 Vorkommen als genetische Erhaltungsgebiete ausgewählt. Allerdings zeigte eine erneute Begehung der Verbreitungsgebiete nach einem Jahr (im Jahr 2018), dass zwei Populationen bereits stark durch abiotische und biotische Faktoren dezimiert wurden. Weshalb nur 13 Vorkommen als genetische Erhaltungsgebiete mit Nachdruck empfohlen werden konnten.

Stichwörter: Wildsellerievorkommen, *Apium nodiflorum*, genetische Diversität, Erhaltungsgebiet Deutschland

Abstract of the poster by MEWIS et al. (2019)

Helosciadium nodiflorum (L.) W.D.J.Koch (Syn. *Apium nodiflorum* L.), a wild relative of celery and celeriac, has been selected as a model species to promote the establishment of genetic reserves in Germany. The genetic diversity and geographic patterns of genetic differentiation was investigated in the frame of the model and demonstration project GE-Sell, financially supported by the German Federal Ministry of Food and Agriculture through the Federal Office for Agriculture and Food (grant number 2814BM110 to 112).

H. nodiflorum is distributed more in the western and south western part of Germany, namely in the states Rheinland-Pfalz, Nordrhein-Westfalen, Saarland and Hessen. In total, 24 sites were selected to study the genetic diversity of the species, of which 20 have been finally investigated. A set of 17 polymorphic SSR markers were identified and used for the genetic analysis of differences in the *H. nodiflorum* occurrences. DNA was amplified by using PCR and Microsatellite (ABI) analysis of fragments was conducted by means of capillary electrophoresis. The observed heterozygosity (H_o) ranges between 0.043 and 0.543 and the expected (H_e) heterozygosity between 0.308 and 0.848. The measure $\Delta_{SD(i)}$ was calculated to evaluate the impact of each occurrence to genetic differentiation. HnLOE ($\Delta_{SD(HnLOE)} = 0.2901$) represents the genetic composition of the pooled remaining 19 occurrences best and HnROD ($\Delta_{SD(HnROD)} = 0.6754$) deviates most from its complement. Based on molecular and other biological parameters 15 occurrences were selected for the establishment of genetic reserves. However, re-visiting the population sites after 12 month and monitoring of the area revealed that two populations were

strongly reduced in number and distribution area due to abiotic and biotic factors. Therefore, only 13 occurrences for most appropriate crop wild relative population could be recommended with emphasis.

Keywords: wild celeriac, *Apium nodiflorum*, genetic diversity, reserve Germany

Literatur

- BÖNISCH, M., T. HERDEN, M. NACHTIGALL, N. FRIESEN, M. ZANDER, L. FRESE, 2016: Genetische Erhaltungsgebiete für wildlebende Verwandte der Kulturarten. BfN-Skripten **432**, 60–62.
- GILLET, E. M., 2013: Differnt: Compositional differentiation among populations at three levels of genetic integration. Mol. Ecol. Resour. **13**, 953–964.
- MAXTED, N., A. AVAGYAN, L. FRESE, J. IRIONDO, J. M. BREHM, A. SINGER, S. 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.
- MEWIS, I., A. NAUMANN, M. ZANDER, L. FRESE, M. BÖNISCH, C. ULRICHS, 2019: Genetic diversity of *Helosciadium nodiflorum* (L.) W. D. J. Koch occurrences in Germany. Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190508-132404>.

Sedanina – Allergenfreier Röhrensellerie

Sedanina – Allergy-Free Hydroponic Celery

Winston Beck¹, Konradin Feierabend¹, Sören Krempler², Casey Walker¹, Christian Ulrichs¹, Dennis Dannehl², Inga Mewis^{2*}

¹Humboldt-Universität zu Berlin, Thaeer-Institut, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Fachgebiet Urbane Ökophysiologie der Pflanzen, Lentzeallee 55–57, 14195 Berlin

²Humboldt-Universität zu Berlin, Thaeer-Institut, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Fachgebiet Biosystemtechnik, Albrecht-Thaeer Weg 3, 14195 Berlin

*Korrespondierende Autorin, inga.mewis@hu-berlin.de
DOI 10.5073/jka.2020.466.016

Zusammenfassung des Posters von BECK et al. (2019)

Apium nodiflorum (Wassersellerie) ist eine vergessene, gefährdete Wildpflanze und nah verwandt mit dem Kultursellerie. Diese Wildform hat großes genetisches Potential für die züchterische Bearbeitung und Verbesserung des Kulturselleries und als neue Kulturpflanze für die Allgemeinheit. Unser Ziel war die Inkulturnahme von Wassersellerie im Gewächshaus als neues vermarktungsfähiges Produkt. Da Wassersellerie an natürlichen Standorten in Gräben und Bächen vorkommt, wurden zwei fließende hydroponische Anbausysteme gewählt. Tochterpflanzen einer lokalen Wassersellerie-Population aus Knittelsheim wurden in Töpfen mit Substrat auf einer NFT-Rinne mit Leitungswasser und im Vergleich dazu in einem neuartigen NFT-Aeroponik-Hybridssystem mit einer Standardnährlösung für Tomaten (EC 2,0 ms cm⁻¹, pH 6,0) kultiviert. Nach drei Wochen Kulturzeit ergaben sich keine signifikanten Unterschiede in Bezug auf Frischgewicht und Pflanzenhöhe, jedoch waren bei den Pflanzen aus dem Hybridssystem die Trockensubstanzgehalte signifikant höher. Insbesondere konnten wir das Apig 1-Gen, dessen korrespondierendes Protein primär für das hohe allergene Potenzial des Kulturselleries ursächlich ist, in Wassersellerie nicht nachweisen. Bisher ist Wassersellerie für Verbraucher nicht erhältlich, aber aufgrund der vielen positiven Eigenschaften wie z. B. schnelles Wachstum, geringe Ansprüche und positiver gesundheitlicher Wirkung ist eine Inkulturnahme von Interesse.

Stichwörter: Wassersellerie, Allergen, Lebensmittelallergie, Apig 1

Abstract of the poster by BECK et al. (2019)

Apium nodiflorum (water celery) is a forgotten, endangered wild plant that is closely related to the celery. This wild form has great genetic potential for use in celeriac breeding and as a new crop for the general public. Our aim was to cultivate water celery in the greenhouse as a new marketable product. As water celery occurs naturally in ditches and streams, it was tested in various hydroponic cultivation systems. A local population from Knittelsheim was selected and cultivated in two cultivation systems. Mother plants were divided and planted in pots with substrate in an NFT system with tap water, or were potted into net pots for use with a novel NFT-aeroponic hybrid system supplied with a standard nutrient solution for tomatoes (EC 2.0 ms cm⁻¹, pH 6.0). After three weeks of cultivation there were no significant differences in fresh weight and plant height, whereas percentage dry weight in the hybrid system was significantly higher. Furthermore, we could not detect the Apig 1 gene from celeriac in water celery, where the corresponding protein can trigger severe allergic reactions. So far, water celery is not available for consumers, but due to many positive properties such as rapid growth, low nutrient demand and positive health effects, development of cultivation techniques is of interest.

Keywords: *Apium nodiflorum*, water celery, celery, food allergy, hydroponic, Apig 1

Literatur

- BECK, W., K. FEIERABEND, S. KREMPLER, C. WALKER, D. DANNEHL, C. ULRICHS, I. MEWIS, 2019: Sedanina – Allergiefreier Röhrensellerie. Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190508-132918>.
- DÖLLE, S., S. WELTER, E. RUPPEL, K. LEHMANN, D. SCHWARZ, E. JENSEN-JAROLIM, P. ZIEGLMAYER, P. FRANKEN, M. WORM, 2018: Clinical reactivity of celery cultivars in allergic patients: Role of Apig 1. *Clinical & Experimental Allergy* **48**, 424–432.
- FRESE, L., M. BÖNISCH, N. NACHTIGALL, U. SCHIRMAK, 2018: Pattern of genetic diversity and implications for *in situ* conservation of wild celery (*Apium graveolens* L. ssp. *graveolens*). *Agriculture* **8**:129.
- GUIJARRO-REAL, C., A. M. RIBES-MOYA, A. FITA, J. PROHENS, A. RODRIGUEZ-BURRUEZO, 2015: Volatile fraction of fool's watercress (*Apium nodiflorum*) as a new spice herb and ingredient for salads. *Bulletin of University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine Cluj-Napoca: Horticulture* **72(2)**, 465–467.
- GÖHLER, F., H.-D. MOLITOR, 2002: Erdelose Kulturverfahren im Gartenbau. Eugen Ulmer GmbH & Co., Stuttgart.
- JACKSON, M. B., P. S. BLACKWELL, J. R. CHIRIMES, T. V. SIMS, 1984: Poor germination in NFT and a means for its improvement. *Journal of Horticultural Science* **59(3)**, 439–448. <https://doi.org/10.5073/20190508-132918>.

MAGGI, F., C. GIULIANI, G. FICO, M. RICCIUTELLI, M. BRAMUCCI, L. QUASSINTI, 2018: Secondary metabolites, secretory structures and biological activity of water celery (*Apium nodiflorum* (L.) Lag.) growing in central Italy. Official Journal of the Societa Botanica Italiana. DOI:10.1080/11263504.2018.149299.

OCHOA, O., C. QUIROS, 1989: *Apium* wild species: novel sources for resistance to late blight in celery. Plant breeding **102**, 317–321.

WÜTHRICH, B., 2005: Frequency of food allergies over time-longitudinal statistics from 1978–1988. Allergologie.

Traditionelle Rebsorten: Wiederentdeckt und auf dem Weg zur On-Farm-Erhaltung

Traditional grape varieties: rediscovered and on the way to on-farm preservation

Erika Maul^{1,*}, Franco Röckel¹, Toni Schreiber², Reinhard Töpfer¹

¹Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof, 76833 Siebeldingen

²Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Zentrale Datenverarbeitung, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

*Korrespondierende Autorin, erika.maul@julius-kuehn.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.017

Zusammenfassung des Posters von MAUL et al. (2019)

Seltene historische und einst traditionelle Rebsorten erleben gegenwärtig in ganz Europa eine Renaissance. Viele davon wurden in alten Weinbergen und an Häuserwänden wiederentdeckt. Sie stellen genetisch, önologisch und kulturell eine Bereicherung dar. Durch den Anbau unter Praxisbedingungen kann das Potential der Sorten bewertet und eine größere Anzahl verschiedener Herkünfte (Klone) erhalten werden.

Auch deutsche Winzer nehmen seltene Rebsorten mit hohem Qualitätspotential in ihr Sortiment auf. Einige Sorten wurden im Rahmen von drei Projekten, die von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) gefördert wurden, wiederentdeckt:

- (1) Erfassung rebengenetischer Ressourcen in Deutschland (2007–2009; FKZ 2805BE008)
- (2) Erhaltung genetischer Ressourcen von *Vitis vinifera* L. durch innovative, nachhaltige Nutzung historischer Sorten in den Weinbaugebieten Saale-Unstrut und Sachsen“ (2013–2017; FKZ 2810BM010)
- (3) Weiterentwicklung von Wissenstransfer- und Informationssystemen zur nachhaltigen Nutzung rebengenetischer Ressourcen (2014–2017; FKZ 2810BM030)

Im Jahr 1993 entstand die erste On-Farm-Anlage am Geilweilerhof mit neunzehn Rebsorten und jeweils zwanzig Rebstöcken je Sorte. Einundzwanzig weitere traditionelle Rebsorten aus den Projekten kamen 2014 hinzu.

Um Winzer für den Anbau dieser seltenen historischen Rebsorten zu gewinnen, bedarf es der Bewerbung mit hochwertigen Produkten. Jedes Jahr wird eine kleine Auswahl der „Wein-Raritäten“ einer breiten Öffentlichkeit, ca. 300 Besuchern der Winzerprobe mit Neuzüchtungen des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof, vorgestellt und probiert.

Die Erhaltung der seltenen historischen Rebsorten durch Winzer ermöglicht die:

- Renaissance der einstigen Rebsortenvielfalt
- Bereicherung des Sortenspektrums
- Erhöhung der genetischen Vielfalt durch Klonerhaltung
- Erhaltung der Diversität für nachfolgende Generationen

Die Erhaltung in der Praxis dient außerdem der Untersuchung der weinbaulichen Eigenschaften unter Praxisbedingungen, wie der Bewertung der Weinqualität und des Säurepotentials, der Prüfung der Anbaueignung und der Erfassung der phänologischen Merkmale wie Austrieb und Beerenreife.

Ein Katalog, der die On-Farm-Erhaltung historischer Rebsorten abbildet, ist für die Datenbank der Deutschen Genbank Reben (<http://www.deutsche-genbank-reben.julius-kuehn.de/onfarm>) eingerichtet. Hier können sich diejenigen Betriebe eintragen lassen, die On-Farm Anlagen besitzen und den Wein anbieten. Die Datenbank „Traditionelle Reben On-Farm“ bietet die Möglichkeit der Kommunikation zwischen Winzern, Weinliebhabern, Weinhändlern und Journalisten. Sie ermöglicht außerdem, den Umfang der Erhaltung der einzelnen Sorten zu dokumentieren und informiert im Fall von Rodungen.

Die On-Farm Datenbank wurde attraktiv gestaltet, um Weinliebhaber zu erreichen, die nach besonderen und hochwertigen Weinen seltener historischer Rebsorten suchen und folglich durch ihre Nachfrage den Fortbestand erst sichern.

Der Anbau historischer Rebsorten in der Weinbaupraxis ist außerdem eine wichtige Ergänzung zur langfristigen Sicherung neben den staatlichen Rebsortimenten.

Stichwörter: Historische Rebsorten, Weinraritäten, On-Farm-Erhaltung, Datenbank

Abstract of the poster by MAUL et al. (2019)

In European wine growing countries, rare traditional varieties gain more and more interest. Most of them were discovered during inspections in old vineyards and on walls of historical houses. They enrich the current variety assortment because of their genetic and oenological originality and represent a cultural heritage. Cultivation in wineries enable the investigation of the varieties potential to produce quality wine and allow the preservation of a larger number of distinct proveniences (clones).

Some German wine growers started to add rare traditional varieties to their variety assortment. Many of these varieties were detected in the scope of the three projects supported by the Federal Office for Agriculture and Food (BLE): (1) Gathering of grape genetic resources in Germany (2007–2009; FKZ 2805BE008), (2) Preservation of genetic resources of *Vitis vinifera* L. via innovative and sustainable use of historical grape varieties in the winegrowing areas Saale-Unstrut and Saxony (2013–2017; FKZ 2810BM010) and (3) Development of knowledge transfer and information systems for the sustainable use of grape genetic resources (2014–2017; FKZ 2810BM030).

In 1993, the first on-farm vineyard was established at Geilweilerhof with nineteen varieties and twenty plants each. In 2014, further twenty-one varieties were added, an outcome of the three projects.

In order to encourage wine growers to consider rare historical varieties preservation in their vineyards, promotion is done via wine tastings with high quality products. Every year in August, wines of historical varieties are introduced to about 300 visitors in the scope of a tasting presenting the new crosses of the Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof.

Maintenance of rare historical varieties by wine growers allows:

- Renaissance of the once existing grape diversity
- Enrichment of the variety spectrum
- Increase of genetic diversity via clone preservation
- Conservation of diversity for following generations

Furthermore, cultivation under practice conditions serves to obtain a realistic evaluation of the wine quality, acidity and phenological (bud break and ripening time) as agronomic features.

An on-farm catalogue was implemented in the Deutsche Genbank Reben database (<http://www.deutsche-genbank-reben.julius-kuehn.de/onfarm>). Wine growers maintaining rare traditional varieties can apply to be registered and to offer their wine. The database was named "Traditional grapes on-farm". It allows the communication between wine growers, wine lovers, wine merchants and journalists. In addition, the area on which the traditional varieties are conserved can be estimated.

To reach wine lovers searching for specialities and high value products, an attractive layout of the "Traditional grapes on-farm" database was conceived. Preservation of the rare historical varieties on-farm will be ensured if their wines are sold.

Cultivation of historical varieties on-farm is an important complement to long-term conservation in governmental grape repositories.

Keywords: historical grape varieties, wine specialities, on-farm preservation database

Literatur

MAUL, E., F. RÖCKEL, T. SCHREIBER, R. TÖPFER, 2019: Traditionelle Rebsorten: Wiederentdeckt und auf dem Weg zur On-Farm-Erhaltung. Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190508-130940>.

Naturverjüngung bei der Wildrebe (*Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*) – Nachweis von der Rheininsel bei Ketsch, Deutschland

Natural regeneration of wild grape (Vitis vinifera ssp. sylvestris) – evidence from Ketsch island, Germany

Marion Werling^{1,*}, Gloria Ledesma-Krist, Erika Maul^{2,*}, Gregory Egger¹

¹ Institut für Geographie und Geoökologie – Abteilung Aueninstitut, Karlsruher Institut für Technologie, Josefstr. 1, 76437 Rastatt

² Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Rebenzüchtung, Geilweilerhof, 76833 Siebeldingen

*Korrespondierende Autoren, marion.werling@kit.edu, erika.maul@julius-kuehn.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.018

Zusammenfassung des Posters von WERLING et al. (2019)

Die Rheininsel bei Ketsch am deutschen Oberrhein beherbergt eines der letzten „großen“ spontanen Wildreben-Vorkommen in Mitteleuropa, mit 98 überwiegend alten bis sehr alten Wildreben. Die besondere Bedeutung der Rheininsel für den Erhalt der Wildrebe in Deutschland und darüber hinaus wird nun noch dadurch erhöht, dass spontane Keimung *in situ* in großem Umfang und über mehrere Jahre hintereinander aufgetreten ist.

Bisher ging man davon aus, dass die Naturverjüngung ausbleibt, bzw. sehr selten auftritt (Robert BACLIERI, SupAgro Montpellier, mündliche Mitteilung). In den mehr als hundert Publikationen zu den *Vitis sylvestris* Populationen Mitteleuropas ist die Naturverjüngung kein Thema (Robert BACLIERI, mündliche Mitteilung), einzig ARNOLD (2002) berichtet von wenigen Standorten mit Sämlingen. In anderen Populationen Europas, wie im Donaudelta, an der österreichischen Donau oder an der Seine vermehrt sich die Wildrebe überwiegend vegetativ (ARNOLD et al., 2005). Am Wildstandort Ketsch wachsen 5 Reben mit geringen Stamm-Durchmessern um 1 cm (BHD). Sie klettern bereits in die Vegetation hinauf und sind mindestens 8–10 Jahre alt.

Bei den Geländearbeiten seit 2017 im Rahmen des Projekts „Oberrhein VITAL“ wurden nun zahlreiche neu gekeimte, jüngere Sämlinge entdeckt. Dies ist die erste Beschreibung von Wildrebensämlingen in Deutschland.

In Mitteleuropa ist die Insel Ketsch aufgrund der neu aufkommenden Sämlinge und durch ihre wieder wachsende Wildreben-Population einzigartig. Ob spontane Keimung auch an anderen Standorten in Deutschland regulär stattfindet, ist noch offen. Zum Beispiel wurden in Mannheim 2018 zahlreiche Sämlinge an mehreren Stellen entdeckt. Dies wirft die Frage auf, ob die in Ketsch ablaufenden Prozesse einen neuen Trend in Deutschland darstellen.

Werden Sämlinge rechtzeitig gefunden, so können sie bei der Etablierung insofern unterstützt werden, dass die Verjüngungsflächen markiert und aus der regulären forstlichen oder Grünland-Nutzung genommen werden. Dafür ist die Zusammenarbeit mit der lokalen Forstverwaltung unerlässlich.

Einige der Sämlinge wurden am Julius Kühn-Institut genetisch untersucht, um die Verwandtschaftsverhältnisse zu klären und um Fremdeinstäubung von Kulturreben aufzudecken. Bei 31 Pflanzen konnten die Eltern bestimmt und somit auch deren räumliche Beziehung gezeigt werden. Die maximale Bestäubungsdistanz lag bei 1.026 m. Die Sämlinge wuchsen im direkten Umfeld der Mutterpflanze, einzelne Pflanzen waren bis zu 430 m entfernt. Es kam mehrfach zu Fremdeinstäubung durch Kulturreben oder Hybriden und zahlreiche Sämlinge sind demnach keine reinen *Vitis sylvestris*. Die genetische Überprüfung der aufkommenden Naturverjüngung ist daher für den Schutz der Population auf genetischer Ebene notwendig.

Auf der Rheininsel werden verschiedene Untersuchungen und Experimente zur Charakterisierung der Umweltbedingungen für die spontane Keimung und Etablierung der Wildrebe durchgeführt (WERLING et al., 2019, unveröffentlicht). Ein Konzept, wie regelmäßig Verjüngungsflächen für die Wildrebe in Ketsch bereitgestellt werden können, wird aktuell in Zusammenarbeit mit der Forstverwaltung erarbeitet. Dies ist ein Hoffnungsschimmer für die vom Aussterben bedrohte Urform unserer Kulturrebe.

Stichwörter: *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*, Wildrebe, Ketsch, Naturverjüngung, Sämlinge

Abstract of the poster by WERLING et al. (2019)

The Rhine island near Ketsch on the German Upper Rhine is home to one of the last "large", spontaneous wild grape populations in Central Europe, with 98 mostly old to very old individuals. Ketsch Islands' particular importance for the preservation of wild grape in Germany and beyond is now increased by the fact that spontaneous germination and growth of seedlings took place *in situ*, in huge quantities, and over several years.

For years it was assumed that sexual regeneration of wild grape was rare or nonexistent (Robert BACILIERI, SupAgro Montpellier, pers. comm.). In the more than 100 publications about *Vitis sylvestris* populations in Central Europe, natural regeneration was never reported (Robert BACILIERI, pers. comm.), with the exception of ARNOLD (2002), who reported a few seedling sites. In other European populations, such as those on the Danube delta, the Austrian Danube, or the Seine, wild grape reproduces mainly vegetatively (ARNOLD et al., 2005). On Ketsch island, 5 vines with small stem diameters of about 1 cm (DBH) were confirmed. These climb up supporting vegetation and are at least 8–10 years old.

However, in 2017 during the fieldwork of the project “Oberrhein VITAL”, many new, younger seedlings were found. This is the first description of the occurrence of wild grape seedlings in Germany.

In Central Europe, Ketsch Island is unique in its new batch of recruited seedlings and its growing population of wild grape. Whether germination is regularly occurring in other sites in Germany has yet to be seen. In Mannheim, for example many seedlings in several sites were discovered in 2018, begging the question whether patterns at Ketsch Island represents new trend within Germany.

Seedling establishment can be facilitated if they are detected in time, by marking the regeneration area and taking it out of regular use as commercial forest or grassland. This requires cooperation with the local forestry administration.

Some seedlings have been genetically evaluated at the Julius Kühn-Institute to determine relatedness to nearby individuals and to assess potential hybridization with cultivated vines. The parents of 31 plants and their spatial relationship could be determined. The maximum pollination distance was 1.026 m. The seedlings grew in the immediate vicinity of the mother or at a distance of up to 430 m. We detected introgression by cultivated grapevines or hybrids, meaning that many seedlings are not pure *Vitis sylvestris*. Thus genetic screening of spontaneous seedlings is required to protect the population at the genetic level.

On Ketsch island various investigations and experiments are being carried out to characterize the environmental conditions necessary for the germination and establishment of wild grape (WERLING et al. 2019, unpublished). In co-operation with the forestry administration a management concept is currently being developed to provide regeneration sites for wild grapes in Ketsch. This is a glimmer of hope for the critically endangered wild ancestor of the cultivated grapevine.

Keywords: *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*, wild grape, Ketsch, natural regeneration, seedlings

Literatur

- ARNOLD, C., 2002: Ecologie de la vigne sauvage (*Vitis vinifera* L. ssp. *sylvestris* (Gmelin) Hegi) en Europe. *Geobotanica Helvetica* 76: 296 S.
- ARNOLD, C., A. SCHNITZLER, A. DOUARD, R. PETER, F. GILLET, 2005: Is there a future for wild grapevine (*Vitis vinifera* subsp. *sylvestris*) in the Rhine Valley?. *Biodiversity & Conservation* 14(6), 1507–1523.
- WERLING, M., G. LEDESMA KRIST, E. MAUL, 2019: *Vitis sylvestris* – Aktuelles zur Naturverjüngung auf der Rheininsel bei Ketsch. Quedlinburg. <https://doi.org/10.5073/20190508-131500>.
- WERLING, M., G. LEDESMA-KRIST, E. MAUL, 2019: Oberrhein VITAL – der *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* Arten-Management-Leitfaden für die Naturschutzpraxis. Endbericht 2019. Karlsruher Institut für Technologie – IfGG Abt. Aueninstitut, Rastatt. Unveröffentlichter Bericht an die Stiftung Naturschutzfonds Baden-Württemberg. 298 S.

In-situ-Erhaltung von Futterpflanzen

In situ conservation of fodder crops

Christina Kägi^{1,*}, Yvonne Lötscher^{1,2}, Markus Hardegger¹

¹Fachbereich Genetische Ressourcen und Technologien, Bundesamt für Landwirtschaft (BLW), Schwarzenburgstrasse 165, 3003 Bern, Schweiz

²Aktuelle Adresse: Umwelt- und Gesundheitsschutz Zürich, Stadt Zürich, Walchestrasse 31–33, 8006 Zürich, Schweiz

*Korrespondierende Autorin, genres@blw.admin.ch

DOI 10.5073/jka.2020.466.019

Zusammenfassung

Die Schweiz ist ein Grasland und Hotspot für viele Futterpflanzenarten. Mit einem völlig neuartigen Ansatz soll die genetische Vielfalt der wichtigsten Futterpflanzenarten erhalten werden, indem mit den Direktzahlungen Beiträge für die In-situ-Erhaltung auf ausgewählten Flächen an engagierte Bauern abgegeben werden. Die Umsetzung startete 2018 im Pilotkanton Graubünden. 2019 folgt Luzern als zweiter Pilotkanton. Anschliessend soll das Programm schweizweit eingeführt werden.

Stichwörter: in situ, Futterpflanzen, Direktzahlungen

Abstract

Switzerland is a grassland and hotspot for many forage plant species. With a completely new approach, the genetic diversity of the most important forage plant species is to be preserved by financially supporting committed farmers for *in situ* conservation on selected areas, analogous to direct payments. The implementation started in 2018 in the pilot canton of Graubünden. Lucerne will follow in 2019 as the second pilot canton. The programme is then to be introduced throughout Switzerland.

Keywords: *in situ*, forage plants, direct payments

Literatur

BLW – BUNDESAMT FÜR LANDWIRTSCHAFT, 2018: Richtlinie in-situ-Erhaltung der genetischen Vielfalt von Futterpflanzen. BLW, Bern, Schweiz. 20 S.

GONSETH, Y., T. WOHLGEMUTH, B. SANSONNENS, A. BUTTLER, 2001: Die biogeografischen Regionen der Schweiz. Erläuterungen und Einteilungsstandard. Umwelt-Materialien Nr. 137. BUWAL, Bern, Schweiz. 48 S.

WEYERMANN, I., 2007: Konzept zur in-situ-Erhaltung von Futterpflanzen. AGFF, Zürich, Schweiz. 38 S.

Fazit der Tagung

Während der Abschlussdiskussion der Tagung wurden u. a. folgende Schlüsse gezogen und Zukunftsgedanken geäußert:

Perspektivisch sollen neben der Fachstelle Wildsellerie weitere Fachstellen eingerichtet werden, die sich um die Einrichtung und Aufrechterhaltung von GenEG, mit Fokus auf weitere Arten(-gruppen) oder geographische Räume, bemühen. Im Rahmen der Einrichtung und Aufrechterhaltung von Netzwerken von GenEG wird es eine wichtige Aufgabe der Fachstellen sein, Wissen und Erfahrungen zu bündeln und den verschiedenen Interessengruppen zugänglich zu machen. Hierbei ist auch der Ausbau der Zusammenarbeit des Landwirtschafts- und Naturschutzsektors essenziell, um einen effizienten Einsatz vorhandener Ressourcen zur effektiven Umsetzung von Erhaltungsaktivitäten zu gewährleisten. Dazu müssen auch Kommunikationsbarrieren abgebaut werden. Zum Beispiel werden Begrifflichkeiten von verschiedenen Stakeholdern unterschiedlich verwendet. Die Fachstellen können hierbei den Dialog zwischen den verschiedenen Akteuren verbessern.

Bei der Umsetzung von Erhaltungsmaßnahmen gilt es Prioritäten zu setzen und Entscheidungen gegeneinander abzuwägen. Dazu muss zunächst zwingend die Datengrundlage für WEL verbessert werden. Für verschiedene Arten ist die geografische Verteilung der genetischen Diversität stark verschieden. Sie ist u. a. abhängig von der Bestäubungsweise, der Generationszeit, der Zeit seit der Isolation von Vorkommen bzw. von dem ggf. noch vorhandenen Genfluss. Bei der Identifizierung von Vorkommen einer Art, mit denen die vorhandene genetische Variabilität bestmöglich repräsentiert wird, sowie zur Auswahl von Saatgut zur Populationsverstärkung oder Wiederansiedlung sind genetische Untersuchungen von besonderer Bedeutung. Rückschlüsse auf die Abgrenzung und Differenzierung von Populationen sind ohne diese Analysen nicht möglich. Zudem fehlen häufig Erfahrungen, welche Auswirkungen bestimmte Maßnahmen auf die Ziel- und Begleitarten haben können. Zur Überwindung dieser Limitierungen sind lang angelegte Studien nötig, die auch schwankende Umwelteinflüsse bewerten. Bei der Umsetzung von Erhaltungsmaßnahmen sind zudem immer auch die Anliegen der lokalen Akteure zu berücksichtigen.

Durch die Integration der Ex-situ-Erhaltung in die Erhaltungstechnik „Genetisches Erhaltungsgebiet“ kann der Zugang zu den pflanzengenetischen Ressourcen erleichtert werden. Davon profitieren nicht nur Züchter und Züchtungsforscher, sondern auch Produzenten von gebietseigenem Saatgut. Diese Komponente der Erhaltungstechnik bedarf jedoch noch weiterer Forschung, da es einerseits eine hohe Anzahl von Wildarten gibt, andererseits zu diesen Arten Kenntnisse zur Beständigkeit der Keimfähigkeit des Saatguts während der Lagerung in Genbanken und zur Brechung der Dormanz hingegen oft noch fehlen.

Eine effiziente Erhaltung einer großen Anzahl von WEL ist am ehesten mit dem floristischen Ansatz möglich. In der Regel ist hierfür die Erhaltung bzw. Wiederherstellung bestimmter Habitattypen erforderlich, was mitunter nur durch die Fortführung oder Wiederaufnahme besonderer Nutzungsweisen erreicht werden kann (Nutzungsprozessschutz bzw. integrativer Prozessschutz). Erschwerend kommt hinzu, dass die derzeit bestehenden Förderprogramme nicht ausreichen, da sie nicht auf die Unterhaltung von GenEG ausgerichtet sind: Beispielsweise sind die Entlohnung bzw. der Erschwernisausgleich von Landwirten für die Förderung biologischer Vielfalt gering. Zusätzlich sind die Durchführungsanforderungen an Maßnahmen mitunter nicht praktikabel.

Die Erhaltung unserer genetischen Ressourcen beschäftigt zunehmend auch die Öffentlichkeit. Obwohl Outreach-Angebote (z. B. öffentlicher Führungen oder Citizen-Science-Projekte) Anklang finden, sollte das Bildungssystem die Bedeutung und Erhaltung unserer genetischen Ressourcen stärker thematisieren. Auf diese Weise können junge Generationen besser informiert und sich der Bedeutung der nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen bewusstwerden.

Quedlinburg im Juni 2019
Nadine BERNHARDT, Maria BÖNISCH

Résumé of the conference

During the final discussion of the conference, the following conclusions were drawn and ideas for the future were expressed:

In addition to the coordination unit of the Wild Celery Network, further coordination units will be set up in the future. They will establish and maintain genetic reserves with a focus on other species (groups) or geographical areas. In the context of establishing further genetic reserves, it will be an important task of the coordination units to pool knowledge and experiences and make it available to the various interest groups. In this context, it is also essential to expand the cooperation between the agricultural and nature conservation sectors to ensure the efficient use of existing resources for the effective implementation of conservation activities. To this end, communication barriers have to be surmounted. For example, there are terms used differently by different stakeholders. In this context, the coordination units can improve the dialogue between various stakeholders.

When implementing conservation measures, priorities must be set and decisions weighed against each other. To do this, first, it is essential to improve the knowledge about the biology of wild plants for food and agriculture. The geographical distribution of genetic diversity varies greatly for different species. It depends, among other things, on the mode of pollination, the generation time, the time since the isolation of occurrences, or the degree of gene flow that may still be present. Genetic studies are of particular importance when identifying occurrences of a species that best represent the existing genetic variability and when selecting seeds for population increase or reintroduction. Conclusions on the delimitation and differentiation of populations are not possible without these analyses. In addition, there is often a lack of knowledge as to what effects certain measures can have on the target and accompanying species. To overcome these limitations, long-term studies are necessary which also consider fluctuating environmental influences. Also, the concerns of local stakeholders must always be taken into account when implementing conservation measures.

The integration of *ex situ* conservation into the genetic reserve conservation technique facilitates access to plant genetic resources. This benefits not only breeders and breeding researchers, but also local producers of regional seeds. However, this component of the conservation technique still requires further research, as there are large numbers of wild species but only limited knowledge on the stability of the germination capacity of seeds during storage in gene banks and on the breaking of seed dormancy.

Efficient conservation of a large number of wild plants for food and agriculture is most likely achieved best *via* the floristic approach. This may require the conservation and restoration of certain habitat types, which may be accomplished only by continuing or resuming special forms of land use. A further complicating factor is that the currently existing funding programs are not sufficient, as they are not geared towards maintaining genetic reserves. For example, the remuneration or compensation of farmers for the promotion of biological diversity is low. Furthermore, the implementation requirements for measures are often not practicable.

The conservation of our (plant) genetic resources is also of increasing public concern. Although outreach offers are well received (e.g. attending public tours, participating in citizen science projects), the educational system should focus more on the importance and conservation of our genetic resources. In this way, young generations can become well-informed and aware of the importance of the sustainable use of genetic resources.

Quedlinburg, June 2019

Nadine BERNHARDT, Maria BÖNISCH

Tagungsprogramm

Ort: Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

Dienstag, 04.06.2019

- 13:45 Grußwort
Frank ORDON, Präsident des Julius Kühn-Institut
- 13:55 Grußwort
Eva Ursula MÜLLER, Abteilungsleiterin im Bundesministerium für Landwirtschaft und Ernährung
- 14:05 Grußwort
Ralf-Peter WEBER, Staatssekretär im Ministerium für Umwelt, Landwirtschaft und Energie, Sachsen-Anhalt
- 14:15 Organisatorische Hinweise
- 14:30 In-situ-Erhaltung von WEL im nationalen und internationalen Kontext
Imke THORMANN, Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
- 15:00 Entwicklung eines bundesweiten Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete für Wildsellerie
Maria BÖNISCH, Julius Kühn-Institut
- 15:30 Kaffeepause
- 16:00 Leitfaden und Vorgehensweise bei der Auswahl und Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete
Lothar FRESE, Julius Kühn-Institut
- 16:30 Historisch altes Grünland – Bedeutung und Bewirtschaftung aus Naturschutzsicht
Burkhard SCHALL, Regierungspräsidium Tübingen
- 17:00 Netzwerk Wildobst: Möglichkeiten und Grenzen der In-situ-Erhaltung von verwandten Wildarten am Beispiel von Wildobststarten in Wald und Forstwirtschaft
Heino WOLF, Staatsbetrieb Sachsenforst
- 17:30 Schützen nützt – Netzwerk Europäische Wildrebe
Peter NICK, Karlsruher Institut für Technologie
- 18:00 Überreichung von Urkunden zur Einrichtung genetischer Erhaltungsgebiete
- 18:15 Posterausstellung
- 18:45–21:00 Abendessen

Mittwoch, 05.06.2019

- 09:00 Die WEL Genbank: eine Schnittstelle zwischen In-situ- und Ex-situ-Erhaltung
Sabine ZACHGO, Universität Osnabrück
- 09:20 Nutzung von WEL in Forschung und Züchtung
Andreas GRANER, Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung
- 09:40 Regiosaatgut, § 40 (4) BNatSchG, ein Schnittpunkt zwischen Landwirtschaft und Naturschutz
Detlev FINKE, Deutscher Verband für Landschaftspflege e.V.
- 10:00 Kaffeepause
- 10:30 Botanischer Artenschutz und WEL
Detlev METZING, Bundesamt für Naturschutz
- 10:50 Integrationsmöglichkeiten des Konzepts genetische Erhaltungsgebiete in die Instrumente und Methoden des Naturschutzes
Ralf SCHLÜTER, Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz in Nordrhein-Westfalen
- 11:10 WEL in der Zusammenarbeit von Landwirtschaft und Naturschutz – vom Handlungsbedarf zur Umsetzung
Eckhard JEDICKE, Hochschule Geisenheim
- 11:30 Fragen und Diskussion
- 12:30 Mittagspause
- 13:30–16:00 Führung durch das Julius Kühn-Institut

Autoren

Beck, Winston	100	Mewis, Inga	98, 100
Bernhardt, Nadine	5, 6, 24, 107, 108	Müller, Eva Ursula	9
Bönisch, Maria	5, 6, 24, 36, 89, 91, 96, 98, 107, 108	Nachtigall, Marion	24, 89, 91
Borgmann, Peter	69	Naumann, Annette	98
Bülow, Lorenz	89, 91	Nick, Peter	68
Dannehl, Dennis	100	Oevermann, Silvia	69
Egger, Gregory	104	Ordon, Frank	7
Feierabend, Konradin	100	Röckel, Franco	102
Finke, Detlev	75	Schall, Burkhard	55
Frese, Lothar	24, 36, 89, 91, 98	Schirmak, Uta	89, 91
Friesen, Nikolai	24, 69, 96	Schlüter, Ralf	86
Hardegger, Markus	106	Schreiber, Toni	102
Herden, Tobias	24, 96	Thormann, Imke	13
Hövelmann, Thomas	94	Töpfer, Reinhard	102
Kägi, Christina	106	Ulrichs, Christian	98, 100
Krempler, Sören	100	Vandenbroucke, Helena	94
Ledesma-Krist, Gloria	104	Walker, Casey	100
Lötscher, Yvonne	106	Weber, Ralf-Peter	11
Lübben, Hendrik	94	Werling, Marion	104
Maul, Erika	102, 104	Wolf, Heino	57
Metzing, Detlev	77	Zachgo, Sabine	69
		Zander, Matthias	24, 98

Veranstalter



Bundesministerium
für Ernährung
und Landwirtschaft



Botanischer
Garten
Universität Osnabrück



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung



Hochschule
Geisenheim
University



Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

ISBN 978-3-95547-096-8



9 783955 470968 >