

Schutz der genetischen Vielfalt

Laufener Seminarbeiträge 2/98

Schutz der genetischen Vielfalt

Seminar:

6./7. November 1996

Regensburg

Seminarleitung:

Dr. Christian Stettmer,

Dipl.-Biologe, ANL

Herausgeber:

Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

D - 83406 Laufen/Salzach, Postfach 1261

Telefon 0 86 82/89 63 -0, Telefax 0 86 82/89 63 -17 (Verwaltung), 0 86 82/15 60 (Fachbereiche)

E-Mail: Naturschutzakademie@t-online.de

Internet: <http://www.anl.de>

Zum Titelbild:

Ins Bild einmontiert ist die schematische Darstellung der DNA-Molekülstruktur, die durch eine sogenannte Doppelhelix (= Schraubenstruktur) gekennzeichnet ist und der Träger der Erbsubstanz aller Lebewesen ist. DNA steht dabei für Desoxyribonucleinsäure. In ihr ist die gesamte genetische Information der Lebewesen codiert. Der Forschung gelingt es mehr und mehr, diesen stofflichen Hintergrund der genetischen Vielfalt zu beleuchten, in gewissem Umfang auch züchterisch zu verändern.

Der Artenvielfalt unserer Landschaften entspricht die genetische Vielfalt der Arten.

Parallel zur Situation der biologischen Vielfalt hat sich die genetische Vielfalt auf der Erde in den letzten zweihundert Jahren rapide verschlechtert. Aufgrund des heutigen Kenntnisstands ist es angebracht, von einer hohen Bedeutung genetischer Vielfalt für die Anpassungsfähigkeit einer Art bzw. von Populationen auszugehen. Der Verlust genetisch unterschiedlicher Populationen innerhalb einzelner Arten stellt gegenwärtig ein mindestens ebenso wichtiges Problem dar wie der Verlust ganzer Arten. Extrapoliert man die gegenwärtigen Trends, so kann man davon ausgehen, daß innerhalb der nächsten hundert Jahre eine Reduktion dieser Vielfalt ins Haus steht, wie sie seit dem Ende des Mesozoikums, also seit 65 Millionen Jahren, nicht mehr dagewesen ist. Die Konsequenzen dieser Prozesse sind gänzlich unvorhersehbar.

Die wissenschaftliche Auseinandersetzung mit der genetischen Struktur der Arten bzw. ihrer Populationen ist daher ein dringendes Thema der naturschutzorientierten Forschung.

Titelbildmontage: Hermann J. Netz (ANL) unter Verwendung von Fotos von Herbert Preiß, Norbert Wimmer, H.J. Netz und Wolfgang Zielonkowski (ANL-Archiv).

Laufener Seminarbeiträge 2/98

Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

ISSN 0175-0852

ISBN 3-931175-38-3

Die Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege ist eine dem Geschäftsbereich des Bayerischen Staatsministeriums für Landesentwicklung und Umweltfragen zugeordnete Einrichtung.

Schriftleitung: Dr. Christian Stettmer, ANL

Redaktion: Dr. Notker Mallach (ANL-Referat 12)

Für die Einzelbeiträge zeichnen die jeweiligen Referenten verantwortlich.

Die Herstellung von Vervielfältigungen – auch auszugsweise – aus den Veröffentlichungen der Bayerischen Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege sowie deren Benutzung zur Herstellung anderer Veröffentlichungen bedürfen der schriftlichen Genehmigung.

Satz, Lithos und Druck: Pustet Druckservice, 84529 Tittmoning

Druck auf Recyclingpapier (aus 100% Altpapier)

Programm des Seminars

Referenten	Referate
Mittwoch, 06. November 1996	
Dr. Christian Stettmer, Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL), Laufen	Begrüßung und Einführung
Prof. Dr. Alfred Seitz, Zoologisches Institut der Universität Mainz	Genfluß und die genetische Struktur von Populationen
Carolin Bender, Zoologisches Institut der Universität Frankfurt/Main	Genetische Vielfalt und Naturschutz
<i>Mittagspause</i>	
Prof. Dr. Bernhard Schmid, Institut für Umweltwissenschaften, Universität Zürich	Genetische Vielfalt und die Persistenz von Populationen und Ökosystemen unter sich ändernden Umweltbedingungen
Prof. Dr. Diethard Tautz, Institut für Zoologie, Ludwig-Maximilian-Universität, München	Genetische Vielfalt zur Bewertung von Populationsstrukturen
Dr. Mathias Lörtscher, Institut für Zoologie, Universität Bern	Methoden zur Erfassung genetischer Variabilität in natürlichen Populationen – Fallbeispiele aus der Praxis
Donnerstag, 07. November 1996	
Dr. Roland Gerstmeier, Institut für angewandte Zoologie, Technische Universität, München	Populationsgenetische Untersuchungen an Laufkäfern
Dr. Georg Armbruster, Fakultät für Biologie, Universität Tübingen	Untersuchungen zur genetischen Vielfalt von Mollusken am Beispiel mitteleuropäischer Cochlicopa-Arten
PD Dr. Udo Gansloßer, Institut für Zoologie, Universität Erlangen, Nürnberg	Zucht und Wiedereinbürgerung
<i>Mittagspause</i>	
Dr. Monika Konnert, Bayerische Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht, Teisendorf	Genetische Vielfalt im Wald – Erkennen und Erhalten
Albrecht Behm, Bayerische Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht, Teisendorf	Generhaltungsmaßnahmen im Forst
Zusammenfassung und Abschlußdiskussion	

Einführung in das Thema und Ergebnisse der Fachtagung vom 6./7. November 1996 in Regensburg	Christian STETTNER	5- 6
Genfluß und die genetische Struktur von Populationen	Alfred SEITZ	7-16
Genetische Vielfalt und Naturschutz	Carolin BENDER	17-22
Die Bedeutung der genetischen Vielfalt für das Überleben von Populationen	Markus FISCHER und Bernhard SCHMID	23-30
Populationsökologische und -genetische Untersuchungen an Laufkäfern	Roland GERSTMEIER, Harald vom HOFE, Dieter SEDLMAIR und Ralf EINSPANIER	31-37
Bei einer verbreiteten Landschnecke, <i>Cochlicopa lubrica</i> (O.F. Müller), wird die Frequenz von molekularen Phänotypen durch Selbstbefruchtung und habitatspezifische Selektion beeinflusst	Georg ARMBRUSTER	39-43
Zucht- und Wiederausbürgerungsprogramme	Udo GANSLOSSER	45-52
Genetische Vielfalt im Wald – wie erkennen? wie erhalten?	Monika KONNERT	53-60
Generhaltungsmaßnahmen im Bayerischen Forst	Albrecht BEHM	61-67

Einführung in das Thema und Ergebnisse der Fachtagung vom 6./7. November 1996 in Regensburg

Christian STETTNER

Im Laufe der Erdgeschichte gab es immer wieder Phasen eines massenhaften Aussterbens von Arten. Die Entstehung neuer Arten und die Zunahme der Biodiversität verlief nie kontinuierlich, sondern war vielmehr durch Phasen raschen Artenzuwachses, Stagnationsphasen oder aber Episoden massenhaften Aussterbens geprägt. Zur Zeit existieren auf unserer Erde wahrscheinlich mehr Arten als je zuvor in der Erdgeschichte. Aufgrund menschlicher Aktivitäten ist aber auch die Aussterberate höher als jemals zuvor. Zwischen dem Jahr 1600 bis heute sind nachweislich 83 Säugetier- und 113 Vogelarten ausgestorben. Die meisten davon sind innerhalb der letzten 150 Jahre verschwunden. So lag vor 1850 die Aussterberate bei einer Art/Jahrzehnt, von 1850 bis 1950 hat sie dann auf eine Art/Jahr zugenommen. Aufgrund vorsichtiger Schätzungen dürfte eine natürlich bedingte Aussterberate bei etwa einer Art pro Jahrhundert liegen. Die übrigen 99 Fälle wären somit anthropogenen Einflußfaktoren zuzuschreiben.

Wir stehen also vor der Situation, daß zahlreiche Tier- und Pflanzenarten bereits durch den Menschen ausgerottet wurden und viele Arten akut vom Aussterben bedroht sind. Die wichtigsten Gründe, die zum Aussterben von Populationen und Arten führen können, sind Gefährdungen durch Lebensraumzerstörung, übermäßiges Nachstellen, Umweltkatastrophen oder das Verdrängen durch eingeschleppte Arten. Bevor eine Art allgergänglich ausstirbt, schrumpft ihr Bestand oft auf eine nur kleine Anzahl von Individuen zusammen. Mit der Anzahl verringert sich gleichermaßen die genetische Vielfalt dieser Art: Die Bandbreite ihrer Erbanlagen wird schmaler, der Restbestand ist nur noch eingeschränkt in der Lage, z. B. mit sich ändernden Lebensraumbedingungen fertigzuwerden. Inzuchtprobleme, genetische Drift, bottle necks und founder-Effekte können die Situation noch weiter verschärfen.

Man geht heute davon aus, daß die genetische Variabilität einer Population ein entscheidender Faktor für die Fähigkeit ist, sich an verändernde Umweltfaktoren anzupassen. Bei der Geschwindigkeit, mit der heute durch anthropogene Einflüsse Lebensräume verändert werden, kann diese adaptive Elastizität zum überlebensnotwendigen Kriterium werden. Besonders gefährdet sind dabei Lebensraumspezialisten, die eine hohe Anpassung an bestimmte biotische und abiotische Rahmenbedingungen aufweisen und durch ihre Einnischung eine enge ökologische Valenz besitzen. Darüberhinaus führt die zunehmende Fragmentierung und Isolation von Lebensräumen bei vielen Arten zu immer kleineren Populationen, in denen der Verlust an genetischer Vielfalt viel gravierender sein kann, als

es in individuenstarken Vorkommen der Fall ist. Um bereits gefährdete Tier- und Pflanzenarten vor dem endgültigen Aussterben zu bewahren, muß deshalb ein besonderes Augenmerk auf den Erhalt der genetischen Vielfalt gelegt werden.

Man darf nicht verschweigen, daß sich bei einer näheren Beschäftigung mit dem Themenfeld „Schutz der genetischen Vielfalt“ viele offene Fragen ergeben, deren Beantwortung für die naturschutzfachliche Praxis von großer Bedeutung sind. Die Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege will mit diesem Tagungsband einen Beitrag zu einem besseren Verständnis des Stellenwerts der genetischen Vielfalt für die naturschutzfachliche Arbeit leisten. Die dabei vorgestellten Beiträge sollen Impulse und Denkanstöße für eine stärkere Berücksichtigung der genetischen Aspekte bei Forschungsarbeiten im Bereich des Naturschutzes liefern und die Wichtigkeit des Verständnisses genetischer Vorgänge für den dauerhaften Erhalt gefährdeter Tier- und Pflanzenarten unterstreichen.

Ergebnisse der Tagung

Aufgrund von Computersimulationen kann, wie Professor Alfred SEITZ von der Universität Mainz zeigte, der Verlust an genetischer Vielfalt bei abnehmender Populationsgröße gut nachvollzogen werden. Prognosen über die Aussterbewahrscheinlichkeit bedrohter Arten werden dadurch verlässlicher und erleichtern die Einleitung möglicher Gegenmaßnahmen. Arten die bereits einen Teil ihrer genetischen Vielfalt eingebüßt haben, sind durchaus in der Lage diesen Mangel wieder zu beheben. Eine zentrale Frage stellt dabei die Zeitdauer dar, in der sich die Art in einem genetischen Flaschenhals befunden hat.

Einen zukunftsweisenden Ansatz zur Prognose von Überlebenswahrscheinlichkeiten gefährdeter Arten stellte Carolin BENDER von der Universität Frankfurt am Beispiel der gefährdeten Mauereidechse vor. Durch die Synthese freilandökologischer Forschung und populationsgenetischer Untersuchungen sei es möglich, umfassende Gefährdungsgradanalysen für bedrohte Arten zu erstellen. Aufbauend auf diesen Ergebnissen können dann effiziente Schutzmaßnahmen eingeleitet werden. Bei Schutzbemühungen kleiner Restbestände hochgradig gefährdeter Arten müssen genetische Aspekte stärker als bisher berücksichtigt werden. Nur so lassen sich Fehler im Pflagemanagement vermeiden, die letztlich das Gegenteil von dem bewirken, was man erreichen möchte.

Es ist unbestritten, daß die Förderung des Genaustausches zwischen einzelnen Populationen durch Biotopverbundsysteme und die Herstellung von Wanderkorridoren ein wichtiges Ziel ist. Diese Meinung wird auch von Professor Bernhard SCHMID vom Institut für Umweltwissenschaften der Universität Zürich vertreten. Andererseits müssen nach seiner Auffassung durch entsprechende populationsgenetische Untersuchungen und den damit verbundenen Erfolgskontrollen unerwünschte Effekte wie „Auszuchtdepression“ möglichst ausgeschlossen werden. Das Phänomen der „Auszuchtdepression“ kann dazu führen, daß bei dem Versuch in einer Population ein höheres Maß an genetischer Vielfalt zu erreichen, eine besondere genetische Standortsanpassung verloren geht und die Population dadurch in ihrem Fortbestand gefährdet wird. Letzten Endes kann nie ein pauschales Vorgehen, sondern nur ein auf die jeweilige Art oder Population abgestimmtes Management zum Erfolg führen.

In seinem Vortrag „Populationsökologische und -genetische Untersuchungen an Laufkäfern“ ging Dr. Roland GERSTMAYER von der Technischen Universität München auf den Einsatz molekularbiologischer Methoden in Kombination mit freilandökologischen Untersuchungen ein. Seiner Meinung nach eröffnen sich durch eine solche Synthese unterschiedlicher Untersuchungsmethoden viele Möglichkeiten zur Bearbeitung von Fragestellungen wie z. B. die Effizienz von Vernetzungsstrukturen für den Genaustausch zwischen Populationen.

Einen Zusammenhang zwischen der genetischen Struktur von Populationen und den vorherrschenden Lebensbedingungen stellte Dr. Georg ARMBRUSTER von der Universität Tübingen bei seinen Untersuchungen an Landschnecken der Gattung *Cochlicopa* fest. Die zentralen Fragen seiner Arbeit waren dabei, wie die Selektion auf die genetische Zusammensetzung der untersuchten Populationen einwirkt und wie die genetische Vielfalt bei sich selbstbefruchtenden Arten interpretiert werden kann. Dabei wurden auch Aspekte des Populationschutzes angesprochen, wie z. B. die Frage, ob solche Arten als evolutionsfähige Populationen fortbestehen können und mit ihrem genetischen Potential in der Lage sind, auf Umweltveränderungen zu reagieren.

Vielen Arten ist ein weiteres Überleben in freier Wildbahn ohne stützende Maßnahmen allerdings nicht mehr möglich. In solchen Fällen kann eine In-Zucht-Nahme in zoologischen oder botanischen Gärten kurzfristig das Schlimmste verhindern. Dr. Udo GANSLOSSER von der Universität Erlangen stellte in seinem Vortrag Beispiele für solche als „ex situ Conservation“ bezeichnete Maßnahmen vor. Immerhin sei es damit gelungen, Arten wie

den Wisent oder die Weiße Oryx, eine 1960 in freier Wildbahn ausgestorbene Antilopenart, in Zoos zu vermehren und erfolgreich wiederauszubürgern. Wird die Zucht bedrohter Arten mit solchen Maßnahmen zu einem Allheilmittel hochstilisiert, und erhebt sich der Mensch hier zum Ersatzschöpfer von Arten in einem ausufernden Machbarkeitswahn? „Bevor man solche Vorwürfe erhebt“, so Dr. Udo GANSLOSSER, „muß man sich ganz klar vor Augen führen, daß viele Arten ohne menschliche Hilfe dem Untergang geweiht sind“. Allerdings muß bedacht werden, daß solche Zuchtprogramme aufgrund der außerordentlich hohen Kosten nur begrenzt möglich sind. Auch lassen sich nicht alle Arten problemlos züchten. Erst wenn alle Methoden, die Bestände bedrohter Arten zu stützen, nicht mehr greifen, sollte die „ex situ Conservation“ erwogen werden.

Man darf sich beim Artenschutz nicht nur darauf beschränken, in jeder Population ein Höchstmaß an genetischer Vielfalt erhalten zu wollen. Gerade im Forstbereich sei es laut Dr. Monika KONNERT von der Bayerischen Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht in Teisendorf offensichtlich, daß es nicht auf eine möglichst hohe genetische Vielfalt innerhalb eines Bestands ankomme, sondern auf die Angepaßtheit einer Population an spezielle Standortfaktoren. Eindrucksvoll zeigt sich das auf Hochlagenstandorten des Bayerischen Waldes, wo standortsangepaßte Fichtenbestände mit relativ geringer genetischer Vielfalt anderen, genetisch variableren Beständen an Wuchs- und Widerstandskraft klar überlegen sind. Solche Beispiele unterstreichen die Bedeutung genetischer Untersuchungen als ein wichtiges Instrument zum Erhalt einer nachhaltigen Entwicklung des Ökosystems Wald.

Die Bedeutung populationsgenetischer Untersuchungen als Grundlage für vorbeugendes Handeln betonte auch Albrecht BEHM, der Leiter der Bayerischen Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht in Teisendorf. Solche Arbeiten sind unverzichtbare Elemente eines besseren Verständnisses der Zusammenhänge von genetischer Vielfalt und Erhaltungsmaßnahmen im forstlichen Bereich. Es sei sehr zu wünschen, daß entsprechende Forschungen verstärkt auch im Bereich des Arten- und Naturschutzes durchgeführt und umgesetzt werden.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Christian Stettner
Bayerische Akademie für
Naturschutz und Landschaftspflege
Seethalerstr. 6
83410 Laufen

Genfluß und die genetische Struktur von Populationen

Alfred SEITZ

Einleitung

Populationen sind die biologischen Einheiten, in denen Evolution abläuft und die das Überleben oder Aussterben von Arten bestimmen (vgl. MAYR 1984). Ihre derzeitige Struktur ist das Ergebnis von in der Vergangenheit abgelaufenen und auch gegenwärtig ablaufenden Prozessen. Zwei qualitativ unterschiedliche Gruppen von Effekten bestimmen dabei die genetische Struktur von Populationen: Selektion auf der einen Seite und Zufallsereignisse auf der anderen. Voneinander isolierte Populationen würden sich im Laufe der Zeit immer stärker genetisch unterscheiden und schließlich so unterschiedlich werden, daß Individuen aus verschiedenen Populationen nicht mehr miteinander fortpflanzungsfähig wären. Dies ist ein allgemein akzeptierter Modus der Entstehung neuer Rassen, Unterarten und Arten (MAYR 1967; FUTUYMA 1989).

Populationen einer Art sind aber in der Regel nicht vollkommen voneinander isoliert, sondern stehen in mehr oder weniger starkem Individuenaustausch miteinander. Wir unterscheiden dabei zwei Modi: *Migration* als „die relativ weite Wanderung einer recht großen Individuenzahl zu etwa der gleichen Zeit und in gleicher Richtung“ und *Dispersion* als „mehr oder weniger zufällige, ungerichtete, kleinräumige und kontinuierliche Ortsveränderungen von Individuen als das Ergebnis ihrer normalen Aktivität“ (ENDLER 1977). Es ist offensichtlich, daß nicht alle Tier- und Pflanzenarten in diese Klassifizierung passen, etwa dann, wenn nur bestimmte Entwicklungsstadien (Larven oder Imagines) dispergieren und es so zu einer Synchronisation bezüglich der Zeit aber nicht der Richtung kommt oder wenn die Dispersionsrichtung durch den Habitat gegeben ist (etwa in einem Fluß oder entlang eines Tales) und so die Richtung, nicht aber der Zeitpunkt der Dispersion, möglicherweise sogar beide festgelegt sein können.

Aus der Sicht der Evolutionsbiologie verwendet man den Begriff *Migration* in bezug auf die Ausbreitung und Aufnahme von Allelen einer Population in eine andere. Es ist hier nicht entscheidend, wie diese Ausbreitung geschieht, sondern daß die Gene einer Population in den Genpool einer anderen aufgenommen werden. Die Verwendung in diesem Sinne führt bisweilen zu Verwechslungen, da *Migration im genetischen Sinn* mehr der Situation von Dispersion im ökologischen Wortgebrauch entspricht (ENDLER 1977, MERRELL 1981).

Es kann demnach gut sein, daß Migration oder Dispersion im ökologischen Sinn beobachtet werden kann, ohne daß Migration im Sinne der Genetik auftritt (etwa dann, wenn die sich ausbreitenden Organismen in der neuen Population keine Nach-

kommen bekommen und sterben, bevor sie sich fortgepflanzt haben). Es kann aber auch sein, daß Migration im genetischen Sinn beobachtet werden kann, ohne daß sich Individuen ausbreiten (z.B. wenn Gameten oder Sporen verdriftet werden).

Um diese Verwechslung zu vermeiden wird zunehmend der Begriff *Genfluß* verwendet, wenn man *Migration im genetischen Sinne* meint (SPIESS 1977). Im folgenden werde ich „Genfluß“ verwenden und bei der Interpretation davon ausgehen, daß in den meisten Fällen tatsächlich auch Individuen und nicht nur Gene wandern und so einerseits genetische Information zwischen Populationen transportieren, aber auch eine Population vergrößern oder verkleinern können.

Die Aufklärung von Ausmaß und Richtung des Genflusses in und zwischen Populationen trägt demnach einerseits Aspekte der populationsbiologischen Grundlagenforschung, wenn es z.B. auf die Untersuchung der Besiedelungsgeschichte Mitteleuropas, die Bestimmung des genauen Artstatus, der Populationsstruktur oder der Populationsregulation geht. Andererseits können damit auch Probleme aus dem Bereich der angewandten Populationsökologie bearbeitet werden, wie die Ausbreitung genetisch veränderter Organismen oder die Untersuchung des Vernetztheitsgrades räumlich strukturierter Populationen.

2. Modellvorstellungen zur Strukturiertheit von Populationen

Ideale Populationen sind unendlich groß, abgeschlossen und homogen in Raum und Zeit (Hardy-Weinberg-Population). Dies bedeutet, daß in ihnen keine Mutationen auftreten, keine neue genetische Information von außen in sie hinein kommt, daß keine Selektion stattfindet und die Paarung mit gleicher Wahrscheinlichkeit zwischen allen Individuen der Population (Panmixie) möglich ist. *Natürliche Populationen* weichen in den allermeisten Fällen mehr oder weniger stark bezüglich mehrerer Merkmale von dieser Idealpopulation ab. Im Zusammenhang mit der Diskussion über Genfluß sind vor allem die Kriterien der Abgeschlossenheit und der Panmixie interessant. In Abbildung 1 sind die vier unten diskutierten Typen von Populationsstrukturen dargestellt.

2.1 Isolation durch Entfernung

In (räumlich) großen Populationen ist das Kriterium der Panmixie selbst bei relativ mobilen Arten kaum zu erfüllen. Wir erwarten auch bei einer gleichmäßigen Besiedelbarkeit des Lebensraumes, daß näher beieinander lebende Individuen aufgrund der be-

grenzten Ortsbewegung sich mit einer größeren Wahrscheinlichkeit paaren als weiter entfernte. Dies wird bei ortstreuen Arten besonders deutlich. Wir erwarten unter diesen Bedingungen eine Abnahme der genetischen Ähnlichkeit von Individuen in Abhängigkeit der Entfernung (WRIGHT 1943). Dies konnte in vielen Fällen gezeigt werden (SLATKIN 1993; VEITH *et al.* 1996). Ein besonders eindrucksvolles Beispiel ist die genetische Struktur des Gartenbaumläufers (Seitz 1995, vgl. Abb. 2).

2.2 Isolation durch Biotopgrenzen

Für den Natur- und Artenschutz besonders interessant sind Strukturmodelle, die sich mit kleinen fragmentierten Populationen auseinandersetzen. Hier werden drei Gruppen unterschieden:

1. Das Festland-Inselmodell

Dieses Strukturmodell (Abb. 1A) nimmt an, daß es eine große stabile Population („Festlandpopulation“) gibt, von der aus kleine isolierte Teilpopulationen („Inselpopulationen“) besiedelt werden. Der Genfluß ist überwiegend in Richtung Insel. Die Inselpopulationen sind klein und können deshalb instabil sein, so daß sie nur durch regelmäßiges Wiederbesiedeln existieren können.

Genetische Unterschiede zwischen der „Festlandpopulation“ und den „Inselpopulationen“ entstehen durch genetische Drift bei der Erstbesiedelung (founder-Effekt) und durch genetische Drift der Inselpopulationen aufgrund der kleinen Populationsgröße. Längerfristig sollte die genetische Struktur der Inselpopulationen sich der der Festlandpopulation angleichen.

Realisiert ist das Festland-Inselmodell am Rand des Verbreitungsgebietes von Arten, wobei hier zusätzlich Selektionskräfte die Populationsstruktur verändern können, wenn die Verbreitungsgrenze durch eine Veränderung abiotischer oder biotischer Faktoren bestimmt ist.

2. Das Inselmodell

Das Modell gleichberechtigter Habitatinseln geht davon aus, daß alle Teilpopulationen durch Migranten zum Genpool aller Teilpopulationen beitragen, gleichgültig wie weit sie voneinander entfernt sind (vgl. Abb. 1B). Es gibt in diesem Modell keine Dominanz einer oder einer Gruppe von Teilpopulationen. Ökologisch findet dieses Modell seine Entsprechung beim Modell von Metapopulationen (LEVINS 1970; HANSKI 1994; POETHKE *et al.* 1996). Sowohl das Inselmodell als auch diese erste Definition einer „Metapopulation“ sind recht

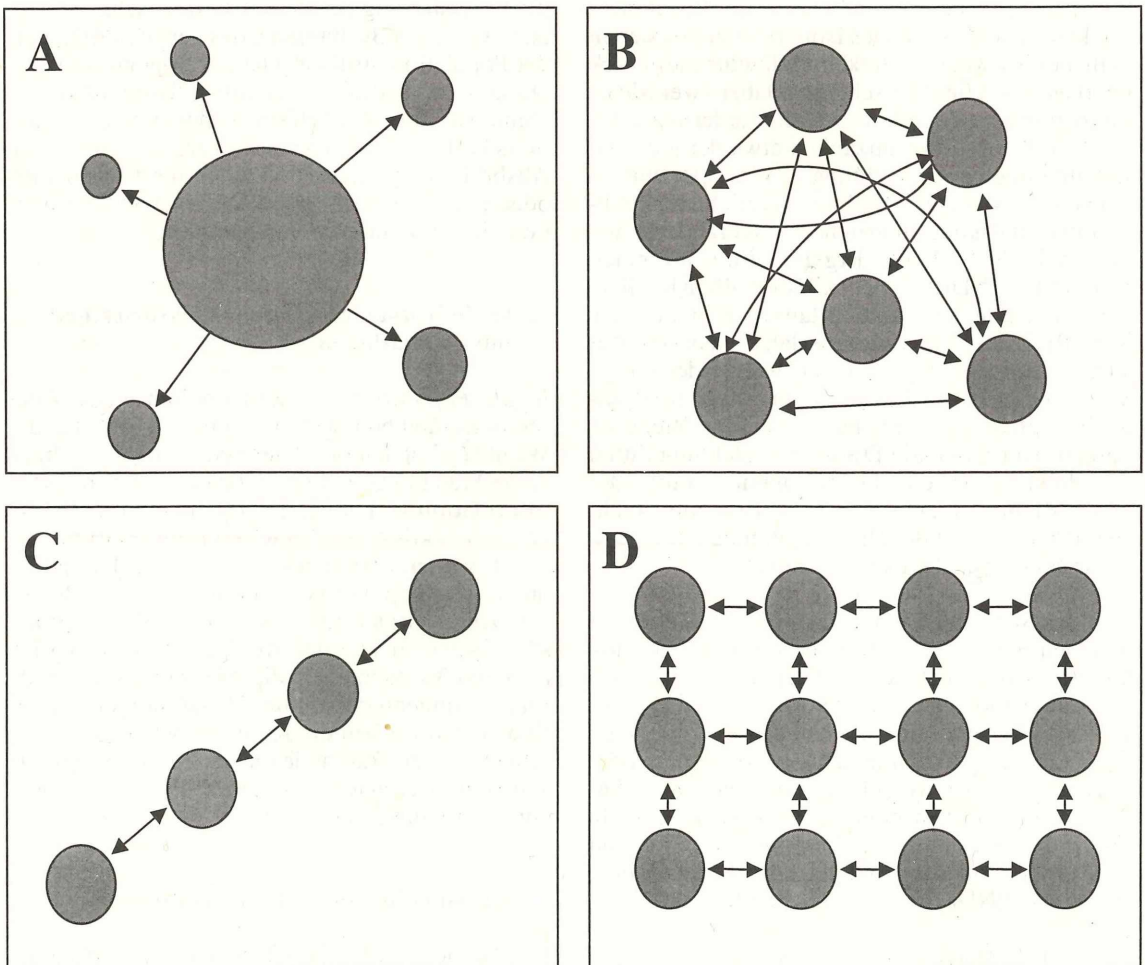
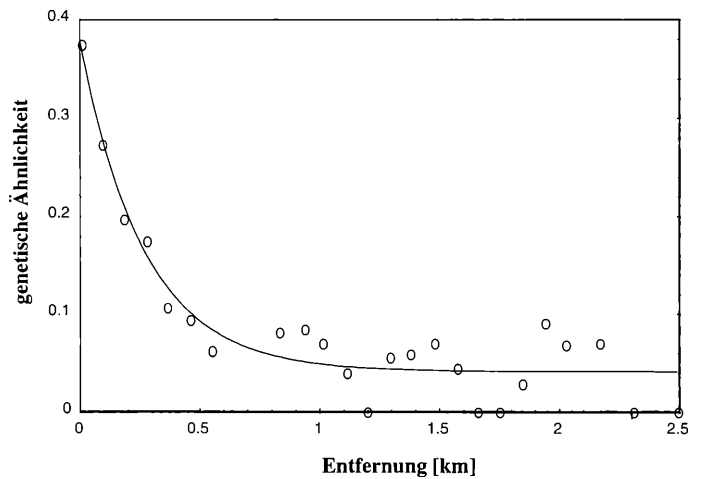


Abbildung 1

Strukturierungstypen von Populationen. A: Festland-Insel-Modell; B: Modell gleichberechtigter Habitatinseln; C: eindimensionales Trittsteinmodell; D: zweidimensionales Trittsteinmodell.

Abbildung 2

Abnahme der genetischen Ähnlichkeit von Individuen des Gartenbaumläufers (*Certhia brachydactyla*) im Lennebergwald bei Mainz. Der Kurvenverlauf entspricht der Funktion: $bsf = a * \exp(-\text{Entfernung} * b) + y = 0,34 * \exp(-\text{Entfernung} * 3,75) + 0,04$



abstrakte Situationen, die in realen Populationen nur selten zutreffen dürften. Dies bezieht sich insbesondere auf die Eigenschaften der Gleichberechtigung der Teilpopulationen und die Unabhängigkeit der Migrationsrate von der Entfernung zwischen ihnen. Dennoch ist dieses Modell interessant, da es die theoretische Basis für eine Reihe davon abgeleiteter realistischer Modelle ist. WRIGHT (1943) hat erstmals auf der Basis des Inselmodells Schätzmethoden für den Genfluß entwickelt. Trotz der deutlichen strukturellen Unterschiede zwischen dem Inselmodell und dem Festland-Insel-Modell sind die zu erwartenden genetischen Eigenschaften der Inseln in beiden Fällen gleich (da die zufällige Auswahl der Immigranten aus der Gesamtheit der Inseln wie eine Festlandpopulation wirkt).

3. Trittsteinmodelle

Trittsteinmodelle sind realistischer. Auch bei ihnen sind die Populationen etwa gleich groß. Individuenaustausch und Genfluß wird aber so gut wie ausschließlich zwischen den jeweils nächsten Nachbarn angenommen. Viele Tier- und Pflanzenarten, insbesondere solche mit speziellen Anforderungen an die Habitategenschaften, leben in mehr oder weniger großen Habitatinseln. Je nach Struktur des Lebensraumes können diese mehr oder weniger linear (z.B. entlang eines Flusses) oder zweidimensional vernetzt angeordnet sein. Wir sprechen dann von eindimensionalen bzw. zweidimensionalen Trittsteinmodellen (vgl. Abb. 1C und D).

Der wichtigste Unterschied besteht im Nachbarschaftseffekt, der zu einer Kombination des Modells von „Isolation durch Entfernung“ und dem „Inselmodell“ führt. Die mathematische Behandlung, insbesondere für den zweidimensionalen Fall, ist vergleichsweise kompliziert (KIMURA und WEISS 1964).

2.3 Methoden

Abschätzung des Genflusses

Direkte Beobachtungen des Individuenaustausches zwischen Populationen (z.B. durch Markierung) sind schwierig, eine Quantifizierung in den selten-

sten Fällen möglich, und eine historische Analyse von Besiedelungsvorgängen ist auf diese Art gänzlich unmöglich. Erfolgversprechend sind indirekte Methoden der Genflußschätzung mit Hilfe genetischer Marker und der Interpretation von Verteilungsmustern der Gen- und Genotyphäufigkeiten. Es existiert eine ganze Reihe von Schätzverfahren, auf die hier nicht im Detail eingegangen werden soll. Eine Diskussion findet sich bei SCHMELLER *et al.* 1996. Die diesen Schätzmethoden zugrunde liegenden Annahmen sind in der Regel selektionsneutrale genetische Marker, so daß zwei unterschiedliche Zufallsprozesse für eine genetische Differenzierung von Populationen verantwortlich gemacht werden. Bei sehr großen Populationen sind dies Mutationen, bei kleinen Populationen dagegen genetische Drift.

Diese beiden Grenzfälle können analytisch untersucht werden und führen im ersten Fall zu einer Schätzmethode, die die genetische Identität I als das Ergebnis eines Gleichgewichts zwischen Mutation und Migration interpretiert (NEI 1972). I kann aus den Allelfrequenzen geschätzt werden. Nimmt man für die Mutationsrate μ realistische Werte an, so läßt sich die Migrationsrate m berechnen.

Das zweite, sehr häufig verwendete Verfahren beruht auf der Berechnung des Fixationsindex F_{ST} und seiner Interpretation als das Ergebnis eines Gleichgewichts zwischen genetischer Drift und Migration (WRIGHT 1951). F_{ST} ist die auf den Erwartungswert bezogene relative Abweichung zwischen der beobachteten und (für den Fall der Panmixie) erwarteten mittleren Heterozygotie in Teilpopulationen:

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

Dabei ist H_T der Erwartungswert für Panmixie, H_S ist die mittlere Heterozygotie der Subpopulationen. Es gibt auch alternative Betrachtungsweisen von F_{ST} als „die Korrelation zwischen zufällig ausgewählten Gameten innerhalb einer (Teil-) Population im Verhältnis zu der in der Gesamtpopulation“.

pulation“ (WRIGHT 1965) oder als das Verhältnis der Varianz der Allelfrequenzen innerhalb von Teilpopulationen zu der erwarteten in der Gesamtpopulation (COCKERHAM 1973). Schließlich haben WEIR & COCKERHAM (1984) eine Methode vorgestellt, wie F_{ST} -Werte für mehrere Genorte mit jeweils mehreren Allelen abgeschätzt werden können.

Das Gleichgewicht zwischen genetischer Drift und Migration wird alleine durch die Anzahl migrierender Gene und nicht durch die Populationsgrößen bestimmt. Diese auf den ersten Blick erstaunliche Tatsache (ein migrierendes Individuum bewirkt in einer Population mit 10.000 Individuen das gleiche wie in einer Population mit 100 Individuen) ist darauf zurückzuführen, daß in kleinen Populationen bei gleicher Zahl von Migranten zwar deren relativer Anteil (= Migrationsrate) größer ist, dafür aber auch die genetische Drift im gleichen Verhältnis steigt. Dies führt dazu, daß über F_{ST} -Werte zwar die Anzahl der Migranten ($N_e m$, wobei N_e die effektive Populationsgröße und m die Migrationsrate ist), nicht aber die Migrationsrate m geschätzt werden kann, es sei denn man kann die effektive Populationsgröße auf einem anderen Weg (z.B. durch direkte Beobachtung) schätzen.

Die mathematische Beziehung zwischen der Anzahl migrierender Individuen pro Generation ($N_e m$) und dem F_{ST} -Wert im Gleichgewicht für den Fall sehr vieler (theoretisch unendlich vieler), gleichwertiger und miteinander im Genaustausch stehender Teilpopulationen (ähnlich Abbildung 2) ist recht einfach (HARTL & CLARK 1988):

$$\hat{F}_{ST} = \frac{1}{4N_e m + 1}$$

Für andere Populationsstrukturierungen und andere Modi des Genaustausches gelten andere aber ähnliche Beziehungen (SLATKIN & BARTON 1989).

Durch Umformen erhält man daraus eine Abschätzung der pro Generation effektiv migrierenden Individuen (d.h. der Anzahl, die dann auch in die

neue Population aufgenommen worden sind und sich in dieser erfolgreich reproduzieren):

$$N_e m = \frac{1}{4} \cdot \left(\frac{1}{F_{ST}} - 1 \right)$$

Diese Beziehung wird am häufigsten zur Abschätzung des Genflusses verwendet. Sie ist in Abbildung 3 dargestellt. Es ist bemerkenswert, bei welchem geringem Genfluß bereits eine Differenzierung in genetisch unterschiedliche Teilpopulationen verhindert wird. Genflußwerte von kleiner als eins führen jedoch zu Gleichgewichten mit sehr unterschiedlichen Populationen.

Keiner dieser beiden oben erwähnten Grenzfälle ist in natürlichen Populationen ideal repräsentiert. SLATKIN (1981) schlägt deshalb ein Verfahren vor, bei dem die erwarteten Häufigkeiten der Allelfrequenzen in Teilpopulationen durch Simulation geschätzt und die kumulativen Häufigkeiten der simulierten und experimentell beobachteten Population verglichen werden.

Alle bis jetzt diskutierten Verfahren beruhen auf der Annahme von Gleichgewichtszuständen, die in natürlichen Populationen aufgrund schwankender Populationsgrößen und variierender Eigenschaften des Interhabitatraumes in der Regel nicht gegeben sind. Die Zeit, die verstreicht, bis eine fragmentierte Population ein Gleichgewicht der genetischen Struktur erreicht ist, entsprechend den Annahmen über die Ursachen der Differenzierung, eine Funktion der Migrationsrate und der effektiven Populationsgröße. CROW & AOKI (1984) haben dafür folgende Abschätzung entwickelt:

$$t \approx \frac{1}{2m + \frac{1}{2N_e}}$$

Das Gleichgewicht wird in Abhängigkeit der Migrationsrate und der Populationsgröße innerhalb von wenigen Generationen bis zu mehreren hundert Generationen erreicht. Bei großen Populationen (> 500 Individuen) spielt dabei die Migrations-

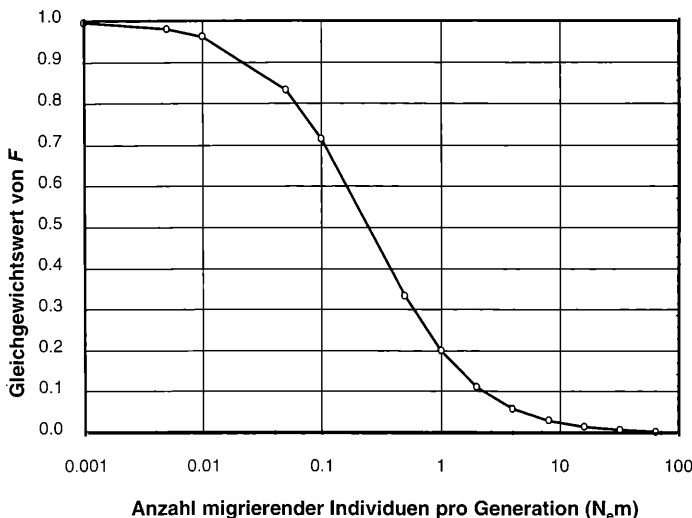


Abbildung 3

Beziehung zwischen der effektiven Anzahl von Migranten pro Generation und dem Gleichgewichtswert von F_{ST} .

rate die entscheidende Rolle. Man interpretiert die berechneten Werte deshalb am besten als Mittelwerte in Raum und Zeit, die über unterschiedliche lange Perioden in die Vergangenheit zurück reichen. In der Regel liegen darüber aber kaum Daten zur Populations- oder Arealgröße vor. Als Absolutwerte sind sie deshalb kaum brauchbar, sondern mehr dazu geeignet, Unterschiede zwischen Populationen der gleichen Art und ähnlicher Vergangenheit aufzudecken.

Material und Analysemethoden

Für die Bestimmung der genetischen Struktur von Populationen (eine Voraussetzung für die Anwendung der oben vorgestellten Berechnungsmethoden) stehen mehrere Verfahren zur Verfügung, die in Abhängigkeit des verfügbaren Probenmaterials (tiefgefrorenes Gewebe, Alkoholmaterial, konserviertes Blut, getrocknete Gewebereste oder Faeces) entweder zur Bestimmung des Enzym- oder DNA-Polymorphismus verwendet werden können. Dabei spielt bei den DNA-basierenden Verfahren die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) eine entscheidende Rolle. Mit ihr ist es möglich, auch aus geringsten Spuren DNA-haltiger Überreste DNA-Abschnitte so weit zu amplifizieren, daß sie für eine Analyse ausreichen. Die Spezifität der verwendeten Primer ermöglicht es zudem, auch stark degradierte DNA zu untersuchen. Die Ergebnisse der Enzymelektrophorese und der Microsatellitenanalyse können unmittelbar populationsgenetisch als Allele interpretiert werden, so daß F_{ST} -Werte berechnet werden können. Bei der Minisatellitenanalyse (Multilocus-Fingerprinting) ist es dagegen notwendig, analoge Maße zu berechnen, aus denen F_{ST} -Werte geschätzt werden können.

Die Wahl des Verfahrens hängt einerseits vom verfügbaren Probenmaterial und der Art der Konservierung ab, ist aber auch eine Frage des zu treibenden zeitlichen und finanziellen Aufwandes. Enzymelektrophoretische Methoden sind verhältnismäßig einfach zur Untersuchung sehr unterschiedlicher Arten zu adaptieren. Sie erfordern jedoch eine sehr sorgfältige Lagerung des Probenmaterials bei -80°C , besser noch in flüssigem Stickstoff. Nur so läßt sich sicher ein teilweiser Zerfall der zu untersuchenden Proteine verhindern, der einen nicht vorhandenen Polymorphismus vortäuschen kann. Diese Lagerbedingungen erschweren die Freilandarbeit und den Transport in unzugänglichen Gegenden. Ein weiterer Nachteil der Untersuchung des Enzym polymorphismus ist die im Vergleich zum DNA-Polymorphismus geringere Variabilität und die Einengung auf Enzymgenorte.

DNA-basierende Techniken erfordern in der Regel keinen großen Aufwand bei der Probenlagerung. Am einfachsten ist in der Regel eine Fixierung in Alkohol, aber selbst getrocknete Gewebeproben aus Museumsbeständen enthalten oft noch genug DNA für eine Analyse. Hier ist es entscheidender, ob über die DNA der zu untersuchenden Organismen etwas bekannt ist oder nicht. Im ersten Fall kann man mit spezifischen Primern Microsatelliten analysieren, im zweiten mit Hilfe sogenannter „random primer“ eine RAPD-Analyse durchführen

oder, wenn viel und gut erhaltene DNA vorhanden ist, eine Minisatellitenanalyse.

Die im folgenden vorgestellten Beispiele zeigen, wie mit Hilfe genetischer Analysen Genflußschätzungen unter verschiedenen Aspekten durchgeführt werden können.

3. Fallbeispiele

Genfluß und Habitatfragmentierung

Insbesondere Arten mit niedrigen Populationsgrößen und fragmentierten Lebensräumen werden nach den obigen Überlegungen in ihrer genetischen Struktur durch diese Faktoren beeinflusst. Von JOHANNESSEN (1997), JOHANNESSEN *et al.* (1996) wurde der Feuerrote Scheckenfalter *Melitaea didyma* populationsgenetisch untersucht. Diese Art ist an meist südexponierte Trockenstandorte entlang von Flußtälern gebunden. In 21 Teilpopulationen zwischen Hassfurt (Franken) und dem Moseltal wurden Tiere gesammelt und mit Hilfe von Enzymelektrophorese genotypisch charakterisiert. Aus diesen Daten wurden Allelfrequenzen von 25 verschiedenen Enzymgenorten berechnet und aus diesen über die F -Statistik Schätzungen der Populationsfragmentierung und des Genflusses abgeleitet.

In Tabelle 1 sind die Ergebnisse für die Region Hammelburg, in der die meisten der untersuchten Teilpopulationen lagen, und die Populationen an der Mosel zusammengefaßt. Alle F_{ST} -Schätzwerte (auch die von den nicht in der Tabelle angegebenen Regionen) waren signifikant von Null verschieden. Dies ist ein Hinweis auf eine generelle räumliche Strukturiertheit der Populationen von *M. didyma* mit einem limitierten Genfluß zwischen den Teilpopulationen. Interessant ist der geringere Genfluß zwischen den Teilpopulationen an der Mosel im Vergleich zu den Hassfurt-Populationen. Dies kann auf den höheren Grad der Separation der Populationen an der Mosel zurückgeführt werden, die zum Teil auf verschiedenen Flußseiten lagen und aufgrund des gewundenen Flußlaufes auch für Schmetterlinge schwer erreichbar waren.

Die größere Anzahl von untersuchten Populationen in der Region Hammelburg ließ die Untersuchung der Auswirkungen der räumlichen Strukturen des Habitats zu. Die Populationen wurden auf drei verschiedenen Ebenen untersucht (vgl. Tabelle 1): Teilpopulationen, Populationen in einzelnen Tälern und Gesamtregion.

Diese hierarchische Analyse der genetischen Variation (WRIGHT 1978) zeigt, daß fast 40% davon auf die Strukturierung von Populationsgruppen innerhalb von Tälern zurückgeführt werden kann. Die Berechnung der Anzahl migrierender Individuen (Methode von SLATKIN & VOELM, 1991, für hierarchische Populationsstrukturierung) bestätigt diesen Befund. Die Migration zwischen Tälern (N_{em} für F_{VT} , Tabelle 1) ist erheblich kleiner als zwischen den Teilpopulationen innerhalb von Tälern (N_{em} für F_{SV}) oder im Gesamtgebiet (N_{em} für F_{ST}).

Tabelle 1

F_{ST}-Werte und Hierarchische F-Statistik (WRIGHT 1978) für *Melitaea didyma* (Daten aus JOHANNESSEN *et al.* 1996). Die Schätzungen beruhen auf den Allelfrequenzen von 25 Genorten, die 20 verschiedene Enzyme kodieren. N= Anzahl der untersuchten Teilpopulationen. Die F-Werte geben den Anteil der Abweichung zwischen erwarteter und beobachteter Heterozygotie an, der auf unterschiedliche Unterteilungen der Gesamtpopulation in Teilpopulationen zurückgeführt werden kann. F_{ST} = Subpopulation/Gesamtpopulation, F_{SV} = Subpopulation/Tal, F_{VT} = Tal/Gesamtpopulation.

	Mosel		Hammelburg	
N	4		13	
	F_{ST}	F_{SV}	(Wright 1978)	F_{VT}
F	0,044	0,011	0,016	0,006
N _{em}	3,06	19,15	13,10	2,04

Genfluß und Biogeographie

Die genetische Struktur fast aller heute in Europa lebender Tierarten wird durch ihre nacheiszeitliche Besiedelungsgeschichte mehr oder weniger stark geprägt. Dazu kommen die Umgestaltungen der Landschaft durch den Menschen in den letzten Jahrhunderten, die in neuester Zeit die Verteilung von Tier- und Pflanzenpopulationen geprägt haben. Diese Veränderungen haben eine Besiedelung für

bestimmte Arten erst möglich (z.B. durch die Schaffung großflächiger unbewaldeter Flächen) oder unmöglich gemacht hat (durch Trockenlegung oder Rodung). Besonders gut läßt sich dies bei Arten mit einer engen ökologischen Nische verfolgen (STONE & SUNNUCKS 1993). Hier ist es leicht möglich, die potentielle Besiedelbarkeit eines Areals sowie die Größe der Populationen und deren Dynamik zu untersuchen. Ein inzwischen mehrfach untersuchtes Beispiel ist die Bohrfliege *Urophora cardui*. Sie entwickelt sich bei einer Generationszeit von einem Jahr monophag in Stengelgallen, deren Bildung sie an der Ackerkratzdistel *Cirsium arvense* auslöst. Sie ist damit auf die Verbreitung ihrer Wirtspflanze (hauptsächlich Ruderalflächen und andere frühe Sukzessionsstadien) begrenzt und kann aufgrund der auffälligen Stengelgallen leicht kartiert werden (ZWÖLFER 1967). Die Verbreitungslücken von *U. cardui* in Europa können nicht mit klimatischen Bedingungen erklärt werden, so daß dafür unterschiedliche Hypothesen entwickelt worden sind. Als mögliche Ursachen gelten eine noch ablaufende nacheiszeitliche Besiedelung oder Wechselwirkungen mit Parasitoiden (ZWÖLFER *et al.* 1970, ZWÖLFER 1982). In beiden Fällen wäre eine Voraussetzung der Besiedelungslücken eine relativ geringe Dispersionsfähigkeit. Freilandbeobachtungen darüber führten zu widersprüchlichen Ergebnissen. Die Schätzungen über maximale jährliche Dispersionsdistanzen reichen von 100 m

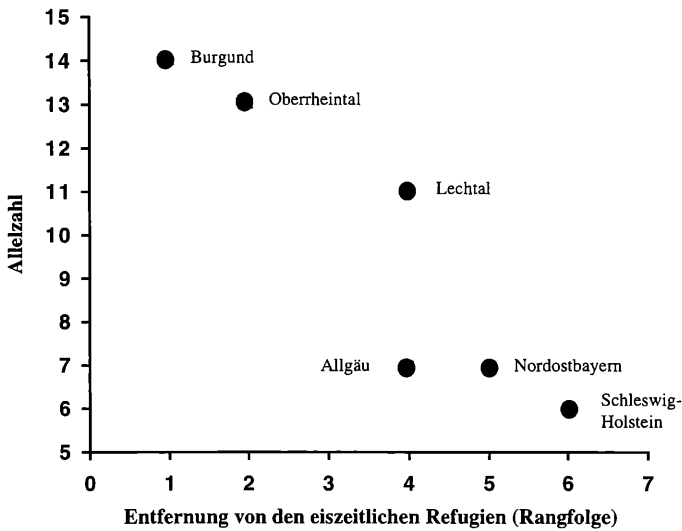


Abbildung 4

Summe der Allelzahl zweier Genorte in Populationen von *Urophora cardui* in Abhängigkeit der Entfernung von den eiszeitlichen Refugien (nach SEITZ & KOMMA 1984).

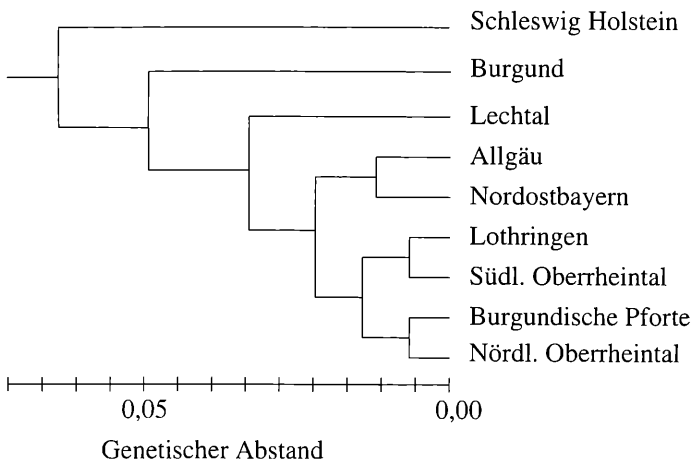


Abbildung 5

Dendrogramm nach der UPGMA-Methode aus genetischen Abständen (Methode nach NEI 1972) von Populationen von *Urophora cardui* in Mitteleuropa (nach SEITZ & KOMMA 1984)

(ZWÖLFER *et al.* 1970) bis zu mehreren km (SCHLUMPRECHT 1989, JANSSON 1992, EBER & BRANDL 1994).

In einer ersten populationsgenetischen Untersuchung von *U. cardui* fanden SEITZ & KOMMA (1984) eine ausgeprägte Variation der Allelzahl in einem Altersgradienten (Abbildung 4) der Populationen. Daneben zeigte eine Clusteranalyse (Abbildung 5) eine höhere Ähnlichkeit von räumlich nahe beieinander liegenden Populationsgruppen mit vermutlich ähnlicher Besiedelungsgeschichte. Letzterer Befund konnte in einer späteren Untersuchung von EBER & BRANDL (1997) bestätigt werden, nicht aber die Abnahme der Allelzahl von Süden nach Norden. Beobachtet wurde in dieser Untersuchung aber auch ein ausgeprägter, hochsignifikanter Nord-Südgradient in einer Hauptkomponentenanalyse der genetischen Daten. Bestätigt wurde auch der vermutete sehr geringe Genfluß zwischen den untersuchten Populationen (N_{em} 1,2 - 2,5). Eine Erklärungsmöglichkeit für die Widersprüche in den Literaturdaten über die Dispersionsfähigkeit von *U. cardui* wäre, daß der Genfluß zwar gering ist, daß aber wegen der auffälligen Gallenbildung und der Bindung an eine einzige Wirtspflanze auch extrem weit dispergierte Individuen leicht gefunden werden können.

Genfluß und Ausbreitungskorridore

In der Regel wissen wir über den genauen zeitlichen Verlauf von Besiedelungsprozessen wenig, es sei denn es handelt sich um spektakuläre Arten, Schädlinge oder solche, die zahlenmäßig dominierend und damit auffällig werden. Dies trifft vor allem für sogenannte Neozoen zu, also Arten, die in neuerer Zeit ihr Verbreitungsareal stark ausgeweitet haben (KINZELBACH 1966). Aquatische Arten sind als Habitatspezialisten leicht zu beobachten. Wenn sie zudem, wie Mollusken keine außerhalb des Wassers lebenden Verbreitungsstadien besitzen, können auch die Dispersionswege leicht abgeschätzt werden. Insbesondere Migrationsbarrieren sind leichter zu identifizieren als bei landlebenden Tieren. Großräumig werden die Migrationsbarrieren in Mitteleuropa durch die Wasserscheiden repräsentiert, die innerhalb Deutschlands die Einzugsgebiete des Rheins und der Donau trennen.

Diese Wasserscheiden wurden durch den Bau des im Herbst 1992 eröffneten Main-Donau-Kanals durchbrochen. Damit wurden auch ein Migrationskorridor für aquatische Organismen geöffnet. Evolutionsbiologisch und ökologisch interessant sind die Konsequenzen dieser Verbindung ehemals separierter Populationen und Lebensgemeinschaften.

Die Dreikantmuschel *Dreissena polymorpha* ist eine der Arten, die vor und nach der Öffnung des Main-Donau-Kanals sowohl im Einzugsgebiet des Rheins als auch der Donau vorhanden war. Als eine der älteren Neozooenarten hat sie Mitteleuropa im 19. und 20. Jahrhundert ausgehend von den Flußsystemen nördlich des Schwarzen Meeres besiedelt. Interessant wurde *Dreissena polymorpha* in den letzten Jahren als Indikatororganismus für Wasserverschmutzung und, bei Massenaufreten, als Problem bei der Trinkwassergewinnung.

Im Jahr 1994 wurde an 14 Sammelorten zwischen Obernburg (Main-km 109) und Kelheim (Main-Donau-Kanal-km 167) *Dreissena polymorpha* gesammelt und enzymelektrophoretisch untersucht (WÖLL 1996). Von den zwölf bearbeiteten Enzymcodierenden Genorten erwiesen sich elf als polymorph, d.h. es konnte jeweils mehr als eine elektrophoretisch identifizierbare Variante nachgewiesen werden. An allen Genorten waren mehr oder wenig starke Unterschiede der Allelhäufigkeiten zwischen den Populationen des Donau- und Rheineinzugsgebiets zu beobachten. Die zwei Beispiele davon sind in Abbildung 6 dargestellt. Nur an einem Genort (der zweite Locus der Fumarat-Hydratase, *fh2*) wurden diagnostische Allele festgestellt (solche, die typisch für eine bestimmte Population sind und nur dort vorkommen). Interessant an den beiden dargestellten Genorten ist, daß die Übergänge zwischen den beiden Populationsgruppen jeweils bei der Sammelstelle K5 (Nürnberg, MDK-km 64) erfolgt.

In Abbildung 6 ist beim Genort *fh2* anhand der dort auftretenden diagnostischen Allele erkennbar, wie weit Individuen aus dem Donausystem inzwischen in den Main eingewandert sind. An den Probenstellen K5 (Nürnberg, MDK-km 64), K6 (Erlangen, MDK-km 42), K7 (Bischberg, MDK-km 1) und M5 (Wertheim, Main-km 157) lassen sich für die Donau typische Allele nachweisen. Es wurde aber kein Fall gefunden, bei dem ein Tier im Donausystem ein Allel aus dem Rheinsystem trug.

Daß die Populationen noch fast vollständig voneinander getrennt sind, zeigt eine Clusteranalyse der genetischen Distanzen (Abbildung 7). Ob die geringeren Unterschiede innerhalb der Donau-Gruppe (D1, K1-K4) evolutionsbiologisch (z.B. kürzere Wege vom ehemaligen Verbreitungsgebiet) gedeutet werden können, müssen weitere Untersuchungen klären.

Die weitgehende Geschlossenheit der beiden Populationsgruppen zeigte auch eine F_{ST} -Analyse und die Abschätzung der Migration innerhalb und zwischen den Populationsgruppen (Tabelle 2). Wie sich dieses System weiterentwickelt, ist Gegenstand laufender Untersuchungen.

Tabelle 2

Schätzung des Genflusses aus paarweisen F_{ST} -Werten für Populationen von *Dreissena polymorpha* zwischen allen Probenorten, jeweils innerhalb des Verbreitungsgebiets der Donau bzw. des Mains und zwischen Standorten der Donau und des Mains. (Daten aus WÖLL 1996 unpubl.). Die Unterschiede zwischen dem Genfluß innerhalb und zwischen den Einzugsgebieten sind hochsignifikant ($P < 0,01$)

	Mittelwert	Std.-Abw.	Std.-Fehler	N
alle	15.15	25.93	2,80	86
Donau	32.22	29.11	9,70	9
Main	27.63	34.04	6,02	32
zwischen Do- und Main	2.90	1.26	0,19	45

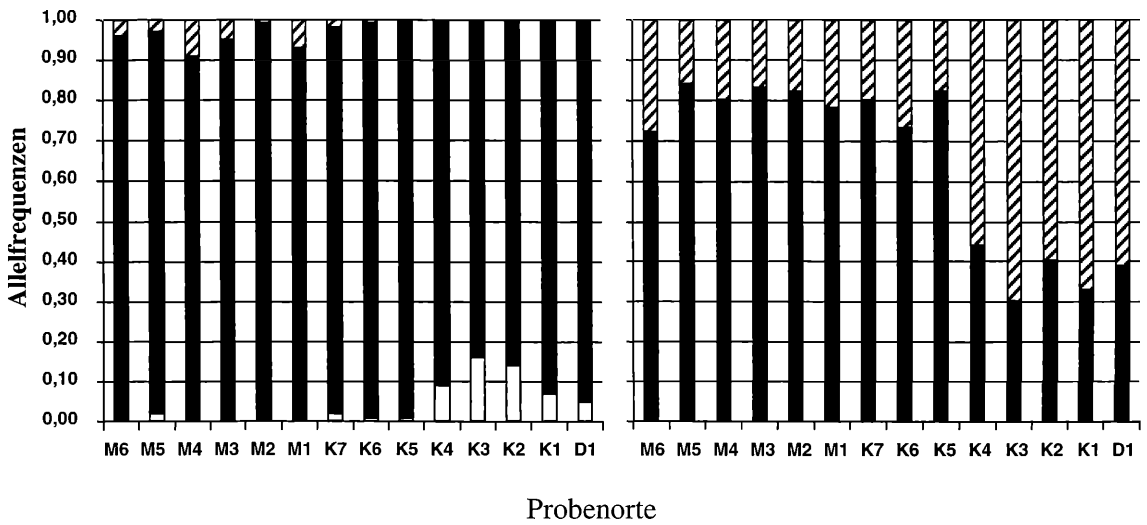


Abbildung 6

Allelfrequenzen an den untersuchten Populationen am Locus *gapdh* (links) und *fh2* (rechts). Die Standorte sind mit M= Main, K= Kanal und D= Donau gekennzeichnet. Sie sind etwa gleich weit voneinander entfernt. M1 liegt in der Nähe von Aschaffenburg, D1 bei Kehlheim (Daten aus WÖLL 1996, unpubl.).

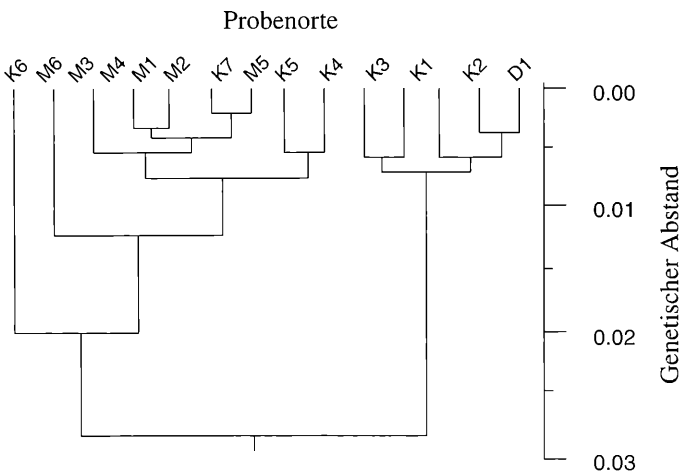


Abbildung 7

Dendrogramm nach der UPGMA-Methode aus genetischen Abständen (Methode nach Nei 1972) für Populationen von *Dreissena polymorpha*. Die Kennzeichnung der Standorte entspricht der in Abbildung 6. (Daten aus WÖLL 1996, unpubl.)

4. Ausblick

Genflußschätzungen haben sich auf verschiedenen Gebieten der Populationsökologie und Evolutionsbiologie als bewährte Werkzeuge herausgestellt. In neueren Zeiten werden vermehrt Anwendungen im Artenschutz diskutiert und zum Teil auch praktisch erprobt. Dabei haben sich verschiedene Stärken und Schwächen von genetischen gegenüber ökologischen Methoden gezeigt.

Ökologische Techniken (z.B. Markierung und Wiederfang) liefern eine Momentaufnahme des gegenwärtigen Zustands (es sei denn es stehen sehr lange Beobachtungszeiten zur Verfügung) und sind in der Regel nicht in der Lage, seltene oder sehr weite Dispersion von Organismen genügend genau zu bestimmen. Letzteres trifft nicht zu, wenn ein unbesiedeltes Gebiet neu besetzt wird und die untersuchten Arten auffällig sind.

Genetische Methoden können beim Vorhandensein geeigneter genetischer Marker auch relativ seltene Dispersionsereignisse feststellen, da die

Gesamtpopulation „markiert“ ist. Populationsgenetische Analysetechniken schließlich lassen Aussagen über einen Genfluß auch dann zu, wenn ein Gebiet bereits besetzt ist. Ihr Nachteil ist allerdings, daß der geschätzte Genfluß nicht auch historische Komponenten enthält, die ohne zusätzlich ökologische Daten zeitlich nicht aufgelöst werden können.

Fortschritte bei molekulargenetischen Arbeitstechniken lassen allerdings erwarten, daß unter bestimmten Umständen dieses Dilemma gelöst werden kann. Mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) ist es möglich, aus Sammlungsmaterial gewonnene DNA so weit zu vermehren und spezifisch von Verunreinigungen zu trennen, daß die gleichen Populationen zu verschiedenen Zeitpunkten, die weit auseinander liegen, analysiert werden können (NIELSEN *et al.* 1997).

Die PCR erlaubt zudem, praktisch ohne Eingriffe in die Individuen Proben für eine Analyse zu gewinnen. Sogar dann, wenn die Tiere selbst nicht direkt gefangen werden können, ist dies möglich,

da DNA in fast allen Geweben enthalten ist und so aus Haaren, Federn, Häuten oder sogar aus Kotproben gewonnen werden kann (KOHN & WAYNE 1977).

5. Zusammenfassung

Genfluß ist der Austausch von genetischer Information zwischen Populationen oder Teilpopulationen. Er kann durch migrierende Individuen, Sporen oder Keimzellen hervorgerufen werden. Genfluß trägt zur ökologischen und genetischen Kontinuität von Populationen bei, indem er durch Zufalls- und Selektionsprozesse hervorgerufene Unterschiede ausgleicht. Je nach Dispersionsfähigkeit der untersuchten Arten, der Art der Habitatstruktur und der zeitlichen Stabilität des Lebensraums werden unterschiedliche Populationsstrukturen erwartet. Ökologische Kenntnisse über den Modus des Individuenaustausches lassen die Anwendung verschiedener Modelle zur Abschätzung von Stärke und Richtung des Genflusses zu. Ihre Limitierung liegt in der räumlichen und zeitlichen Variabilität der Habitate und der Populationen.

An drei Beispielen wird die Abschätzung der Auswirkungen einer räumlichen Fragmentierung des Lebensraums (*Melitaea didyma*), einer gerichteten Ausbreitung (*Urophora cardui*) und der Aufhebung einer Migrationsbarriere (*Dreissena polymorpha*) gezeigt. Diese Beispiele sind im Einklang mit den theoretischen Überlegungen.

Aufgrund der räumlichen und zeitlichen Integration der genetischen Methoden zur Abschätzung von Individuenaustausch ergeben sich für den Artenschutz die Möglichkeiten, historische Abläufe zu rekonstruieren und Langzeiteffekte zu bewerten.

6. Literatur

- CROW, J.F. & K. AOKI (1984):
Group selection for a polygenic behavioral trait: Estimating the degree of population subdivision. – Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 81: 6073 - 6077
- EBER, S. & R. BRANDL (1994):
Ecological and genetic spatial patterns of *Urophora cardui* (Diptera: Tephritidae) as evidence for population structure and biogeographical processes. – J. Anim. Ecol. 63: 187 - 199
- EBER, S. & R. BRANDL (1997):
Genetic differentiation of the tephritid fly *Urophora cardui* in Europe as evidence for its biogeographical history. – Molecular Ecology 6: 651 - 660
- ENDLER, J.A. (1977):
Geographic variation, speciation and clines. – Princeton University Press
- FUTUYMA, D.J. (1989):
Evolutionsbiologie. – Birkhäuser Verlag Basel. 679 S.
- HANSKI, I. (1994):
A practical model of metapopulation dynamics. – J. animal Ecol. 63: 151 - 162
- HARTL, D. & A. CLARK (1988):
Principles of population genetics. – 2. Ed., Sinauer Ass. Sunderland, Mass.
- JANSSON, A. (1992):
Distribution and dispersal of *Urophora cardui* (Diptera, Tephritidae) in Finland in 1985 - 1991. – Entomologica Fennica 2: 211 - 216
- JOHANNESSEN, J. (1977):
Dispersal modes and genetic variation in arthropods. – Diss. FB Biologie Johannes Gutenberg-Universität Mainz 91 S.
- JOHANNESSEN, J.; M. VEITH & A. SEITZ (1996):
Population genetic structure of the butterfly *Melitaea didyma* (Nymphalidae) along a northern distribution range border. – Molecular Ecology 5: 259-268
- KIMURA, M. & G.H. WEISS (1964):
The stepping stone model of population structure and the decrease of genetic correlation with distance. – Genetics 49: 561 - 576
- KINZELBACH, R. (1966):
Die Neozoen. In: GEBHARDT H.; R.KINZELBACH & S. SCHMIDT-FISCHER (Eds.) Gebietsfremde Tierarten. Auswirkungen auf einheimische Arten, Lebensgemeinschaften und Biotope. Situationsanalyse. – Ecomed Verlagsgesellschaft, Landsberg S. 3-14
- KOHN, M.H. & R.K. WAYNE (1997):
Facts from feces revisited. – TREE 12: 233 - 227
- LEVINS R. (1970):
Extinction. In: GERSTENHABER, M. (Ed.): Some mathematical problems in biology. – Am. math. soc. Providence. 77-107
- MAYR, E. (1967):
Artbegriff und Evolution. – Verlag Paul Parey Hamburg. 617 S.
- (1984):
Die Entwicklung der biologischen Gedankenwelt. Vielfalt, Evolution und Vererbung. – Springer Verlag Berlin. 766 S.
- MERRELL, D.J. (1981):
Ecological genetics. – Minnesota University Press, Minneapolis.
- NEI M. (1972):
Genetic distance between populations. – Am. Nat. 106: 283 - 291
- NIELSEN, E.E.; M.M. HANSEN & V. LOESCHCKE (1977):
Analysis of microsatellite DNA from old scale samples of Atlantic salmon *Salmo salar*: a comparison of genetic composition over 60 years. – Molecular Ecology 6: 487 - 492
- POETHKE, H.J.; A. SEITZ & C. WISSEL (1966):
Species survival and metapopulations: Conservation implications from ecological theory. In: SETTELE, J.; CH. MARGULES, P. POSCHLOD & K. HENLE (Eds.): Species survival in fragmented landscapes. – Kluwer Academic Publishers Dordrecht. 81 - 92
- SCHLUMPRECHT H. (1989):
Dispersal of the thistle gall fly *Urophora cardui* and its endoparasitoid *Eurytoma serratulae* (Hymenoptera: Eurytomidae). – Ecological Entomol. 14: 341 - 348
- SCHMELLER D.; M. VEITH & A. SEITZ (1996):
Genflußschätzungen und deren Aussagekraft, dargestellt am Beispiel der Westliche Beißschrecke *Platycleis albopunctata* (Goeze, 1778). – Articulata 11 (1): 1-10
- SEITZ A. (1995):
Gene flow and the genetic structure of populations of Central European animal species. – Verh. Dtsch. Zool. Ges. 88.2: 61 - 76

- SLATKIN, M. & N.H. BARTON (1989):
A comparison of three methods of estimating average levels of gene flow. – *Evolution* 43: 1349 - 1368
- SLATKIN, M. & L. VOELM (1991):
 F_{ST} in a hierarchical island model. – *Genetics* 127: 627 - 629
- SLATKIN, M. (1981):
Estimating levels of gene flow in natural populations. – *Genetics* 99: 323 - 335
- (1993):
Isolation by distance in equilibrium and non-equilibrium populations. – *Evolution* 47: 264 - 279
- SPIESS, E. (1977):
Genes in populations. – John Wiley, New York
- STONE, G.N. & P. SUNNUCKS (1993):
Genetic consequences of invasion through a patchy environment – the cynipid gallwasp *Andricus quercuscalicis* (Hymenoptera: cynipidae). – *Molecular Ecology* 2: 251-268
- VEITH, M.; J. JOHANNESSEN, B. NICKLAS-GORGEN, D. SCHMELLER, U. SCHWING & S. SEITZ (1996):
Genetics of insect populations in fragmented landscapes - a comparison of species and habitats. In: SETTELE J.; CH. MARGULES, P. POSCHLOD & K. HENLE (Eds.): *Species survival in fragmented landscapes*. – Kluwer Academic Publishers Dordrecht. 344-355
- WEIR B.S. & C.C. COCKERHAM (1984):
Estimating *F*-Statistics for the analysis of population structure. – *Evolution* 38: 1358-1370
- WÖLL S. (1996):
Populationsgenetische Untersuchungen an der Dreikantmuschel *Dreissena polymorpha* PALLAS (Mollusca: Bivalvia) in Main-Donau-Kanal, Mainz und Donau. – Diplomarbeit Fachbereich Biologie der Johannes Gutenberg-Universität Mainz. 60 S. + Anhang, unpubl.
- WRIGHT, T S. (1943):
Isolation by distance. *Genetics* 28: 114 - 138
- (1951):
The genetical structure of populations. – *Ann. Eugenics* 1: 323 - 354
- (1965):
The interpretation of population structure by *F*-statistics with special regard to systems of mating. – *Evolution* 19: 395 - 420
- (1978):
Evolution and the genetics of populations. Vol. 4. Variability within and among natural populations. – University of Chicago Press, Chicago.
- ZWÖLFER, H. (1982):
Das Verbreitungsareal der Bohrfliege *Urophora cardui* L. (Diptera, Tephritidae) als Hinweis auf die ursprünglichen Habitate der Ackerdistel (*Cirsium arvense* (L.) Scop.) – *Verh. Dtsch. Zool. Ges.* 75: 298
- ZWÖLFER H.; W. ENGLERT & W. PATTULLO (1970):
Investigations on the biology, population ecology and the distribution of *Urophora cardui* L. Weep projects for Canada. – Progress Report No. XXVII, Commonwealth Institute of Biological Control, Delémont.

Anschrift des Verfassers:

Prof. Dr. Alfred Seitz,
Institut für Zoologie – Abteilung Ökologie,
Johannes Gutenberg-Universität Mainz
Saarstraße 21
D-55099 Mainz

Genetische Vielfalt und Naturschutz

Carolin BENDER

Einleitung

Die gravierenden Veränderungen in den Naturhaushalt durch menschlichen Eingriffe haben weitreichende Auswirkungen, die zu Habitatreduktion und -vernichtung, Verschlechterung der Habitatqualität oder zur Fragmentierung von Lebensräumen führen (z.B. WILCOVE et al. 1986). Der moderne Naturschutz benötigt Konzepte zur effektiven und nachhaltigen Sicherung von Biotopen und deren Tier- und Pflanzenarten. Dabei liegt ein besonderer Schwerpunkt auf dem Erhalt von Überlebensräumen gefährdeter und vom Aussterben bedrohter Arten.

In Deutschland besteht die derzeitige Praxis des Naturschutzes darin, z.B. durch Ausweisung von Schutzgebieten, Durchführung von Renaturierungen und Managementplänen, dieser Entwicklung entgegenzuwirken. Die Ziele des Naturschutzes stehen jedoch in Konkurrenz mit anderen öffentlichen Planungen (z.B. Straßenverkehr, Siedlungsentwicklung, Energie-Infrastruktur), deshalb ist die Naturschutzplanung gezwungen, schneller und effektiver zu handeln sowie schlagkräftige Argumente vorzubringen.

Ein praktikables und erfolgreiches Verfahren sind neben einer klaren Zielformulierung vor allem die Einbeziehung von Gefährdungsanalysen, die eine Prognose für den Erfolg, bzw. Mißerfolg der Maßnahme erlauben (z.B. HOVESTADT et al. 1991; MÜHLENBERG & HOVESTADT 1991). Insbesondere Populationsgefährdungsanalysen (PVA, *population vulnerability analysis*, GILPIN & SOULÉ 1986) bieten sich als objektive Prognoseverfahren an (siehe KAULE & HENLE 1991). Dafür werden in den meisten Fällen genauere Grundlagenkenntnisse über Populationsbiologie und -strukturen bedrohter Tier- und Pflanzenarten benötigt (MÜHLENBERG & HOVESTADT 1991).

Die genetische Vielfalt repräsentiert in diesem Zusammenhang das evolutionäre Potential einer Art und stellt die wesentliche Voraussetzung für die Anpassung von Tier- und Pflanzenpopulationen an sich ändernde Umweltbedingungen dar (z.B. MAYR 1963; LEWONTIN et al. 1981; TEMPLETON et al. 1990).

Die Zielsetzung naturschutzorientierter Konzeptionen muß daher auf den Erhalt möglichst großer genetischer Vielfalt zielen. Über den Schutz aktuell bedrohter Einzelbestände hinaus ist die langfristige Sicherung vernetzter Populationen erforderlich, die auf Metapopulationsebene demographische und genetische Vielfalt repräsentieren (HALLE 1996). Der Status quo in der Naturschutzforschung ist jedoch, daß bei den meisten Arten i.d.R. keine

Informationen über die Populationsstrukturen vorliegen, so daß die Auswirkungen von zunehmender Fragmentierung und Habitatzerstörung auf eine übergeordnete Metapopulationsstruktur unbekannt sind (vgl. STORCH & SCHRÖDER 1996; SETTELE et al. 1996a). Damit steht der Naturschutz im Extremfall vor dem Problem, eine Vielzahl kleiner, verstreuter Populationen erhalten zu müssen.

Die Konzeption konkreter Schutzmaßnahmen erfordert grundlegende Kenntnisse über folgende Parameter:

- notwendige Populationsgrößen, um langfristiges Überleben zu sichern (Untersuchungen zur Demographie, wie Paarungssystem, Altersstruktur, natürliche Fluktuationen usw.),
- genetische Vielfalt (genetische Struktur von Populationen, Genflußraten zwischen Populationen),
- notwendige Flächengrößen der Biotope (Flächenbedarf von Individuen, bzw. Populationen; Bedeutung von Habitatqualität).

Im Rahmen von Populationsgefährdungsanalysen ermöglichen weder Populationsökologie, noch Populationsgenetik alleine umfassende Analysen. Erst die Kombination von Daten zur Populationsökologie, Populationsgenetik und Habitatgröße kann zu einem effektiven Schutz führen, wie z.B. bei der Umsetzung in Schutzstrategien (wie Größe und Anzahl von Schutzgebieten, Korridoren und Trittsteinbiotopen).

In Deutschland wurde 1993 ein Verbundprojekt des Bundesministeriums für Bildung und Forschung begonnen, das anhand ausgewählter Tier- und Pflanzenarten die Bedeutung von Isolation, Flächenbedarf und Biotopqualität für das Überleben in der Kulturlandschaft, am Beispiel von Trockenbiotopen untersucht (FIFB 1993; siehe SETTELE et al. 1996b). Im folgenden wird an zwei Fallbeispielen der Einfluß ökologischer und genetischer Populationsparameter vorgestellt und die sich aus den jeweiligen Basisdaten ergebenden Konsequenzen für die Konzeption von Schutzplanungen aufgezeigt.

Fallbeispiel: Zwergheideschnecke (*Trochoidea geyeri*)

Die Zwergheideschnecke, *Trochoidea geyeri*, (Helicidae, U.Fam. Helicellinae) bevorzugt kalkige Trockenstandorte wie Trockenrasen mit spärlicher Vegetation. Dieser Habitattyp wurde in Deutschland hauptsächlich durch landwirtschaftliche Nutzung geschaffen und erhalten, z.B. durch extensive Schafbeweidung und Weinanbau. Der Nutzungswandel der Landwirtschaft in den letzten Jahrzehnten führte entweder zur Aufgabe dieser

Flächen oder zur Umwandlung in intensiv genutzte Monokulturen (BAHL et al. 1996). Dadurch reduzierte sich Anzahl und Größe geeigneter Habitate, was dazu beigetragen hat, daß die Zwergheideschnecke heute selten ist und in einigen Bundesländern als ausgestorben aufgeführt wird. Die Art hat einen einjährigen Lebenszyklus mit der Eiablage im Frühjahr. Adulte Schnecken sterben im Laufe des Sommers und im Herbst erfolgt die Paarung der im Sommer geschlüpften Jungtiere.

Die Studien von PFENNINGER & BAHL (1997) sowie PFENNINGER et al. (1996, 1997) umfassen ökologische und genetische Untersuchungen an verschiedenen Standorten der Zwergheideschnecke. Im folgenden werden einzelne Aspekte der Untersuchungen der Schneckenpopulation eines alten, nicht mehr bewirtschafteten Weinbergs im oberen Kinzigtal (bei Schlüchtern, Hessen) sowie einer Population auf dem Montagne de Luberon (Trockenrasen mit Schafbeweidung; Provence, Frankreich) angeführt.

Die Größe der Flächen sowie die Populationsdichten von *T. geyeri* waren an beiden Standorten identisch (40.000 m², Dichte 6,89, 3,89 Ind./m²; nach PFENNINGER et al. 1996). Innerhalb der Populationen wurden an verschiedenen Sammelpunkten (Abstand 15 m) Individuen entnommen. Über eine Computersimulation wurde ein Dispersionspotential von 2,9-3,2 m über die gesamte Lebenszeit abgeschätzt. Dies weist darauf hin, daß für die untersuchten Populationen zufällige Paarung nicht anzunehmen ist, da die Fläche des Habitats um ein Vielfaches größer ist als die größtmögliche individuelle Dispersionsdistanz. Aus diesem Grund wurde das Neighbourhood-Konzept (WRIGHT 1946) zur Beschreibung der Populationsstruktur eingesetzt. Dieses Konzept beschreibt eine Population, bei der innerhalb eines Standortes die Wahrscheinlichkeit der Reproduktion von Individuen mit zunehmender Distanz kleiner wird und die dadurch räumlich strukturiert ist (SLATKIN 1993). Die Größe der Neighbourhoods wurde im Falle von *T. geyeri* auf 13-21 m² berechnet.

Die genetischen Unterschiede nahmen mit zunehmender geographischer Distanz innerhalb der Population in Deutschland signifikant zu (PFENNINGER et al. 1996). Die Population in Deutschland weist eine heterogene genetische Struktur auf, im Einzelnen unterscheiden sich hier die Tiere aus den verschiedenen Sammelpunkten sehr deutlich. Die Schnecken aus dem gleichen Sammelpunkt sind sich allerdings relativ ähnlich. In der französischen Population (Luberon) ist die Struktur dagegen völlig verschieden. Hier konnte man innerhalb der Sammelpunkte eine viel größere individuelle Variation nachweisen, zudem sind die genetischen Unterschiede zwischen den Sammelpunkten viel geringer als bei der deutschen Population.

Für die homogenere genetische Struktur der Schnecken aus Frankreich werden verschiedene Faktoren für eine zufällige Verdriftung und eine größere Durchmischung der Population diskutiert. Insbesondere wird von den Autoren ein passiver Transport der Schnecken durch Schafe vermutet (s.o., FISCHER et al. 1996). In beiden Populationen (Frankreich, Deutschland) konnten zwei völlig

verschiedene genetische Populationsstrukturen aufgedeckt werden. Ökologische Untersuchungen im Freiland erbrachten dagegen keine Hinweise auf unterschiedliche Strukturen.

Desweiteren wurde der Einfluß der Habitatgröße auf die Überlebenswahrscheinlichkeit von räumlich stark strukturierten Populationen analysiert. Es zeigte sich, daß die mittlere Überlebenszeit eher von der zugrundeliegenden Neighbourhood-Größe (also der Populationsdichte), als von der Gesamtfläche des Habitats abhängig ist.

Im Fall der Zwergheideschnecke ist für den Naturschutz von Relevanz, daß das Vorkommen dieser Art primär von einer guten Habitatqualität abhängig ist (PFENNINGER & BAHL 1997). Da *T. geyeri* aufgrund ihrer niedrigen Mobilität keine Möglichkeit hat, schnell in angrenzende gute Habitate abzuwandern, sind schnelle Habitatdynamiken für ihr Überleben gefährlich. Bei Arten mit vergleichbar niedrigem Dispersionspotential ist es von vorrangiger Bedeutung, die Habitatqualität zu erhalten und Vernetzung mit anderen geeigneten Habitaten durch Vektoren, wie z.B. Schafe, sicherzustellen.

Fallbeispiel: Mauereidechse (*Podarcis muralis*)

Die Mauereidechse, *Podarcis muralis* (Lacertidae), ist mediterranen Ursprungs und erreicht in Deutschland ihre nördliche Verbreitungsgrenze. Als xerotherme Art besiedelt sie trockene, warme Standorte, wie Geröllhalden, Felsen und Kiesbänke von Flüssen (GRUSCHWITZ & BÖHME 1986). In Deutschland war in den letzten Jahrhunderten eine Ausweitung der Weinanbaugebiete mit Trockensteinmauern und vielen Kleinstrukturen zu verzeichnen. Dadurch wurde die Verbreitung der Mauereidechse, die vorhandene Trockenmauern und deren Umfeld als Habitat nutzt, begünstigt (JÄTZOLD 1990; KONOLD 1980). Im 19ten Jahrhundert setzte eine massive Regulierung des Rheins ein, wodurch in der Folge viele natürliche Habitate zerstört wurden. Beginnend mit den 30er Jahren unseres Jahrhunderts bis heute wurden in den Weinanbaugebieten einschneidende Umstrukturierungen in Form von Flurbereinigungen durchgeführt, die zu einer starken Reduktion der typischen Trockenmauer-Habitate und damit auch der Mauereidechse führten (BLAB et al. 1994; KONOLD 1980; LICHT & BERNERT 1987). In den meisten Ländern Zentraleuropas sowie in einigen deutschen Bundesländern wird *P. muralis* daher heute als gefährdete oder vom Aussterben bedrohte Art eingestuft (BLAB et al. 1994; HONEGGER 1981).

Adulte Mauereidechsen haben eine maximale Lebensdauer von 12 Jahren und weisen ein ausgeprägtes Territorialverhalten auf, wobei die Größe ihrer Reviere zwischen 6 - 52 m² liegt (z.B. BOAG 1973; STRIJBOSCH et al. 1980).

Die Studien an *P. muralis* umfassen ökologische und genetische Untersuchungen an verschiedenen Standorten in Deutschland (BENDER 1995; BENDER et al. 1996). In der Untersuchungsregion variieren die Populationsgrößen der Mauereidechse zwischen 10 - 20 bis zu mehreren 1000 Individuen in wenigen großen Populationen. Eine isolierte Po-

pulation in der Nähe der Stadt Heilbronn (Baden-Württemberg) wurde als Hauptuntersuchungsgebiet ausgewählt, da hier wenige Jahre zuvor eine Flurbereinigung (1986/87) durchgeführt worden war. Vor der anstehenden Flurbereinigung wurden an einer alten Trockensteinmauer 120 Eidechsen abgefangen, die später in neu erbaute Trockenmauern eingesetzt wurden (als Ausgleichsmaßnahme; EHRL & WOLF 1987). In den folgenden Jahren 1988 bis 1990 wurden einmal jährlich Erfolgskontrollen durchgeführt (HENLE et al. 1990). Ab 1991 bis 1996 wurden jährlich zwei Populationsschätzungen durchgeführt (siehe BENDER et al. 1996). In der Abbildung 1 ist der Verlauf der Populationsentwicklung im Untersuchungszeitraum dargestellt. Nach dem Zusammenbruch der Population auf 32 Individuen (29–33, 90% Vertrauensbereich) im Jahre 1990, folgte ein langsamer Anstieg bis zu dem Spitzenwert von 154 Tieren im Herbst 1994.

Die Populationsgrößen-Schätzungen und Freilandbeobachtungen der Jahre 1990 bis 1992 bildeten, ergänzt durch Literaturangaben, die Basis zur Entwicklung eines Simulationsmodells, um eine PVA durchzuführen (HILDENBRANDT et al. 1995). Durch die Weiterführung der Freilandarbeiten in den folgenden Jahren 1993–1996 ergab sich die Möglichkeit, das Modell mit den Ergebnissen der Populationsschätzungen der Jahre 1993 bis 1996 zu testen (BENDER et al. 1996; HENLE et al. in Vorb.). Dabei stellte sich heraus, daß im Freiland eine größere Anzahl an Tieren nachgewiesen werden konnte, als das Modell vorausgesagt hatte. Eine Überprüfung der in das Modell eingegangenen Parameter ergab, daß ab dem Jahr 1993 in der direkten Umgebung der neuen Mauern eine Änderung der Bodenbearbeitung in den Rebflächen durchgeführt wurde. Die direkte Folge für die Eidechsenpopulation war, daß nun zusätzliche Habitatfläche als Jagdrevier und Ausweichmöglichkeit (für subadulte und juvenile Tiere) zur Verfügung

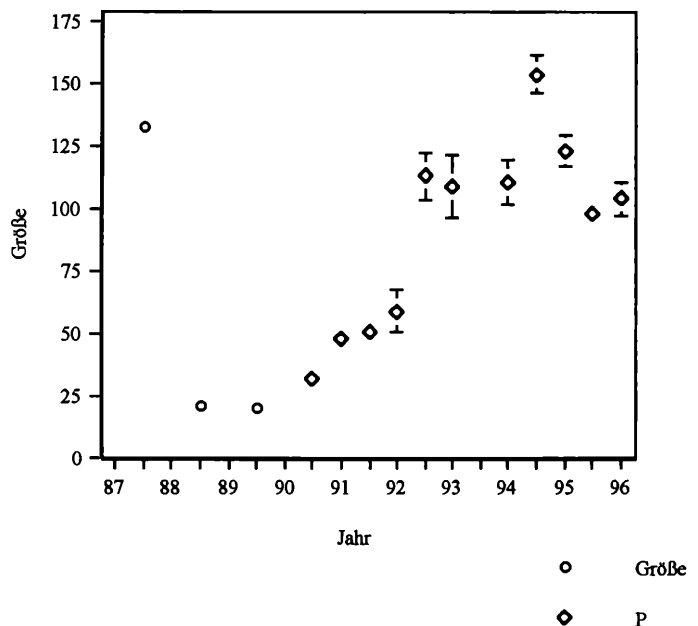
stand. Die PVA erbrachte detaillierte Prognosen für die durchschnittliche Überlebenswahrscheinlichkeit der Population (BENDER et al. 1996). Vor der Nutzungsänderung betrug die durchschnittliche Überlebenswahrscheinlichkeit nur 40 Jahre, danach erhöhte sie sich durch die zusätzliche Habitatfläche auf 444 Jahre. Ein weiteres Resultat war, daß sich das Aussterberisiko für diese Population erniedrigte. Im ersten Modell wurde es nach nur 100 Jahren auf 99% berechnet, durch die zusätzliche Habitatfläche sank das Aussterberisiko auf 20%. Mit dem erweiterten Modell wurden im folgenden verschiedene Managementstrategien geprüft, um anwendungsorientierte Empfehlungen abzugeben. Zur Verbesserung der Situation wurde in Betracht gezogen, die Gesamtfläche des Habitats zu verdoppeln, damit folgte eine Erhöhung der Überlebenszeit auf 4200 Jahre sowie einer Reduktion des Aussterberisikos auf 0,5%. Eine alternative Vorgehensweise in Form einer Bestandsstützung durch Einsetzen von Tieren, bzw. Immigration über Korridore oder Trittsteinbiotope, resultiert in der Zunahme der durchschnittlichen Überlebenszeit etwa um den Faktor 4 und einem Aussterberisiko von 5% (HENLE et al. in Vorb.).

An insgesamt fünf räumlich getrennten Populationen wurde die genetische Variation untersucht (BENDER 1995). Die Populationen unterscheiden sich in Größe sowie Dichte und sind an verschiedenen Standorten lokalisiert. Eine Analyse der Populationen führte zu dem Ergebnis, daß 85% der genetischen Variation innerhalb der Populationen nachzuweisen ist und etwa 15% auf Unterschiede zwischen den Populationen zurückzuführen ist (BENDER et al. 1996). Die genetische Variation zwischen den Populationen ist nicht mit den geographischen Distanzen korreliert, d.h. mit zunehmender Entfernung wurden keine größeren genetischen Distanzen nachgewiesen (BENDER et al., in Vorb.). Auch die unterschiedlichen Populationsgrößen und -dichten haben keinen nachweisbaren

Abbildung 1

Die Punkte stehen für nachgewiesene Tiere in den Jahren 1987 bis 1989. Quadrate symbolisieren Populationsschätzungen mit 90% Vertrauensbereichen der Jahre 1990 bis 1996 (basierend auf Fang/Wiederfangfrequenzen; BENDER et al. 1996).

Populationsgrößen 1987-96



Einfluß auf die genetische Variation (Größenspanne: ca. 50 - 7500 Indiv.; Dichten: 18 - 103 Indiv./100m, siehe BENDER et al. 1996).

Eine mögliche Erklärung liegt im geschichtlichen Hintergrund der Mauereidechsen-Populationen in Deutschland. Mit den rapiden Landschaftsveränderungen, von Anfang der 30er Jahre bis heute, wurde die Zahl und Größe der Mauereidechsen-Habitate kontinuierlich reduziert. Allerdings entspricht die Zeitspanne von ca. 70 Jahren gerade 15 - 25 Eidechsen-Generationen. Dieser kurze Zeitraum war für die vorliegenden Untersuchungen nicht ausreichend, um eine Abnahme der genetischen Variation bei kleinen Populationen der Mauereidechse nachzuweisen.

Für den Naturschutz bedeutet das, daß Ausgleichsmaßnahmen (wie Bestandsstützungen oder Wiederansiedlung) nahezu unabhängig von der regionalen Herkunft der Tiere erfolgen können. Die Überlebensfähigkeit der rezenten *Podarcis muralis*-Populationen wird nicht primär durch deren genetische Variabilität beeinflusst, d.h. in näherer Zukunft werden kleine Populationen wahrscheinlich nicht aus genetischen Gründen aussterben, sondern eher aus demographischen oder stochastischen Gründen (z.B. untypische Altersstruktur, harte Winter, schlechte Reproduktion). Die Untersuchungen demonstrieren, daß der Erfolg von Ausgleichsmaßnahmen durch Populationsgefährdungsanalysen überprüfbar ist (Simulationsmodell). Darüberhinaus wird deutlich, welcher große Stellenwert Langzeituntersuchungen zukommt, wenn möglichst differenzierte Zukunftsprognosen für den Naturschutz erzielt werden sollen. Primäre Ursache für den Bestandsrückgang bei *Podarcis muralis* ist die völlige Zerstörung bzw. Reduktion geeigneter Habitate. Deshalb sollte für den Artenschutz die Sicherung großer Habitatflächen mit guter bis sehr guter Habitatqualität sowie der Erhalt bzw. die Schaffung von Trittsteinen zu anderen Populationen (um Wiederbesiedlung zu ermöglichen) im Vordergrund stehen.

Fazit

Die vorliegende Übersicht hat zum Ziel, die Bedeutung populationsgenetischer Untersuchungen für die Erstellung moderner Naturschutz-Konzepte hervorzuheben. Ausschlaggebend für einen effektiven Arten- und Biotopschutz sind grundlegende Kenntnisse der ökologischen Verknüpfungen der betreffenden Organismen. Nur so können die Auswirkungen von Landschaftsfragmentierung auf Populationsstrukturen und Artenvielfalt vorausgesagt und negative Einflüsse gegebenenfalls abgemildert werden. Populationsgefährdungsanalysen sind hier eines der wesentlichen Hilfsmittel zur Beurteilung der Überlebenswahrscheinlichkeit von Populationen unter den gegebenen Bedingungen (HILDENBRANDT et al. 1995; FRANK & BERGER 1996). Die Qualität einer PVA kann aber immer nur die Qualität ihrer Eingangsdaten widerspiegeln, so daß die notwendigen ökologischen Daten eine grundlegende Voraussetzung sind.

Naturschutz bedeutet immer auch die Aufrechterhaltung genetischer Vielfalt und dafür ist natürlich

die Kenntnis derselben unumgänglich (AVISE 1996). Für Schutzprogramme seltener oder bedrohter Tier- und Pflanzenarten sind damit Untersuchungen der genetischen Struktur eine notwendige Voraussetzung, um negative Effekte für die betreffende Population zu vermeiden.

Mit Hilfe genetischer Untersuchungen kann die Diversität von Populationen quantifiziert werden, z.B. durch Vergleich ihrer Strukturierung (z.B. *T. geyeri*; s.o.). Allerdings ist eine qualitative Bewertung vorhandener Unterschiede nicht möglich. Die direkte Konsequenz für den Naturschutz ist, daß genetische Vielfalt per se erhalten werden muß.

Der Nachweis zeitlicher und räumlicher Veränderungen der Vielfalt, so z.B. eine Abnahme der genetischen Variation in kleinen Populationen über längere Zeiträume, läßt sich ausschließlich über die Verwendung molekulargenetischer Methoden erbringen. Das Gleiche gilt für den Genfluß zwischen unterschiedlich isolierten Populationen innerhalb von Metapopulationen (z.B. VEITH & SEITZ 1995), ein wichtiges Kriterium für den Naturschutz zur Identifizierung von Korridoren oder Barrieren.

Zentrale Problemfelder wie die langfristige Überlebensfähigkeit und die genetische Vielfalt machen deutlich, daß sich im Zusammenhang mit Naturschutzbelangen kaum Verallgemeinerungen machen lassen. Wesentliche Erkenntnisse aus der Metapopulationsdynamik liegen gerade darin, daß jeder Einzelfall gesondert betrachtet und einer genauen Analyse unterzogen werden muß (HALLE 1996). Konkrete Untersuchungen sind unerlässlich, um anhand natürlicher Systeme zu Erkenntnissen über Struktur und Dynamik von Populationen, bzw. Arten, in fragmentierten Landschaften zu gelangen.

Die oben angeführten Beispiele können natürlich nicht alle Aspekte abdecken, sondern nur einzelne Teilbereiche hervorheben. Sie machen jedoch deutlich, daß die Populationsgenetik für die Anforderungen der praktischen Naturschutzarbeit potentiell eine wichtige, mitunter sogar entscheidende Rolle spielt. In beiden Fällen waren die Ergebnisse der genetischen Untersuchungen überraschend und aus ökologischen Forschungen nicht vorhersehbar bzw. abzuleiten. Die Kombination genetischer und ökologischer Untersuchungen sowie der Modellentwicklung führte bei beiden Arten zu einem wesentlich umfassenderen Gesamtbild, als dies mit der ausschließlichen Bearbeitung einzelner Teilaspekte möglich gewesen wäre. Selbst aus der Untersuchung solch unterschiedlicher Organismen, wie Zwergheideschnecke und Mauereidechse, mit sehr verschiedenartigen Ansprüchen resultieren doch ganz ähnliche Forderungen für deren Schutz.

In der Kombination mit anderen Methoden, wie demographischen Untersuchungen, Habitatanalysen, Populationsgefährdungsanalysen und historischen Daten zur Verbreitung und Abundanz von Arten, bzw. Populationen, führen genetische Analysen zu naturschutzrelevanten Zukunftsprognosen.

Danksagung

An dieser Stelle möchte ich mich herzlich bei allen Kollegen bedanken, die im Forschungsverbund FIFB (BMBF-Förderkennzeichen 0339625 A) eingebunden waren. Den Kollegen aus meiner Arbeitsgruppe möchte ich für viele fruchtbare Diskussionen und Anregungen zu diesem Themenbereich danken. Darüberhinaus danke ich den Regierungspräsidenten der Bundesländer Baden-Württemberg, Hessen und Rheinland-Pfalz für die Erteilung der notwendigen Genehmigungen.

Literatur

- AVISE, J.C. (1996):
Introduction: the scope of conservation genetics. S. 1-9, in: AVISE, J.C. & J.L. HAMRICK (Hrsg.): Conservation Genetics. – Chapman & Hall.
- BAHL, A.; M. PFENNINGER, H. BAMBERGER, M. FRYE & B. STREIT (1996):
Survival of snails in fragmented landscapes. S. 329-343, in: SETTELE, J.; C. MARGULES, P. POSCHLOD & K. HENLE (Hrsg.): Species Survival in Fragmented Landscapes. – Kluwer, Dordrecht.
- BENDER, C. (1995):
Demographische und populationsgenetische Grundlagen zum Schutz der Mauereidechse (*Podarcis muralis*). Ver. Ges. f. Ökol. 24: 187-191.
- BENDER, C.; H. HILDENBRANDT, K. SCHMIDT-LOSKE, V. GRIMM, C. WISSEL & K. HENLE (1996):
Consolidation of vineyards, mitigations, and survival of the common wall lizard (*Podarcis muralis*) in isolated habitat fragments. S. 248-261, in: SETTELE, J.; C. MARGULES, P. POSCHLOD & K. HENLE (Hrsg.): Species Survival in Fragmented Landscapes. – Kluwer, Dordrecht.
- BENDER, C. (1997):
Demography of a small population of the endangered common wall lizard *Podarcis muralis* (Lacertidae), in Western Germany. S. 27-34, in: BÖHME, W.; W. BISCHOFF & T. ZIEGLER (Hrsg.). Herpetologica Bonnensis, Prague.
- BENDER, C.; B. STREIT & A. BAHL (in Vorb.):
Population structure of the common wall lizard as revealed by RAPDs.
- BLAB, J.; R. GÜNTHER & E. NOWAK (1994):
Rote Liste und Artenverzeichnis der in Deutschland vorkommenden Kriechtiere (Reptilia). S. 109-124, in: NOWAK, E.; J. BLAB & R. BLESS (Hrsg.): Rote Liste der gefährdeten Wirbeltiere in Deutschland. – Kilda, Greven.
- BOAG, D. A. (1973):
Spatial relationships among members of a population of wall lizards. – Oecologia 12: 1-13.
- EHRL, A. & M. WOLF (1987):
Zur Wiederansiedlung von Mauereidechsen im Gewann Ranzenberg bei Weinsberg, Landkreis Heilbronn. Unveröff. Gutachten i.A. des Regierungspräsidiums Stuttgart, BNL.
- FIFB (1993):
Bedeutung von Isolation, Flächengröße und Biotopqualität für das Überleben von Tier- und Pflanzenpopulationen in der Kulturlandschaft am Beispiel von Trockenstandorten. – Z. Ökologie u. Naturschutz 2: 58-60.
- FISCHER, S.; P. POSCHLOD & B. BEINLICH (1996):
Bedeutung der Wanderschäferrei für den Artenaustausch zwischen isolierten Schaftriften. – Beih. Naturschutz u. Landschaftspf. Baden-Württemberg 83, im Druck.
- FRANK, K. & U. BERGER (1996):
Metapopulation und Biotopverbund – eine kritische Betrachtung aus der Sicht der Modellierung. – Z. Ökologie u. Naturschutz 5: 151-160.
- GILPIN, M. E. & M. E. SOULÉ (1986):
Minimum viable populations: processes of species extinction. S. 19-34, in: SOULÉ, M.E. (Hrsg.): Conservation Biology. The Science of Scarcity and Diversity. – Sinauer Ass. Inc., Sunderland.
- GRUSCHWITZ, M. & W. BÖHME (1986):
Podarcis muralis (LAURENTI, 1768) – Mauereidechse. S. 155-208, in: BÖHME, W. (Hrsg.): Handbuch der Reptilien und Amphibien Europas. Bd. 2/II. Echsen III (*Podarcis*), Aula, Wiesbaden.
- HALLE, S. (1996):
Metapopulationen und Naturschutz – eine Übersicht. – Z. Ökologie u. Naturschutz 5: 141-150.
- HENLE, K.; C. BENDER & G. KUBACH (1990):
„Eidechsgarten“ Ranzenberg – Entwicklung der Mauereidechsenpopulation. – Unveröff. Gutachten i.A. des Regierungspräsidiums Stuttgart, BNL.
- HENLE, K.; C. BENDER, K. SCHMIDT-LOSKE, H. HILDENBRANDT, V. GRIMM & C. WISSEL (in Vorb.):
Future of wall lizards in Germany – impacts of consolidation measures on survival of small populations.
- HILDENBRANDT, H.; C. BENDER, V. GRIMM & K. HENLE (1995):
Ein individuenbasiertes Modell zur Beurteilung der Überlebenschancen kleiner Populationen der Mauereidechse (*Podarcis muralis*). – Verh. Ges. f. Ökol. 24: 207-214.
- HONEGGER, R. E. (1981):
Threatened Reptiles and Amphibians in Europe. Aula, Wiesbaden.
- HOVESTADT, T.; J. ROESER & M. MÜHLENBERG (1991):
Flächenbedarf von Tierpopulationen. – Berichte aus der ökologischen Forschung, Forschungszentrum Jülich, Jülich.
- JÄTZOLD, R. (1990):
Die Verbreitung und Zukunft der Riesling-Steillagen Deutschlands, insbesondere der noch terrassierten Hänge. – Mainzer Geographische Studien 34: 177-194.
- KAULE, G. & K. HENLE (1991):
Überblick über Wissenstand und Forschungsdefizite. S. 2-44, in: HENLE, K. & G. KAULE (Hrsg.): Arten- und Biotopschutzforschung für Deutschland. – Forschungszentrum Jülich, Jülich.
- KONOLD, W. (1980):
Zum Schutz anthropogener Ökosysteme am Beispiel aufgelassener Weinberge. – Verh. Ges. f. Ökol. 8: 175-184.
- LEWONTIN, R.C.; J.A. MOORE, W.B. PROVINCE & B. WALLACE (1981):
Dobzhansky's Genetics of Natural Populations. I-XLIII. – Columbia Univ. Press, New York.
- LICHT, W. & U. BERNERT (1987):
Untersuchungen zur Standortsökologie von Weinbergsmauern - ein Beitrag zur Praxis der Flurbereinigung. – Beitr. Landespflege Rheinland-Pfalz 11: 69-114.
- MAYR, E. (1963):
Animal Species and Evolution. – Harvard Univ. Press, Cambridge (USA).
- MÜHLENBERG, M. & T. HOVESTADT (1991):
Flächenanspruch von Tierpopulationen als Kriterien für Maßnahmen des Biotopschutzes und als Datenbasis zur Be-

- urteilung von Eingriffen in Natur und Landschaft. S. 142-157, in: HENLE, K. & G. KAULE (Hrsg.): Arten- und Biotopschutzforschung für Deutschland. Forschungszentrum Jülich, Jülich.
- PFENNINGER, M.; A. BAHL & B. STREIT (1996): Isolation by distance in a population of a small land snail *Trochoidea geyeri*: evidence from direct and indirect methods. – Proc. R. Soc. Lond. B 263: 1211-1217.
- PFENNINGER, M. & A. BAHL (1997): Influence of habitat size on the viability of spatially structured populations of the landsnail *Trochoidea geyeri*. – Ges. f. Ökol., eingereicht.
- PFENNINGER, M.; F. MAGNIN, A. BAHL & B. STREIT (1997): Different genetic structures within two continuous populations of the landsnail *Trochoidea geyeri*. – Acta Oecologica, eingereicht.
- SETTELE, J.; K. HENLE & C. BENDER (1996a): Metapopulation und Biotopverbund: Theorie und Praxis am Beispiel von Tagfaltern und Reptilien. – Z. Ökologie u. Naturschutz 5: 187-206.
- SETTELE, J.; C. MARGULES, P. POSCHLOD & K. HENLE (1996b): Species Survival in Fragmented Landscapes. – Kluwer, Dordrecht.
- SLATKIN, M (1993): Isolation by distance in equilibrium and non-equilibrium populations. – Evolution 47: 264-279.
- STORCH, I. & W. SCHRÖDER (1996): Das Metapopulationskonzept im Wildtiermanagement. – Z. Ökologie u. Naturschutz 5: 207-215.
- STRIJBOSCH, H.; J.J.A.M. BONNEMAYER & P.J.M. DIETVORST (1980): The northernmost population of *Podarcis muralis* (Lacertilia, Lacertidae). – Amphibia-Reptilia 1: 161-172.
- TEMPLETON, A.R.; K. SHAW, E. ROUTMAN & S.K. DAVIS (1990): The genetic consequences of habitat fragmentation. – Annals of the Missouri Botanical Gardens 77: 13-27.
- VEITH, M. & A. SEITZ (1995): Anwendungsmöglichkeiten der Populationsgenetik für den Artenschutz. – Verh. Ges. f. Ökol. 24: 219-226.
- WILCOVE, D.S.; C.H. MALELLAN & A.P. DOBSON (1986): Habitat fragmentation in the temperate zone. S. 237-256, in: SOULE, M.E. (Hrsg.): Conservation biology. – Sinauer Ass., Sunderland.
- WRIGHT, S. (1946): Isolation by distance under diverse systems of mating. – Genetics 31: 39-59.

Anschrift des Verfassers:

Carolin Bender
 Joh. W. Goethe-Universität Frankfurt
 Zoologisches Institut
 Abteilung Ökologie und Evolution
 Siesmayerstr. 70
 D-60054 Frankfurt

Die Bedeutung der genetischen Vielfalt für das Überleben von Populationen

Markus FISCHER & Bernhard SCHMID

1. Einleitung

Die Evolution hat auf allen Ebenen biologischer Organisation zu einer grossen Vielfalt geführt: von den Genen über die Zellen, Individuen, Populationen, Lebensgemeinschaften, bis zu den Ökosystemen. Heute führen die Aktivitäten der Menschen zur Bedrohung und zum Verlust von biologischer Vielfalt auf all diesen Ebenen (KAREIVA et al. 1993). Viele Arten sind indirekt über die Veränderung von Boden, Wasser und Luft gefährdet. Zusätzlich wurden viele Arten durch die direkte Zerstörung weiter Teile ihrer Lebensräume auf Resthabitate zurückgedrängt. Insgesamt übertrifft die gegenwärtige, von Menschen verursachte Aussterberate von Tier- und Pflanzenarten sogar die geschätzten natürlichen Aussterberaten für die fünf grossen Massenaussterben der Erdgeschichte (LAWTON & MAY 1995).

Populationen und Arten setzen sich aus genetisch verschiedenen Individuen (Genotypen) zusammen. Die Reaktion von Populationen, Individuen und Genen auf ihre Umwelt erfolgt in enger evolutiver Wechselwirkung. Dabei bestimmt der Genotyp das Potential eines Individuums, ein bestimmtes Merkmal auszudrücken, während die tatsächlich verwirklichte Gestalt (Phänotyp) und die Vitalität (Fitness) auch von der Umwelt abhängen. Ein Beispiel für die Bedeutung genetischer Vielfalt unter gegenwärtigen Umweltbedingungen ist die Reaktion von Pflanzenpopulationen auf Schädlinge, z.B. Viren oder Pilzbefall. Durch die unterschiedliche genetische Ausstattung einzelner Pflanzen sind individuell verschiedene Reaktionen gewährleistet, so daß die Chance steigt, daß wenigstens einige Individuen der Population immun oder resistent sind.

Die genetische Vielfalt bildet die Grundvoraussetzung für die evolutive Anpassungsfähigkeit einer Population an veränderte Bedingungen. Unter veränderten Umweltbedingungen kann die Selektion andere Phänotypen begünstigen als unter gegenwärtigen Umweltbedingungen. In veränderter Umwelt unterliegen Phänotypen aber nicht nur unterschiedlicher Selektion, sondern es kann sich auch die Beziehung zwischen den Genotypen und den tatsächlich ausgedrückten Phänotypen ändern (SCHMID 1992). Zusammen verursachen diese Mechanismen eine Änderung der genetischen Konstitution von Populationen und Arten und ermöglichen so die Anpassung an veränderte Umweltbedingungen. Zusätzlich kann eine Umweltänderung aber auch zu einer Verringerung der genetischen Vielfalt von Populationen führen und damit deren Überleben gefährdet werden. Gehen genetisch unterschiedliche Populationen verloren, so gefährdet dies auch das Überleben verbleiben-

der Populationen, da durch die damit verbundene Verringerung des genetischen Austausches zwischen Populationen das Anpassungspotential reduziert wird. Die Bedeutung der genetischen Vielfalt für die Überlebensfähigkeit von Populationen und die evolutionären Wechselwirkungen von Genen mit Individuen, Populationen und Arten machen es schwierig, die Effekte menschlicher Eingriffe vorherzusagen. Umgekehrt können Vorhersagen, welche die genetische Vielfalt und die Möglichkeit von evolutiven Anpassungen nicht berücksichtigen, so unzuverlässig sein, daß sie mehr schaden als nützen.

Auf einige theoretische und methodische Grundlagen aufbauend, illustrieren wir in diesem Beitrag die Bedeutung genetischer Vielfalt anhand von Fallbeispielen. Wir beschreiben den menschlichen Einfluss auf die genetische Vielfalt natürlicher Pflanzenpopulationen und die Konsequenzen des Verlustes dieser genetischen Vielfalt. Im ersten Beispiel illustrieren wir die Bedeutung der genetischen Vielfalt für die Ausbreitung und Persistenz einer aus Amerika nach Europa eingeführten Pflanzenart. Dann beschreiben wir die Bedeutung genetischer Vielfalt für die Reaktion von Pflanzen in Halbtrockenrasen auf veränderte Umweltbedingungen am Beispiel eines experimentell erhöhten CO₂-Gehaltes der Luft. Im dritten Beispiel besprechen wir die Auswirkungen der experimentellen Fragmentierung eines Lebensraums auf die genetische Vielfalt von Pflanzen, und mögliche Konsequenzen dieser Auswirkungen. Im letzten Beispiel untersuchen wir die Konsequenzen einer durch Habitatszerstörung verursachten Reduktion der genetischen Vielfalt in kleinen isolierten Populationen einer seltenen Art. Die Schlußfolgerung aus diesen Fallbeispielen wird sein, daß die Erhaltung genetischer Vielfalt ein zentrales Anliegen im Naturschutz sein muß.

2. Theoretische und methodische Grundlagen

Bei häufigen Arten mit grossen Populationen kann die heute beobachtete genetische Vielfalt innerhalb von Populationen als Fließgleichgewicht zwischen gegensätzlich gerichteten evolutiven Prozessen aufgefaßt werden, die einerseits genetische Vielfalt erhöhen (Mutation und Rekombination) und andererseits verringern (Selektion). Sind Populationen nicht zu stark voneinander isoliert, so wird ihre genetische Vielfalt auch durch Migration bestimmt, d.h. durch den Austausch von Genen zwischen Populationen.

Je nach der Grösse einer Population haben die verschiedenen evolutiven Prozesse unterschiedliches

Gewicht. Je grösser die Anzahl von Individuen in einer Population ist, desto grösser ist die Wahrscheinlichkeit, daß Mutation oder Rekombination zu neuen günstigen Genotypen führen (FALCONER 1981). Bei kleinen Populationen, die nur aus wenigen Individuen bestehen, bekommt zusätzlich auch die sogenannte genetische Drift große Bedeutung. Diese wird dadurch verursacht, daß neben der Selektion auch der Zufall bestimmt, welche Individuen Allele an die nächste Generation weitergeben. Während sich dieser zufällige Effekt in grossen Populationen herausmittelt, kann er in kleinen Populationen zu einer Verringerung der genetischen Vielfalt und zu einer Ansammlung ungünstiger Mutationen führen. In kleinen Populationen ist die Wahrscheinlichkeit erhöht, daß sich genetisch ähnliche Individuen miteinander paaren (Inzucht). Die Vitalität kleiner Populationen kann deshalb durch Inzuchtprobleme beeinträchtigt werden (LACY 1987, ELLSTRAND & ELAM 1993).

In verschiedenen Arten und verschiedenen Populationen haben die evolutiven Prozesse Mutation, Rekombination, Selektion, Drift und Migration unterschiedliche Bedeutung. Deshalb bildet sich innerhalb und zwischen Arten eine räumliche und zeitliche genetische Struktur (BAUR & SCHMID 1996). Die Untersuchung dieser Struktur bietet die Möglichkeit, durch Rückschluß die Prozesse der Vergrößerung und Verminderung genetischer Vielfalt zu untersuchen (andere Kapitel dieses Bandes). Allerdings wird aus Studien, die sich allein mit der genetischen Struktur von Populationen befassen, nicht klar, welche Konsequenzen der Verlust genetischer Variation haben kann. Dies liegt daran, daß es nicht die Gene oder Genotypen sind, die in der Umwelt bestehen müssen, sondern die durch sie mitbestimmten Phänotypen. Von zentraler Bedeutung ist deshalb, welche Auswirkungen eine Änderung der genetischen Vielfalt für das Überleben von Populationen hat. Für den Naturschutz ist die Veränderung genetischer Variation durch den Einfluß des Menschen erst dann relevant, wenn gezeigt werden kann, daß sich dies auch als Veränderung der Vitalität von Organismen und Populationen auswirkt.

Voraussetzung für die Untersuchung dieser Zusammenhänge ist die Möglichkeit, genetische Vielfalt zu messen. Dafür steht heute eine Vielzahl von Methoden zur Verfügung. Der Vergleich morphologischer Merkmale zwischen Geschwistern oder zwischen Eltern und Nachkommen erlaubt die Bestimmung des Grades, zu dem die Variation in einem solchen Merkmal genetisch bedingt ist (FALCONER 1981). Auch aus der Variation zwischen Chromosomen oder Isoenzymen kann auf die genetische Vielfalt geschlossen werden (SOLTIS & SOLTIS 1989). Seit einigen Jahren stehen auch molekularbiologische Methoden zur direkten Untersuchung der DNA zur Verfügung, bis hin zur Entschlüsselung der Basensequenz ganzer DNA-Abschnitte (BERRY et al. 1992). Die Ergebnisse verschiedener Methoden müssen aber keineswegs immer übereinstimmen. So berichtet HAMRICK (1989) von 14 Pflanzenarten, bei denen Isozymvariation mit morphologischer Variation korreliert wurde. In acht Fällen war die Korrelation positiv, in sechs negativ. Dies illustriert den Unterschied zwischen verschiedenen Indikatoren (sogenannte

Marker) genetischer Vielfalt: während die einen selektiv neutral sind, unterliegen andere der Selektion, repräsentieren also eine qualitativ völlig unterschiedliche Art der genetischen Vielfalt. Es gibt keine allgemein beste Methode, genetische Variation zu messen, je nach Fragestellung sind unterschiedliche Methoden sinnvoll.

3. Experimentelle Daten und Feldstudien

Im Folgenden illustrieren wir die Bedeutung genetischer Vielfalt für die Persistenz von Pflanzenpopulationen anhand von Fallbeispielen. Häufige Pflanzenarten sind oft genetisch variabler als seltene (BAUR & SCHMID 1996). Das legt nahe, daß für den Naturschutz genetische Variation vor allem bei seltenen Arten interessant ist. Allerdings gibt es auch häufige Arten, die genetisch wenig variabel sind (z.B. verschiedene Wasserpflanzen, die sich vegetativ fortpflanzen), und seltene Arten, die sehr variabel sind. Unsere Beispiele beschäftigen sich deshalb sowohl mit häufigen als auch mit seltenen Arten, und sowohl mit Habitatsgeneralisten als auch mit Spezialisten.

Fallstudie 1: Die biologische Invasion der Goldrute

Es ist instruktiv, zunächst die Betrachtungsweise des Naturschutzes umzukehren, und die genetische Vielfalt bei einer Art zu untersuchen, die sich erfolgreich in ihrer neuen Umgebung ausbreitet. Unser Beispiel ist die als Neophyt bekannte Goldrute *Solidago altissima*, die als Gartenpflanze vermutlich um 1650 aus Nordamerika nach Europa eingeführt wurde, verwilderte und heute zu den 10 wichtigsten exotischen „Problempflanzen“ in Mitteleuropa zählt.

Zur Untersuchung der Frage, ob während dieser Verwilderung genetische Anpassungsprozesse abliefen, sammelte Ewald WEBER Rhizome von *S. altissima* entlang eines Nord-Süd-Gradienten in Europa (Abb. 1). Diese Pflanzen zog er dann über zwei Jahre unter gleichen Bedingungen im Versuchsgarten der Universität Basel auf. Sowohl in verschiedenen Wachstumsmerkmalen als auch in der Phänologie fand er grosse Unterschiede zwischen Pflanzen verschiedener Herkunftspopulationen, aber auch zwischen Pflanzen innerhalb von Populationen (WEBER 1994). Die genetische Variation zwischen Populationen in der Phänologie kann sehr gut durch einen tageszeitlich-klimatischen Gradienten beschrieben werden (Abb. 2): Je weiter nördlich die Ursprungspopulationen der kultivierten Pflanzen vorkamen, desto früher blühten diese im Versuchsgarten. Dies deutet darauf hin, daß die erfolgreiche Kolonisierung Europas durch eine grosse genetische Vielfalt begünstigt wurde, die es der sich ausbreitenden Art ermöglichte, sich rasch an lokale Bedingungen anzupassen.

Gleichzeitig bestand zwischen der Grösse der Pflanzen und der Entwicklungsgeschwindigkeit bis zur Blüte eine negative genetische Korrelation, in der Evolutionstheorie als „genetischer Trade-off“ bezeichnet (STEARNS 1992). Dies illustriert, daß auch für Populationen von *S. altissima* die Mög-

lichkeiten der Anpassung, und damit zur Vergrößerung der Überlebenswahrscheinlichkeit unter verschiedensten Bedingungen, nicht unbegrenzt sind (WEBER 1994).

Ist genetische Variation auch für die Persistenz von Populationen von *S. altissima* unter gegenwärtigen Bedingungen wichtig? Um diese Frage zu untersuchen, pflanzten wir im Versuchsgarten in Basel Miniaturpopulationen unterschiedlicher genetischer Diversität an und untersuchten den Mehltaubefall (SCHMID 1994). Am Anfang des Versuchs (4. Juli 1989) war der Mehltaubefall in genetisch diversen Populationen größer als in weniger diversen, vermutlich verursacht durch eine höhere Wahrscheinlichkeit, am Anfang eine infizierte Pflanze in den diverseren Mischungen zu haben (Abb. 3). Im Laufe des Versuchs zeigte sich aber, daß während der Hauptbefallszeit später im Jahr (9. Oktober 1989) der Mehltaubefall dort am geringsten war, wo die genetische Diversität am größten war. Da Mehltau die Vitalität von Goldruten beeinträchtigt, zeigt dieses Beispiel, daß genetische Variation das Überleben von Populationen von *S. altissima* begünstigt.

Fallstudie 2: Reaktion von Magerwiesepflanzen auf erhöhtes atmosphärisches CO₂

Die Konzentration von CO₂ in der Atmosphäre steigt seit Beginn des industriellen Zeitalters monoton an, liegt derzeit bei ca. 360 ppm und wird sich bis Mitte nächsten Jahrhunderts bis auf etwa 600 ppm erhöhen. Diese Erhöhung ist für die Vegetation aus verschiedenen Gründen von größter Bedeutung. Zunächst ist CO₂ als Rohstoff der Photosynthese der Pflanzennährstoff schlechthin. Zum andern ist CO₂ wegen seiner hohen Infrarotabsorption ein Treibhausgas, das zur Temperaturerhöhung auf der Erde beiträgt, und so indirekt auf die Vegetation einwirkt. Umgekehrt ist die Frage von Interesse, ob der CO₂-Anstieg eventuell durch verstärktes Pflanzenwachstum und Fixierung des Kohlenstoffs in der Biomasse teilweise kompensiert werden kann. Wir sind an einem der wenigen Experimente beteiligt, in dem der direkte Einfluss erhöhter CO₂-Konzentration auf natürliche Vegetation experimentell untersucht wird. Der Versuch wird seit 1994 in einem artenreichen Halbtrockenrasen auf nährstoffarmem Boden im Schweizer Jura bei Basel durchgeführt (LEADLEY & KÖRNER 1996).

Im Rahmen dieses Projektes beschäftigen sich andere Gruppen mit der Reaktion von Ökosystemfunktionen, z.B. Flüssen von Kohlenstoff und Stickstoff, auf erhöhtes CO₂. Wir interessierten uns speziell für genetische Variation in der Reaktion einzelner Arten auf erhöhtes CO₂ (SCHMID et al. 1996). Da von den zu erwartenden globalen Umweltveränderungen alle Arten betroffen sein können, wählten wir für unsere Studien sowohl häufige als auch seltene Arten. Thomas STEINGER untersuchte die dominante Grasart *Bromus erectus* (Aufrechte Treppe), Andreas BIRRER untersuchte innerhalb der Gattung *Prunella* (Lippenblütler) den Habitatsgeneralisten *P. vulgaris* und den Spezialisten *P. grandiflora* (Gemeine und Großblütige Brunelle), und Markus FISCHER untersuchte die

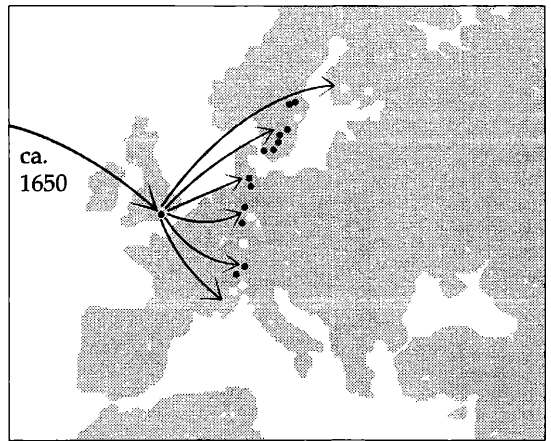


Abbildung 1

Schematische Darstellung der Ausbreitung der aus Nordamerika stammenden Pflanzenart *Solidago altissima* in Europa. Um 1650 nach England eingeführt, verwilderte diese Art und erreichte bis 1990 im Süden Italien und im Norden Finnland. Entlang des mit Punkten dargestellten Bandes sammelte Ewald Weber Pflanzen für genetische Versuche unter kontrollierten Bedingungen (s. Abb. 2).

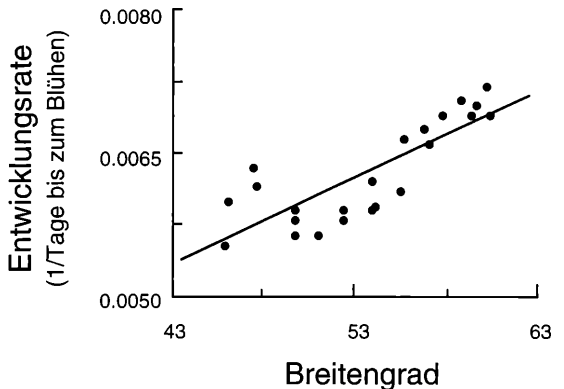
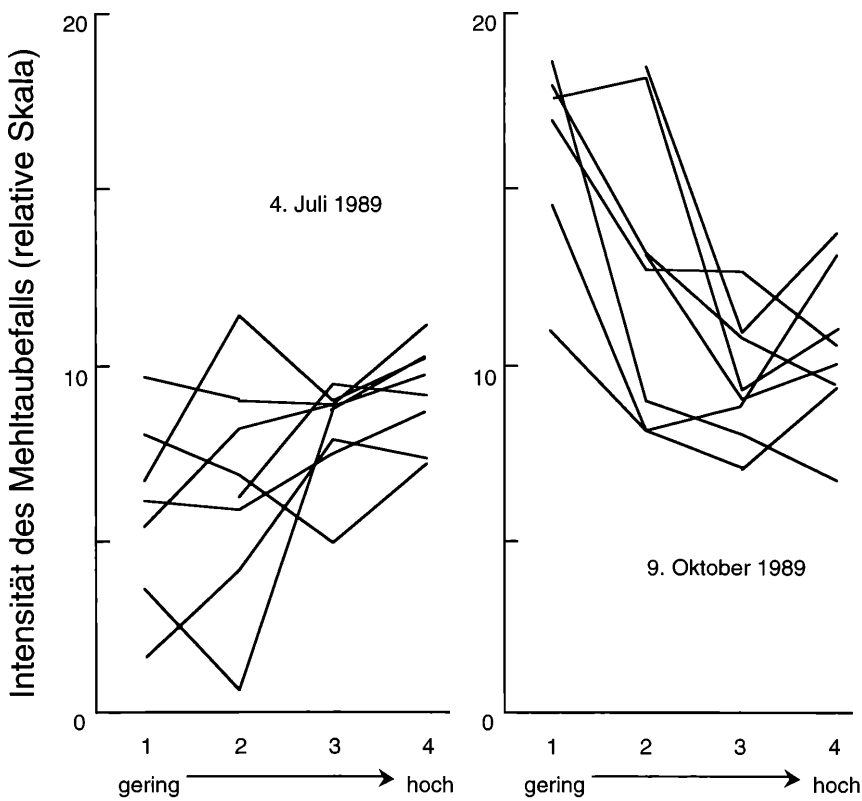


Abbildung 2

Die Beziehung zwischen der Entwicklungsrate im Versuchsgarten und der Herkunft von Populationen bei *Solidago altissima*. Pflanzen verschiedener geographischer Breite aus ganz Europa (s. Abb. 1) waren für zwei Jahre im Versuchsgarten aufgezogen worden (nach WEBER 1994).

gefährdete *Gentianella germanica* (Deutscher Enzian). In experimentellen Mischungen aus Magerrasenarten wurden 60 Genotypen von *B. erectus*, je 30 von *P. vulgaris* und *P. grandiflora*, und Samenfamilien von 30 Mutterpflanzen von *G. germanica* gepflanzt. Die bepflanzten Flächen wurden mit oben offenen, durchsichtigen Kammern bestückt, in denen die Pflanzen unter natürlichen Bedingungen entweder normaler (360 ppm CO₂) oder CO₂-angereicherter Luft (600 ppm) ausgesetzt waren.

Der Haupteffekt der CO₂-Erhöhung war eine Zunahme der Biomasse auf den betreffenden Flächen (LEADLEY & KÖRNER 1996). Alle vier oben erwähnten Arten zeigten große genetische Variation unter der gegenwärtigen CO₂-Konzentration (Abb. 4), was günstig für die Persistenz unter gegebenen Bedingungen sein kann. Unter zukünftigen, erhöhten CO₂-Bedingungen zeigte sich genausoviel ge-



Genetische Diversität des Pflanzenbestandes (relative Skala)

Abbildung 3

Die Reaktion von acht genetischen Familien von *Solidago altissima* auf Mehltaubefall in Abhängigkeit von der genetischen Diversität des Bestandes (nach SCHMID 1994).

netische Variation wie unter gegenwärtigen CO₂-Bedingungen, was für eine große Anpassungsfähigkeit der untersuchten Arten spricht (SCHMID et al. 1996, FISCHER et al 1997, STEINGER 1996). Da unter den Bedingungen der neuen CO₂-Umwelt noch keine Selektion stattfinden konnte, hätte man in diesem Falle sogar ein grösseres Ausmaß genetischer Variation vermuten können, das aber nicht gefunden wurde. Allerdings zeigte sich, daß bei *B. erectus* der unter gegenwärtigen Bedingungen gefundene genetische Trade-off zwischen vegetativer und sexueller Reproduktion unter erhöhtem CO₂ „aufgebrochen“ wurde und dadurch die einzelnen Merkmale unter den neuen Bedingungen unabhängig voneinander evolvieren können (STEINGER 1996).

Besonders wichtig ist jedoch, dass in der neuen Umwelt andere Genotypen erfolgreicher waren als in der herkömmlichen (Abb. 4), und es daher nicht möglich gewesen wäre, Veränderungen in den Populationen aufgrund von Versuchen bei gegenwärtigen CO₂-Konzentrationen vorauszusagen. Diese Ergebnisse machen am Beispiel der CO₂-Konzentration deutlich, dass genetische Vielfalt in Bezug auf die Anpassungsfähigkeit von Populationen bei sich ändernden Umweltbedingungen von grosser Bedeutung sein kann. Besonders interessant ist, dass es aufgrund genetischer Vielfalt zu evolutionen Verschiebungen der Reaktionen von Arten kommen kann. Dies bedeutet, dass auf der einfachen Hochrechnung heute beobachteter Reaktionen beruhende Voraussagen völlig irreführend sein können.

Fallstudie 3: Experimentelle Habitatfragmentierung von Magerwiesen

Eine Hauptursache des derzeit beobachteten Artenschwunds ist die Zerstörung und Zerschneidung von Lebensräumen. Mit Feldbeobachtungen allein ist es allerdings schwierig, kausale Zusammenhänge aufzudecken. Im Rahmen des Biodiversitätsprojektes des Schweizerischen Nationalfonds wird deshalb seit 1993 ein Experiment durchgeführt, in dem die Folgen künstlicher Habitatfragmentierung auf die Populationen von Tieren und Pflanzen in Halbtrockenrasen des Schweizer Jura untersucht werden (BAUR & ERHARD 1995). Im Experiment werden durch regelmässige Mahd quadratische Habitatsinseln von 0.25m², 2.25m² oder 20.25m² Fläche geschaffen. Diese Fragmente können nun mit gleichgrossen Quadraten in benachbarten ungemähten Kontrollflächen verglichen werden. Untersucht werden Veränderungen in der Artenzahl verschiedener taxonomischer Gruppen, z.B. Schmetterlingen, Heuschrecken, Spinnen und Blütenpflanzen. Zudem wurde der Reproduktionserfolg der häufigen Pflanzenarten *Bromus erectus* und *Lotus corniculatus* (Hornklee) verfolgt.

Im ersten Jahr des Experiments wurde zunächst bestätigt, daß in kleineren Flächen die Artenzahl reduziert ist (Mac ARTHUR & WILSON 1967). Dies war nicht abhängig davon, ob es sich um Fragmente oder um Kontrollflächen handelte. Trotzdem ist das Ergebnis indirekt von Bedeutung für genetische Vielfalt, da mit zunehmender Flächengröße die Wahrscheinlichkeit steigt, be-

stimmte, insbesondere weniger häufige Arten vorzufinden. Sind die kleinen Flächen zudem isoliert, wie es bei den experimentellen Fragmenten der Fall ist, so kann es zu Problemen bei der Persistenz der kleinen Populationen kommen. Bei den beiden von Jasmin JOSHI untersuchten Pflanzenarten, *B. erectus* und *L. corniculatus*, war der Samenansatz in Fragmenten gegenüber den Kontrollen reduziert (JOSHI 1994). Bei Pflanzen kann reduzierte Bestäubung, bei Tieren das reduzierte Angebot an Geschlechtspartnern zu verringerter Reproduktion führen (OLESEN & JAIN 1994). Ausserdem erhöht sich in kleineren Populationen die Inzuchtwahrscheinlichkeit, und durch die Ansammlung von Mutationen auch die Stärke der Inzuchtdepression (LANDE 1994). Der reduzierte Samenansatz kann entweder bereits eine Folge von Inzuchtproblemen sein, oder er kann umgekehrt dazu führen, daß solche Probleme akut werden.

Die Ergebnisse des Habitatfragmentierungsexperimentes lassen darauf schliessen, daß das Überleben kleiner Populationen von Pflanzen in isolierten kleinen Fragmenten besonders gefährdet ist. Allerdings erstrecken sich Populationen seltener Pflanzen (und Naturschutzgebiete) über grössere Flächen als die im Experiment untersuchten Parzellen. Deshalb ist es wichtig, diese Fragen in grösserem räumlichen Maßstab bei seltenen Arten zu untersuchen, worauf wir im nächsten Beispiel eingehen.

Fallstudie 4: Der seltene Deutsche Enzian (*Gentianella germanica*)

Infolge der modernen Nutzungsänderungen sind heute viele Arten auf kleine und isolierte Reste ihrer früher weitverbreiteten Lebensräume beschränkt. In Mitteleuropa ist dies beispielsweise für Arten von Feuchtgebieten oder Halbtrockenrasen der Fall. Wie am Beispiel des Habitatfragmentierungsexperimentes angesprochen, kann die geringe genetische Variation in kleinen Populationen zu erhöhter Inzucht und in der Folge zu verringerter Vitalität innerhalb solcher Populationen führen (MENGENS 1991, HESCHEL & PAIGE 1995). Ein gegenüber grösseren Populationen reduzierter Samenansatz in kleineren Populationen kann aber auch durch eine zu geringe Bestäuberaktivität verursacht werden (LAMONT et al. 1993, ÅGREN 1996).

Wir untersuchten verschiedene Fitnessmerkmale des Enzians *Gentianella germanica* in 23 Populationen in Halbtrockenrasen des Schweizer Jura. Die Populationswachstumsrate 1993-1995 (Abb. 5), und die Reproduktion (z.B. gemessen an der Anzahl Samen pro Pflanze) waren in kleineren Populationen reduziert. Um zu testen, ob dies durch unterschiedliche Habitatsqualität erklärt werden konnte, zogen wir Pflanzen von allen Populationen im Versuchsgarten auf. Auch hier war die Fitness (Erfolg der Keimlingsetablierung und Anzahl der pro gepflanztem Samen produzierten Blüten) von Pflanzen kleiner Populationen im Vergleich zu Pflanzen grösserer Populationen reduziert (FISCHER & MATTHIES 1998a).

Um festzustellen, ob die genetische Variation in kleineren Populationen bei Merkmalen reduziert

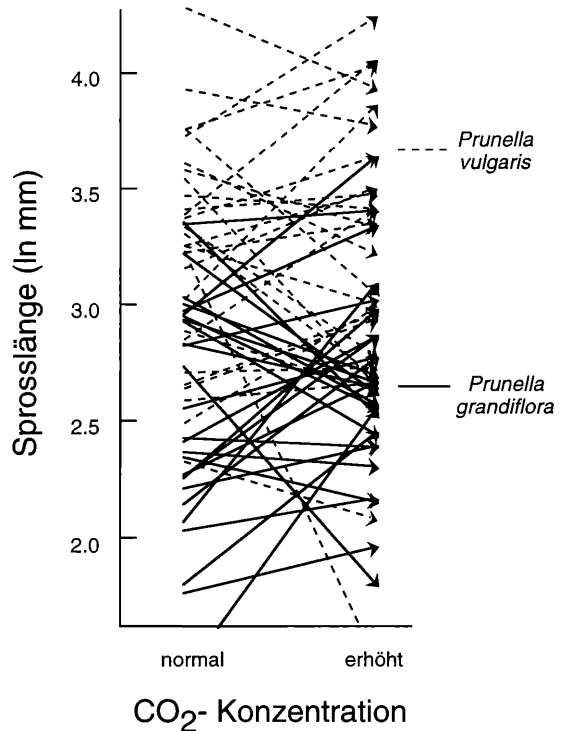


Abbildung 4

Die Reaktion verschiedener Genotypen der beiden Pflanzenarten *Prunella grandiflora* (durchgezogene Linie) und *P. vulgaris* (gestrichelt) auf erhöhte CO_2 -Konzentration, gezeigt am Beispiel der Sprosslänge. Einige Genotypen reagierten positiv, andere negativ. Sowohl unter gegenwärtigen als auch unter zukünftigen CO_2 -Bedingungen gibt es innerhalb der Arten relativ mehr genetische Variation als zwischen den Arten (nach SCHMID et al. 1996).

war, die die Vitalität der Pflanzen nicht beeinflussen, analysierten wir 72 Pflanzen aus elf Populationen mit Hilfe der RAPD-PCR (Random amplified polymorphic DNA-polymerase chain reaction)-Methode, die selektionsneutrale „DNA-Marker“ verwendet und den Vorteil einer sehr hohen Auflösung bietet. Wie erwartet, war die genetische Vielfalt in kleineren Populationen reduziert (Abb. 6). Ausserdem zeigte sich, daß Pflanzen verschiedener Populationen genetisch unterschiedlich waren, was auf einen hohen Isolationsgrad zwischen den Populationen hinweist (FISCHER & MATTHIES 1998b).

Wie vermutet, war die Vitalität der Populationen von *G. germanica* abhängig vom Ausmaß genetischer Vielfalt: das Populationsmittel der Fitness der im Garten aufgezogenen Pflanzen war positiv mit der genetischen Variabilität korreliert. Diese Ergebnisse deuten darauf hin, daß in kleinen Populationen verstärkt Inzuchtdepression auftritt. Um zu testen, ob Inzucht die Fitness von Nachkommen bei *G. germanica* reduzieren kann, führten wir ein Bestäubungsexperiment durch. Tatsächlich keimten die Samen aus Selbstbestäubungen schlechter als solche aus Kreuzungen zwischen Eltern, die in einer Entfernung von etwa 10 m gewachsen waren (Abb. 7). Das gleiche Muster ergab sich für die Grösse der Keimlinge. Dies ist ein weiteres Indiz, dass erhöhte Inzucht infolge genetischer Verarmung für die beobachtete Fitnessreduktion in kleinen Populationen von *G. germanica* verantwortlich gemacht werden muß.

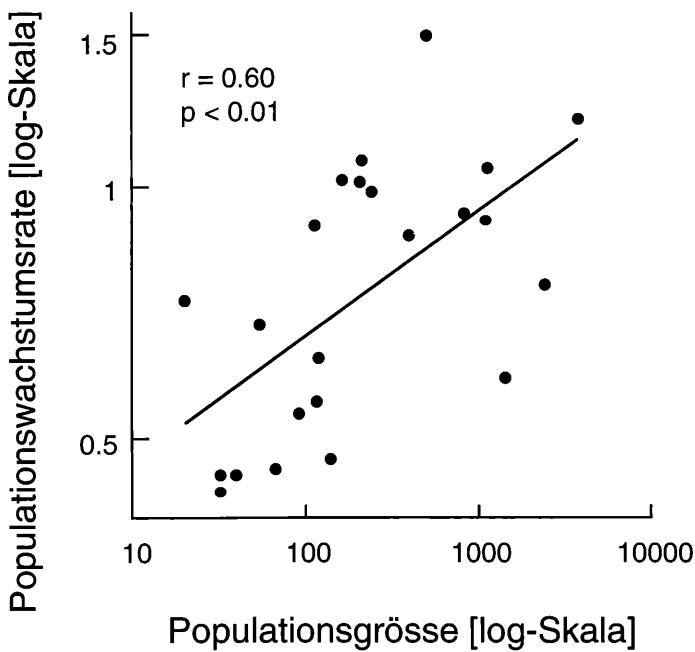


Abbildung 5

Die Beziehung zwischen der Wachstumsrate und der Größe von 23 Populationen der seltenen Art *Gentianella germanica*. Die Populationsgröße ist als Anzahl blühender Pflanzen 1994 angegeben, die Populationswachstumsrate als Verhältnis der Populationsgrößen 1995 und 1993. Da die Art zweijährig ist, sind die blühenden Pflanzen von 1995 Nachkommen derjenigen von 1993, während die 1994 gezählten eine andere Kohorte repräsentieren (nach FISCHER & MATTHIES 1998a).

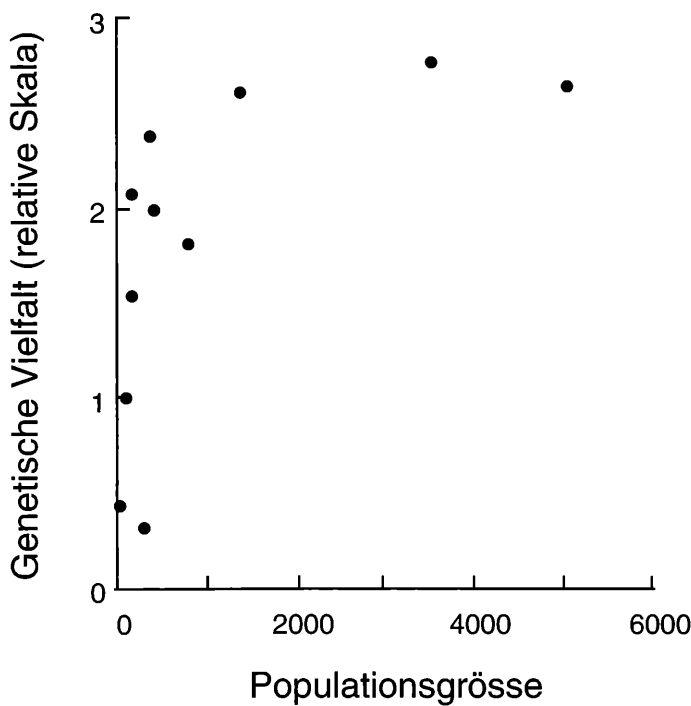


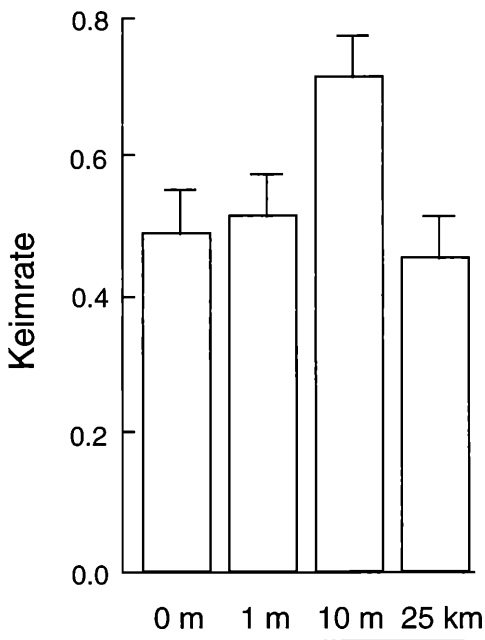
Abbildung 6

Die Beziehung zwischen der Größe und der genetischen Vielfalt von elf Populationen der seltenen Art *Gentianella germanica* (nach FISCHER & MATTHIES 1998 b). Genetische Vielfalt wurde mit Hilfe einer direkten DNA - Methode molekularbiologisch bestimmt.

Um genetischer Verarmung von kleinen Populationen entgegenzuwirken, wurde vorgeschlagen, dem Genfluß künstlich nachzuhelfen, was durch das Einbringen von Samen oder Keimlingen aus fremden Populationen erreicht werden kann (OOSTERMEIJER et al. 1995). Um die Auswirkungen einer solchen Maßnahme zu testen, kreuzten wir Pflanzen verschiedener Populationen miteinander. Nachkommen dieser Kreuzungen keimten schlechter und waren kleiner als Nachkommen der oben erwähnten 10 m-Kreuzungen (Abb. 7). Dies zeigt, daß das an sich wünschenswerte Auffrischen des Genpools aus anderen Populationen auch Gefahren mit sich bringen kann (FISCHER & MATTHIES 1997).

Schlußfolgerungen

Die angeführten Beispiele illustrieren, daß genetische Variation für das Überleben von Populationen unter gegenwärtigen Bedingungen eine große Rolle spielt. Es genügt daher nicht, die genetische Vielfalt nur innerhalb von Arten mit einigen wenigen geschützten Populationen zu erhalten, sondern sie muß auch in jeder Population erhalten werden, deren Überleben gesichert werden soll. Da genetische Vielfalt auch als Reaktion auf Interaktionen zwischen Populationen verschiedener Arten, z.B. Wirtspflanzen und Parasiten, entsteht und aufrechterhalten wird, müssen solche Interaktionen ebenfalls erhalten werden. Da dies in Zoos oder Botani-



Distanz zwischen Elternpflanzen

Abbildung 7

Inzucht- und Auszuchtdepression: Der Effekt von Handbestäubung mit unterschiedlichen Distanzen zwischen Eltern auf die Keimrate der Samen von *Gentianella germanica*. Pollen für die 0-m Behandlung stammte von der gleichen Pflanze, Pollen für die 25 km-Behandlung stammten aus einer anderen Population. Fehlerbalken zeigen 1 Standardfehler (nach FISCHER 1996).

schen Gärten nicht möglich ist, ist die Chance gering, seltene Arten über längere Zeiträume ex-situ zu erhalten.

Wie unser Beispiel der unterschiedlichen Reaktion verschiedener Genotypen auf erhöhte CO₂-Konzentration deutlich macht, ist genetische Variation im Hinblick auf die Anpassung an sich ändernde Umweltbedingungen entscheidend. Gäbe es heute nur die momentan besten Genotypen, so würde die durchschnittliche Vitalität unter neuen CO₂-Bedingungen rasch reduziert (vgl. Abb. 4). Unter erhöhter CO₂-Konzentration waren aber andere Genotypen vitaler als unter gegenwärtigen Bedingungen. Im Hinblick auf Umweltveränderungen ist es deshalb unbedingt notwendig, genetische Vielfalt zu erhalten. Eine weitere Schlußfolgerung aus diesen Resultaten ist, daß Vorhersagen der Auswirkungen von CO₂-Erhöhung oder Klimaänderungen auf die biologische Vielfalt sehr schwierig sind. Hochrechnungen mit Landschafts- oder Vegetationsmodellen, die Evolution nicht berücksichtigen, können leicht zu völlig falschen Schlüssen führen.

Da heute im Naturschutz trotz vieler Erfahrungen noch immer wenig gesichertes Wissen vorhanden ist, ist es nicht erstaunlich, dass die relative Bedeutung genetischer Faktoren kontrovers diskutiert wird (CAUGHLEY 1994). In den letzten Jahrzehnten sind in Europa vor allem durch die Intensivierung der Landwirtschaft viele Habitate und Populationen zerstört worden. Viele Arten sind heute auf Resthabitate angewiesen. Die Erhaltung und

Pflege dieser wertvollen Flächen ist eine wichtige Naturschutzaufgabe. Dabei darf aber nicht vergessen werden, daß vor allem kleine und isolierte Populationen auch in intakten Habitaten aussterben können (FISCHER & STÖCKLIN 1997). Das Beispiel des Deutschen Enzians zeigt, daß in solchen Populationen genetische Effekte eine wichtige Rolle für das Überleben spielen. Die größten Landschaftsänderungen liegen erst wenige Jahre bis Jahrzehnte zurück. Da dieser Zeitraum mit der Generationszeit vieler Arten vergleichbar ist, ist sogar anzunehmen, daß der Verlust genetischer Vielfalt sich in Zukunft noch stärker auswirken wird.

Geringe genetische Variation ist bei seltenen Arten ein echtes und unterschätztes Problem. Sowohl das Überleben von Populationen unter gegenwärtigen Bedingungen, als auch die Anpassungsfähigkeit an veränderte Umweltbedingungen sind nur bei ausreichender genetischer Variabilität gewährleistet. Diese kann nur durch grosse Einzelpopulationen (im Fall des Enzians mit mehr als tausend reproduzierenden Individuen) oder durch ein Verbundsystem von kleineren Populationen, die miteinander in genetischem Austausch stehen, erreicht werden. Populationsneugründungen sollten mit genetisch variablen Individuen durchgeführt werden. Dabei muß aber eine potentielle Inkompatibilität verschiedener, vorher isolierter Populationen beachtet werden (vgl. Abb. 7). Wie für alle Naturschutzmaßnahmen, ist auch für die Beurteilung von Naturschutzmaßnahmen, die speziell die genetische Vielfalt beeinflussen, eine Erfolgskontrolle unerlässlich. Nur so können sichere Naturschutzkenntnisse und bessere Naturschutzstrategien erarbeitet werden.

Zusammenfassend kann man feststellen, daß genetische Vielfalt für die Artenvielfalt und deren Schutz wichtiger ist, als noch bis vor kurzem angenommen wurde. Dieses Argument muß vor allem bei der Durchsetzung größerer Flächen für den Naturschutz und bei der Verbesserung ihrer Vernetzung verstärkt berücksichtigt werden. Der Schutz und die Förderung genetischer Vielfalt sind keineswegs Selbstzweck, sondern müssen ein zentrales Element jeder Maßnahme zur Erhaltung von Arten und Ökosystemen sein. Dies ist unabhängig davon, ob man Arten und Ökosysteme aus ethischen Gründen erhalten will, oder weil sie in Gegenwart und Zukunft von hohem Nutzen für die Menschen sind.

5. Dank

Wir bedanken uns herzlich bei E. Weber, J. Joshi, A. Birrer und T. Steinger, deren Ergebnisse wir in unseren Fallbeispielen verwenden durften, und bei J. Stöcklin, M. Peintinger und M. Diemer für die kritische Durchsicht des Manuskripts. Die in diesem Beitrag vorgestellte Forschung wurde vom Schweizerischen Nationalfonds gefördert (Projekt 5001-44628 von B. Schmid, C. Lavigne und C. Körner, Projekt 5001-35231 von D. Matthies und B. Schmid).

Literatur

- ÅGREN, J. (1996): Population size, pollinator limitation, and seed set in the self-incompatible herb *Lythrum salicaria*. – *Ecology* 77:1779-1790.
- BERRY, RJ; TJ. CRAWFORD & GM. HEWITT (1992): *Genes in Ecology*. – Blackwell, Oxford.

- BAUR, B. & A. ERHARDT (1995):
Habitat fragmentation and habitat alterations: principal threats to most animal and plant species. – *GAIA* 4: 221-226
- BAUR, B. & B. SCHMID (1996):
Spatial and temporal patterns of genetic diversity within species. pp 169-201 in: Gaston, KJ (ed), *Biodiversity: a biology of numbers and difference*. – Blackwell, Oxford.
- CAUGHLEY, G. (1994):
Directions in conservation biology. – *Journal of Animal Ecology* 63:215-244
- ELLSTRAND, NC. & DR. ELAM (1993):
Population genetic consequences of small population size: implications for plant conservation. – *Annual Review of Ecology and Systematics* 24:217-242
- FALCONER, DS. (1981):
Introduction to quantitative genetics. 2nd edition, Longman, London.
- FISCHER, M. (1996):
Experimental population biology of the rare *Gentianella germanica*. – Dissertation, Universität Basel.
- FISCHER, M. & J. STÖCKLIN (1997):
Local extinctions of plants in remnants of extensively used calcareous grasslands 1950-1985. – *Conservation Biology* 11: 727-737.
- FISCHER, M. & D. MATTHIES (1997):
Mating structure and inbreeding and outbreeding depression in the rare plant *Gentianella germanica* (Gentianaceae). – *American Journal of Botany* 84: 1685-1692.
- FISCHER, M.; D. MATTHIES & B. SCHMID (1997):
Responses of rare calcareous grassland plants to elevated CO₂: a field experiment with *Gentianella germanica* and *Gentiana cruciata*. – *Journal of Ecology* 85: 681-691.
- FISCHER, M. & D. MATTHIES (1998a):
Effects of population size on performance in the rare plant *Gentianella germanica*. – *Journal of Ecology*, im Druck
- FISCHER, M. & D. MATTHIES (1998b):
RAPD variation in relation to population size and plant performance in the rare *Gentianella germanica*. – *American Journal of Botany*, im Druck.
- HAMRICK, JL. (1989):
Isozymes and analysis of genetic structure of plant populations. pp 87-105 in: SOLTIS, DE. (ed) & SOLTIS, PS. (coed): *Isozymes in plant biology*. – Dioscurides, Washington DC.
- HESCHEL, MS. & KN. PAIGE (1995):
Inbreeding depression, environmental stress, and population size variation in scarlet gilia (*Ipomopsis aggregata*). – *Conservation Biology* 9: 126-133.
- JOSHI, J. (1994):
Patterns of plant species diversity in habitat fragments and effects of isolation and fragment size on plant reproduction. – Diplomarbeit, Botanisches Institut, Universität Basel.
- KAREIVA, PM.; JG. KINGSOLVER & RB. HUEY (1993):
Biotic interactions and global change. – Sinauer, Sunderland, Mass.
- LAMONT, BB.; PGL. KLINKHAMER & ETF. WITKOWSKI (1993):
Population fragmentation may reduce fertility to zero in *Banksia goodii* – a demonstration of the Allee – effect. – *Oecologia* 94:446-450
- LACY, RC. (1987):
Loss of genetic diversity from managed populations: interacting effects of drift, mutation, immigration, selection, and population subdivision. – *Conservation Biology* 1: 143-158.
- LANDE, R. (1994):
Risk of population extinction from fixation of new deleterious mutations. – *Evolution* 48: 1460-1469.
- LAWTON, JH. & R.M. MAY (eds) (1995)
Extinction rates. – Oxford university press, Oxford.
- LEADLEY, PW. & C. KÖRNER (1996):
Effects of elevated CO₂ on plant species dominance in a highly diverse calcareous grassland. pp. 159-175 in: KÖRNER, C. & FA. BAZZAZ (eds) *Carbon dioxide, populations, and communities*. – Academic Press, San Diego.
- MacARTHUR, RH. & EO. WILSON (1967):
The Theory of Island Biogeography. – Princeton University Press, Princeton, New Jersey.
- MENGES, ES. (1991):
Seed germination percentage increases with population size in a fragmented prairie species. – *Conservation Biology* 5:158-164
- OLESEN, JM. & SK. JAIN (1994):
Fragmented plant populations and their lost interactions. pp 417-426 in: LOESCHCKE, V.; J. TOMIUK & SK. JAIN (eds): *Conservation Genetics*. – Birkhäuser, Basel.
- OOSTERMEIJER, JGB.; RGM. ALTENBURG & HCM. DEN NIJS (1995)
Effects of outcrossing distance and selfing on fitness components in the rare *Gentiana pneumonanthe* (Gentianaceae). – *Acta Botanica Neerlandica* 44:257-268
- SCHMID, B. (1992):
Phenotypic variation in plants. – *Evolutionary Trends in Plants* 6: 45-60.
- (1994.):
Effects of genetic diversity in experimental stands of *Solidago altissima*-evidence for the potential role of pathogens as selective agents in plant populations. – *Journal of Ecology* 82: 165-175.
- SCHMID, B.; A. BIRRER & C. LAVIGNE (1996):
Genetic variation in the response of plant populations to elevated CO₂ in a nutrient-poor, calcareous grassland. pp. 31-50 in: KÖRNER, C. & FA. BAZZAZ (eds) *Carbon dioxide, populations, and communities*. – Academic Press, San Diego.
- SOLTIS, DE. (ed) & SOLTIS, PS. (coed) (1989):
Isozymes in plant biology. – Dioscurides, Washington, DC.
- STEARNS, SC. (1992.):
The evolution of life histories. – Oxford University Press, Oxford.
- STEINGER, T. (1996):
Ecological genetics of two grassland perennials under global change. – Dissertation, Universität Zürich.
- WEBER, E. (1994):
Evolutionary trends in European neophytes: a case study of two *Solidago* species. – Dissertation, Universität Basel.
- WEBER, E. (1994):
Evolutionary trends in European neophytes: a case study of two *Solidago* species. – Dissertation, Universität Basel.

Anschrift der Verfasser:

Dr. Markus Fischer & Prof Dr. Bernhard Schmid
Institut für Umweltwissenschaften
der Universität Zürich
Winterthurerstr. 190
CH-8057 Zürich, Schweiz

Populationsökologische und -genetische Untersuchungen an Laufkäfern

Roland GERSTMEIER, Harald vom HOFE, Dieter SEDLMAIR und Ralf EINSPANIER

1. Einleitung

Ähnlich wie bei taxonomischen Studien stößt man bei populationsökologischen Untersuchungen in Bereiche vor, die mit sogenannten „konventionellen“ Untersuchungsmethoden nicht befriedigend bearbeitet und geklärt werden können. Verwandtschaftsnachweise, klein- und großräumig isolierte Populationen, Hybridisierung, Populationsstrukturen, Nachweis von Fortpflanzungserfolgen und die Definition eines „evolutionary significant unit“ (ESU) setzen molekulargenetische Techniken voraus (AMOS, SCHLÖTTERER & TAUTZ 1993; AVISE *et al.* 1987; HADRYŚ *et al.* 1993; HARRISON, RAND & WHEELER 1987; SCHLÖTTERER & PENIBERTON 1994; STREIT *et al.* 1994; VOGLER & DeSALLE 1994).

Der Einsatz molekularbiologischer Methoden bei taxonomischen Untersuchungen ist heute ebenfalls nahezu unüberschaubar; zusammenfassende Übersichten sind zu finden bei: CRAMPTON & EGGLESTON 1992; HEWITT & JOHNSTON 1991; HILLIS, MORITZ & MABLE 1996.

Im Rahmen eines „Uferstreifenprojektes“, bei dem schwerpunktmäßig Laufkäfer (Carabidae) bearbeitet wurden, ergaben sich Fragestellungen, zu deren Lösung die Einarbeitung in molekularbiologische Untersuchungsmethoden Voraussetzung ist. So soll im ersten Teil dieser Arbeit auf die ökologischen Fragestellungen eingegangen werden, im zweiten Teil werden dann die molekularen Techniken zur taxonomischen Untersuchung von Laufkäfern vorgestellt.

2. Populationsökologische Untersuchungen an Laufkäfern in Uferstreifen

Die Untersuchungen in Uferbereichen der Murn, eines Nebenflusses des Inns (Landkreis Rosenheim) sollten vor allem zur Klärung der Fragestellungen über eine angemessene Breite eines Uferstreifens, über Einflüsse der angrenzenden landwirtschaftlichen Bewirtschaftung und über den Einfluß verschiedener Mahdvarianten zur Pflege der Uferstreifen dienen.

Allgemeine Ergebnisse zu allen untersuchten Arthropodengruppen finden sich bei GERSTMEIER (1993) und GERSTMEIER, BOOCKHAGEN & CARL (1994); faunistische Details zu Laufkäfern werden bei GERSTMEIER (1996) erwähnt.

Bezüglich der ökologischen Präferenzen dominieren in den Uferstreifen die Feldarten mit 29% vor den hygrophilen Arten mit 27%, Waldarten 21%, Uferarten 12% und den Feld-/Waldarten mit 10%; die reinen Uferarten stehen also erst an 4. Stelle (Abb. 1).

Hier drängt sich natürlich die Frage auf: Was tun Waldarten in Uferstreifen bzw. sind sog. Waldarten wirklich Waldarten?

1995 wurden bestimmte Arten in einem Waldstück, im angrenzenden Uferstreifen und in einer etwa 80 m entfernten Hecke markiert und wieder freigelassen. Alle 10 Meter befinden sich Trennwände, die die Tiere zum Entlanglaufen zwingen. Wird ein markiertes Tier in einer Falle gefangen, wird es auf

Carabidae Uferstreifen 93 Arten

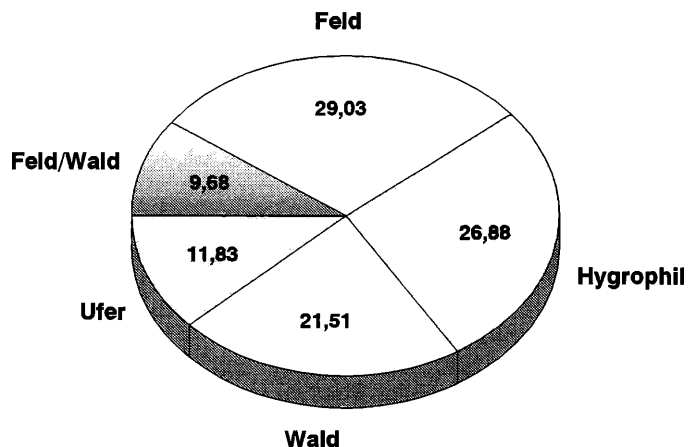


Abbildung 1

Prozentangaben der ökologischen Präferenzen von Laufkäfer in Uferstreifen der Murn.

der anderen Seite der Trennwand wieder freigelassen. Die Grafik von *Abax parallelepipedus* zeigt, daß sich zwar die meisten Individuen im Wald aufhalten, aber auch stark im Uferstreifen und in der Hecke vertreten sind (Abb. 2). Die Tiere sind aber auch sehr wanderfreudig, indem sie aus dem Wald bzw. der Hecke in den Uferstreifen einwandern. *A. parallelepipedus* ist im Untersuchungsgebiet eher als Waldrand-, Hecken- und Uferstreifenart zu bezeichnen.

Abax parallelus dagegen zeigt als **echte** Waldart seinen Schwerpunkt im Wald; Ein- und Auswanderung halten sich in Grenzen. Trotzdem finden sich einige Individuen in der Hecke und nicht wenige Individuen in den Uferstreifen (Abb. 3).

Die Wanderung erfolgt bei beiden *Abax*-Arten doch stark außerhalb der Uferstreifen, also in der intensiv genutzten Wiese; d.h. der Uferstreifen ist zwar ein wichtiger Lebensraum, aber nicht unbedingt ein notwendiger Vernetzungskorridor.

Bei *Carabus nemoralis* bewegen sich die meisten Tiere nur in einem begrenzten Bereich, v.a. in Waldnähe, ansonsten scheinen die Käfer die Uferstreifen nur ungern zu verlassen (Abb. 4). Dies deutet wiederum die wichtige Funktion der Uferstreifen als Vernetzungsstruktur an.

Jetzt wäre es natürlich interessant zu wissen, ob über die Uferstreifen ein Genaustausch zwischen isolierten Populationen besteht?

Eine Förderung bzw. Erhaltung der genetischen Vielfalt setzt in den meisten Fällen den Austausch von genetischem Material voraus, d.h. bei isolier-

ten Populationen müssen Trittsteine oder Korridore als Verbindungswege vorhanden sein. Allerdings fehlt bis heute der eindeutige Nachweis, ob über solche Vernetzungsstrukturen tatsächlich ein Genaustausch stattfindet.

3. Molekularbiologische Differenzierung hochalpiner Laufkäfer der Untergattung *Orinocarabus*

Molekularbiologische Methoden sollten eine Differenzierung vor allem solcher Arten ermöglichen, die rein morphologisch kaum unterscheidbar sind. Dies ist z.B. der Fall, wenn ein Merkmal unabhängig voneinander konvergent entstanden ist, was bei zwei Taxa auftreten kann, die zwar aus unterschiedlicher genetischer Richtung kommen, aber dieselbe ökologische Nische besetzen. Bei molekularen Markern hat man dieses Problem nicht, da molekulare Merkmale (z.B. DNA Sequenzen) im allgemeinen nicht konvergent selektiert werden. Der große Vorteil von DNA-Untersuchungen besteht darin, daß der dem Phänotyp zugrundeliegende Genotyp direkt untersucht wird. Insbesondere liefern DNA-Sequenzen diskrete Daten, die mit Hilfe kladistischer Verfahren ausgewertet werden können.

Wir haben drei Verfahren zur DNA-Differenzierung von Taxa und Populationen getestet: SSCP, Sequenzierung und RAPD-PCR.

Die SSCP- (Single-strand conformation polymorphism) Elektrophorese wird seit einigen Jahren zur Detektion von Sequenzunterschieden zwischen homologen DNA-Abschnitten angewendet (BOGE,

Abax parallelepipedus

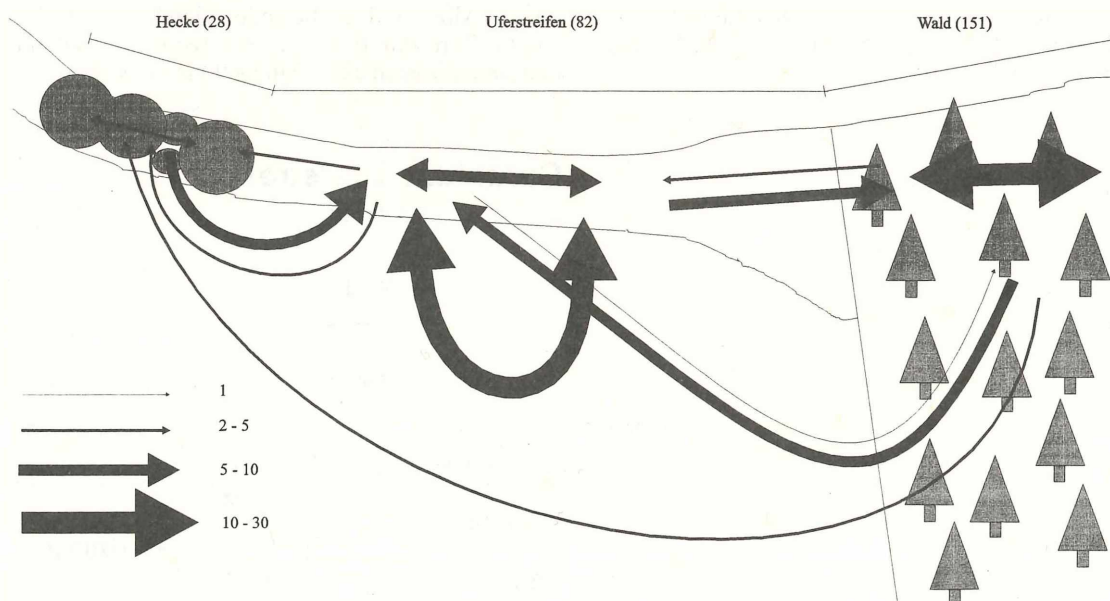


Abbildung 2

Individuenaustausch von *Abax parallelepipedus* zwischen Hecke, Uferstreifen und Wald während eines Jahres. In Klammer steht jeweils die Anzahl der insgesamt markierten Tiere; die Pfeildicke spiegelt die Anzahl der wandernden Individuen wider.

Abax parallelus

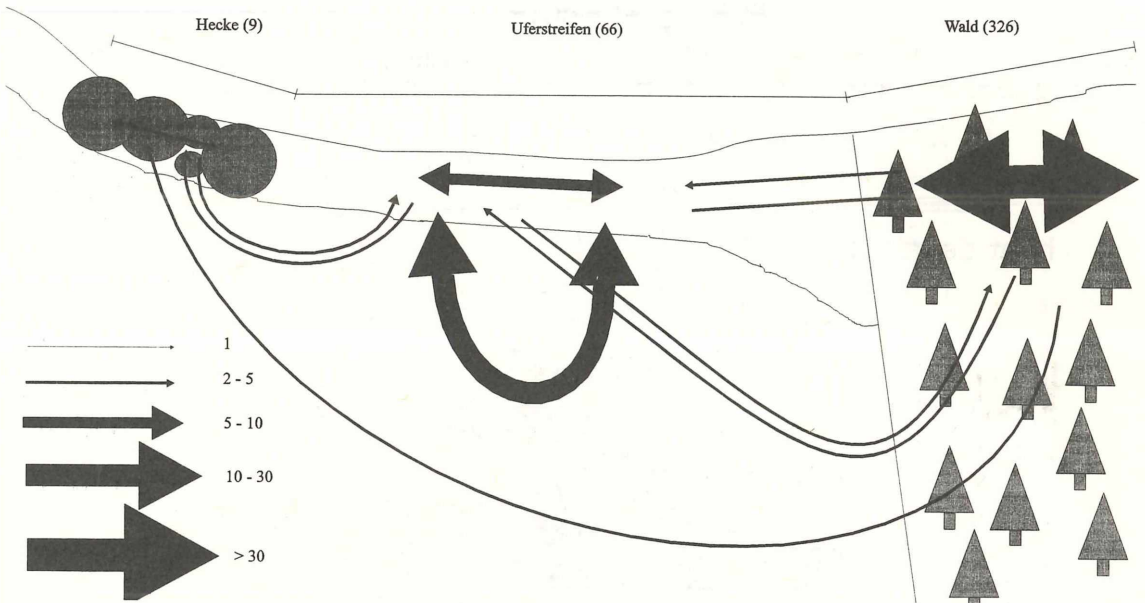


Abbildung 3

Individuenaustausch von *Abax parallelus* zwischen Hecke, Uferstreifen und Wald während eines Jahres. In Klammer steht jeweils die Anzahl der insgesamt markierten Tiere; die Pfeildicke spiegelt die Anzahl der wandernden Individuen wider.

Carabus nemoralis

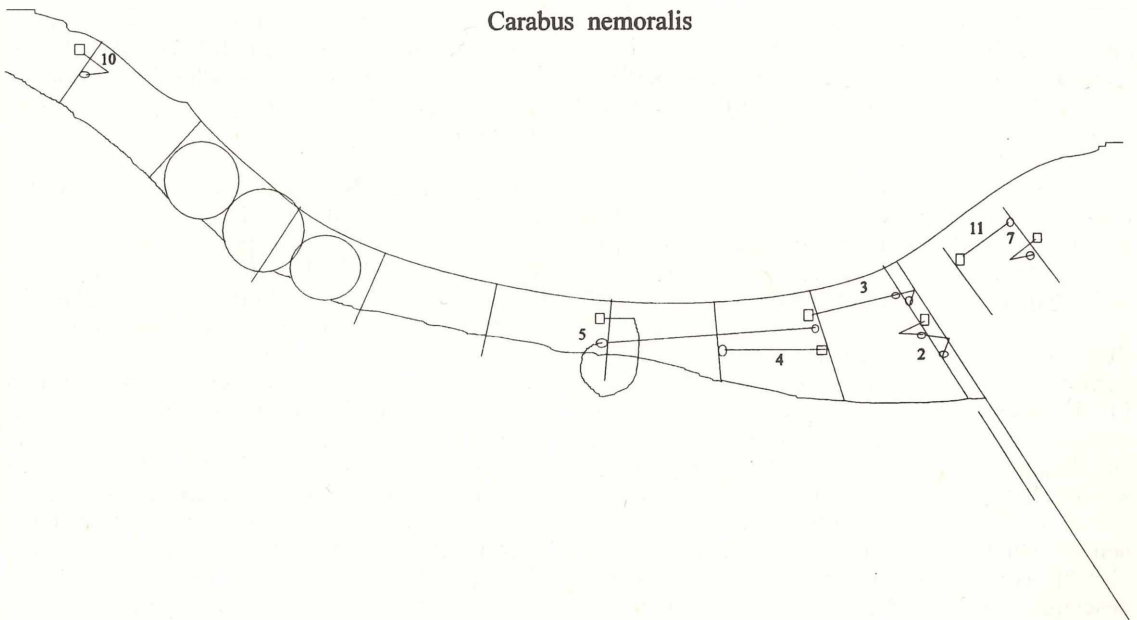


Abbildung 4

Wanderaktivität einiger Individuen von *Carabus nemoralis*.

GERSTMEIER & EINSPANIER 1994; CHAUBERT, BAUTISTA & BENHATTAR 1993; DOCKHORN-DWORNICZAK et al. 1991). Die vorher amplifizierte DNA-Abschnitte werden durch Hitze denaturiert und in eine native Polyacrylamid-Gel-Elektrophorese eingesetzt. Die einzelsträngigen Fragmente nehmen innerhalb des Gels aufgrund intramolekularer Wechselwirkungen eine dreidimensionale Struktur ein, die von der jeweiligen Basensequenz bestimmt wird. Bei Sequenzunterschieden

ergeben die unterschiedlichen Laufeigenschaften ein spezifisches Bandenmuster (Abb. 5).

In Mitteleuropa ist die Untergattung *Orinocarabus* mit den fünf Arten *alpestris*, *carinthiacas*, *concolor*, *linnei* und *sylvestris* vertreten. In Abb. 6 erkennt man die Unterscheidungsmöglichkeiten der Taxa; d.h., die Arten lassen sich eindeutig anhand der unterschiedlichen Bandenmuster identifizieren (basierend auf dem Ubiquitin-Gen). Zwischen den

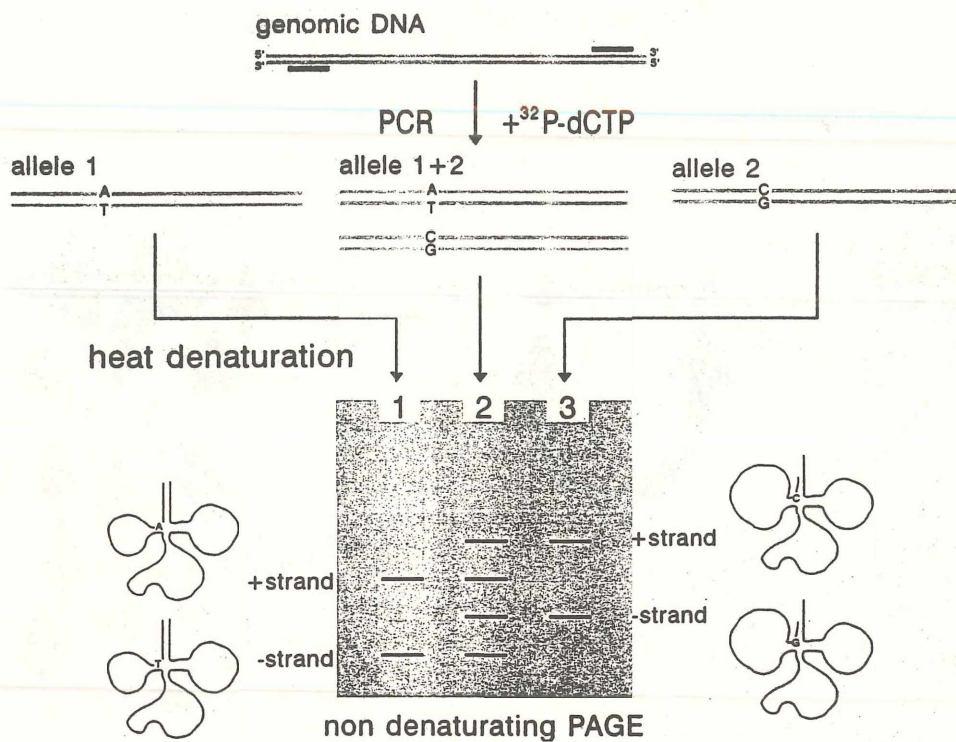


Abbildung 5

Schematische Darstellung der SSCP-PCR (aus ROLFS et al. 1992, S. 163).

beiden Unterarten von *alpestris hoppei* und *rottenmannicus* – besteht ein Unterschied in einer einzigen Bande. Als konstantes gemeinsames Bandenmuster der Untergattung *Orinocarabus* ergeben sich vier Banden.

Bei der Analyse von zwei Populationen der Art *O. concolor*, die vom Grimsel- und vom Furka-Paß aus der Schweiz stammen, liefert die Ubiquitin-SSCP zwei Typen an Bandenmuster, die gemischt an beiden Fundorten auftreten (Abb. 7).

Zur weiteren Bearbeitung wurde das Verfahren der **Sequenzierung** eines Genabschnittes angewandt. Im Vergleich zur SSCP ist die Sequenzierung zwar aufwendiger und damit teurer, aber unabdingbar bei phylogenetischen Fragestellungen. Sequenziert wurde ein 550 Basenpaare langer Abschnitt der mitochondrialen DNA, der für Leucin-tRNA, einen Teil der 16 S rRNA und überwiegend für ND1 (365 bp) codiert, ein bei Käfern in letzter Zeit eingesetztes Gen (PRÜSER 1996; VOGLER et al. 1993). Als Ergebnis der Sequenzierung erkennt man eine Furka- und eine Grimsel-Population; innerhalb der jeweiligen Population sind keine Unterschiede zu erkennen (Abb. 8).

Dabei spiegeln die Ubiquitinbanden als Kerngene den gemeinsamen Ursprung der Populationen wider, während die mitochondrialen Sequenzdaten der geographischen Isolierung der beiden Fundorte entsprechen.

Bei der **RAPD-PCR** (Random Amplified Polymorphic DNA) wird ein Zufallsprimer eingesetzt, die gesamte DNA dient praktisch als Matrize (KAMBHAMPATI, BLACK IV & RAI 1992; PUTERKA et al. 1992). Man erkennt eine deutliche Trennung der drei Unterarten von *O. alpestris* und eine sehr scharfe Unterscheidung zu einer anderen Art, *O. sylvestris* (Abb. 9). Wertet man die Bandenübereinstimmung (Bandsharing-Index) aus, erhält man eine hohe prozentuale Übereinstimmung zwischen Individuen der einzelnen Unterarten; eine mittlere Übereinstimmung zwischen den Unterarten, und einen sehr geringen Prozentsatz beim Vergleich zu einer anderen Art (Tab. 1). Die RAPD-PCR ist eine vielversprechende, schnelle und einfache Methode, wenn man den richtigen Primer gefunden hat; ihr Einsatz in phylogenetischen Verwandtschaftsanalysen ist allerdings stark limitiert (VAN DE ZANDE & BIJLSMA 1995).

Tabelle 1

Bandsharing Index der RAPD-PCR (basierend auf Abb. 9)

	O.a. alpestris	O.a. rottenmannicus	O.a. dolomitanus	O. sylvestris
O.a. alpestris	75%	/	/	17%
O.a. rottenmannicus	31%	86%	/	/
O.a. dolomitanus	29%	32%	91%	/

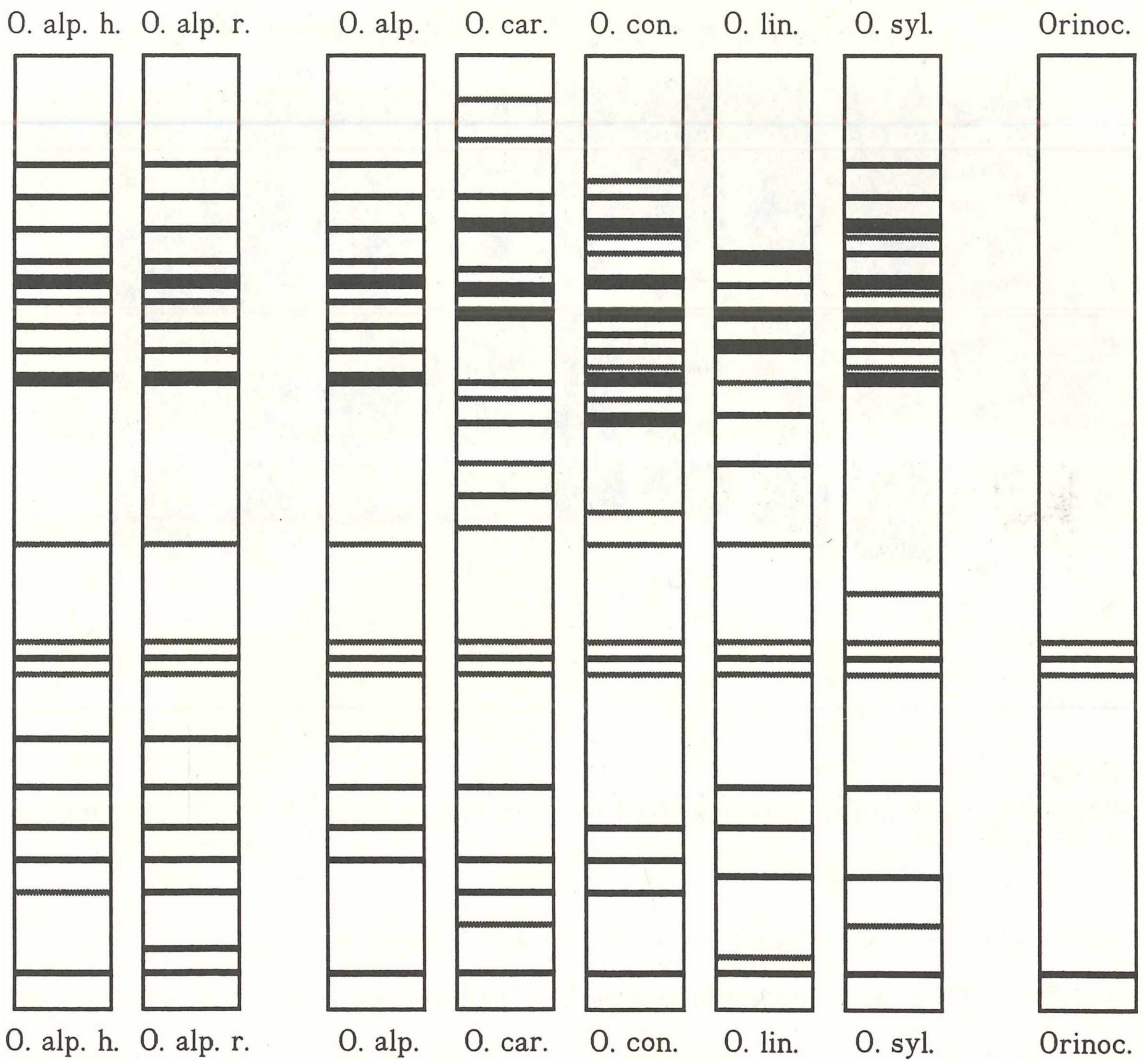


Abbildung 6

Ubiquitin-SSCP-Bandenmuster der fünf mitteleuropäischen Orinocarabus-Arten. alp.h = *alpestris hoppei*, alp.r. = *alpestris rottenmannicus*, alp. = *alpestris*, car. = *carinthiacus*, con. = *concolor*, lin. = *linnei*, syl. = *sylvestris*, Orinoc. = *Orinocarabus*

4. Ausblick

Für populationsökologische Fragestellungen wären neben der RAPD-PCR auch Isoenzym- und Microsatelliten-Untersuchungen geeignet.

Bei der taxonomischen Differenzierung sollte ein weiteres Gen untersucht werden, nicht codierende Genabschnitte könnten in Erwägung gezogen werden und letztendlich müssen die molekularen Merkmale mit den eidonomischen und genital-morphologischen Merkmalen kombiniert werden.

5. Literatur

AMOS, B.; C. SCHLÖTTERER, D. TAUTZ (1993): Social structure of pilot whales revealed by analytical DNA-profiling. – *Science* **260**, 670-672.

AVISE, J.C.; J. ARNOLD, R.M. BALL, E. BERMINGHAM, T. LAMB, J.E. NEIGEL, C.A. REEB, N.C. SAUNDERS (1987): Intraspecific phylogeography: The mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. – *Ann. Rev. Ecol. Syst.* **18**, 489-522.

BOGE, A.; R. GERSTMEIER, R. EINSPIANIER (1994): Molecular polymorphism as a tool for differentiating gro-

und beetles (*Carabus species*): application of ubiquitin PCR/SSCP analysis. – *Insect Molecular Biology* **3**(4), 267-271.

CHAUBERT, P.; D. BAUTISTA, J. BENHATTAR (1993): An improved method for rapid screening of DNA mutations by nonradioactive single-strand conformation polymorphism procedure. – *Bio Techniques* **15**, 586.

CRAMPTON, J.M.; P. EGGLESTON (EDS.) (1992): *Insect Molecular Science*. – Academic Press, London, .

DOCKHORN-DWORNICZAK, B.; B. DWORNICZAK, L. BROMMELKAMP, J. BULLES, J. HORST & W.W. BOKKER (1991): Non-isotopic detection of single strand conformation polymorphism (PCRSSCP): a rapid and sensitive technique in diagnosis of phenylketonuria. – *Nucl.Acids Res.* **19**: 2500.

GERSTMEIER, R. (1993): Ökologisch-faunistische Untersuchungen zur Bemessung und Pflege von Uferstreifen. – Unveröff.Ber. An Bayer. Landesamt für Wasserforschung, 219 pp.

GERSTMEIER, R.; D. BOOCKHAGEN, M. CARL (1994): Ökologisch-faunistische Untersuchungen zur Bemessung und Pflege von Uferstreifen an Fließgewässern im Voralpengebiet. – *Verhandlungen GFÖ* **23**, 221-230.

O.concolor Typ I O.concolor Typ II

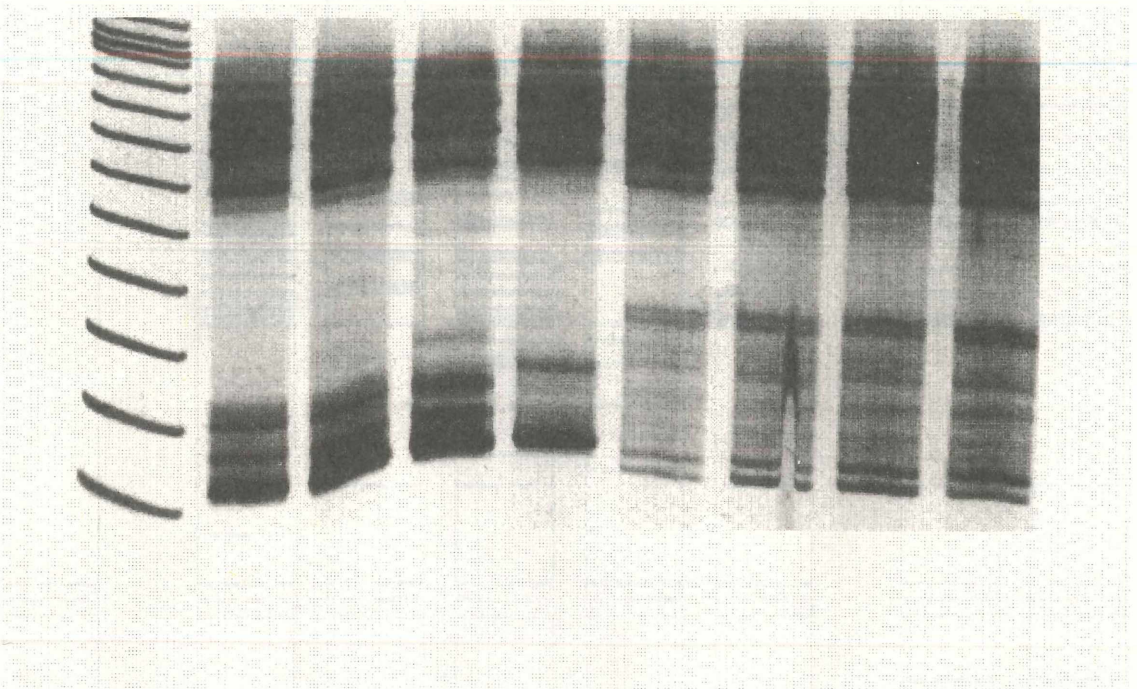


Abbildung 7

Ubiquitin-SSCP-Bandenmuster von *O. concolor*. Typ I = Population vom Grimsel-Paß, Typ II = Population vom Furka-Paß (Schweiz).

```

TTACAGTATAAACCCCTAAACTAGTGCAAGCTAAAAAATAACATTCCTAAATTAAAATTAAAT
      A
AAAAC TAAAAAATAAGGAATAACTACTCATAATAATAATGATAAAAAATAAECTCATAATTGGAGA
      T                               T
ATAATAATATATGATATAATTAGATAATAAAGGATAAGTCTGTTCTTTAGAGAATAATTTAATAG
      A                               G                               G
CATCACAAAAAGGTTGAGGAATACCTATAAAATCCAAC TTTATTTGGACCTTTACGAATTTGAATA
      G                               T
TAACCTAATACCTTTTCGTTC CAATAAAGTCAAAAAGGCAACTCCCACTAAAACACAAATAATTAA
TAATAATATACAAATTAATGAAAATATTACATCTATATAAAACAAGTATTACTTGTAATAATTTT
C                               G
ACATAAATGAATTCTAAATTCATTGCACTAATCTGCCAAAATAATAAACTTTAATAACATTCAAT
AAATTAAATATCAATATATCAAATATTTGGTCCTTTCGTACTAAAATATTTTATTTTATTAAAGA
      A
TAGAAACG GNCCTGGCTTACACCGGTTTGA ACTCAGATC
      N
    
```

Abbildung 8

Mitochondriale DNA-Sequenzen der *O. concolor*-Population vom Furka-Paß (obere Reihe) im Vergleich zur Grimsel-Paß-Population (untere Reihe).

GERSTMEIER, R. (1996):

Die Laufkäferfauna in Uferstreifen eines bayerischen Fließgewässers. – Verhandlungen des 14. Internationalen Symposiums für Entomofaunistik in Mitteleuropa, SIEEC, in München (1994) **14**, 122-129

HADRY, H.; B. SCHIERWATER, S.L. DELLAPORTA, R. DESALLE, L.W. BUSS (1993):

Determination of paternity in dragonflies by Random Amplified Polymorphic DNA fingerprinting. – *Molecular Ecology* **2**, 79-87.

HARRISON, R.G.; D.M. RAND, W.C. WHEELER (1987): Mitochondrial DNA variation in field crickets across a narrow hybrid zone. – *Mol. Biol. Evol.* **4**, 144-158.

HEWITT, G.M.; A. W.B. JOHNSTON, J.P.W. YOUNG (1991):

Molecular techniques in taxonomy. – NATO ASI Series, Vol H 57, Springer Verlag, Berlin.

HILLIS, D.M.; C. MORITZ, B.K. MABLE (1996):

Molecular Systematics. – Sinauer Associates, Inc., Sunderland, 2nd edition.

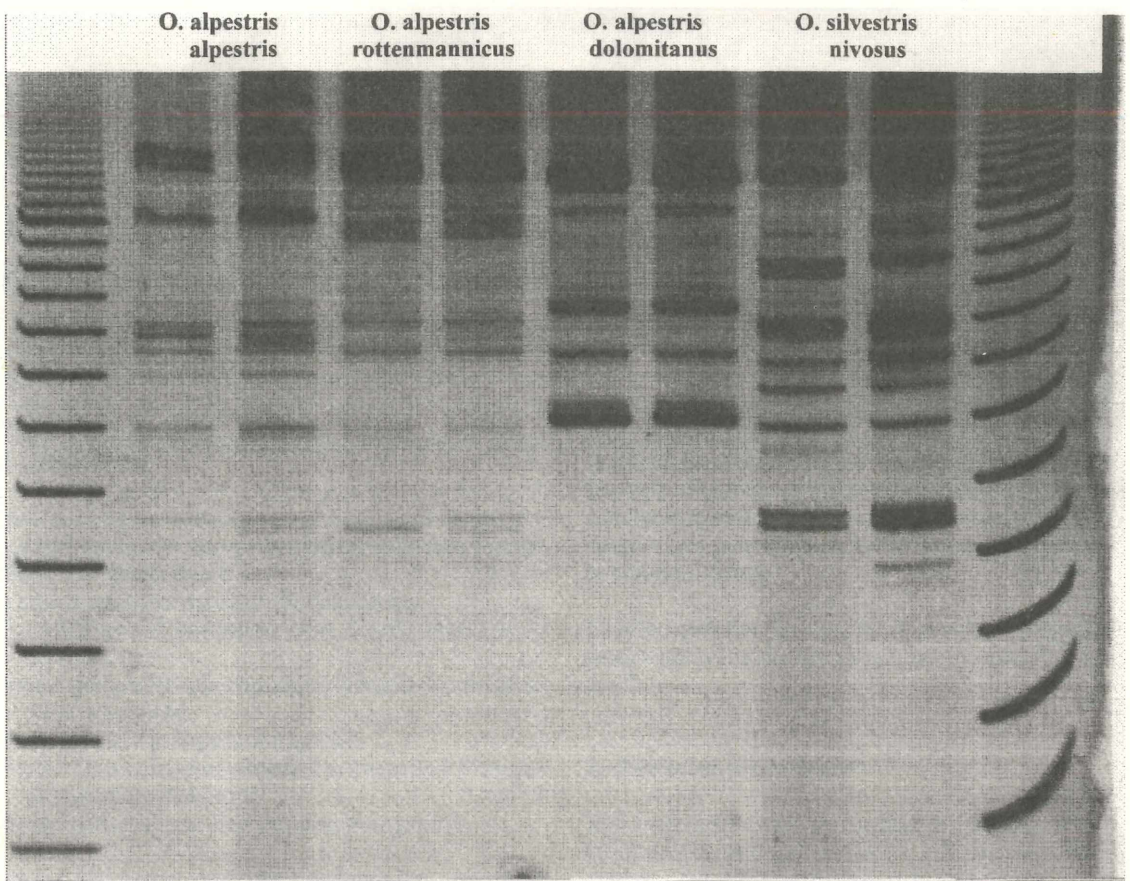


Abbildung 9

RAPD-PCR-Bandenmuster der drei Unterarten von *O. alpestris* und *O. silvestris*.

KAMBHAMPATI, S.; W.C. BLACK IV, K.S. RAI (1992):
Random amplified polymorphic DNA of mosquito species and populations (Diptera: Culicidae): techniques, statistical analysis, and applications. – *J. Med. Entomol.* **29**, 939-945.

PRÜSER, F. (1996):
Variabilität mitochondrialer DNA-Sequenzen und die Phylogenie der Gattung *Carabus* Linné 1758 (Coleoptera: Carabidae). – Diss. Universität Bremen, 173 pp.

PUTERKA, G.J.; W.C. BLACK IV, W.M. STEINER, R.L. BURTON (1992):
Genetic variation and phylogenetic relationships among worldwide collections of the russian wheat aphid, *Diuraphis noxia* (Mordvilko), inferred from allozyme and RAPD-PCR markers. – *Heredity* **70**, 604-618.

ROLFS, A.; I. SCHULLER, U. FINCKH, I. WEBER-ROLFS (1992):
PCR: Clinical Diagnostics and Research. – Springer-Verlag, Berlin.

SCHLÖTTERER, C.; J. PEMBERTON (1994):
The use of microsatellites for genetic analysis of natural populations. – In: SCHIERWATER, B., STREIT, B., WAGNER, G.P., DESALLE, R.: *Molecular Ecology and Evolution: Approaches and Applications*. – Birkhäuser Verlag, Basel. S. 203-214.

STREIT, B.; T. STÄDLER, K. KUHN, M. LOEW, M. BRAUER, B. SCHIERWATER (1994):
Molecular markers and evolutionary processes in hermaphrodite freshwater snails. – In: SCHIERWATER, B.; B. STREIT, G.P. WAGNER, R. DESALLE: *Molecular Ecology and Evolution: Approaches and Applications*. – Birkhäuser Verlag, Basel. S. 247-260.

VOGLER, A.P.; R. DESALLE (1994):
Diagnosing units of conservation management. – *Conserv. Biol.* **8**, 354-363.

VOGLER, A.P.; C.B. KNISLEY, S.B. GLUECK, J.M. HILL, R. DESALLE (1993):
Using molecular and ecological data to diagnose endangered populations of the puritan tiger beetle *Cicindela puritana*. – *Molecular Ecology* **2**, 375-383.

VAN DE ZANDE, L.; R. BIJLSMA (1995):
Limitations of the RAPD technique in phylogeny reconstruction in *Drosophila*. – *J. Evol. Biol.* **8**, 645-656.

Anschrift der Verfasser:

PD Dr. Roland Gerstmeier
Dipl.-Biol. Harald vom Hofe
Dipl.-Biol. Dieter Sedlmair
Technische Universität München
Angewandte Zoologie
D-85350 Freising

PD Dr. Ralf Einspanier
Technische Universität München
Lehrstuhl für Physiologie
Vöttinger Straße
D-85350 Freising

Bei einer verbreiteten Landschnecke, *Cochlicopa lubrica* (O.F. MÜLLER), wird die Frequenz von molekularen Phänotypen durch Selbstbefruchtung und habitatspezifische Selektion beeinflusst

Georg ARMBRUSTER

1. Einleitung

Auf der Populationsebene wird das genetische Potential einer Art durch mehrere Faktoren beeinflusst, vor allem durch

- 1) die Mutationsrate und die Selektion,
- 2) zufällige Phänomene wie Drift und 'bottlenecks',
- 3) die geographisch-räumliche Verteilung molekularer Varianten,
- 4) die effektive Populationsgröße,
- 5) die Gameten-Austauschrates zwischen Populationen (Genfluß) und
- 6) die Inzucht bzw. Selbstbefruchtungsrate.

Diese Faktoren sind oft miteinander verknüpft (FUTUYMA, 1990; JARNE, 1995; KIMURA, 1983; NEI, 1987; SPIESS, 1977). Bei der Erforschung der genetischen Diversität und bei Artenschutzkonzepten spielt eine Interpretation dieser Evolutionsfaktoren eine große Rolle (BLAB *et al.*, 1995).

Vorrangiges Ziel des Artenschutzes ist der „Erhalt evolutionsfähiger Populationen, deren genetisches Potential es ihnen erlaubt, auf Umweltveränderungen zu reagieren“ (VEITH & SEITZ, 1995; S. 219). Im vorliegenden Beitrag sollen anhand von *Cochlicopa lubrica* (Gastropoda; Pulmonata) Aspekte des Populationsschutzes diskutiert werden.

Cochlicopa lubrica zählt zu den kleinen Landschneckenarten. Ihre Gehäusehöhe liegt bei etwa 5-7 mm. Diese Art ist in Mitteleuropa weit verbreitet und kommt in den unterschiedlichsten Habitaten vor (KERNEY *et al.*, 1983). Die Formen von *C. lubrica* zeichnen sich außerdem durch eine hohe konchologische und genitalanatomische Variabilität aus (ARMBRUSTER, 1994; ARMBRUSTER, 1995a). Bei einer Analyse der genetischen Vielfalt von *C. lubrica* ist besonders die hohe Selbstbefruchtungsrate in den Freilandpopulationen zu berücksichtigen (siehe ARMBRUSTER & SCHLEGEL, 1994).

Ein Einblick in die molekulare Populationsstruktur von *C. lubrica* läßt sich mit Hilfe des Alloenzym polymorphismus ermitteln. Die Allozymphänotypen des Aspartat-Aminotransferase-1-Locus *Aat 1* (und die von *Idh 1*; Daten nicht gezeigt) sind in „feuchten, schattigen“ und „trockeneren, exponierten“ Habitaten in unterschiedlicher Häufigkeit vertreten. Im Mittelpunkt der nachfolgenden Erörterung stehen zwei Fragenkomplexe:

1) Ist der Evolutionsfaktor „Selektion“ an der lokalen Verteilung der genetischen Typen beteiligt und welche Schlußfolgerungen lassen sich hieraus bezüglich der genetischen Substrukturierung der Populationen ziehen?

2) Wie kann die genetische Vielfalt von selbstbefruchtenden Landschneckenarten interpretiert werden?

2. Material & Methoden

795 Individuen aus 29 mitteleuropäischen Populationen wurden auf den AAT 1 Polymorphismus getestet ($\emptyset = 27$ Individuen/Population). Dabei wurden zwei Allelvarianten gefunden: Aat 1 „20“ und Aat 1 „80“. Nur zwei Individuen zeigten ein heterozygotes Bandenmuster mit „20“/„80“. Alle übrigen wiesen ein homozygotes Muster auf („20“/„20“ bzw. „80“/„80“). Die sehr geringe Anzahl von Heterozygoten kann mit der extrem hohen Selbstbefruchtungsrate erklärt werden. Eine Übersicht über die Herkunft der Populationen und die Durchführung der Isoenzymelektrophorese findet sich bei ARMBRUSTER & SCHLEGEL (1994) und bei ARMBRUSTER (1995b).

Anhand von auffallenden Leitpflanzen und deren Feuchtigkeitskoeffizienten (ELLENBERG *et al.*, 1991) wurde eine Einteilung in zwei Habitattypen vorgenommen. Die untersuchten Standorte umfaßten zum einen Auwälder, feuchte Mischwälder, verbuschte Riede bzw. Feuchtwiesen („feuchte, schattige Habitate“; 12 Populationen) und zum anderen „trockenere und exponierte“ Standorte, wie Wacholderheiden, Straßenränder, intensiv genutztes Grünland bzw. Ackerrandgesellschaften (17 Populationen).

14 der 29 Populationen wurden in Paar-Vergleichen analysiert. Bei jedem der sieben Populationspaarvergleiche lag ein feuchtes Habitat und ein trockener Standort nur 30-400 Meter auseinander. Nähere Angaben finden sich bei ARMBRUSTER (1995b).

Die genetische Substrukturierung zwischen den Populationen wurde mit dem Koeffizienten F_{ST} (WRIGHT, 1978) ermittelt. Datengrundlage sind die populationsspezifischen Häufigkeiten der zwei Allele des Aat 1 Locus. Sind nur zwei Allele (p und q) an einem Locus nachweisbar, reicht die varianz-

analytische Abschätzung eines Allels aus, um F_{ST} zu bestimmen:

$$F_{ST} = \frac{\sigma^2 [p]}{\sigma[p] * (1 - \sigma[p])} , \text{ mit}$$

$\sigma^2 [p]$ = Varianz der Allelfrequenzen von p und
 $\sigma[p]$ = mittlere Allelfrequenz von p.

Von 11 der 29 getesteten Populationen liegen zusätzliche genetische Kenngrößen vor (ARMBRUSTER & SCHLEGEL, 1994). Dabei wurden 21 Isoenzym-Loci untersucht. Der Anteil der polymorphen und schwach polymorphen Loci an der Gesamtzahl der untersuchten Loci betrug 38 %. Die Berechnung der genetischen Distanz nach Nei zwischen 6 Populationen aus feuchten, schattigen Habitaten und 5 Populationen von trockeneren Standorten ergab einen Wert von $D = 0,08$ (genetische Identität = 0,92).

3. Ergebnisse

Tabelle 1

Verteilung der Allozym-Phänotypen AAT 1 „80“ und AAT 1 „20“ in den zwei Habitattypen. 29 mitteleuropäische Populationen wurden ausgewertet. Die Felderbesetzung ist hochsignifikant unterschiedlich ($p < 0,001$).

	AAT 1 „80“ (homozygot „80“/„80“)	AAT 1 „20“ (homozygot „20“/„20“)
Trockenere, exponierte Habitats	93	367
Feuchte, schattige Habitats	272	61

In Tabelle 1 ist die Verteilung der Allozym-Phänotypen in den beiden Habitattypen dargestellt. Dabei sind die zwei heterozygoten Individuen nicht berücksichtigt (s.o.). Die Individuen mit AAT 1 „80“ sind vor allem an feuchten Standorten vertreten, während die Tiere mit AAT 1 „20“ bevorzugt in trockeneren Habitaten zu finden sind.

In Abbildung 1 sind die 29 Populationen nach ihren relativen Anteilen des „80“-Allels dargestellt. An den feuchten Standorten liegt die Frequenz des Allels „80“ zwischen 0,6 und 1,0 (Häufigkeit zwischen 60 % und 100 %). Im Rahmen der Untersuchungen wurde kein derartiger Standort gefunden, an dem die Tiere mit „20“ dominierten.

Die trockeneren Habitats zeigen meist „80“-Frequenzen zwischen 0 („80“-Allele wurden nicht gefunden) und $< 0,4$ (Häufigkeit unter 40 %). An diesen Lokalitäten dominierten die „20“-Allele. Allerdings zeigen zwei Standorte, die als „trocken und exponiert“ klassifiziert wurden, eine unerwartet hohe Häufigkeit von 60 % bzw. 73 % (siehe Pfeile in Abbildung 1).

Wird der F_{ST} -Index ermittelt, so ergibt sich über alle 29 Populationen ein Wert von 0,53. Werden nur die feuchten, schattigen Standorte analysiert, so ist $F_{ST} = 0,14$. Für alle 17 Populationen, die aus den trockenen Habitats entstammen, ergibt sich ein Koeffizient von 0,3. Dieser Wert fällt aber auf 0,15 ab, wenn die beiden Populationen unberücksichtigt bleiben, welche die unerwartet hohen „80“-Frequenzen aufweisen.

4. Diskussion

4.1 Die habitatspezifische Verteilung der Aat 1 Allozym-Phänotypen von *Cochlicopa lubrica*

Die auffallend unterschiedliche Verteilung der „20“- und „80“- Aat 1 Allele (Tabelle 1; Abbildung 1) läßt auf den Einfluß von natürlicher Selektion in verschiedenen Habitats schließen. Die Fitness (Fortpflanzungserfolg und Überlebensrate) von Tieren mit „20“ scheint an trockeneren Standorten höher zu sein, als die der „80“-Typen. Die Individuen mit „80“ scheinen dagegen an feuchten, schattigen Habitats eine höhere Fitness zu haben. Daß nur stochastische Prozesse diese Allelverteilung verursachen, ist bei der Stichprobenzahl von 29 Populationen aus verschiedenen Gebieten Mitteleuropas unwahrscheinlich. Siebenmal wurden zeitgleich verschiedene feuchte, schattige Standorte mit nahegelegenen, trockeneren Standorten verglichen (s.o.). Die Unterschiede in der

Frequenz des Allels Aat 1 „80“

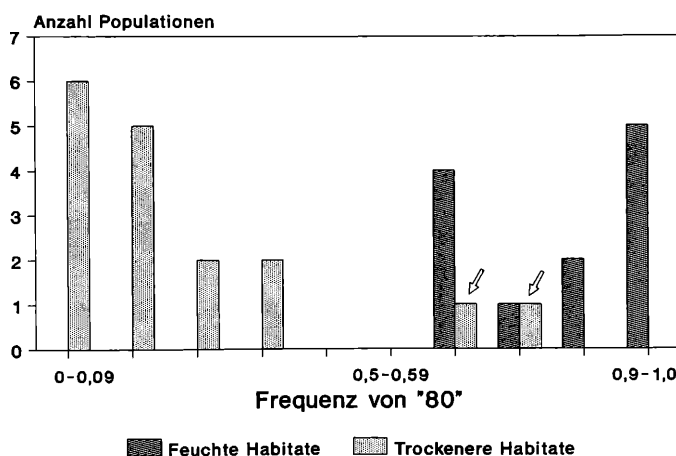


Abbildung 1

Häufigkeit des Allels Aat 1 „80“ in den zwei verschiedenen Habitattypen. Die meisten Populationen aus trockeneren Habitats zeigen eine niedrige Frequenz dieses Allels, während Populationen von feuchten Standorten eine hohe Frequenz von „80“ aufweisen. Zwei als trockener klassifizierte Habitats (Pfeile) zeigen aber eine hohe Frequenz des Allels Aat 1 „80“

Häufigkeit der „80“- bzw. „20“-Typen waren bei diesen Populationspaarvergleichen immer signifikant (Chi-qu.-Vierf.-Tests; siehe ARMBRUSTER, 1995b).

Allerdings gibt es unter den 17 als „trockener und exponiert“ klassifizierten Standorten zwei, die eine hohe Frequenz des „80“-Allels aufweisen (Abbildung 1). An solchen Populationen wird deutlich, daß weitere pflanzensoziologische und bodenkundliche Studien notwendig sind, um die Habitatverteilung der Allozym-Phänotypen genauer zu charakterisieren. Ungeklärt bleibt in diesem Zusammenhang auch die Dynamik der Neubesiedelung von Standorten und die Frage nach dem Vorkommen von „intermediären“ Habitattypen.

Im vorliegenden Fall kann sich Selektion sowohl auf die Genprodukte der untersuchten Allele als auch auf die Genprodukte gekoppelter Loci beziehen (JOHANNESSEN & JOHANNESSEN, 1989; JARNE, 1995). Die mögliche Koppelung von unbekannt Genen läßt also vorerst keine Aussagen darüber zu, ob und auf welche Umweltvariablen die AAT 1 Phänotypen adaptiert sind (siehe RIDDOCH, 1993). Selektionskräfte, die einen Einfluß auf die Fitness der selbstbefruchtenden Allozym-Phänotypen haben könnten, wären z.B. Temperatur- oder Feuchtigkeitsverhältnisse (NEVO & BAR, 1976).

Selbstbefruchtung beinhaltet starke Inzucht und extreme genetische Drift innerhalb der Populationen. Durch die hohe Selbstbefruchtungsrate verlieren die genetischen Linien „von selbst“ einen hohen Anteil der (unbekannten) rezessiven Letalallele. Selbstbefruchtung bewirkt somit nicht nur eine allgemeine Allelverarmung, sondern kann auch eine Fixierung von vorteilhaften Allozym-Genen bzw. von gekoppelten, unbekannt Loci im homozygoten Zustand zur Folge haben (siehe McCRAKEN & SELANDER, 1980; LACY, 1992).

Bei mitteleuropäischen Landschneckenpopulationen wurde der Einfluß von natürlicher Selektion auf Allozym-Phänotypen bisher nur ganz vereinzelt diskutiert (SELANDER & HUDSON, 1976; BOATO, 1988). Diese Studien beschäftigen sich allerdings mit auskreuzungsfähigen Arten. In anderen Untersuchungen, die ebenfalls auskreuzungsfähigen Taxa (z.B. Helicidae) betreffen, wird davon ausgegangen, daß genetische Drift und Founder-Effekte die populationsgenetischen Muster der Populationen beeinflussen (OCHMAN *et al.*, 1987; WILSON, 1996). Bei selbstbefruchtenden, kleinen Landschnecken wie *C. lubrica* bedarf das Thema „Selektion durch Habitatfaktoren“ unbedingt eines erweiterten und verfeinerten methodischen Ansatzes.

4.2 Die genetische Substrukturierung der Populationen

Der F_{ST} -Index liefert Werte zwischen 0 (keine Substrukturierung der Allelverteilungen zwischen den Populationen ist ersichtlich) und 1 (hohe Substrukturierung der Populationen mit extrem abweichenden

Allelverteilungen zwischen den Einzelpopulationen).

Sexuell auskreuzende Land- und Süßwasserschnecken zeigen oft geringe F_{ST} -Werte (etwa zwischen 0,02 und 0,3). Im Gegensatz dazu sind höhere F_{ST} -Koeffizienten ein bekanntes Phänomen bei selbstbefruchtenden Gastropoden-Populationen (siehe FOLTZ *et al.*, 1984; OCHMAN *et al.*, 1987 und die Zusammenfassung von JARNE, 1995). Auch bei der meist selbstbefruchtenden *C. lubrica* deutet der F_{ST} -Gesamtwert von 0,53 am Aat 1 Locus auf eine hohe Substrukturierung zwischen den einzelnen Populationen hin. Auffallende Unterschiede in den Frequenzen von Aat 1 Allelen können bei *C. lubrica* schon innerhalb einer Distanz von wenigen 100 Metern festgestellt werden, wenn zwei unterschiedliche Habitattypen verglichen werden (ARMBRUSTER, 1995b).

Werden die zwei Habitattypen allerdings getrennt voneinander analysiert, dann liegen die F_{ST} -Koeffizienten erheblich niedriger (0,14-0,3), was für eine geringere Populationsdifferenzierung innerhalb der feuchten, schattigen bzw. innerhalb der trockeneren Habitats spricht. Die Populationen der beiden Habitattypen erweisen sich auch in einer Clusteranalyse mit Nei'schen genetischen Distanzen als verschieden. 21 Isoenzymloci wurden hierfür berücksichtigt (siehe ARMBRUSTER & SCHLEGEL, 1994).

4.3 Anmerkungen zum Populationsschutz

Bei Schutzkonzepten von selbstbefruchtenden Landschneckenpopulationen sollte die genetische Vielfalt an unterschiedlichen Standorten und Habitats gesondert geprüft werden. Ob und inwieweit zwischen den Populationen noch Gameten ausgetauscht werden, kann mit verschiedenen populationsgenetischen Methoden abgeschätzt werden. Die Schätzungen ermitteln aber immer „ein Integral über Raum und Zeit“ (VEITH & SEITZ, 1995; S. 222) und müssen daher kritisch bewertet werden (SCHMELLER *et al.*, 1996). In vielen Fällen eignen sich die F_{ST} -Werte, um die Genflußrate Nm zwischen Populationen zu berechnen (WRIGHT, 1969; S. 290 ff). Eine allgemeine Abschätzung des Genflusses zwischen *C. lubrica*-Populationen ist vorerst nicht möglich, wenn Selektion an der Verteilung der Phänotypen beteiligt ist. Zur Berechnung von Nm dürfen nur selektionsneutrale Loci verwandt werden (siehe z.B. WRIGHT, 1969; SCHMELLER *et al.*, 1996). Wie bei *C. lubrica* die Genflußrate zwischen feuchten und trockenen Standorten zu ermitteln ist, bedarf somit noch weiterer Untersuchungen.

Bei Selbstbefruchtern ist die genetische Variabilität in der Regel geringer, als bei sexuell auskreuzenden Taxa (s.o.). Im Falle von *Cochlicopa lubrica* kann nicht davon ausgegangen werden, daß der geringe Alloenzym polymorphismus (ARMBRUSTER & SCHLEGEL, 1994) und die hohe Selbstbefruchtungsrate zu einer „Gefährdung“ dieser Tierart führen. In manchen Arbeiten werden enzy-melektrophoretisch monomorphe, selbstbefruchtenden Schnecken-taxa sogar breitere Nischen zugeordnet, als verwandten Arten, die sich sexuell

fortpflanzen (MCCRACKEN & SELANDER, 1980).

5. Zusammenfassung und Ausblick

Die vorliegenden Ergebnisse bieten ein facettenreiches Spektrum von offenen Fragen über den Schutz, die Populationsdynamik, die Ökologie und die Evolutionsbiologie von selbstbefruchtenden Landschnecken. Molekulare Selektion kann einen Einfluß auf das habitatspezifische Vorkommen bestimmter Taxa haben. Dies ist für Genflußabschätzungen zwischen den Populationen von Bedeutung. Inwieweit die selektive Verteilung der *C. lubrica* Allozymphenotypen außerdem mit dem Alter und der Größe der Habitate in Zusammenhang steht, muß in weiteren Studien geklärt werden.

Das Beispiel von *Cochlicopa lubrica* zeigt, daß der Verlust einer Allozymvariabilität bei Selbstbefruchtung (vgl. JARNE, 1995) nicht in der „Gefährdung“ eines Taxons endet.

6. Danksagung

Für die Durchsicht des Manuskripts danke ich W. Rähle und G. Steinbrück.

Literatur

ARMBRUSTER, G. (1994):

The taxonomically relevant parts of the male genitalia of *Cochlicopa*: seasonal variability within two field populations and observations under laboratory conditions (Gastropoda: Pulmonata: Cochlicopidae). Malakologische Abhandlungen Staatliches Museum für Tierkunde Dresden 17: 47-56.

————— (1995a):

Univariate and multivariate analyses of shell variables within the genus *Cochlicopa* (Gastropoda: Pulmonata: Cochlicopidae), Journal of Molluscan Studies 61: 225-235.

————— (1995b):

Die mitteleuropäischen *Cochlicopa*-Arten (Gastropoda: Pulmonata: Cochlicopidae) – Eine Untersuchung zur Formenvielfalt anhand schalenmorphometrischer, genitalanatomischer und molekularer Merkmale. – Dissertation Universität Tübingen.

ARMBRUSTER, G. & M. SCHLEGEL (1994):

The land snail species of *Cochlicopa* (Gastropoda: Pulmonata: Cochlicopidae): Presentation of taxon-specific allozyme patterns, and evidence for a high level of self-fertilization. – Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research 32: 282-296.

BLAB, J.; M. KLEIN & A. SSYMANK (1995):

Biodiversität und ihre Bedeutung in der Naturschutzarbeit. – Natur und Landschaft 70 (1): 11-18.

BOATO, A. (1988):

Microevolution in *Solatopupa* landsnails (Pulmonata: Chondrinidae): genetic diversity and founder effects. – Biological Journal of the Linnean Society 34: 327-348.

ELLENBERG, H.; H.E. WEBER, R. DÜLL, V. WIRTH, W. WERNER, D. PAULISSEN (1991):

Zeigerwerte von Pflanzen in Mitteleuropa. In: Scripta Geobotanica 18 (Lehrstuhl für Geobotanik der Universität Göttingen, Hrsg.); Goltze KG, Göttingen.

FOLTZ, D.W.; H. OCHMAN, R.K. SELANDER (1984): Genetic diversity and breeding systems in terrestrial slugs of the families Limacidae and Arionidae. – Malacologia 25: 593-605.

FUTUYMA, D.J. (1990):

Evolutionary biology. – Birkhäuser, Basel.

JARNE, P. (1995):

Mating system, bottlenecks and genetic polymorphism in hermaphroditic animals. – Genetical Research Cambridge 65: 193-207.

JOHANNESSON, K. & B. JOHANNESSON (1989):

Differences in allele frequencies of Aat between high- and mid-rocky shore populations of *Littorina saxatilis* (Olivi) suggest selection in this enzyme locus. – Genetical Research Cambridge 54: 7-11.

KERNEY, M.P.; R.A.D. CAMERON, J.H. JUNGBLUTH (1983):

Die Landschnecken Nord- und Mitteleuropas. – Parey Verlag Hamburg.

KIMURA, M. (1983):

The neutral theory of molecular evolution. In: Evolution of Genes and Proteins (M. NEI & R.K. KOEHN, eds). – Sinauer Ass. Inc., Sunderland.

LACY, R. C. (1992):

The effects of inbreeding on isolated populations: are minimum viable population sizes predictable? In: Conservation Biology. The Theory and Practice of Nature Conservation Preservation and Management (P. L. FIEDLER & S. K. JAIN, eds). – Chapman and Hall, New York.

MCCRACKEN, G.F. & R.K. SELANDER (1980):

Self-fertilization and monogenic strains in natural populations of terrestrial slugs. – Proceedings of the National Academy of Science of USA 77: 684-688.

NEI, M. (1987):

Molecular Evolutionary Genetics. – Columbia University Press. New York.

NEVO, E. & Z. BAR (1976):

Natural selection of genetic polymorphisms along climatic gradients. In: Population Genetics and Ecology (S. KARLIN & E. NEVO, eds). – Academic Press Inc., New York.

OCHMAN, H.; J.S. JONES, R.K. SELANDER (1987):

Large scale patterns of genetic differentiation at enzyme loci in the land snail *Cepaea nemoralis* and *Cepaea hortensis*. – Heredity 58: 127-138.

RIDDOCH, B. J. (1993):

The adaptive significance of electrophoretic mobility in phosphoglucose isomerase (PGI). – Biological Journal of the Linnean Society 50: 1-17.

SCHMELLER, D.; M. VEITH & A. SEITZ (1996):

Genflußschätzungen und deren Aussagekraft, dargestellt am Beispiel der Westlichen Beißschrecke *Platycleis albopunctata* (GOEZE, 1778). – Articulata 11 (1): 1-10.

SELANDER, R.K. & R.O. HUDSON (1976):

Animal population structures under close inbreeding: the land snail *Rumina* in southern France. – The American Naturalist 110: 695-718.

SPIESS, E. B. (1977):

Genes in Populations. – John Wiley & Sons, New York.

VEITH, M. & A. SEITZ (1995):

Anwendungsmöglichkeiten der Populationsgenetik für den Artenschutz. – Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie 24: 219-226.

WILSON, I. F. (1996):
Application of ecological genetics techniques to test for selection by habitat on allozymes in *Cepaea neworalis* (L.). – *Heredity* 77: 324-335.

WRIGHT, S. (1969):
Evolution and the Genetics of Populations (Vol. 2). Theory of Gene Frequencies. – The University of Chicago Press, Chicago.

————— (1978):
Evolution and the Genetics of Populations (Vol. 4). Variability Within and Among Natural Populations. – The University of Chicago Press, Chicago.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Georg Armbruster,
Zoologisches Institut
der Universität Leipzig,
– Spezielle Zoologie –
Talstr. 33,
04103 Leipzig

Zucht- und Wiederausbürgerungsprogramme

Udo GANSLOSSER

1. Vorbemerkungen

Im Rahmen der Veranstaltung über „Erhalt Genetischer Vielfalt“ werden in der folgenden Zusammenfassung vorwiegend genetische und demographische Aspekte des Managements bedrohter Arten ex-situ behandelt. Dies darf jedoch nicht darüber hinwegtäuschen, daß andere Bereiche, insbesondere Verhaltensbiologie, Funktionsmorphologie, Öko- und Reproduktionsphysiologie ebenso wichtige Beiträge zur Planung und Durchführung eines ex-situ-conservation programmes zu liefern haben. Der „Erfolg“ einer Population, oder auch eines Merkmales wird primär über den Erfolg und die Adaptiertheit des Phänotypes manifest (s. KAUMANN & GANSLOSSER 1995). Da die Selektion primär auf phänotypischer Ebene erfolgt, sind Vorgänge wie Sozialisation, Prägung, Ausbildung kognitiver Fähigkeiten etc von ebenso großer Bedeutung wie funktionsmorphologische oder physiologische constraints, d.h. durch art- oder populationstypische Einschränkungen begrenzte Anpassungsmöglichkeiten.

Der adaptive Erfolg eines neuen Merkmales oder einer neu angesiedelten Population kann nach Meinung von Evolutionsbiologen frühestens nach 5 Generationen festgestellt werden. Da in vielen Fällen die Bedingungen, unter denen bestimmte Merkmale adaptiv sind, nur unzureichend bekannt sind, besteht die einzige Möglichkeit darin, einen möglichst breiten Bereich von Variabilität in allen denkbaren Umweltparametern zu präsentieren, und auch ein gutes Maß an Unvorhersagbarkeit und Wechsel in den Umweltbedingungen zu erreichen. Keinesfalls darf durch Präsentation von „optimalen“ oder „Mittelwertbedingungen“ in allen beteiligten Zuchtinstitutionen eine gerichtete bzw. stabilisierende Selektion betrieben werden.

Die im Folgenden geschilderten Maßnahmen (und die o.g. Ausweitungen des Problems über das Thema dieses Beitrages hinaus) gelten ebenso für das Management kleiner Populationen in-situ, wenn z.B. eine Art in mehreren räumlich getrennten Reservaten lebt und als Metapopulation aktiv gemanagt wird.

2. Der erste Schritt:

2.1 Workshop & Aktionspläne PHVA / CAMP

Im folgenden sollen einige wichtige Aktivitäten der IUCN - SSC Conservation Breeding Specialist Group CBSG knapp beschrieben werden. Ausführliche Informationen und Adressen sind in GANSLOSSER (1996) zu finden.

Als ersten Schritt zur genauen Einschätzung des Bedrohungsgrades eines Taxons (das können je nach Verbreitung und Lebensraum, Unterarten bis Familien sein) wird ein sog. PHVA – Workshop (Population & Habitat Viability Analysis, Lebensraum- und Populations-Überlebensfähigkeit) anberaumt. Dieser Workshop findet möglichst in den sog. range countries, also einem Land des Verbreitungsgebietes der Art statt. Das Ziel dieses Workshops ist einerseits die Sammlung und Auswertung von Informationen, sowie die Formulierung von Management-Plänen und -Zielen.

Zur Informationssammlung werden einerseits alle relevanten, verstreuten Publikationen und früheren Berichte vor der Tagung gesammelt, andererseits Spezialisten aus den Gebieten Ökologie, Verhalten, Systematik, ggf Veterinärmedizin, Genetik etc zum Workshop eingeladen, die dann über ihre Kenntnisse des betreffenden Taxons berichten. Ziel ist eine umfassende Datensammlung aller genetischen, demographischen und Umweltfaktoren, die die Überlebens- bzw Aussterbewahrscheinlichkeit der Art beeinflussen (können). Mit zu den Teilnehmern gehören ferner Vertreter der einschlägigen Naturschutzbehörden bzw Reservatsleitungen, einschlägig aktive Naturschutzorganisationen, sowie Personen die möglicherweise vor Ort PR und Aufklärungsarbeit leisten können. Die Teilnehmerzahl sollte nicht weit über 30 gehen.

Mit Hilfe der möglichst umfangreichen gesammelten Daten, die auch z.B. regelmäßige Verluste durch Wilderei einbeziehen, werden dann für jede Population Simulationen gerechnet, z.B. mit dem VORTEX-programm, die die Aussterbe- bzw Überlebenswahrscheinlichkeit der betr. Art bzw Population angeben. Je nach Wahrscheinlichkeit des Aussterbens in den nächsten 5/20/100 Jahren, der effektiven Populationsgröße, Subpopulationsaufsplitterung etc (s.Tab 1) erfolgt die Einteilung in die sog Mace – Lande Skala. Etwas weniger zukunftsgerichtet – hypothetisch, sondern an den Entwicklungen der letzten Jahre orientiert sind die Kriterien der neuen IUCN – Einstufung, die ab 1994 gelten, s.Tab 2.

Am Ende der PHVA Analysen, bzw im Anschluß an die Ergebnisse der Simulationen werden dann in einem weiteren Schritt die ManagementPläne erarbeitet. Auch hierfür wird idR zunächst ein Workshop anberaumt, in dem die Ergebnisse der PHVAs meist für taxonomisch größere Gruppen, in Empfehlungen für Management, Schutz, ggf Erhaltungszuchtprogramme, politisch-soziokulturelle Aktivitäten etc umgesetzt werden. Aus dem Spektrum der Empfehlungen sollen die Aspekte Management und Nachbarschaftsbeziehungen herausgehoben werden, da sie neue und moderne Denkanstöße beinhalten.

Table 1 MACE-LANDE CATEGORIES AND CRITERIA FOR THREAT

POPULATION TRAIT	CRITICAL	ENDANGERED	VULNERABLE
Probability of extinction	50% within 5 years or 2 generations, whichever is longer	20% within 20 years or 10 generations, whichever is longer	10% within 100 years
	OR	OR	OR
	Any 2 of the following criteria:	Any 2 of following criteria or any 1 CRITICAL criterion	Any 2 of following criteria or any 1 ENDANGERED criterion
Effective population N_e	$N_e < 50$	$N_e < 500$	$N_e < 2,000$
Total population N	$N < 250$	$N < 2,500$	$N < 10,000$
Subpopulations	≤ 2 with $N_e > 25$, $N > 125$ with immigration < 1/generation	≤ 5 with $N_e > 100$, $N > 500$ or ≤ 2 with $N_e > 250$, $N > 1,250$ with immigration < 1/gen.	≤ 5 with $N_e > 500$, $N > 2,500$ or ≤ 2 with $N_e > 1,000$, $N > 5,000$ with immigration < 1/gen.
Population Decline	> 20%/yr. for last 2 yrs. or > 50% in last generation	> 5%/yr. for last 5 years or > 10%/gen. for last 2 years	> 1%/yr. for last 10 years
Catastrophe: rate and effect	> 50% decline per 5-10 yrs. or 2-4 generations; subpops. highly correlated	> 20% decline/5-10 yrs, 2-4 gen > 50% decline/10-20 yrs, 5-10 gen with subpops. highly correlated	> 10% decline/5-10 yrs. > 20% decline/10-20 yrs. or > 50% decline/50 yrs. with subpops. correlated
OR			
Habitat Change	resulting in above pop. effects	resulting in above pop. effects	resulting in above pop. effects
OR			
Commercial exploitation or Interaction/introduced taxa	resulting in above pop. effects	resulting in above pop. effects	resulting in above pop. effects

Tabelle 1

Mace - Lande Skala zur Einstufung des Bedrohungsgrades.

Table 2. DRAFT IUCN RED LIST CATEGORIES - FEBRUARY 1994

ANY of the following criteria may be used to assign categories:	CRITICAL	ENDANGERED	VULNERABLE
Population reduction	<p>≥ 80% decline in last 10 yrs based on:</p> <p>a) direct observation OR b) decline in area of occupancy, occurrence and/or habitat quality OR c) actual or potential levels of exploitation OR d) introd. taxa, hybridization, pathogens, pollutants, competitors or parasites</p> <p>OR</p> <p>≥ 80% decline/10yrs predicted in near future</p>	<p>≥ 50% decline in last 10 yrs or 2 generations based on:</p> <p>Est. < 5,000 km² or area of occupancy est. < 500 km², AND TWO of the following:</p> <p>Severely fragmented OR ≤ 5 locations</p>	<p>≥ 50% decline in last 20 yrs or 5 generations based on:</p> <p>Est. < 20,000 km² or area of occupancy est. < 2,000 km², AND TWO of the following:</p> <p>Severely fragmented OR ≤ 10 locations</p>
Extent of occurrence	<p>Est. < 100 km² or area of occupancy est. < 10 km², AND TWO of the following:</p> <p>Severely fragmented OR single location.</p>	<p>Decline in ANY of the following:</p> <p>a) extent of occurrence b) area of occupancy c) area, extent, and/or quality of habitat d) # of locations or subpopulations e) # of mature individuals</p> <p>Extreme fluctuations in ANY of the following:</p> <p>a) extent of occurrence b) area of occupancy c) # of locations or subpopulations</p>	
Population estimates	<p>Est. < 250 mature indivs. AND:</p> <p>Decline ≥ 25% within 3 yrs or one generation, whichever is longer</p> <p>OR</p> <p>Decline in mature individuals AND population structure EITHER a) no pop. w/ > 50 mature indivs. OR b) all indivs. in single subpop.</p>	<p>Est. < 2,500 mature indivs. AND:</p> <p>Decline ≥ 15% within 5 yrs or 2 generations, whichever is longer</p> <p>OR</p> <p>Decline in mature individuals AND population structure EITHER a) no pop. w/ > 250 mature indivs. OR b) all indivs. in single subpop.</p>	<p>Est. < 10,000 mature indivs. AND:</p> <p>Decline ≥ 20% within 10 yrs or 3 generations, whichever is longer</p> <p>OR</p> <p>Decline in mature individuals AND population structure EITHER a) no pop. w/ > 1,000 mature indivs. OR b) all indivs. in single subpop.</p>
# of mature individuals	<p>Est. < 50 mature individuals</p>	<p>Est. < 250 mature individuals</p>	<p>Est. < 1,000 mature individuals</p>
Probability of extinction	<p>≥ 50% within 5 yrs or 2 generations, whichever is longer</p>	<p>≥ 20% within 20 yrs or 5 generations, whichever is longer.</p>	<p>≥ 10% within 100 yrs</p>

Tabelle 2

IUCN - Einstufung des Bedrohungsgrades.

Management: Für jedes Reservat bzw jede Population des betr. Taxons wird eine Zielpopulationsgröße vorgegeben, die innerhalb eines kurz-, mittel- und langfristigen Zeitraumes erreicht werden soll. Man wählt dabei oft die Zeiträume 7, 20 und 50 bzw 100 Jahre. Diese Zielpopulation wird anhand bekannter Daten wie Streifgebietsgröße, Nahrungsselektivität, Tragfähigkeit des betreffenden Gebietes, Größe der jetzt vorhandenen Population, Möglichkeiten zur Umsiedlung von Individuen aus verstreuten oder nicht schützbareren Gegenden etc festgelegt, und regelmäßig, mindestens alle 3 Jahre, überprüft zu wieviel % das Ziel erreicht wurde. Diese Methode hat den Vorteil daß Störungen, die z.B. zu niedrigerer als optimaler Fortpflanzungsrate führen, frühzeitig erkannt werden können.

Community relations: Eine ebenfalls neue Politik der Aktionspläne ist die stärkere Einbeziehung der lokalen Bevölkerung. Durch Aufklärungskampagnen, Pläne für mögliche nachhaltige Nutzung, Beteiligung der lokalen Gemeinwesen an den Erträgen der Schutzgebiete etc soll die Schutzaktivität besser in das Bewußtsein der Bevölkerung eingebunden werden. (etwa: Vom Nationalpark kriegt Ihr alle Kliniken und Schulen, wenn aber ein Wilderer ein Nashorn tötet kriegt nur er allein das Geld dafür)

2.2. Genetik und Demographie

Ein im Dienste der PHVA/CAMP zentraler Parameter der Simulationen ist u.a. wieder die effektive Populationsgröße. Die effektive Populationsgröße wird in starkem Maße vom Sozialsystem einer Art beeinflusst. So ist beispielsweise N_e bei einer Population von 12 Harems mit je einem ♂ und 5 ♀♀, und einem Rest von 28 nicht reproduktiven Jungesellen nicht etwa 72 sondern 40!

Auch variierende Familiengröße, z.B. durch unterschiedlich erfolgreiche Jungenaufzucht, beeinflusst bzw reduziert N_e .

Ein Populationseinbruch irgendwann, selbst wenn er nur eine Generation lang anhält, wirkt sich ebenfalls ungeahnt stark auf N_e aus:

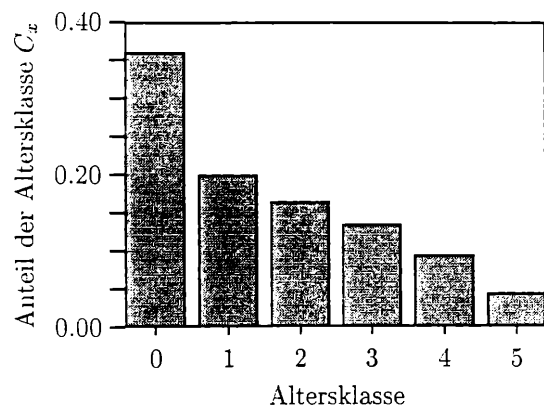


Abbildung 1

Beispiel einer stabilen Alterspyramide, aus GANSLOSSER 1996.

Hat z.B. eine Population 9 Generationen lang 100 reproduktive Individuen, und 1 x nur 25, so ist Ne über 10 Generationen bereits 77. (Zur Berechnung, und weiterführende Literatur s. GANSLOSSER 1996).

Aus diesen wenigen Angaben wird bereits ersichtlich, daß Management Empfehlungen in jedem Fall nach Heranführen an die Tragfähigkeit des Gebietes (s.u. 3) auf möglichste Vermeidung von Populationsschwankungen ausgerichtet sein müssen.

Dazu werden mit Hilfe demographischer Daten, z.B. altersspezifische Mortalität und Fertilität, Wachstumskonstanten der Populationen, Ausgangspopulationsgrößen und -alterspyramiden, die Möglichkeiten zur Erzielung einer stabilen Alterszusammensetzung und eines Nullwachstums der Population errechnet.

Nach einer bestimmten Zahl von Generationen stellt sich bei gleichbleibender alters- und geschlechtsspezifischer Mortalität und Fertilität immer eine stabile Alterspyramide ein, in der jede jüngere Generation zahlreicher ist als irgendeine ältere (s. Abb 1). Nur Katastrophen, ungeplante Eingriffe des Menschen o.ä. Ereignisse verhindern dann, daß das Wachstum von da an, unabhängig von Größe und Zusammensetzung der Ausgangspopulation, nur von den o.g. alters- und geschlechtsspezifischen Werten abhängt. Umgekehrt kann, sobald eine solche stabile Pyramide erreicht ist, durch Management-Maßnahmen ein Nullwachstum erreicht werden. In der Regel führen mehrere mögliche Wege zum gleichen Ziel (s. Abb. 2).

3. Empfehlungen für Erhaltungszuchtprogramme

Während des CAMP Workshops wird gegebenenfalls die Empfehlung zum Start bzw zur koordinierten Weiterführung eines ex-situ Erhaltungszuchtprogrammes gegeben. Ähnlich wie bei den in-situ Managementplänen werden auch hier, auf genetischer und demographischer Basis, Zielpopulationszahlen festgelegt. Die Empfehlungen des CAMP können, sofern sie ein ex-situ Zuchtprogramm positiv befürworten, auf drei Stufen erfolgen.

Stufe 1 empfiehlt die Entwicklung eines Zuchtprogrammes, mit entsprechenden genetischen und demographischen Analysen, mit dem Ziel der Erhaltung von 90 % der derzeitigen Variabilität über 100 Jahre. Stufe 1-Programme sollten nach dem Start völlig von wildlebenden Populationen unabhängig sein.

Stufe 2 enthält ähnliche Vorgaben wie Stufe 1, geht jedoch von der Möglichkeit der Einbringung neuer, unverwandter Individuen hin und wieder aus. Daher kann die Zielpopulation kleiner sein als bei Stufe 1-empfehlungen.

Stufe 3 umfaßt Arten, bei denen ein Erhaltungszuchtprogramm nicht aufgrund genetischer oder demographischer, wohl aber z.B. aus edukativen oder forschungsrelevanten Gründen sinnvoll scheint.

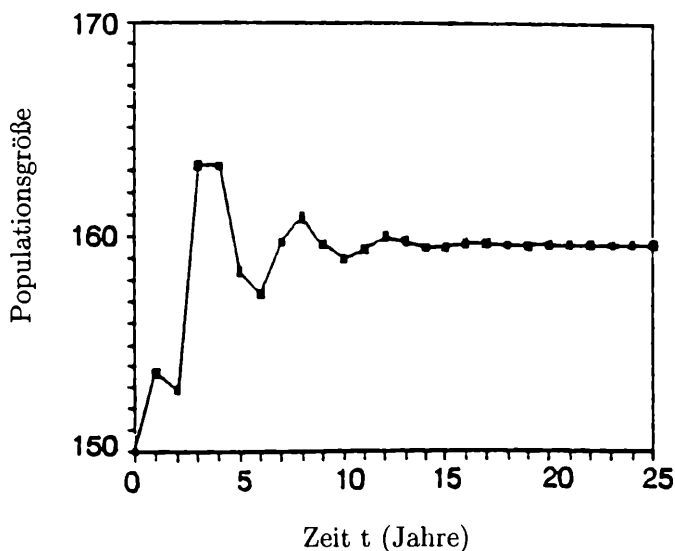
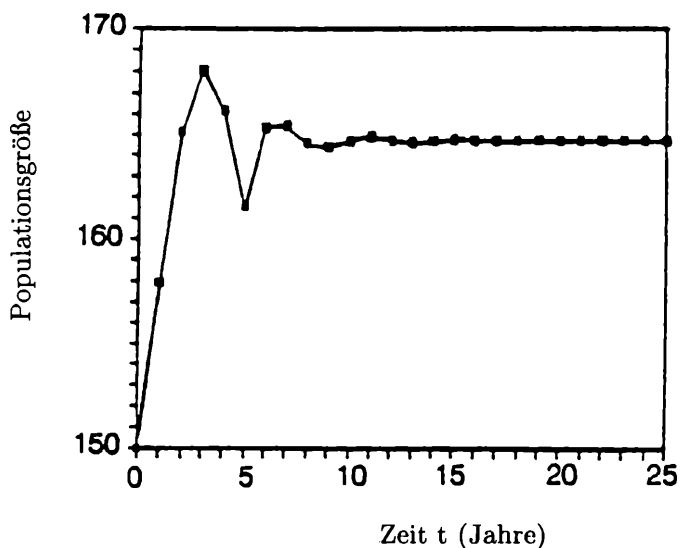


Abbildung 2a/b

Beispiele für Populationsmanagement auf Nullwachstum einer Modellpopulation

- a) jährlich werden 27 % der Tiere aus der Altersklasse vor der Geschlechtsreife entfernt
- b) 95 % der Weibchen einer bestimmten Altersklasse werden pro Jahr für ein Jahr von der Reproduktion ausgeschlossen. (aus GANSLOSSER 1996)

Auch für die Durchführbarkeit eines an sich wünschenswerten Programmes werden nochmal verschiedene Einstufungen vorgenommen.

- 1 = geringe Schwierigkeit, da alle Kenntnisse für Fang, Haltung und Zucht zumindest vergleichbarer Taxa z.B. in der Zoowelt vorhanden sind.
- 2 = mäßige Schwierigkeit, zumindest einige Methoden müssen verbessert werden.
- 3 = sehr schwierig, keine Erfahrung mit vergleichbaren Taxa, Methoden und Techniken müssen entwickelt werden.

Im Anschluß an eine CAMP-Empfehlung werden zunächst weltweit die Ex-situ Aktions-Empfehlungen (GCAR, Global Captive Action Recommendations) erarbeitet, in denen der derzeitige Status und die Managementempfehlungen für die Bestände in Menschenobhut präzisiert werden (welche Taxa werden gehalten, welche sollten gehalten werden, wie können Zoos und ähnliche Institutionen die in-situ Arbeit für diese Taxa konkret unterstützen etc). Auch GCAR-, wie CAMP-empfehlungen umfassen größere Taxa, z.B. Gattungen, meist aber Familien.

Ebenso wie CAMPs werden auch GCARs regelmäßig überarbeitet, evaluiert und angepaßt.

Im Anschluß an die globalen GCAR empfehlungen werden nun die regionalen Zoo-Assoziationen aktiv. In Europa gilt das für EAZA, Europ. Association of Zoos and Aquaria. Diese hat für jedes Großtaxon eine Taxon Advisory Group = TAG, in der Zooleute mit besonderer Erfahrung an diesem Taxon (z.B. Marsupialia oder Katzen oder Hirsche) zusammenarbeiten mit Systematikern, Ökologen, Verhaltensbiologen etc die ebenfalls an diesem Taxon forschen. Die TAG empfiehlt dann die Einrichtung eines EEP = Europ. Erhaltungszucht-Programms nach ähnlichen Kriterien wie oben für die CAMP-empfehlungen ausgeführt. Wird ein EEP für eine Art genehmigt, und ein Koordinator ernannt (i.d.R. ist das jemand der entweder diese Art besonders gut durch frühere Forschungsarbeit oder durch jetzige Haltungs- und Zuchterfolge kennt) so wartet auf diese Person zunächst sehr viel Arbeit. Der gesamte europäische Zoobestand dieser Art muß erfaßt werden, falls es kein Zuchtbuch gibt muß jeder Zoo um die entsprechenden Informationen gebeten werden. Für die genetischen und demographischen Analysen braucht

man auch die historischen Berichte über Abstammung bis hin zu den ursprünglich importierten Gründertieren. Daraus können dann genetische und demographische Analysen der jetzigen europäischen Zoopopulation gerechnet werden. Nächster Schritt ist die Festsetzung einer Zielpopulationsgröße, die dann um den Verlust genetischer Variabilität gering zu halten, in so kurzer Zeit wie möglich, d.h. in so wenigen Generationen wie möglich erreicht werden soll – je mehr Nachkommen ein Elterntier/paar in der Wachstumsphase hat, desto mehr von seinen erblichen Eigenschaften geht in die nächste Generation. Ist die Kapazitätsgrenze erreicht, so soll (s.o.) mit möglichst gleicher Familiengröße und konstantem Nullwachstum gezüchtet werden. Für diese Populationsmanagement-Maßnahmen braucht der Koordinator aber erst mal seine/ihre Teilnehmer. Jeder Zoo (oder Institute, oder interessierte Privatleute können mitmachen) der die Art will oder hat, muß vor Aufnahme in das EEP eine Teilnahmeerklärung unterschreiben die etliche Verpflichtungen enthält: Die Teilnehmer erklären verbindlich, für mindestens 6 Jahre die angegebene

Zahl von Individuen zu halten. Sie verzichten auf das formelle Eigentum, und erklären sich bereit, hinsichtlich Zuchtgruppierungen, Tiertransfers, Abgabe von Jungtieren etc den Empfehlungen des Koordinators bzw Artkommittees zu folgen. Diese Verpflichtungen sind der gravierende Unterschied zwischen einem koordinierten Zuchtprogramm, und einem reinen Zuchtbuch als Register. Die Verpflichtung der EEP Teilnahme geht u.U. sogar über die Art hinaus, z.B. dürfen keine Nicht-EEP Arten in Platzkonkurrenz mit EEP-Arten treten, d.h. häufige Arten, die gleiche Haltungsansprüche haben, sollen zu Gunsten der seltenen EEP-Arten abgeschafft werden, sofern sie nicht – z.B. aus edukativen Gründen – von der TAG empfohlen wurden.

Anhand der bisherigen Verpflichtungserklärungen sowie eventuell zu werbender weiterer Halter kann dann die Kapazität für diese Art ermittelt, die Zielpopulationsgröße formuliert und die Wachstumsrate berechnet werden. Verpaarungen von Individuen erfolgen zunächst auf der Basis genetischer Optimierung, d.h. möglichst ausgeglichene Gründerrepräsentation, geringe Inzuchtrate.

Um den Koordinator bei der Arbeit zu unterstützen (und etwas Demokratie in die Sache zu bringen) gibt es idR ein Artkomitee, das aus je nach Zahl der beteiligten Halter, 5-15 gewählten Repräsentanten der beteiligten Halter besteht, wobei z.B. auf geographische Ausgewogenheit der Herkunftsländer zu achten ist. Die Entscheidungen des Artkomitees sind für alle Halter bindend.

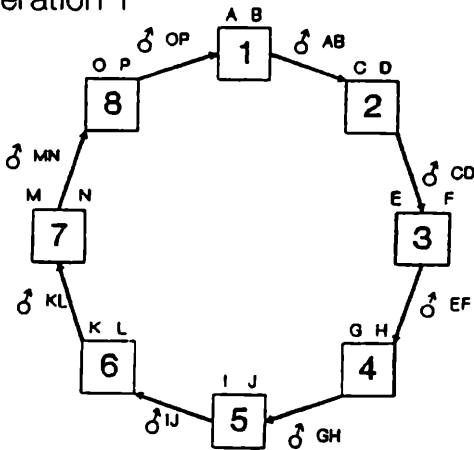
Aufgabe des Artkomitees, neben dem Beschluß über Transfers, Zuchtstops, Zielpopulationsgrößen etc, ist auch die Verabschiedung von Haltungsrichtlinien für diese Art.

Der Koordinator berät nicht nur die Halter bezüglich Haltung und Zucht, sondern wird inzwischen oft auch von nationalen CITESbehörden hinzugezogen, bevor eine Importgenehmigung für CITES-Tiere bzw die Haltungsgenehmigung erteilt wird.

Während in den Anfangsphasen eines Zuchtprogrammes zunächst die Gründerrepräsentation und der Aufbau einer demographisch sinnvollen Alterspyramide im Vordergrund der Managementbemühungen stehen, sind später, vor allem bei Tieren der CAMP Empfehlungsstufe 1, Inzuchtvermeidungsmaßnahmen besonders wichtig. Sobald alle potentiell möglichen Gehege besetzt sind, muß nach einem MAI = Maximum Avoidance of Inbreeding schema gearbeitet werden, d.h. die Nachkommen eines Geschlechts jeder Gruppe werden in die Nachbargruppe verschoben (s. Abb 3). Durch ein solches Schema dauert es genauso viele Generationen wie beteiligte Gruppen, bis erstmals Nachkommen wieder zu ihren Vorfahren kommen. Gerade für die Planung von MAIZyklen sind genaue Kenntnisse des arttypischen Abwanderungsverhaltens und der Sozialisationsabläufe wichtig.

Auch hier muß wieder betont werden, daß das Intensivmanagement stark bedrohter Arten, z.B. Nashörner im südlichen Afrika oder in Kenya, im Prinzip mit den gleichen Methoden arbeitet (EMSLIE & ADCOCK 1997, FOOSE & MILLER 1997).

Generation 1



Generation 2

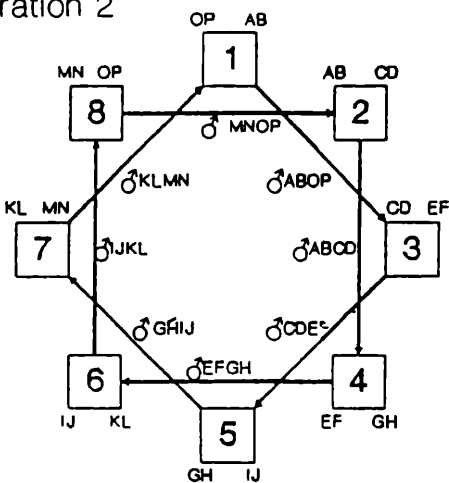


Abbildung 3

MAI - Plan für den Transfer von Jungtieren zwischen 8 Gruppen.

a) Erste Generation

b) zweite Generation (aus GANSLOBER 1996)

Läuft das Erhaltungszuchtprogramm einigermaßen reibungslos, so kann an die letztendliche Zielsetzung der Wiederaussiedlung gedacht werden.

4. Wiederauswilderung und -ansiedlung

siehe Berichte in GIPPS (1991),
OLNEY *et al.* (1994)

Wiederansiedlung allein, und damit auch ex-situ Zucht allein, kann kein Taxon für dem Aussterben retten. Auch die Vertreter der Zoo- und ex-situ-Zuchtprogramme betonen dies ständig (z.B. CBSG 1994, IUCN/IUDZG 1993, MÜHLING 1996). Ziel der ex-situ Programme ist stets, sofern sie nicht edukative oder PR-Zwecke haben, eine genetische und demographische Reserve vorzuhalten, die zu geeigneter Zeit den vordringlichen in-situ Schutz ergänzt. Wiederansiedlungen/Wiederausbürgerung oder auch Neuansiedlung in vergleichbaren Habitaten sind nur sinnvoll, wenn eine Reihe von Voraussetzungen erfüllt sind: Die Art sollte nicht aufgrund eines schlechten Habitatzustandes, sondern auf Grund anderer Faktoren bedroht sein, z.B. Räuber oder andere gefährliche Tiere, die früher in direktem Konflikt mit dem Menschen standen, Arten, die Opfer des Tierhandels oder einer Traditionsmedizin wurden, Arten die in kleinen Populationen anfällig für Katastrophen sind, Opfer einer früheren Populationskontrolle wurden, oder in bestimmten Gebieten durch eingeführte Konkurrenten oder Räuber bedroht wurden (z.B. flugunfähige Vögel auf neuseeländischen Hauptinseln, Kleinbeutler auf dem australischen Kontinent, die beide von Füchsen, Ratten etc bedroht sind, und auf kleinen vorgelagerten Inseln vor diesen europäischen Einschlepplingen sicher sind).

Obwohl Wiederansiedlungen sehr aufwendig sind, können sie einen großen Wert für Naturschutzprojekte haben, z.B. um die lokale Bevölkerung, (und die breite Sponsorenöffentlichkeit) für den Wert eines Gebietes und eines Schutzprojektes zu gewinnen, Flaggschiffarten wieder in Gebiete zurück zu bringen, „natürliche“ Landschaftsgestalter, z.B. Samenverbreiter, oder Elefanten als Erhalter der offenen Baumsavanne in Südafrika, wieder einzubringen, Techniken für das Metapopulationsmanagement vereinzelter Restpopulationen zu entwickeln etc.

Voraussetzung für die Auswilderung sind sowohl adäquater Schutz als auch adäquate Größe des vorgesehenen Gebietes.

Ein Wiedereingliederungsprojekt sollte nach den von CBSG und Re-Introduction Specialist Group RSG erarbeiteten Richtlinien erfolgen, und folgende Bereiche im Vorfeld sichergestellt und abgeklärt haben:

Eine genügende Anzahl von Tieren muß über längere Zeit hinweg regelmäßig zur Verfügung stehen – hier ist ein enger Kontakt zu den regionalen Koordinatoren des ex-situ Projektes nötig.

Eine Wieder- oder Neu (s.o.) ansiedlung sollte, um erfolgversprechend zu sein, auch noch bezüglich folgender spezieller Aspekte fundiert werden:

- 1) Vorbereitendes Training, z.B. Beutefang, oder Freßfeindvermeidung
- 2) Akklimatisierung, mindestens ein Tier muß einige Tage vor dem Freilassen in der neuen Umgebung gehalten werden, um die Anpassungsfähigkeit zu prüfen
- 3) Medizinische Untersuchungen
- 4) Genetische Vorauswahl der Tiere bezüglich Gründerrepräsentation, Inzuchtkoeffizienten, mittlere Verwandtschaftsgrade etc
- 5) Training ggf. auch nach der Freilassung fortsetzen
- 6) Vorkehrungen zur Versorgung der Tiere in Notsituationen auch nach der Ausbürgerung treffen
- 7) Überwachen der Tiere durch begleitende Beobachtungen, Bestandsschätzungen, Kontrolle des Fortpflanzungserfolges etc nach der Auswilderung
- 8) Beteiligung der lokalen Bevölkerung an den notwendigen Aktivitäten
- 9) lokale Aufklärungsarbeit bereits vor der Aktion
- 10) Erfolgskontrolle:
Pragmatisch gesehen geht man erst dann von einem endgültig erfolgreichen Projekt aus, wenn eine Wildpopulation von 100-500 Tieren ohne direkte Unterstützung des Menschen (außer Bewachung des Reservates o.ä.) überlebt. Von der Theorie her sagen Evolutionsbiologen, daß frühestens nach 5, besser 10 Generationen der Erfolg eines neuen Merkmals oder einer Population beurteilt werden kann. (s. KAUMANN & GANSLOSSER 1995).

Insgesamt wurden bis 1994 ca 150 Projekte, mit ca 130 Arten nach diesen Richtlinien dokumentiert. 77 % davon betrafen Vögel oder Säugetiere.

Literatur :

CBSG (1994):
Conservation Assessment & Management Plan Workshop Reference Material Packet. – Apple Valley, MN

EMSLIE R. & K. ADCKOCK (1997):
Bedrohung, Schutz & Management des Spitzmaulnashorns. In: Die Nashörner. – Filander Verlag Fürth (im Druck)

FOOSE, T. & E.MILLER (1997):
Nashörner im Zoo. In: Die Nashörner. – Filander Verlag Fürth

GANSLOSSER, U. (Hrsg. 1996):
Kurs Tiergartenbiologie. – Filander Verlag Fürth

GIPPS, J. (ed. 1991):
Beyond Captive Breeding. Symposia of the Zoological Society of London. – Academic Press, London

IUDZG/IUCN (eds, 1993):
The World Zoo Conservation Strategy. – Chicago Zool.Society, Brookfield, Ill.

KAUMANN, W. & U.GANSLOSSER (1995):
An evolutionary approach to captive propagation. pp 335-338 in: U.GANSLOBER, J.K.HODGES, W.KAUMANN (eds): Research & Captive Propagation. – Filander Verlag, Fürth

MÜHLING, P. (1996):

Neue Wege in der Haltung und Zucht von Wildtieren pp 7-21 in: U. GANSLOBER (ed): Kurs Tiergartenbiologie. – Filander Verlag, Fürth.

OLNEY, P.; G.MACE, A.T.FEISTNER (eds, 1993):
Creative Conservation. Chapman & Hall, London.

Anschrift des Verfassers:

PD Dr. Udo Ganslosser
Institut für Zoologie (I)
der Universität Erlangen-Nürnberg
Staudtstraße 5
D-91058 Erlangen

Genetische Vielfalt im Wald – wie erkennen? wie erhalten?

Monika KONNERT

1. Bedeutung der genetischen Vielfalt für das Ökosystem Wald

Der Begriff „biologische Vielfalt“ oder „Biodiversität“ (im englischen „Biodiversity“) ist wegen seiner Komplexität schwer faßbar und wird auch von Fachleuten oft mißverständlich gebraucht, meist als Synonym für Artenvielfalt. Dabei ist biologische Diversität eigentlich viel mehr als nur Artenvielfalt. Sie impliziert nämlich:

- die Vielfalt der Lebensräume,
- die Vielfalt der Arten und
- die Vielfalt der Erbanlagen (oder die genetische Vielfalt).

Für Waldökosysteme ist die genetische Vielfalt, d.h. die Verschiedenheit der genetischen Ausstattung der Bäume eines Bestandes, besonders wichtig. Waldbäume gehören zu den langlebigsten Organismen unserer Erde. Sie sind zudem ortsgebunden und wachsen auf unterschiedlichsten Standorten, an die sie sich jeweils anpassen müssen. Sie sind während ihres langen Lebenszyklus häufig wechselnden Umwelteinflüssen ausgesetzt, die vom Menschen nur begrenzt beeinflussbar sind. All dies unterscheidet sie grundlegend von fast allen lebenden Organismen. Es unterscheidet sie auch von den landwirtschaftlichen Nutzpflanzen mit vergleichsweise sehr kurzem Lebenszyklus, die meist in einer homogenen und vom Menschen massiv manipulierten Umwelt wachsen. Für Waldbäume und für Waldbaumpopulationen (Bestände) ist also die Fähigkeit, sich an variierende Umweltbedingungen anpassen zu können, besonders wichtig. Voraussetzung dafür ist die genetische Variation sowohl auf der Ebene des Einzelbaumes (hoher Anteil heterozygoter Genorte) als auch auf der Ebene der Population (Waldbestand) (z.B. GREGORIUS *et al.* 1985, GEBUREK 1994, MÜLLER-STARCK *et al.* 1995).

Bäume mit Genvarianten, die an die derzeitigen ökologischen Bedingungen am besten angepaßt sind, haben eine höhere Fitneß, d.h. eine Vitalitäts- und Fertilitätsüberlegenheit. Ändern sich diese Bedingungen, so muß sich die Population entsprechend anpassen. Diesen Anpassungsprozeß werden die Träger bestimmter Genvarianten möglicherweise gar nicht oder in ihrer Fitneß geschwächt überleben, während die Träger anderer Genvarianten unter den neuen Bedingungen eine höhere Fitneß haben werden. Man spricht in der Forstgenetik in diesem Sinne von einem operierenden (aktiven) genetischen Potential, bestehend aus den in der momentanen Situation anpassungsrelevanten Genen, und von einem latenten genetischen Potential, gebildet aus Genen, die derzeit nicht anpassungsrelevant sind (BERGMANN *et al.* 1990).

Damit ein Anpassungsvorgang stattfinden kann, muß also genetische Variation vorhanden sein. Gerade in unserer Zeit, wo sich die Umwelt schnell und grundlegend verändert – Ozonloch, Treibhauseffekt, Luft- und Bodenbelastung durch Immissionen sind nur einige Stichworte dafür – ist eine breite genetische Basis für unsere Waldökosysteme zu ihrem langfristigen Überleben dringend notwendig. Genetische Vielfalt muß also in unseren Wäldern erhalten werden:

- a) aus biologischen Gründen: sie bietet die Basis für die Anpassungsfähigkeit an Umweltbedingungen, die sich schnell räumlich und zeitlich ändern können.
- b) aus ökonomischen Gründen: weil künftig auch andere als die z.Zt. vorrangigen und wirtschaftlich wichtigen Eigenschaften Bedeutung erlangen können.
- c) aus ethischen Gründen: um die natürlichen Waldökosysteme mit einer möglichst großen Artenvielfalt und genetischen Mannigfaltigkeit für kommende Generationen zu bewahren und diese Populationen und Arten möglichst unbeschadet weiterzugeben.

Anlaß zur Besinnung auf die Notwendigkeit der Erhaltung der genetischen Vielfalt bzw. des genetischen Potentials unserer Wälder war das Waldsterben. Als die Waldschäden einen solchen Umfang angenommen hatten, daß bei manchen Baumarten ein Aussterben regional angepaßter Populationen befürchtet werden mußte, war Handeln notwendig. Denn selbst, wenn eine Art noch bei weitem nicht vollständig verschwindet, kann ihr Genbestand doch so stark verarmen, daß ihre Anpassungsfähigkeit drastisch reduziert wird und sie dadurch früher oder später vom Aussterben bedroht ist. Wir sprechen in diesem Fall von Genverlust, der zu Genverarmung und/oder Generosion führt. Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Vielfalt der Wälder, sog. Generhaltungs- oder Genkonservierungsmaßnahmen wurden eingeleitet. Im vorliegenden Band wird von BEHM (1996) über das „Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“ berichtet. Wichtig ist bei solchen Maßnahmen, daß sie auch wirklich das erreichen, wozu sie geplant und durchgeführt werden: die genetische Ressource, d.h. möglichst viel von deren genetischen Variation zu erhalten. Bei der Auswahl der Generhaltungsobjekte müssen vernünftige Prioritäten gesetzt werden; es müssen Entscheidungen getroffen werden über die Anzahl von Beständen, die in solche Maßnahmen einbezogen werden, über die Anzahl der Einzelbäume, die berücksichtigt werden müssen, über die Art der Erhaltung (z.B. vor Ort – „in situ“ oder ausgelagert – „ex situ“) etc. Dazu sind Kenntnisse über die phänotypische und genetische Varia-

tion notwendig. Wichtig ist es nämlich unter den aufgrund ihres phänotypischen Erscheinungsbildes als angepaßt eingestuft Beständen die anpassungsfähigsten, d.h. die mit hoher genetischer Vielfalt und/oder Diversität zu erhalten (RUETZ *et al.* 1996).

2. Bestimmung und Quantifizierung der genetischen Variation von Waldbaumpopulationen

2.1 Bestimmung der genetischen Variation

Mit der Erarbeitung geeigneter Methoden zur Bestimmung genetischer Variation von Waldbäumen wurde in der Forstgenetik vor etwa 25 Jahren begonnen. Inzwischen ist vor allem die Isoenzymanalyse, ein schon seit langem in der Populationsgenetik eingesetztes Verfahren, auch bei vielen Baumarten serienmäßig anwendbar. Es ist für die Forstgenetik vor allem deshalb interessant, weil es erlaubt, mit relativ geringem Zeit- und Kostenaufwand große Probestanden zu bearbeiten. Bei dieser Methode erfolgt die genetische Untersuchung nicht direkt an der Erbsubstanz (DNA), sondern an Eiweißstoffen, mit katalytischer Funktion im Stoffwechsel, Enzyme genannt. Die Zusammensetzung dieser Enzyme (ihre Aminosäurefolge) steht in eindeutiger Beziehung zu der Basenabfolge bestimmter Abschnitte der DNA, den Genen. Man kann somit von Enzymen unterschiedlicher Zusammensetzung, aber gleicher katalytischer Funktion, den Isoenzymen, auf unterschiedliche Varianten eines Gens, Allele genannt, schließen.

Isoenzyme können nach Extraktion aus dem pflanzlichen Gewebe mittels geeigneter chemischer Methoden, wie Elektrophorese, getrennt werden. Das Ergebnis einer solchen „Isoenzymanalyse“ ist ein aus farbigen Linien gebildetes Muster – das Zymogramm (BREITENBACH 1989, SCHROEDER 1986). Nach einer genetischen

Analyse, die auf den Vererbungsgesetzen Mendels beruht, kann man aus den Mustern der Zymogramme auf den Genotyp, d.h. auf die Kombination der von Vater und Mutter vererbten Gene schließen (z.B. HATTEMER *et al.* 1993). Trägt der Baum an einem Genort zwei gleiche Allele, so ist er an diesem Genort homozygot, im gegenteiligen Fall aber heterozygot (Abb. 1).

2.2 Quantifizierung der genetischen Variation

Durch die Untersuchung einer repräsentativen Stichprobe eines Bestandes (Waldbaumpopulation) kann auf die Art und Anzahl unterschiedlicher Genotypen und Allele (Varianten eines Gens) in der Population geschlossen werden. Die Häufigkeitsverteilung dieser genetischen Typen wird als genetische Struktur (genotypische oder allelische Struktur) bezeichnet. Eine Waldbaumpopulation ist also genetisch umso variabler, je mehr Genotypen und/oder Allele in ihr vorkommen. Genetische Variation ist nicht mit Artenvielfalt gleichzusetzen. So kann z.B. eine Fichtenmonokultur genetisch hoch variabel sein, ein Mischbestand aber kann, bezogen auf die einzelnen Baumarten, durchaus genetisch wenig variabel sein.

Ausgehend von den genetischen Strukturen kann mittels bestimmter Parameter die genetische Variation von Einzelbäumen und Populationen quantifiziert werden. Der Heterozygotiegrad eines Baumes zeigt den Anteil heterozygoter Genorte unter den untersuchten Genorten. Die genetische Variation innerhalb einer Population wird durch die genetische Vielfalt und Diversität beschrieben. Die Parameter zur Quantifizierung der genetischen Vielfalt berücksichtigen nur die Anzahl unterschiedlicher genetischer Varianten in einem Bestand, die Parameter für die genetische Diversität sowohl die Anzahl als auch die Häufigkeiten dieser Varianten. Je mehr Genvarianten in einem Bestand vorkommen, umso größer ist seine genetische Vielfalt; je gleich-

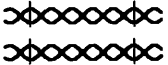
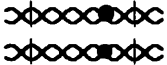
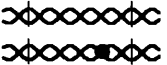
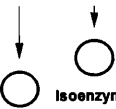
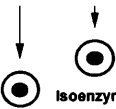
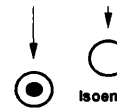



	Individuum 1	Individuum 2	Individuum 3
Genotyp	homozygot $A_1 A_1$	homozygot $A_2 A_2$	heterozygot $A_1 A_2$
DNA: Genlocus A	Allel A_1  Allel A_1	Allel A_2  Allel A_2	Allel A_1  Allel A_2
Enzym A	 Isoenzyme A_1 Isoenzyme A_1	 Isoenzyme A_2 Isoenzyme A_2	 Isoenzyme A_2 Isoenzyme A_1
Phänotyp: Zymogramm	 A_1	 A_2	 A_1 A_2

Abbildung 1

Isoenzyme: Produkte multipler Allele eines Genortes (nach SCHROEDER 1986).

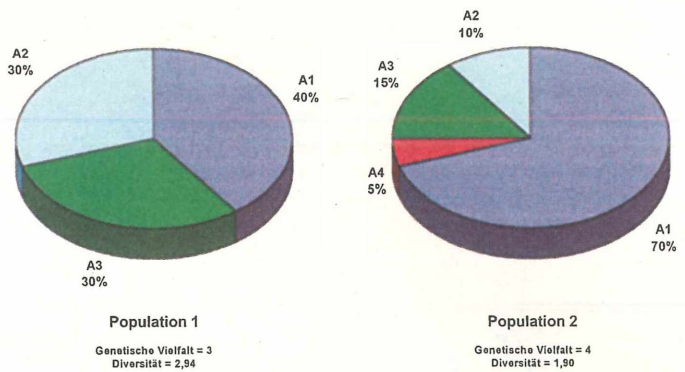


Abbildung 2

Allelische Struktur, genetische Vielfalt und Diversität in zwei Fichtenpopulationen.

mäßiger diese Genvarianten verteilt sind, umso größer ist seine genetische Diversität. In Abb. 2 ist dies an einem hypothetischen Beispiel für zwei Populationen dargestellt.

Die Unterschiede in den genetischen Strukturen zwischen Populationen werden durch den genetischen Abstand oder die genetische Differenzierung beschrieben. Der genetische Abstand zwischen zwei Populationen zeigt, welchen relativen Anteil der genetischen Elemente (Allele, Genotypen) man austauschen müßte, um aus der genetischen Struktur der einen Population die der anderen entstehen zu lassen. Die Differenzierung zwischen mehreren Populationen ist gleich dem genetischen Abstand jeder Population von ihrem Komplement - das sind die restlichen Populationen zusammengenommen.

Zur Berechnung genetischer Parameter, die in der Forstgenetik eingesetzt werden, siehe z.B. HATTEMER *et al.* (1993) und HATTEMER (1994). Es sei darauf hingewiesen, daß sich alle Werte zur genetischen Variation natürlich nur auf den experimentell untersuchten Teil der Erbanlagen beziehen.

3. Genetische Variation (Vielfalt, Diversität) und Forstwirtschaft

3.1 Allgemeine Betrachtungen

Erhaltung genetischer Variation kann zum einen im Rahmen gezielter Generhaltungsmaßnahmen realisiert werden. Dies ist natürlich nur für einen kleinen Teil des Waldes möglich. Deshalb müssen zunehmend Überlegungen angestellt werden, um auch in Wirtschaftswäldern der Erhaltung der genetischen Variation verstärkte Aufmerksamkeit zu schenken. Denn Waldbewirtschaftung und Erhaltung der Biodiversität auf allen drei Ebenen schließen sich nicht, wie oft fälschlich behauptet, von vornherein aus. Waldbewirtschaftung kann Biodiversität sowohl fördern als auch beeinträchtigen. Deshalb sollten waldbauliche Maßnahmen zunehmend so gestaltet werden, daß sie auch die Biodiversität des Ökosystems Wald, und damit seine Anpassungsfähigkeit, im Auge behalten. Sie sollten seine Artenvielfalt, die Vielfalt seiner Lebensräume und die genetische Vielfalt nachhaltig sichern.

Zur Erhaltung und Erhöhung der Artenvielfalt seien nur einige Schlagwörter erwähnt: Umbau von Monokulturen in Laubmischwälder, Anreicherung

baumartenarmer Waldgesellschaften mit geeigneten Mischbaumarten, kontrolliertes Einbringen bewährter fremdländischer Baumarten etc.

Die Vielfalt der Strukturen kann vor allem über die Bestandespflege und Verjüngungsform reguliert werden. So führen z.B. lange Verjüngungszeiträume zum Aufbau ungleichaltrig strukturierter Bestände mit unterschiedlichen ökologischen Nischen.

Die Idee der Sicherung der genetischen Vielfalt im Forst ist noch relativ neu und wird von der Praxis erst zögernd akzeptiert. Man spricht neuerdings zunehmend von der „genetischen Nachhaltigkeit“ (HATTEMER *et al.* 1993, MÜLLER-STARCK 1993, 1996). Zur Realisierung dieses wichtigen Ziels waren und sind die über biochemisch-genetische Methoden gewonnenen Erkenntnisse zur genetischen Variation in Waldbaumpopulationen wichtig.

3.2 Ergebnisse von Isoenzymanalysen als Entscheidungshilfen für waldbauliche Maßnahmen

Beispiel 1: Genetische Inventuren

Um der waldbaulichen Praxis wichtige Entscheidungshilfen z.B. bei der Durchführung von Generhaltungsmaßnahmen, zur Abgrenzung von Herkunftsgebieten, bei der Zulassung von Erntebeständen und/oder der Herkunftsidentifizierung bieten zu können, sind Kenntnisse über die genetische Variation der Baumarten in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet dringend erforderlich. Diese werden über sog. „genetische Inventuren“ gewonnen. Dabei werden Bestände aus vielen Teilbereichen nach derselben Methodik untersucht und verglichen. Solche Inventuren wurden für Bayern bislang von der LSP Teisendorf für Weißtanne (*Abies alba*) und Fichte (*Picea abies*) durchgeführt, an der Inventur der Buche wird z.Zt. gearbeitet. Andere Baumarten sollen folgen. Die Ergebnisse werden mit denen anderer Arbeitsgruppen verglichen, so daß ein möglichst breites Bild des genetischen Variationsmusters einer Baumart entsteht.

Für Tanne z.B. zeigten solche Untersuchungen in Süddeutschland deutliche regionale Unterschiede in den genetischen Strukturen. An mehreren Genorten wurde die stetige Zu- bzw. Abnahme der Häufigkeiten bestimmter Allele mit der geographi-

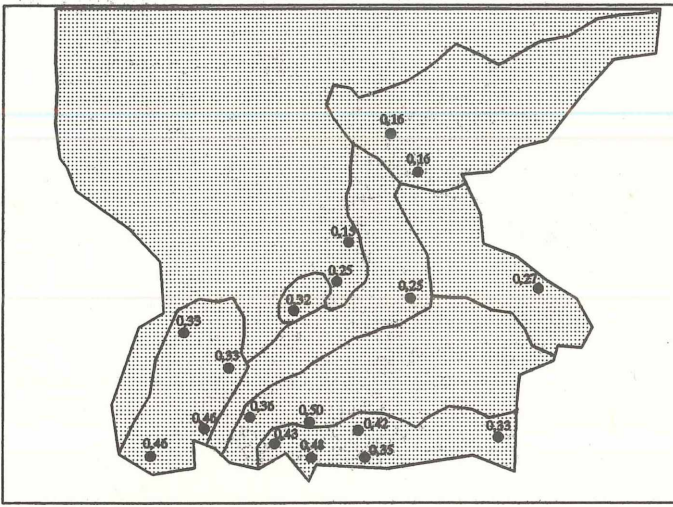


Abbildung 3

Häufigkeiten des Allels IDH-B2 in Weißtannenpopulationen aus verschiedenen Regionen Süddeutschlands

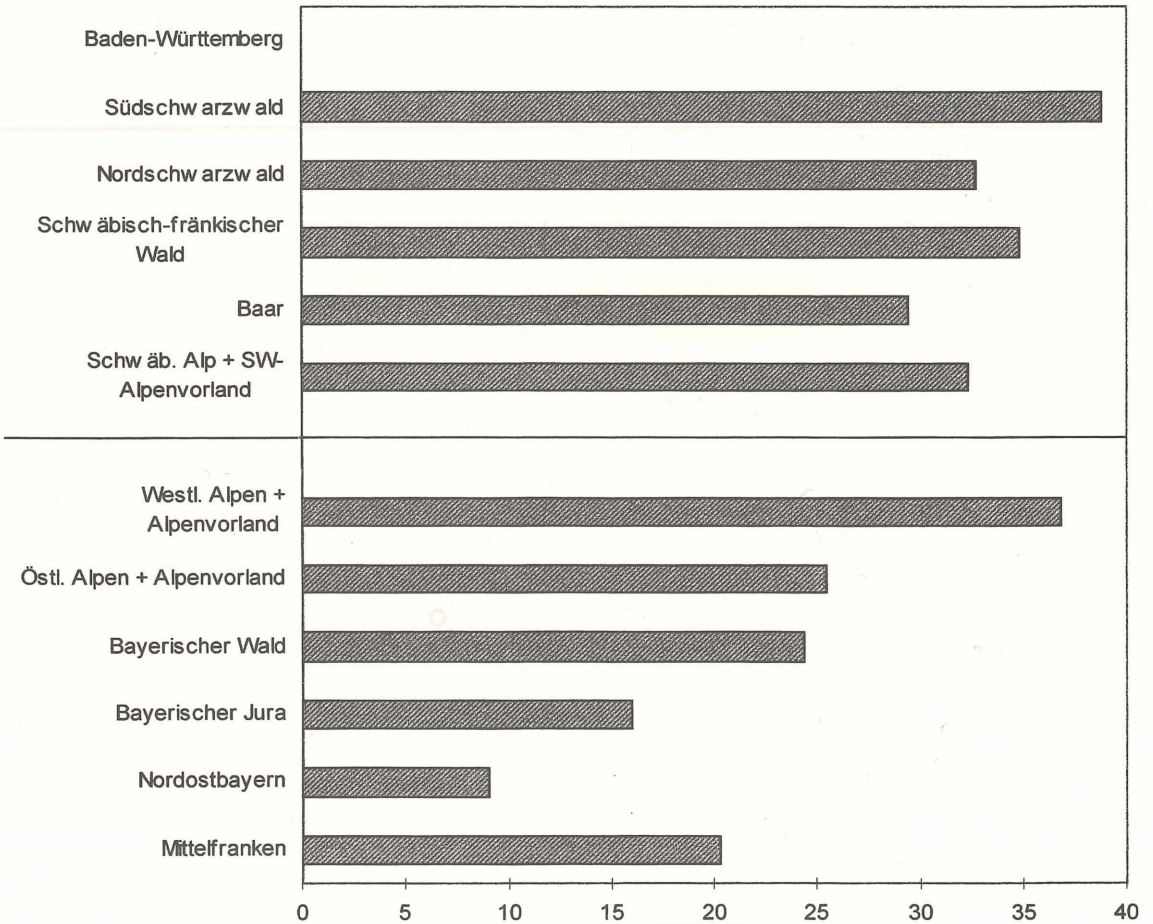


Abbildung 4

Genetische Diversität in Weißtannenpopulationen aus verschiedenen Regionen Süddeutschlands.

sehen Länge und/oder Breite beobachtet. So nimmt z.B. das Allel IDH-B₂ in Süddeutschland von West nach Ost und von Süd nach Nord ab. Es ist am häufigsten im Südschwarzwald und Allgäu (bis zu 50%) und erreicht in den nordostbayerischen und thüringischen Mittelgebirgen nur noch 10-18% (Abb.3).

Gleichzeitig haben Tannenpopulationen aus Südwestdeutschland (Schwarzwald, Baar, westl. Alpen u. Alpenvorland) eine höhere Diversität als solche

aus Südostdeutschland (östl. Alpen u. Alpenvorland, Bayerischer Wald). Noch weniger divers sind die Tannenpopulationen aus Nordostbayern und Thüringen (Abb.4) (KONNERT 1994).

Diese spezifische Variation der Weißtanne wird durch ihre nacheiszeitliche Rückwanderungsgeschichte erklärt (BREITENBACH-DORFER *et al.* 1992, KONNERT u. BERGMANN 1995). Je länger die Wanderwege aus den nacheiszeitlichen Refugien waren, umso stärker war der Selektions-

druck, vor allem durch die starke Konkurrenz der Buche. Einige Genotypen hatten dabei wahrscheinlich einen Selektionsvorteil, während andere zum großen Teil nicht überleben konnten. Die Folge war eine genetische Verarmung, wie wir sie heute im Frankwald, Fichtelgebirge und Thüringer Wald finden. Diese Erkenntnisse sind bei der Abgrenzung von Herkunftsgebieten und bei der Erarbeitung von Herkunftsempfehlungen sowie Wiedereinbringungsmaßnahmen berücksichtigt worden (z.B. RAU *et al.* 1995, HENKEL *et al.* 1996); zum einen soll das Saatgut aus Regionen mit genetischer Einengung nicht in andere Regionen gebracht werden, zum anderen soll in Gebieten mit niedriger Diversität eine genetische Anreicherung mit Vermehrungsgut aus anderen Gebieten mit vergleichbaren standörtlichen Bedingungen stattfinden.

**Beispiel 2:
Untersuchungen zur Erfassung der Dynamik genetischer Variation**

Bestandesverjüngung ohne Saat und Pflanzung bezeichnet man als „natürlich“. Die genetische Zusammensetzung der Folgegeneration hängt dabei u.a. von der Zusammensetzung des Altbestandes, den Reproduktionsverhältnissen, den Standortverhältnissen und vor allem von dem verwendeten Verjüngungsverfahren ab (HATTEMER *et al.* 1993, MÜLLER 1990). Naturverjüngungsverfahren mit langen Verjüngungszeiträumen oder mit kleinflächig gestaffeltem Vorgehen gewährleisten am besten die Weitergabe eines möglichst großen Teils der Erbanlagen des Elternbestandes an den Folgebestand. Es ist davon auszugehen, daß bei natürlicher Verjüngung die Anpassung an den jeweiligen Standort am besten erhalten bleibt. Das heißt nicht, daß die genetische Struktur der Naturverjüngung mit der des Altbestandes identisch sein muß, sondern daß möglichst viele Genvarianten des Altbestandes in der Naturverjüngung zu finden sind, so daß eine breite genetische Ausgangsbasis für die im Laufe der Entwicklung eintretenden Selektionsprozesse (ein Großteil der Pflanzen scheidet im Laufe des Bestandeslebens aus) vorhanden ist. Wichtig ist also, daß ein Höchstmaß an genetischer Vielfalt und Diversität erhalten bleibt, damit auch die Folgegeneration ihre Anpassungsfähigkeit nicht verliert. Beides kann man durch den Vergleich von Altbeständen und Naturverjüngung überprüfen.

Eine solche vergleichende Untersuchung in sechs zum Teil schon stark geschädigten Tannenbeständen aus Baden-Württemberg zeigte, daß die genetische Vielfalt und Heterozygotie der Naturverjüngung der der Altbestände vergleichbar ist, während ihre Diversität in einigen Fällen sogar substantiell höher liegt. Ausgehend von diesen Ergebnissen wurde empfohlen in diesen Beständen die natürliche Verjüngung anzustreben, weil sie trotz starker Schädigung noch die Weitergabe der kompletten natürlich gegebenen genetischen Vielfalt des Altbestandes gewährleistet. Ähnliche Ergebnisse wurden bei der Untersuchung eines Buchenalbestandes und seiner Naturverjüngung aus dem FoA Scheßlitz gefunden (Tab. 1).

Ist der Altbestand bereits genetisch stark eingengt, so birgt die Verjüngung ausschließlich auf

natürlichem Wege die Gefahr weiterer genetischer Einengung. Untersuchungen im Bereich des Gemeindewaldes Sugenheim (KONNERT 1996) in Tannenvorkommen, die nur noch aus einigen Bäumchen bestehen, zeigten eine deutliche genetische Einengung (Drifteffekte) sowohl des Altbestandes als auch der Naturverjüngung. Die Diversitätswerte liegen weit unter denen anderer Tannenpopulationen Süddeutschlands. Außerdem zeigen die hohen positiven Werte der Inzuchtkoeffizienten ($F_{\text{mittel}} = +0.104$), daß viele der Nachkommen aus Selbstung oder Paarung von verwandten Individuen stammen. Es wurde deshalb empfohlen, die Naturverjüngung unbedingt mit Vermehrungsgut aus anderen Tannengebieten anzureichern, um die genetische Basis zu erweitern.

Weitere Untersuchungen zum Vergleich von Altbestand und Naturverjüngung finden sich u.a. bei KONNERT (1991), WITTLAND (1992), STARKE u. MÜLLER-STARCK (1992). Wegen der Bedeutung dieser Problematik werden in den nächsten Jahren auch bei der LSP Teisendorf vergleichende Untersuchungen von Altbestand, Naturverjüngung und Kunstverjüngung intensiviert durchgeführt werden, um für die Praxis konkrete Empfehlungen zu den Verjüngungsverfahren zu erarbeiten.

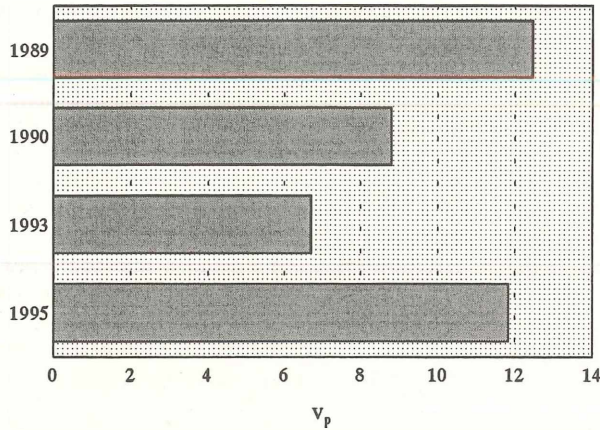
**Beispiel 3:
Untersuchungen zur Auswirkung gängiger forstlicher Praktiken auf die genetische Struktur**

Bei künstlicher Bestandesverjüngung hat schon die Saatgutgewinnung einen großen Einfluß auf die genetische Vielfalt, weil sie über die Zusammensetzung der späteren Kulturen entscheidet. Saatgutgewinnung ist folglich so durchzuführen, daß sie eine möglichst vollständige Erfassung der genetischen Vielfalt garantiert. Dazu muß Saatgut von einer möglichst großen Anzahl von Erntebäumen im Erntebestand gesammelt werden bzw. von mehreren Herkünften eines Herkunftsgebietes die Ernte zusammengelegt werden. Untersuchungen zu dieser Problematik gibt es noch wenige. Bei einem Vergleich der Embryonen von Tannensamen, die in vier verschiedenen Jahren in demselben Bestand geerntet worden waren, zeigten sich große Unterschiede in der genetischen Vielfalt und Diversität (Abb. 5). Im Jahr 1993 war die genetische Diversität nur halb so groß wie in den Jahren 1989 und 1995. Dies hängt natürlich neben der Anzahl der Erntebäume von den Blüh- und Bestäubungsverhältnissen ab.

Tabelle 1
Werte der genetischen Vielfalt, Diversität und Heterozygotie in einem Buchen-Altbestand und seiner Naturverjüngung.

Parameter	Altbestand	Naturverjüngung
Genetische Vielfalt	2,57	2,71
Diversität	221,5	258,5
Heterozygotie (%)	29,0	29,0

Erntejahr



Erntejahr

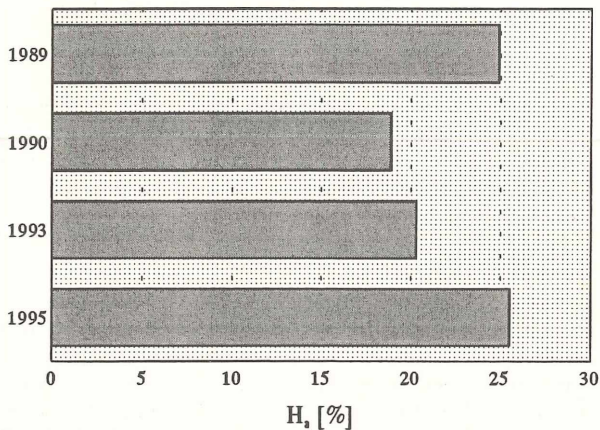


Abbildung 5

Genetische Diversität und Heterozygotiegrad in Embryonen von Tannensamen aus vier verschiedenen Ernten im gleichen Bestand

Forstpflanzen einer Altersstufe werden im Handel üblicherweise in mehreren Größen angeboten, so daß vom Verbraucher die dem Standort und dem Pflanzverfahren am besten entsprechenden Sorten ausgesucht werden, d.h. vor dem Verkauf wird eine Größensortierung vorgenommen. Erste Untersuchungen für Fichte und Tanne, von der LSP Teisendorf im Pflanzgarten Laufen vorgenommen, zeigten, daß diese Größensortierung deutliche Auswirkungen auf die genetischen Strukturen der Pflanzenpopulationen hat und unter genetischem Gesichtspunkt durchaus als kritisch zu beurteilen ist. Zum einen unterscheiden sich die Teilkollektive „große Pflanzen“ und „kleine Pflanzen“ stark in ihren genetischen Strukturen und zum anderen hat das Kollektiv der großen Pflanzen die kleinste genetische Variation (Tab. 2) und unterscheidet sich am stärksten von dem Ausgangsbestand.

Diese Ergebnisse, untermauert durch weitere Untersuchungen, sollen dazu verwendet werden, den Forstbetrieben zu empfehlen, keine übertriebene Größenselektion von Pflanzen bei der Anzucht vorzunehmen, weil dies die deutliche Gefahr der genetischen Einengung in sich birgt.

Auch Nutzungen beeinflussen die genetischen Strukturen von Beständen. Am Beispiel der Buche wurde z.B. untersucht, inwieweit zwei weitverbreitete Nutzungsverfahren, die Zielstärkennutzung und die Auslesedurchforstung, die genetischen

Strukturen von Beständen verändern. Bei der Zielstärkennutzung werden bevorzugt dicke Stämme genutzt, schwächere Bäume mit guten Schaftqualitäten sollen in die durch die Nutzung freiwerdenden Standräume hineinwachsen. Aus den zunächst im Dickenwachstum zurückgebliebenen Bäumen soll später die Oberschicht des Bestandes gebildet werden. Bei der Auslesedurchforstung dagegen werden die Bäume nach Vitalität und Qualität ausgewählt und durch die Entnahme der Konkurrenten gefördert (KONNERT u. SPIECKER 1996).

Es zeigte sich, daß unter genetischem Gesichtspunkt die Zielstärkennutzung ungünstiger ist, denn

Tabelle 2

Genetische Diversität in den durch Sortierung erhaltenen Fichten- und Tannenkollektiven und den Ausgangspopulationen.

Kollektiv	Diversität (vp)	
	Fichte	Tanne
Ausfall	51,09	67,43
15 - 30 cm	59,37	87,03
25 (30) - 50 cm	49,46	63,29
Ausgangspopulation	54,13	72,63

hier werden genau die Bäume entnommen, die in der Regel bei einem natürlichen Differenzierungsprozeß die höchsten Überlebenschancen gehabt hätten, d.h. die genetische Zusammensetzung der Folgegeneration ist der unter natürlichen Bedingungen verbleibenden entgegengesetzt. Erfolgt diese Nutzung schon relativ früh, so werden die entnommenen Bäume nicht durch ihre Samen zur Bildung des zukünftigen Bestandes beitragen. Genetische Einengung, d.h. ein Verlust an Diversität konnte weder bei der Zielstärkennutzung noch bei der Auslesedurchforstung beobachtet werden. Es gibt erst sehr wenige Untersuchungen dieser Art (z.B. auch HOSIUS 1993). Die Notwendigkeit, sie zu intensivieren, wurde aber durchaus erkannt (z.B. HATTEMER *et al.* 1993, FRANKE 1995).

5. Schlußbemerkungen

Die Forstgenetik hat in den letzten Jahren mit der Isoenzymanalyse (und zunehmend auch mit der DNA-Analyse) das Werkzeug entwickelt, um Untersuchungen zu genetischen Aspekten der praktischen forstlichen Tätigkeit schnell und sicher durchzuführen. Auf dieser Grundlage kann der Erhalt der forstgenetischen Ressourcen in ihrer ganzen Vielfalt in forstwirtschaftliche Strategien einbezogen werden, um auch die Nachhaltigkeit in genetischem Sinne sicherzustellen. Bleibt zu hoffen, daß die Forstwirtschaft diese Chance intensiver als bisher nutzt zum Wohle ihrer Existenzgrundlage, des Ökosystems Wald.

6. Literatur

- BEHM, A. (1996):
Generhaltungsmaßnahmen im Forst. Vortrag Seminar „Schutz der genetischen Vielfalt“, 06-07.Nov., Regensburg
- BERGMANN, F.; H.-R. GREGORIUS, J.B. LARSEN (1990):
Levels of genetic variation in European silver fir (*Abies alba*). – *Genetica*, 82, 1-10.
- BREITENBACH-DORFER, G.; W. PINSKER, R. HACKER, F. MÜLLER (1992):
Clone identification and clinal allozyme variation in populations of *Abies alba* (Mill.) from the Eastern Alps (Austria). – *Plant.Syst.Evol.* 181, 109-120.
- BREITENBACH, G. (1989):
Biochemische und molekulargenetische Verfahren in der Forstgenetik. – *Österreichische Forstzeitung* 11, 43-44.
- FRANKE, A. (1995):
Naturmaher Waldbau und forstgenetische Aspekte. In: *Waldbauwirtschaft und Waldökologie. Beiträge aus der Betriebsforschung. Fachtagung am 10-11.Okt. in Freiburg i.Br.*, 112-119.
- GEBUREK, Th. (1994):
Genetische Strategien für das forstwirtschaftliche Handeln angesichts klimatischer Änderungen. IN: *Klimaänderung in Österreich – Herausforderungen an Forstgenetik und Waldbau. Berichte der FBVA*, 81, 19-37.
- GREGORIUS, H.-R.; H.H. HATTEMER, F. BERGMANN, G. MÜLLER-STARCK (1985):
Umweltbelastung und Anpassungsfähigkeit von Baumpopulationen. – *Silvae Genetica* 34, 230-241.
- HATTEMER, H.H.; F. BERGMANN, M. ZIEHE (1993):
Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaft (2. Aufl.). – Sauerländers Verlag, Frankfurt a.M., 429 S.
- HATTEMER, H.H. (1994):
Die genetische Variation und ihre Bedeutung für Wald und Waldbäume. – *Schweiz. Zeitschrift f. Forstwesen* 145, 12, 953-975.
- HENKEL, W.; M. KONNERT, B. HOSIUS (1996):
Genetische Untersuchungen an der Weißtanne (*Abies alba* MILL.) in Thüringen mit waldbaulichen Konsequenzen. – Vortrag 8. IUFRO-Tannensymposium, Sept. 1996, Bulgarien.
- HOSIUS, B. (1993):
Wird die genetische Struktur eines Fichtenbestandes von Durchforstungseingriffen beeinflusst? – *Forst und Holz* 48, 306-308.
- KONNERT, M. (1991):
Vergleich der genetischen Strukturen verschiedener Generationen zweier natürlich verjüngter Fichtenbestände des Schwarzwaldes. – *Silvae Genetica* 40, 61-65.
- (1994):
Ergebnisse isoenzymatischer Untersuchungen bei der Weißtanne als Entscheidungshilfen für forstliche Maßnahmen. In: *Proceedings 7. – IUFRO-Tannensymposium*, 31.10.-4.11, Altensteig, 30-44.
- KONNERT, M.; F. BERGMANN (1995):
The geographical distribution of genetic variation of silver fir (*Abies alba*, *Pinaceae*) in relation to its migration history. – *Plant. Syst. Evol.* 196, 19-30.
- KONNERT, M. (1996):
Untersuchungen bei Weißtanne aus dem FoA Uffenheim. Ergebnisbericht der LSP Teisendorf (unveröffentlicht).
- KONNERT, M.; H. SPIECKER (1996):
Beeinflussen Nutzungen einzelner Bäume die genetische Struktur von Beständen? – *AFZ/Der Wald*, 23, 1284-1291.
- MÜLLER-STARCK, G.; E. HUSSENDÖRFER, CH. SPERISEN (1995):
Genetische Diversität bei Waldbäumen – eine Voraussetzung für das Überleben unserer Wälder. In: *Eidgenössische Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft (Hrsg.): Erhaltung der Biodiversität – eine Aufgabe für Wissenschaft, Praxis und Politik. – Forum für Wissen* 1995, 23-33.
- MÜLLER-STARCK, G. (1993):
Auswirkungen von Umweltbelastungen auf genetische Strukturen von Waldbeständen am Beispiel der Buche (*Fagus sylvatica* L.): *Schriften aus der Forstl. Fakultät der Univ. Göttingen u. der Niedersächsischen Forstl. Versuchsanstalt*, 112, 163 S.
- (1996):
4 Beiträge der Forstgenetik zur nachhaltigen Waldbewirtschaftung. – *Tagungsbericht Forum „Genetik-Wald-Forstwirtschaft“ Freising Okt. 96 (in Druck)*.
- RAU, H.-M.; R. BROCKHAUS (1995):
Neue Verordnung über Herkunftsgebiete für forstliches Vermehrungsgut. – *AFZ* 6, 315-319.
- RUETZ, W.; M. KONNERT, A. BEHM (1996):
Sind Waldschäden auch eine Frage der Herkunft? – *AFZ/Der Wald* 14, 759-761.
- SCHROEDER, S. (1986):
Isoenzym-Untersuchungen als Arbeitsmethode der Forstpflanzenzüchtung. – *Mitt. Ver. f. Standortkunde und Forstpflanzenzüchtung*, 32, 81-85.

STARKE, R.; G. MÜLLER-STARCK (1992):
Genetische Untersuchungen über die Reproduktion in zwei Beständen der Buche (*Fagus sylvatica L.*). In: Biochemische Untersuchungen zur Genetik der Waldbaumpopulationen. Schriftenr. der Landesanst. f. Forstwirtschaft Nordrhein-Westfalen, 57-67.

WITTLAND, K. (1992):
Die genetische Struktur von Naturverjüngung und Pflanzbeständen im Vergleich zu der Struktur des gemeinsamen Fichten-Altbestandes. – Forstw. Dipl.Arb. Univ. Göttingen.

Anschrift der Verfasserin:

Dr. Monika Konnert
Bayerische Landesanstalt für
forstliche Saat- und Pflanzenzucht
Forstamtsplatz 1
83317 Teisendorf

Generhaltungsmaßnahmen im Bayerischen Forst

Albrecht BEHM¹

1. Einführung

Ein Drittel der Fläche Deutschlands ist mit Wald bedeckt.

Auch nach ca. 1.200 Jahren intensiver, oft notbedingt grober Nutzung durch den Menschen in Mitteleuropa stellen diese rund 10 Mio ha mit Abstand die naturnaheste und zugleich vielfältigste Vegetationsform in unserem Land dar. AMMER (1995) konnte nachweisen, daß die Artenvielfalt bei naturnaher Wirtschaftsweise im Vergleich mit unbewirtschafteten Flächen wegen der kleinflächigen Arbeiten eher erhöht ist. Erste Untersuchungen an der Landesanstalt Teisendorf zeigen, daß auch der Genpool innerhalb einer Art bei den in Mitteleuropa entwickelten Techniken der Naturverjüngung im vollen Umfang an die nächste Generation weitergegeben wird. So darf behauptet werden, daß naturnahe Forstwirtschaft und Generhaltung ohne weiteres vereinbar sind. Als im 18. Jahrhundert die Forstwirtschaft den Begriff der Nachhaltigkeit entwickelte, dachte man zunächst wohl ausschließlich an die ständige Versorgung mit dem Rohstoff Holz. Heute erscheint die genetische Nachhaltigkeit als die lebenserhaltende Grundlage, nicht nur in der Forstwirtschaft.

Zu Beginn der 80er Jahre traten massive Waldschäden auf. Dazu zeigten Begasungsversuche mit SO₂ an Pollen sehr starke Verluste an deren Keimfähigkeit. Man nahm wohl richtigerweise an, daß es sich nicht nur um eine rein quantitative Verringerung, sondern auch um selektive, also qualitative Veränderungen handeln dürfte.

Diese Umstände veranlaßten vor elf Jahren den Bundesrat, am 13.02.1985 eine Entschließung über den Erhalt genetischer Vielfalt bei den Waldbäumen zu fassen.

Der Grund wurde damals ganz überwiegend in menschlich verursachten Umweltveränderungen gesehen. Als Folge wurde die sog. „Bund-Länder-Arbeitsgruppe zur Erhaltung forstlicher Genressourcen“ gegründet, die bereits im Januar 1987 ein fundiertes Handlungskonzept vorlegen konnte (Bund-Länder-Arbeitsgruppe, 1989).

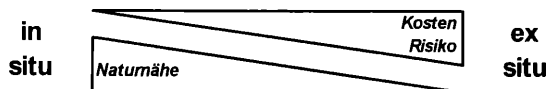
Es ist weltweit weiterhin die umfassendste Darstellung des Fragenkomplexes.

Leitgedanke des Konzeptes war die Überzeugung, daß effektive Generhaltung nur in-situ und im Rahmen der normalen Waldbehandlung möglich ist. Die in-situ-Erhaltung wiederum ist bei sonst pflegerischer Wirtschaft nur möglich, wenn die von Menschen verursachten Umweltbelastungen drastisch

verringert werden. Allein mit Maßnahmen aus dem Wald heraus ist diesen Gefahren nicht zu begegnen. Vielmehr bleibt die Politik in der Pflicht, hier Abhilfe zu schaffen, was ihr z.B. beim SO₂ auch in kürzester Zeit gelang.

Zunächst wurde mit dem Konzept das allgemein vorhandene Instrumentarium an Erhaltungstechniken ermittelt und geprüft, wieweit es für die einzelnen Arten bekannt ist und angewendet werden kann (siehe Tab. 1). Die Tabelle zeigt einen Aufbau, der mit der einfachsten und gleichzeitig wirkungsvollsten Maßnahme beginnt, nämlich der in-situ-Erhaltung von Beständen. Wo diese Maßnahme nicht zielführend angewendet werden kann, muß man die nächste Kategorie auf Eignung prüfen usw. Diese gestufte Strategie ermöglicht eine objektbezogene Optimierung der Mittelwahl.

Grundsätzlich muß folgender Sachverhalt klar im Auge bleiben:



Nach dem Konzept wurde von Bund und Ländern ein konkretes Vierjahresprogramm für den Zeitraum 1989 - 1992 erstellt. Hier flossen bereits die besonderen örtlichen Schwerpunkte und Notwendigkeiten der einzelnen Mitglieder ein. Inzwischen haben die Länder, jeweils nach den Gegebenheiten, die Erhaltung forstlicher Genressourcen in ihre Tagesarbeit integriert. Die Bund-Länder-Arbeitsgruppe ist inzwischen eine Art Börse, an der Strategien wie auch technische Entwicklungen ausgetauscht werden. Dazu dient auch ein gemeinsamer Bericht alle zwei Jahre.

2. Schwerpunkte in Bayern

Rahmenbedingungen

Laut nationalem Waldbericht für die Bundesrepublik Deutschland (Anonymus, 1994) liegen im Land Bayern rund 2,5 Mio. ha Wald, das sind knapp 1/4 der Waldfläche Deutschlands. Mit seiner Bewaldung von 36 % liegt es nahe am Mittel. Die Bayer. Staatsforstverwaltung bewirtschaftet knapp 800.000 ha Wald, das ist der größte Waldbesitz in Mitteleuropa. Die große klimatische und orographische Bandbreite führt zu einer hohen

1) Auszugsweise entnommen aus BEHM, A. (1995): Umsetzung des Konzeptes zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in Bayern. Tagungsbericht: Die Erhaltung der genetischen Ressourcen von Bäumen und Sträuchern. Institut für Weiterbildung und Beratung im Umweltschutz e.V. Magdeburg.

Baumart	In-situ				Ex-Situ							
	Prioritätsstufe	Erhaltung von Beständen	Naturverjüngung	Saat/Pflz. in-situ	Sämlings-Samenplantagen	Klon-Samenplantagen	Klon-Sammlung	Lagerung (Jahre)		Erhaltung durch Vegetativvermehrung		
								Saatgut 1)	Pollen 2)	Pflanzen u. -teile	macro veget.	micro veget.
<i>Abies alba</i>	1	++F	++F	++F	+	++	++	3-5 F	3 F	?F	+ F	F
<i>Abies grandis</i>	4	++	+	++	+	+	+	3-5 F	3 F	?F	F	F
<i>Acer pseudoplatanus</i>	2	++	++	++	++	++	++	2-3 F	- F	?F	+ F	F
<i>Alnus glutinosa</i>	2	++	+	++	++	++	++	3-5 F	+ F	?F	+ F	F
<i>Fagus sylvatica</i>	1	++F	++F	++	++F	+	+	3-6 F	- F	?F	+ F	F
<i>Fraxinus excelsior</i>	2	++	++	++	++	++	++	2-3 F	- F	?F	+ F	F
<i>Larix decidua</i>	2	++	++	++	++	++	++	10-20	10 F	?F	+ F	F
<i>Larix kaempferi</i>	4	++	++	++	++	+	+	10-20	10 F	?F	+ F	F
<i>Picea abies</i>	1	+ F	++F	++	++F	++F	++F	10-20	10 F	?F	++	F
<i>Picea sitchensis</i>	4	+	+	++	+	+	+	10-20	5 F	?F	+	F
<i>Pinus nigra</i>	4	++	+	++	++	+	+	10-20	10 F	?F	+ F	F
<i>Pinus strobus</i>	4	+	++	++	++	++	++	10-20	10 F	?F	+ F	F
<i>Pinus sylvestris</i>	1	++	++	++	++	++	++	10-20	10 F	?F	+ F	F
<i>Populus spp.</i>	1/3		-/+	++	++	++	++	2-3 F	10 F	?F	+ / ++ F	- / + F
<i>Pseudotsuga menziesii</i>	2	++	++	++	++	+	+	5-10 F	10 F	?F	+ F	F
<i>Quercus petraea</i>	1	++	++	++	++	+	+	1-2 F	- F	?F	+ F	F
<i>Quercus robur</i>	1	++	++	++	++	+	+	1-2 F	- F	?F	+ F	F
<i>Quercus rubra</i>	4	+	+	++	++	+	+	1-2 F	- F	?F	+ F	F
<i>Tilia cordata</i>	2	++	++	++	++	++	++	2-3 F	- F	?F	++	+ F

Legende zu: Prioritätsstufe

Abstufung nach Erhaltungswürdigkeit und Erhaltungsnötigkeit der Baumart. Die Gewichtung bezieht sich auf die Baumart insgesamt.

Regional können sich z. T. erhebliche Verschiebungen in den

Prioritätsstufen ergeben.

Erhaltungsmaßnahmen:

1 = vordringlich

2 = dringlich

3 = notwendig

4 = wünschenswert

Weitere Symbole und Anmerkungen

++ = Anwendung in erheblichem Umfang möglich und sinnvoll

+ = Anwendung in geringem Umfang möglich, technische Entwicklung weitgehend abgeschlossen

? = Maßnahme bisher nicht anwendbar

F = keine Erfahrungen in der Bundesrepublik Deutschland

I = Forschungsbedarf für Methoden und Techniken, andere Fragestellungen ausgenommen

1) = Realisierungsmöglichkeiten im Ausland durch internationale Zusammenarbeit sinnvoll

2) = Jahresangaben geben die in der Praxis übliche Lagerdauer an

3) = bisher nur im experimentellen Maßstab durchgeführt

Tabelle 1

Übersicht über grundsätzlich mögliche Generhaltungsmaßnahmen für Baumarten, die im Gesetz über forstliches SaatG enthalten sind.

ökologischen Vielfalt, die auch in der Anzahl der Herkunftsgebiete nach dem Gesetz über forstliches Saat- und Pflanzgut (FSaatG, 1979) zum Ausdruck kommt. Ohne eine spezielle Strategie der Kleinparzellierung verfolgt zu haben, liegen danach 98 von insgesamt 174 Herkunftsgebieten in Deutschland zumindest mit Teilen in Bayern, das sind 56 % aller Herkunftsgebiete in Deutschland.

Zwei Nationalparks liegen in Bayern:

- Nationalpark Bayer. Wald, gegründet 1970, mit 13.300 ha, davon 8.000 ha Totalreservat
- Nationalpark Berchtesgaden, gegründet 1978, mit 21.000 ha, die natürlich nur teilweise der Generhaltung dienen, weil große Teile Fels und Geröll sind.

Es gibt ferner 147 Naturwaldreservate mit 4.800 ha Kernzone und über 5.000 ha Schutzzone in Bayern.

Neben diesen ökologischen Gegebenheiten gibt es auch seit 1964 die Bayer. Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht in Teisendorf, kurz Landesanstalt, die als Sonderbehörde für den gesamten Bereich forstliches Vermehrungsgut innerhalb der Bayer. Staatsforstverwaltung als Stabsstelle koordinierend arbeitet und zwar in Theorie und Praxis. Zu diesem Zweck sind ihr die Betriebe Samenklinge und Pflanzgarten Bindlach bei Bayreuth für Nordbayern und Laufen/Salzach für Südbayern zugeordnet. In den Betrieben mit insgesamt ca. 16 ha Baumschulfläche wird auch die fachliche Aus- und Fortbildung im Spezialbereich durchgeführt. Das Personal besteht aus 5 Forstakademikern, 5 Beamten des geh. techn. Forstdienstes und 15 weiteren Mitarbeitern in Pflanzgärten, Klengen und Büros. Bei ihren Arbeiten kann die Landesanstalt auf die gesamte Infrastruktur der Bayer. Staatsforsten zurückgreifen.

Bayer. Programm seit 1989

Am 22.06.1989 beschloß der Bayer. Landtag (Drs. II/12023) die Anlage einer Genbank im weiteren Sinn. Der vorhandene fachliche und technische Vorlauf an der Landesanstalt führte dazu, daß sie mit der Koordinierung des bayerischen Generhaltungsprogrammes beauftragt wurde.

In einer Art Anschubfinanzierung wurden der Landesanstalt Sondermittel bereitgestellt für

- verbesserte Saatguterntetechniken;
- schonendere Saatgutaufbereitung in klimatisierten Räumen;
- erweiterte Kühlkapazität (bis 30° C) für die langfristige Saatgutlagerung;
- ein neues Pflanzenkühlhaus speziell für Hochlagenpflanzgut;
- die Einrichtung eines biochemischen Labors für genetische Untersuchungen;
- insgesamt drei Planstellen für
 - die wissenschaftliche Leitung des Labors
 - eine chem. technische Assistentin im Labor
 - einen „gärtnerischen Förster“ für praktische Versuche und Arbeiten im Bereich der Saat- und Pflanzenzucht

Forstliche Genbank

Die forstliche Genbank ist der Wald. In ihm und nur dort wird die genetische Mannigfaltigkeit unter dynamischen Bedingungen über Jahrzehnte und Jahrhunderte hindurch nicht so sehr nur erhalten, sondern gleichzeitig laufend ausgewählt und fortentwickelt. Die Art und Weise, wie wir mit dem Wald umgehen, bestimmt weitgehend, in welchem Umfang sich die genetische Mannigfaltigkeit umweltgerecht fortentwickelt.

Unterstellt man für heute selbst die naturverträglichsten Formen der Waldbewirtschaftung, so gibt es überall Altlasten; darüber hinaus kommen „Betriebsunfälle“ vor. Für diese Altlasten und neuen Schäden brauchen wir so etwas wie einen Krankenhausbetrieb. Eben diese Aufgabe wurde der Landesanstalt zugewiesen.

In-situ-Erhaltung

Die in Richtung Generhaltung wichtigste Tatsache ist der mit ca. 50 - 60 % hohe Anteil der Naturverjüngung im bayer. Staatswald. Süddeutsche Waldbauverfahren, die verbunden sind mit Namen wie Karl Rebel oder Karl Gayer, haben eine gute Tradition und jedenfalls bis heute vielfach Waldstrukturen geschaffen, die sich wiederum auch recht einfach natürlich verjüngen lassen. Nicht selten sind überhöhte Schalenwildbestände das einzige Hemmnis gegen eine erfolgreiche Naturverjüngung. Naturverjüngung erfordert meist auch längere Umtriebszeiten, sofern man bei einer einzelstammweisen Nutzung überhaupt noch von Umtriebszeit reden kann. Sie liegt in der Bayer. Staatsforstverwaltung für Buche bei 150, für Fichte bei 120, für Eiche bei 200 (160 - 240) und für Kiefer bei 140 Jahren. Erste biochemisch-genetische Vergleiche deuten an, daß z.B. beim kombinierten Schirmschlag-Femelschlag der gesamte Genpool des Elternbestandes an die Verjüngung weitergegeben wird.

Die Diskussion über Genreservate nach österreichischem oder schweizer Muster ist in Bayern noch nicht abgeschlossen. Grundsätzlich wird angestrebt, die Argumente für besonders schonlichen Umgang mit einem Bestand nicht in einer Erklärung zum Schutzgebiet enden zu lassen, sondern sie vielmehr in die tägliche Arbeit im Wald als Ansporn und Verpflichtung einfließen zu lassen. Anders gesagt, man möchte den Zwei-Klassen-Wald weitest möglich vermeiden: hier Wald mit Schutzfunktion, den man praktisch nicht mehr nutzt, und da den reinen Nutzwald mit dem man ja auch gröber umgehen darf, weil man schon „soviel Gutes im Schutzwald“ getan hat. Das Gewissen ist beruhigt? Die Logik des gesamtheitlichen Denkens ist weitgehend schlüssig. Dennoch sollte man eine Maßgabe besonders in noch vorhandenen autochthonen Laubwäldern erwägen: Eine allenfalls nötige Komplettierungspflanzung darf nur mit Pflanzgut erfolgen, das wirklich aus dem Bestand kommt (= in-situ-Pflanzung).

Die umfangreichen Sanierungsprogramme in den Mittelgebirgen und den Alpen sowie Unterpflanzungen z.B. im Nürnberger Reichswald können

auch der in-situ-Erhaltung zugerechnet werden, insofern als herkunftsgesichertes Pflanzgut verwendet wird. Laut Bayer. Agrarbericht werden jährlich knapp 350 ha in diesen Sanierungsprogrammen bepflanzt, mit einem finanziellen Aufwand von ca. DM 6 Mio., das sind ca. DM 17.000/ha (ANONYMUS 2, 1995).

Düngung zur Revitalisierung wird nach genauen Voruntersuchungen an Boden und Pflanze laut Waldzustandsbericht auf 3 bis 6.000 ha/a durchgeführt, mit einem Kostenaufwand von 400 - 600 DM/ha (ANONYMUS 3, 1995). Die Revitalisierung dient u.a. auch der in-situ-Erhaltung.

Natürlich dienen die genannten Naturwaldreservate und die beiden Nationalparks in besonderem Maß der in-situ-Erhaltung. Bei genauer Betrachtungsweise führt allerdings die Unterschutzstellung im Laufe von Jahrzehnten zu einer zunehmenden, langfristigen KlimaxVegetation. Lichtbedürftige Arten werden allmählich zurückgedrängt zugunsten zahlenmäßig weniger, schattentoleranter Arten. Eine gezielte artenbezogene Generhaltung ist hier wohl nicht möglich. Die Fülle der kleinflächigen ökologischen Unterschiede, die bei naturnaher Forstwirtschaft entstehen, bringen dagegen ein höheres Maß an genetischer Vielfalt hervor, wenn auch auf zeitlich wechselnden Flächen. Studien beweisen diesen Sachverhalt (AMMER, 1995).

Ex-situ-Erhaltung

Die wichtigste ex-situ-Maßnahme ist sicher die Auswahl möglichst vieler Saatguterntebestände im Sinne des Gesetz über forstl. Saat- und Pflanzgut (FSaatG) und die aktive Nutzung dieses Potentials. Bayern verfügt derzeit über ca. 22.200 Bestände mit ca. 75.500 ha Gesamtfläche, das sind etwa 6,5 % der Fläche der mannbaren (= samentragenden) Bestände. Bei richtigem Umgang kann Saatgut ein sehr wirkungsvolles Mittel der Generhaltung sein. Das bestehende FSaatG bietet eine gute Grundlage dafür. Allerdings bestehen Bedenken in einem wesentlichen Punkt. In den meisten Fällen stellen unsere einzelnen Waldbestände in etwa genetische Einheiten dar und unterscheiden sich z.T. stark voneinander. Es gibt nur in Einzelfällen einen gleitenden Übergang von einem zum anderen, wie in Naturwäldern, wo man von „Klinen“ spricht. Aus Gründen der Handhabbarkeit wird aber dennoch in Deutschland Vermehrungsgut aus verschiedenen Beständen innerhalb eines Herkunftsgebietes rechtmäßig und dabei beliebig miteinander vermischt. Will man nun den Genpool eines besonderen Bestandes erhalten, muß man entsprechend auch dessen Vermehrungsgut getrennt halten.

Neben der seit Jahren sehr aktiv geforderten Zulassung von Beständen für die Saatgutgewinnung hat die Bayer. Staatsforstverwaltung die qualifizierte Ernte von Saatgut durch ein Maßnahmenbündel intensiviert:

- Aktive und differenzierte Prognosen und Bestandesvergaben haben vorhandene Erntemöglichkeiten bestmöglich ausnutzen lassen. Ein

Import von Saatgut ist bis auf geringe Ausnahmen nicht mehr notwendig.

- Die Erntetechniken wurden gezielt fortentwickelt, woran sich auch einige private Firmen engagiert beteiligten.
- Die Kontrollen bei der Ernte zur Identitätssicherung werden durch ständige Schulungen verbessert.

Diese Maßnahmen können im weiteren Sinn der Erhaltung forstlicher Genressourcen zugerechnet werden (BEHM, 1992).

Neben den im engeren Sinne forstwirtschaftlich wichtigen Baumarten hat die Bayer. Staatsforstverwaltung schon vor 10 Jahren ein Programm zur Förderung seltener und gefährdeter Baum- und Straucharten ins Leben gerufen. Da zum Teil über die Blühphysiologie und künstliche Vermehrung bei diesen Arten nur begrenztes Wissen herrschte, wurden ein Pilotprojekt und Diplomarbeiten zu dem Thema angeregt und betreut. Tabelle 2 zeigt, welche Arten die Betriebe der LSP allein 1996 beerntet haben, die sie dann nach Anzucht wieder in den Wald zurückführen werden. In der Saison 95/ 96 wurden fast 400.000 Pflanzen für dieses Programm an der Landesanstalt nachgezogen und ausgepflanzt.

Die dabei gewonnen Erkenntnisse werden systematisch gesammelt, verdichtet und stehen Interessierten zur Verfügung.

Unmittelbar auf Generhaltung im engeren Sinn zielend sind eine Reihe von weiteren Maßnahmen, die die Landesanstalt durchführt. Die notwendigen technischen und personellen Voraussetzungen, die geschaffen bzw. verbessert werden mußten, wurden zuvor schon erwähnt. Es soll kurz erläutert werden, welchen Zweck sie im Hinblick auf die Generhaltung erfüllen:

Die Kühlkapazität für Pflanzen wurde verbessert, besonders um Pflanzgut für Hochlagen mit verzögertem Austrieb bereitzustellen, damit auch noch im Mai, sogar Juni, erfolgreich gepflanzt werden kann. Im Betrieb Laufen wurde ein modernes Kühlhaus mit ca. 1.000 m³ Nutzraum gebaut und seitdem erfolgreich auch zur schonenden Überwinterung von sonstigem Pflanzgut genutzt.

Die moderne Klimatechnik schafft sehr preiswerte, dabei biologisch überaus günstige Trocknungsbedingungen für Saatgut, weil die Feuchtigkeit, genau gesteuert, auch bei niedrigen Temperaturen, entzogen werden kann. Klimakammern eignen sich besonders zur Trocknung von empfindlichem Saatgut, wie Buche oder Wildobst. Eine Klimakammer mit 50 m³ wurde im Betrieb Bindlach eingerichtet.

Die langfristige Saatgutlagerung ist wohl derzeit das wirkungsvollste Instrument der ex-situ-Erhaltung. Auf engem Raum kann hier eine Fülle genetischer Informationen unter kontrollierten, dabei günstigen Umweltbedingungen über mehr oder weniger lange Zeiträume erhalten werden. Diese Form der Lagerung ist technisch ziemlich einfach und preiswert. Auch die Rückführung dieser Erhaltungsform in die Natur gelingt meist ohne größere Probleme. Grundsätzlich erfolgt eine Doppellagerung in den beiden Betrieben der Landesanstalt, um das Risiko eines Verlustes zu streuen. Baumartenspezifisch wird zur Zeit ent-

Erntejahr 1996

Gehölzart	
<i>Alnus incana</i>	Weißerle
<i>Amelanchier ovalis</i>	Felsenbirne
<i>Berberis vulgaris</i>	Berberitze
<i>Cotoneaster tomentosus</i>	Filzige Zwergmispel
<i>Crataegus laevigata</i>	Zweigriffeliger Weißdorn
<i>Crataegus macrocarpa</i>	Großfrucht - Weißdorn
<i>Crataegus macrocarpa nothovar. hadensis</i>	Lindmans Großfrucht - Weißdorn
<i>Daphne mezereum</i>	Seidelbast
<i>Euonymus europaea</i>	Pfaffenhütchen
<i>Euonymus latifolia</i>	Breitblättriger Spindelstrauch
<i>Lonicera alpigena</i>	Alpenheckenkirsche
<i>Lonicera caerulea</i>	Blaue Heckenkirsche
<i>Lonicera nigra</i>	Schwarze Heckenkirsche
<i>Lonicera xylosteum</i>	Gem. Heckenkirsche
<i>Pinus cembra</i>	Zirbe
<i>Prunus padus</i>	Traubenkirsche
<i>Prunus spinosa</i>	Schlehdorn
<i>Rosa micrantha</i>	Kleinblütige Rose
<i>Rosa pendulina</i>	Alpenheckenrose
<i>Rosa rubiginosa</i>	Weinrose
<i>Rosa tomentosa</i>	Filzrose
<i>Rosa villosa</i>	Apfelrose
<i>Sambucus racemosa</i>	Traubenholunder
<i>Sorbus chamaemespilus</i>	Zwergmehlbeere
<i>Staphylea pinnata</i>	Pimpernuß
<i>Taxus baccata</i>	Eibe
<i>Ulmus glabra</i>	Bergulme
<i>Viburnum lantana</i>	Wolliger Schneeball
<i>Viburnum opulus</i>	Gem. Schneeball

weder bei -10°C oder -19°C gelagert, wobei ein Raum mit Bodenheizung (zur Vermeidung von „Permafrost“) für eine Kühlung auf -30°C dimensioniert ist.

Als Lagerbehälter werden geschweißte Beutel aus Dreischichten-Folien (Polyethylen/Aluminium/Polyethylen) aus dem Lebensmittelbereich verwendet. Sie sind haltbar, preiswert und ermöglichen in Verbindung mit Stapelkästen eine sehr rationelle Raumausnutzung. Es werden jeweils drei Größen abgepackt. In einem Großbehälter wird das Material für die eigentliche Erhaltung gelagert. Die Menge ist bei gut lagerfähigen Bau-

arten so dimensioniert, daß ca. 50.000 Pflanzen je Einheit angezogen werden können. Für Vergleichspflanzungen werden Mengen abgepackt, die ca. 3-5.000 Pflanzen ergeben. Für regelmäßige Keimprüfungen werden zahlreiche Kleinstpackungen mit ca. 200 Samen gefüllt. Dieses System der Einzelverpackung wurde gewählt, weil jedes Öffnen einer Samenpackung das Risiko des Verlustes an Keimkraft erhöht.

Das Datenbanksystem „Access“ in Windows dient inzwischen als Instrument der Datenverwaltung. Eine gute Datenverwaltung ist besonders wichtig bei der Überwachung der Keimfähigkeit.

Zur Zeit lagert die Landesanstalt 420 Lagerposten mit rd. 1.100 kg Saatgut von 22 Baumarten. Eingelagert wird ausschließlich aus Eigenernten, bei denen auch bekannt ist, daß z.B. eine ausreichende Zahl von Mutterpflanzen beerntet wurde. Bislang wurden so viele Bestandsernten für die reguläre Saatgutproduktion durchgeführt, daß davon jeweils genügend Proben in die langfristige Lagerung abgeführt werden konnten. Man ist aber auch bereit, gezielte Ernten für die langfristige Lagerung durchzuführen.

Während die gesamte Saatgutbehandlung bei den Nadelbäumen auf ziemlich hohem Wissensniveau abläuft, werden erhebliche Lücken z.B. bei den Ahornen gesehen. Seit Herbst 1995 läuft daher ein umfangreiches Untersuchungsprogramm. Das schließt auch die Überprüfung der Erntetermine mit ein.

Im biochemischen Labor der Landesanstalt können mittels Isoenzymanalyse Einblicke in die Genstrukturen gewonnen werden, die gefährdet sind und die erhalten werden sollen. Begonnene Maßnahmen zur Generhaltung können auf ihren Wert hin überprüft werden.

Darüber hinaus fließen die Ergebnisse systematischer genetischer Inventuren bei den Waldbaumarten zunehmend auch in administrative Maßnahmen ein, wie Abgrenzung von Herkunftsgebieten und -empfehlungen. Ferner wird das Instrumentarium bei der Identitätssicherung angewendet. Hier kann eine Reihe von Fragen beantwortet werden. Schließlich wurde begonnen, Gepflogenheiten bei der Kunstverjüngung wie günstiger Anzuchtort oder Größensortierung im Pflanzgarten auf ihre genetischen Auswirkungen hin zu untersuchen. So dienen letztlich die Arbeiten im Labor dazu, das Gesamtniveau, vor allem der ex-situ-Maßnahmen, durch besseres Verständnis der genetischen Auswirkungen Schritt um Schritt zu heben und dadurch im Sinne der Generhaltung zu wirken.

Die Landesanstalt bearbeitet das bayerische Samenplantagenprogramm.

Es gibt immer wieder Sondersituationen, in denen Saatgut nicht in natürlichen Waldbeständen geerntet werden kann. Seien dies Hochlagenherkünfte von Lärche, die während der Samenreife wegen hoher Schneelage nicht erreicht werden können, oder wo Einzelbäume so weit voneinander entfernt stehen, daß mit einem sehr hohen Maß an Inzucht zu rechnen ist wie, z.B. bei Wildkirsche oder Mehlbeere. Bei den Hauptbaumarten wie der Kiefer gibt es z.B. im Bereich der Selber Höhenkiefer mosaikartige Durchmischungen mit Herkünften aus Südfrankreich, aus der Zeit um 1900, die immer wieder eine natürliche Verjüngung in Frage stellen lassen. Schließlich wurde z.B. die Tanne im nordostbayerischen Mittelgebirge in den 80er Jahren durch Luftschadstoffe so sehr dezimiert, daß berechtigte Sorge bestand, genetische Information dieser Provenienz zu verlieren.

In den entsprechenden Gebieten werden daher nach artspezifischen, phänotypischen Kriterien Ausleseebäume ausgewählt, von denen Pfropfmateriale in gemeinsame Blüheinheiten zusammengesetzt werden; es werden sog. Samenplantagen oder auch Samengärten aufgebaut mit dem Ziel, möglichst viele passende, genetische Informationen für das Entstehen neuen Lebens zusammenzu-

bringen. Inzwischen hat die Landesanstalt von 6 Nadel- und 11 Laubbaumarten aus 36 Herkunftsgebieten insgesamt 46 derartige Samengärten aufbauen können, mit einer Gesamtfläche von 83,75 ha und rund 2.000 Klonen.

Genetische Überprüfungen zeigen, daß die ausgewählten Bäume die genetische Bandbreite ihrer Region überwiegend sehr gut repräsentieren. Zur Vergrößerung der Kapazität an Plantagenflächen konnte ein gut arrondiertes landwirtschaftliches Anwesen in Niederbayern mit 13 ha und zahlreiche Einzelflächen erworben werden. Natürlich beginnt die Saatgutproduktion erst allmählich. Mit einem Vorlauf von 15 bis 20 Jahren muß man rechnen.

Schließlich wirken die gesetzlichen Rahmenbedingungen im Bereich forstliches Vermehrungsgut ganz wesentlich in die Generhaltung hinein. Insofern muß man auch die Mitarbeit der Landesanstalt in nationalen und internationalen Gremien des Forstsaatgutrechtes zumindest in Anteilen den Bemühungen um die Erhaltung forstlicher Genressourcen hinzurechnen.

Lagerung von Pollen und Gewebeteilen sind bislang nicht vorgesehen, weil die Überführung dieses Materials in den Wald technisch aufwendig ist. Wenn aber notwendig, können andernorts vorhandene Kenntnisse und Fertigkeit übernommen und eingesetzt werden.

3. Zusammenfassug

Es wird ein breiter Fächer von Maßnahmen zur Generhaltung dargestellt, wobei einige Maßnahmen erst auf den zweiten Blick hin als zielführend erkannt werden. Nicht so sehr Einzelaktionen, sondern vielmehr die tägliche Arbeit im Wald muß eine effektive, vor allem machbare Generhaltung hervorbringen. Dafür muß diese Arbeit daraufhin überprüft werden, wo sie dieses Ziel erreicht und wo nachgebessert werden muß. Aus der Fülle der Erhaltungsmöglichkeiten kann das passende Instrumentarium gewählt werden, mit dem objektbezogen die Erhaltungsstrategie optimiert werden kann. Im internationalen Vergleich liegen die Bayerischen Staatsforste in Sachen Generhaltung gut. Allerdings muß das allgemeine Bewußtsein über die zentrale Bedeutung der Generhaltung ständig wach gehalten werden.

4. Literatur

- (1) AMMER, U. et al. (1995): Konzept der Landnutzung. – Forstwissensch. Centralblatt 114 (1995) 107-125.
- (2) ANONYMUS (1995): Bayer. Agrarbericht 1994; Bayer. Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten.
- (3) ——— (1995): Waldzustandsbericht 1994; Bayer. Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, Freising-Weihenstephan.
- (4) ——— (1994): Nationaler Waldbericht der Bundesrepublik Deutschland; Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten, Best.Nr. 611-7/94. /

- (5) BEHM, A.(1990):
Kann der Forstbetrieb helfen, die Herkunft von Vermehrungsgut zu sichern?– AFZ 17.
- (6) BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE „Erhaltung forstlicher Genressourcen“ (1998):
Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. – Forst und Holz.
- (7) FSaatG(1979):
Gesetz über Forstliches Saat- und Pflanzgut vom 26.07.1979; BGBl S. 1242 mit seinen Verordnungen und Vorschriften.

Anschrift des Verfassers:

Leitender Forstdirektor
Albrecht Behm
Bayerische Landesanstalt
für forstliche Saat- und Pflanzenzucht
Forstamtsplatz 1
D-83317 Teisendorf

Inhalte der zuletzt erschienenen LSB:

3/98 Deutscher und Bayerischer Landschaftspflegeetag 1997 Bewahrung im Wandel – Landschaften zwischen regionaler Dynamik und globaler Nivellierung

Bayerischer Landschaftspflegeetag:

- GÖPPEL, Josef, MdL und GOPPEL, Dr., Christoph: Vorwort
- GOPPEL, Dr., Christoph: Grußwort
- BLÜMLHUBER, Klaus (Sprecher der bayerischen Landschaftspflegeverbände): Grußwort
- Regierungsvizepräsident RICHTER, Alfred (Regierung von Mittelfranken): Grußwort
- FROBEL, Kai: Regionale Verbreitungsmuster von Pflanzen- und Tierarten
- BRAUN-GENTNER, Maria: Praxisbeispiel 1: Trockenbiotopverbund Altmühltal
- EICHER, Martin: Praxisbeispiel 2: Sallingbachtal
- SCHEIDLER, Manfred: Praxisbeispiel 3: Hang- und Felsfreilegungen im Naturpark Fränkische Schweiz-Veldensteiner Forst
- ELENDER, Franz: Praxisbeispiel 4: Neue Technik zur Nutzung von Streuobstwiesen
- KLETT, Reinhard: Praxisbeispiel 5: Bahndämme-Trockenbiotopvernetzung aus zweiter Hand
- SEIFERT, Manuela: Biotopvernetzung in Spanien mit wandernden Schafherden

Deutscher Landschaftspflegeetag:

- GOPPEL, Dr., Christoph: Grußwort
- GÖPPEL, Josef, MdL: Eröffnungsrede: Regionale Verwurzelung in der globalisierten Welt
- Staatsminister GOPPEL, Dr., Thomas: Landschaftspflegeverbände – Brückenbauer zwischen Naturschutz und Landwirtschaft
- KONOLD, Prof. Dr., Werner: Kulturlandschaft im Wandel – gestern, heute und morgen
- Von MÜNCHHAUSEN, Hilmar: Regionalisierung der Agrarmärkte – eine Chance für unsere Kulturlandschaften?
- Ministerpräsident Dr. STOIBER, Edmund: Bayerns Weg – Wandel und Bewahren verknüpfen
- AUFMKOLK, Gerd: Szenarien für die zukünftige Entwicklung von Mittelgebirgslandschaften
- "Bewahrung im Wandel" – *Ansbacher Erklärung* zur nachhaltigen Entwicklung von Kulturlandschaften

2/98 Schutz der genetischen Vielfalt (im Druck)

- STETTMER, Christian: Einführung in das Thema und Ergebnisse der Fachtagung vom 6./7. Nov. 1996 in Regensburg
- SEITZ, Alfred: Genfluß und die genetische Struktur von Populationen
- BENDER, Carolin: Genetische Vielfalt und Naturschutz
- FISCHER, Markus und SCHMID, Bernhard: Die Bedeutung der genetischen Vielfalt für das Überleben von Populationen
- GERSTMAYER, Roland; Vom HOPE, Harald; SEDLMAIR, Dieter und EINSPIANIER, Ralf: Populationsökologische und -genetische Untersuchungen an Laufkäfern
- ARMBRUSTER, Georg: Bei einer verbreiteten Landschnecke, *Cochlicopa lubrica* (O.F. Müller), wird die Frequenz von molekularen Phänotypen durch Selbstbefruchtung und habitatspezifische Selektion beeinflusst
- GANLOSSER, Udo: Zucht- und Wiederausbürgerungsprogramme
- KONNERT, Monika: Genetische Vielfalt im Wald – wie erkennen? wie erhalten?
- BEHM, Albrecht: Generhaltungsmaßnahmen im Bayerischen Forst

1/98 Umweltökonomische Gesamtrechnung – Versuch einer ganzheitlichen Betrachtung (im Druck)

- HOKE, Manfred: Einführung in das Thema der Fachtagung am 28. Nov. 1997 in München
- CANSIER, Dieter: Konzepte der Berücksichtigung der Umwelt in der Volkswirtschaftlichen Gesamtrechnung
- GEISENDORF, Sylvie: Biodiversität in der Umweltökonomischen Gesamtrechnung: Was kostet Artenvielfalt?
- LAWATSCHEK Johann: Die Umweltökonomische Gesamtrechnung – ein sinnvolles und operationales Instrument zur Beurteilung einer „nachhaltigen Entwicklung“? Ein regionaler Umsetzungsversuch am Beispiel Schleswig-Holsteins.
- RUHLAND, Siegfried: Defensive Ausgaben – Theorie und Anwendung des Konzepts auf den Haushalt der Stadt München

5/97 Die UVP auf dem Prüfstand – Bilanz und Perspektiven

- JESSEL Beate: Einführung in das Thema und Ergebnisse der Fachtagung vom 22.-23. März 1997 in Eching bei München
- *Praxis und Weiterentwicklung rechtlicher Grundlagen der Umweltverträglichkeitsprüfung (UVP):*
- BUNGE Thomas: Die Umweltverträglichkeitsprüfung (UVP) – Bilanz und Perspektiven aus rechtlicher Sicht
- *Die UVP im deutschland- und europaweiten Vergleich:*
- KLEINSCHMIDT Volker: Unterschiede der Umweltverträglichkeitsprüfung in den Bundesländern und Europa

Fortsetzung: LSB 5/97

- AUGÉ Johannes: Die Effektivität des UVP-Verfahrens
- *Erfahrungen und Beispiele aus verschiedenen Anwendungsbereichen des UVP:*
- ALBERT Gerhard; U. NESTMANN und M. KAHL: Erfahrungen mit der UVP für Abfalldeponien und Ausblick auf eine Fortschreibung der Anforderungen
- SCHÖBER Hans-Michael; Andreas BAUER-PORTNER; Elisabeth BENDER; Mechthild GIRSIG; Dietmar NARR; Andreas PÖLLINGER; Birgit SALZBRUNN und Christoph STEIN: Methoden und Vorgehensweisen bei der Bearbeitung von Umweltverträglichkeitsstudien – Erfahrungen am Beispiel von Straßen
- RIEHL Claudia: Anforderungen an eine strategische UVP – dargestellt am Beispiel der Bauleitplanung der Stadt Erlangen
- CZERMAK Peter: Erfahrungen mit der UVP im immissionsrechtlichen Genehmigungsverfahren
- STRASSER Helmut: 15 Jahre Umweltverträglichkeitsstudie – Von Gehversuchen 1982/83 bis zum etablierten Instrument heute
- MERGNER Richard: Kritische Analyse der UVP anhand von Verkehrsprojekten in Bayern
- WINKELBRANDT Arnd: Zum Verhältnis von UVP und naturschutzrechtlicher Eingriffsregelung – Anforderungen an eine Weiterentwicklung

4/97 Die Isar – Problemfluß oder Lösungsmodell?

- NAUMANN Eckart; GOPPEL Christoph; FALTLHAUSER Kurt; FINSTERWALDER Peter; SCHILLER Gerhard und WEBER Georg: Begrüßungsansprachen
- STROBL Theodor: Wasserkraftnutzung und Mindestwasserregelung
- PLACHTER Harald: Gebirgsflüsse – Naturschutz und Ökologie (Zusammenfassung)
- SCHEURMANN Karl: Die Isar, ein Fluß im Wandel der Zeiten
- HAAS Hans: Die energiewirtschaftliche Nutzung der Isar
- WEISS Fritz-Heinz: Die Isar – Problemfluß oder Lösungsansatz? Geschiebeproblematik
- ERBER Klaus; Pia KAMBERGS; Verena LAMPE und Michael REICH: Die Bedeutung der Abflußdynamik für die Vegetationsentwicklung in Umlagerungsstrecken der Oberen Isar
- BINDER Walter: Gewässerpflege-Ausblick
- BLASCHKE Benno: Nutzwertanalytische Ermittlung von Restwasserabflüssen in Ausleitungsstrecken am Beispiel des Kraftwerkes Mühltal (Isar)
- DÖRING Nikolaus: Anforderungen an Mindestwasserstrecken aus der Sicht der Isarallianz
- LENHART Brigitte: Erfahrungen des Wasserwirtschaftsamtes Weilheim mit der Isarrückleitung
- VISCHER Daniel: Geschiebestollen in der Schweiz: Abmessungen und Erfahrungen
- FUCHS Allen: Zur Mindestrestwasser- und Geschiebeproblematik an Gebirgsflüssen
- STEINER Hubert A. und Johann LEITNER: Technische und ökologische Problemlösungsansätze am Beispiel der Ausleitungsstrecke des Draukraftwerkes Rosegg-St. Jakob
- KNAUSS Jost: Neuere Erkenntnisse zur Sohlensicherung von erosionsgefährdeten Flüssen
- Podiumsdiskussion: (Mitschnitt)
- FUCHS Manfred und Hans-Peter HACK: Zusammenfassung (Seminarergebnis)
- Teilnehmerliste

3/97 3. Franz-Ruttner-Symposium Unbeabsichtigte und gezielte Eingriffe in aquatische Lebensgemeinschaften

- SIEBECK Otto: Zusammenfassung des Symposiums
- GOPPEL Thomas: Eröffnungsrede
- NEUBERGER Hubert: Grußwort
- SIEBECK Otto: Unbeabsichtigte und gezielte Eingriffe in aquatische Lebensgemeinschaften – Begrüßung und Einleitung in das Thema des Symposiums
- SIMON Meinhard: Reaktionen eines Seeökosystems auf kontinuierliche Zu- und Abnahme von Phosphatimporten – dargestellt am Beispiel des Bodensees
- LAMPERT Winfried: Nahrungskettenmanipulation: Die Rolle von Kompensationsmechanismen für Top-down-Prozesse
- BENNDORF Jürgen: Randbedingungen für eine wirksame Biomanipulation: Die Rolle der Phosphatbelastung
- KOSCHEL Rainer; Peter KASPRZAK; Alf SCHREIBER: Kalzifizierung und Nahrungskettenmanipulation
- ARNDT Hartmut: Spielen Protozoen bei der Manipulation pelagischer Nahrungsnetze eine Rolle?
- GÜDE Hans: Biomanipulation und das mikrobielle Nahrungsnetz
- WILDERER Peter A.: Einfluß periodischer Veränderungen von Milieubedingungen auf mikrobielle Lebensgemeinschaften

2/97 Die Kunst des Luxurierens – (kein ökologisches Paradox)

- HELD, Martin und HERINGER, Josef: Einführung in das Thema und Ergebnisse der Fachtagung vom 29.-31. Mai 1995 in Tutzing
- HELD, Martin und SCHERHORN, Gerhard: Knappheit – Wachstum – Luxus – Schönheit (Ein Gespräch zur Kunst des Luxurierens)

Fortsetzung: LSB 2/97

- REICHHOLF, Josef H.: Luxus und Verschwendung – Ein ökologisches Paradox?
- SEIFERLE, Rolf Peter: Überschuß und Überleben. Subsistenz und Luxus in primitiven Gesellschaften
- GERL-FALKOVITZ, Hanna Barbara: Sabbath, Weihrauch, Salben. Theologie der Armut oder Theologie des Überflusses?
- SUKOPP, Herbert: Wie funktionieren Ökosysteme?
- HERINGER, Josef: Vom Nutzen des Nutzlosen, der Produktivität des Unproduktiven
- STERNERT, Wolf und IRLACHER, Claudia: Die Kunst des Luxurierens in der Landschaft durch Landschaftsplanung und Landschaftspflege
- LENZSCH, Walter: Kunst des Luxurierens oder Wirtschaften in Unternehmungen?
- SEIDL, Irmi: Momente des Luxurierens jenseits der Erwerbswirtschaft
- RINGLER, Alfred: Sinnvolles Luxurieren und Verschwendung im Naturschutz
- REINER, Maya: Über den Umgang mit dem Überfluß in der Architektur und im Städtebau
- ANDRITZKY Michael: Von der Kunst des Luxurierens oder Das Überflüssige ist das Nötige

1/97 Wildnis – ein neues Leitbild?

Möglichkeiten ungestörter Naturentwicklung für Mitteleuropa

- JESSEL Beate: Einführung in das Thema und Ergebnisse der Fachtagung vom 11.-12. März 1997 in Eching bei München
- JESSEL Beate: Wildnis als Kulturaufgabe? – Nur scheinbar ein Widerspruch!
- TROMMER Gerhard: Wilderness, Wildnis oder Verwilderung – Was können und was sollen wir wollen?
- SCHERZINGER Wolfgang: Tun oder unterlassen? Aspekte des Prozessschutzes und Bedeutung des „Nichts-Tuns“ im Naturschutz
- DIEPOLDER Ursula: Die Rolle der Nationalparke in Deutschland vor dem Hintergrund der aktuellen Wildnis-Diskussion
- *Wald und „Wildnis“:*
- HAUPT Rainer: Wildnisgebiete – eine neue Perspektive für den Naturschutz?
- LÄSSIG Reinhard und Walter SCHÖNENBERGER: Was passiert, wenn man die Natur sich selber überläßt? Ergebnisse der Sukzessionsforschung auf Windwurfflächen
- CHRISTEN Markus: Naturlandschaft Sihlwald – Denkpause in einer Agglomerationslandschaft
- FÄHSER Lutz: Wenn Wälder wieder Wildnis würden... Hintergedanken zum Konzept der „Naturnahen Waldnutzung“ im Stadtforstamt Zürich

Strukturwandel in der Landwirtschaft – Chancen und Grenzen für „Wildnis“ in der früheren Agrarlandschaft?

- BROGGI Mario F.: Wo ist Wildnis nötig und sinnvoll? Gedanken zur Umsetzung in der Kulturlandschaft des Alpenraums vor dem Hintergrund des Strukturwandels
- DIERSSEN Klaus und Joachim SCHRAUTZER: Wie sinnvoll ist ein Rückzug der Landwirtschaft aus der Fläche? Aspekte des Naturschutzes sowie der Landnutzung in intensiv bewirtschafteten agrarischen Räumen
- *Wasser und „Wildnis“ – am Beispiel des Rückbaus von Flußlandschaften:*
- OBERHOFER Alfons und KATZMANN Marianne: Rückbau von Flußlandschaften in der Stadt – Möglichkeiten für Wildnis aus zweiter Hand
- NEUSCHULZ Frank und LLLJE Stefan: Auenschutz und Rückentwicklung von Auald in der brandenburgischen Elbtalaue

„Wildnis“ als pädagogische Herausforderung:

- SZIEMER Peter: Natur als Erlebnis – Zur Rolle des Wildnisgedankens in der Umweltbildung
- SCHEMEL Hans-Joachim: Erholung in „wilder“ Landschaft: Die neue Flächenkategorie „Naturerfahrungsraum“

6/96 Landschaftsplanung – Quo vadis? Standortbestimmung und Perspektiven gemeindlicher Landschaftsplanung

- GOPPEL Thomas: Vorwort des Bayerischen Staatsministers für Landesentwicklung und Umweltfragen
- JESSEL Beate: Ergebnisse des Seminars vom 25.-26. März 1996 in Eching bei München
- GOPPEL Christoph: Grußwort des Direktors der Bayerischen Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege
- GOPPEL Thomas: Rede des Bayerischen Staatsministers für Landesentwicklung und Umweltfragen
- Zum Stellenwert der gemeindlichen Landschaftsplanung in Bayern:
- AUFMKOLK Gerd: – aus der Sicht des Bundes Deutscher Landschaftsarchitekten BDLA
- SCHMID Werner: – aus der Sicht des Bayerischen Gemeindetags
- GASSNER Erich: Neue Aufgaben für die Landschaftsplanung – Umweltplanung, Bauleitplanung und Projekt-UVP
- MAYERL Dieter: Landschaftsplanung am Runden Tisch – kooperativ planen, gemeinsam handeln
- REITEMANN Willi: Erwartungen der Landwirtschaft an den Landschaftsplan der Gemeinden
- OTTO Andreas: Zur Praxis der gemeindlichen Landschaftsplanung in Schwaben – Erfahrungen und Perspektiven aus Sicht einer höheren Naturschutzbehörde

Fortsetzung: LSB 6/96

- SPERLING Andreas: Zur Praxis der gemeindlichen Landschaftsplanung in Niederbayern: Erfahrungen und Perspektiven aus Sicht einer unteren Naturschutzbehörde am Beispiel des Landkreises Passau

Berichte über die Arbeitsgruppen:

- BUSSE Jürgen: – Arbeitsgruppe 1: Wie soll sich das Verhältnis von Landschaftsplanung, Eingriffsregelung und Bauleitplanung fortentwickeln?
- WARTNER Helmut: – Arbeitsgruppe 2: Mehr Umsetzungserfolg durch mehr Akzeptanz am Runden Tisch? Strategien zur Öffentlichkeitsarbeit und Akzeptanzverbesserung
- BRODA Christoph; Thomas HELFRICH: – Arbeitsgruppe 3: Das Spannungsfeld zwischen Notwendigkeit und Machbarkeit: Welche Inhalte soll ein gemeindlicher Landschaftsplan abdecken?

Fallbeispiele zur Praxis der gemeindlichen Landschaftsplanung:

1. Stadt Berching/Oberpfalz:
 - ROSENBECK Hans: Maßnahmen der Stadt Berching zur Stärkung der Eigenständigkeit des Ländlichen Raumes und Rolle des Landschaftsplanes.
 - HERRE Dieter: Die Rolle des Landschaftsplanes im Rahmen einer integrierten Kommunalentwicklung am Beispiel der Stadt Berching
2. Gemeinde Hunding/Niederbayern:
 - Erfahrungen mit der Umsetzung des gemeindlichen Landschaftsplanes am Beispiel der Gemeinde Hunding
 - BRANDL Ferdinand: – aus der Sicht des 1. Bürgermeisters AMMER Hubert: – aus der Sicht des bearbeitenden Landschaftsarchitekten
3. Landschaftsplanung der Gemeinden im Auerbergland/Oberbayern und Schwaben:
 - SCHMID Heimo: Erwartungen der Gemeinden im Auerbergland an die Landschaftsplanung.
 - PRÖBSTL Ulrike und Heidi FRANK-KRIEGER: Ansätze zu gemeindeübergreifenden Vorgehensweisen in der Landschaftsplanung – am Beispiel der Gemeinden Bernbeuren, Burgen und Lechbruck.
 - SIEGHART Rudolf: Zusammenwirken der Landschaftsplanumsetzung mit der Dorf- und Flurteilung Bernbeuren im Auerbergland.
 - Anhang zum Beitrag Pröbstl und Frank-Krieger: Übergemeindliche Umsetzungsprojekte – Landschaftsplan Bernbeuren
4. Gemeine Kirchdorf i. Wald/Niederbayern:
 - ALTMANN Herbert: Der gemeindliche Landschaftsplan Kirchdorf i. Wald – ein gemeinsam erarbeitetes Entwicklungskonzept.
 - FALTER Gerhard: Landschaftsplan-Umsetzung in der Gemeinde Kirchdorf i. Wald – eine erste Bilanz
5. Stadt Pottenstein/Oberfranken:
 - BAUERNSCHMITT Dieter: Erwartungen der Stadt Pottenstein an den Landschaftsplan – aus der Sicht des ersten Bürgermeisters.
 - BAUERNSCHMITT Guido: Landschaftsplan Pottenstein – Beitrag zur Entwicklung einer Fremdenverkehrsgemeinde
- BAYERISCHES STAATSMINISTERIUM FÜR LANDESENTWICKLUNG UND UMWELTFRAGEN (Hrsg.): Leitfaden zur Fortentwicklung des gemeindlichen Landschaftsplanes als Teil des Flächennutzungsplanes in Bayern: „Landschaftsplanung am Runden Tisch“ (Stand: Juli 1996): 1. Einführung; 2. Zusammenarbeit der an der Landschaftsplanung im Rahmen der Bauleitplanung Beteiligten; 3. Verfahrensablauf; 4. Anforderungen an die Inhalte des gemeindlichen Landschaftsplanes als Teil des Flächennutzungsplanes; 5. Umsetzung der Ziele und Maßnahmen; 6. Informationsaustausch und Öffentlichkeitsarbeit; 7. Förderung und Honorierung
- Beilage: Landschaftsplanung am Runden Tisch - das Beispiel der Gemeinde Kirchdorf i. Wald (Informationsbroschüre: Herausgeber: ANL/StMLU; Stand März 1996)

Inhalte der zuletzt erschienenen Berichte:

Heft 20 (1996)

20 Jahre ANL – Festakt am 20.09.1996 in Laufen:

- Programm des Festaktes
- Begrüßungsansprache des ANL-Direktors Herrn Dr. Christoph Goppel
- Grußworte des Vorsitzenden des ANL-Kuratoriums Herrn Prof. Dr. Ulrich Ammer
- Grußworte des Landrates des Landkreises Berchtesgadener Land Herrn Martin Seidl und des 1. Bürgermeisters der Stadt Laufen Herrn Ludwig Herzog
- Festansprache des Bayerischen Ministerpräsidenten Herrn Dr. Edmund Stoiber, Mdl.
- Festvortrag von Herrn Prof. Dr. Norbert Knauer „Naturschutz im 21. Jahrhundert – die Rolle der Akademie“
- Festansprache des Bayerischen Staatsministers für Landesentwicklung und Umweltfragen Herrn Dr. Thomas Goppel

Seminarthemen und Grundsatzfragen:

- ROCK Martin: Ökologische Ethik aus christlicher Sicht
- STUDER Hans-Peter: Wirtschaften im Einklang mit der Natur und mit uns selbst
- TEXTER Thomas und Wolfgang THOMASEK: Von Werten zu Märkten
- STROBL Jakob: Der Wert der Landschaft aus regionaler Sicht

Fortsetzung: Heft 20 (1996)

- KARGER Cornelia R.: Naturschutz in der Kommunikationskrise
- LEITSCHUH-FECHT Heike: Marketing für den Naturschutz
- GRÜSSER Birgit: Ökosponsoring als fruchtbares Mittel der Unternehmenskommunikation – Ein Geschäft auf Gegenseitigkeit
- RAHOFER Meinrad: Natur- und Umweltschutz in den Medien
- KNAUER Norbert: Integration besonderer ökologischer Leistungen in die landwirtschaftliche Bodennutzung
- ERDMANN Karl-Heinz: Schutz, Pflege und Entwicklung großräumiger Natur- und Kulturlandschaften – Die Rolle der Biosphärenreservate im internationalen Programm „Der Mensch und die Biosphäre“ (MAB)
- RICHTER Gerhard: Historische Gärten in Bayern
- JORDAN Peter: Parkpflegewerke – Instrumentarien zur Erhaltung historischer Gärten
- BRANDES Dieter: Naturschutzaspekte bei der Denkmalpflege unter besonderer Berücksichtigung der Mauervegetation
- GARNWEIDNER Edmund: Artenschutz für Pilze – Grundlagen, Grenzen, Verbesserungsvorschläge
- KRIEGLSTEINER Lothar: Die Pilzflora Bayerns und ihre Gefährdung
- WINTERHOFF Wulfard: Die Pilzflora der Magerrasen – Gefährdung und Schutz
- STURM Peter: Gefährdung und Schutz heimischer Pilzarten – Anwendung in der Naturschutzpraxis

Forschungsarbeiten:

- PATZNER Robert A. und Doris MÜLLER: Gefährdung und Rückgang der Najaden-Muscheln (Unionidae, Bivalvia) in stehenden Gewässern
- MÜLLER Andreas: Störungsökologie rastender Wasservogel am Starnberger See
- STADLER Siegfried: Flexibilität bei der Revierwahl und im Fällverhalten des Bibern
- REBHAN Herbert und ALBRECHT Steffi: Kleingewässer in einer Karstlandschaft und ihre Bedeutung für den Naturschutz
- HEMP Claudia und Andreas: Kalkschuttfuren und Blockhaldenwälder: Der Lindenberg bei Hohenstadt und seine außergewöhnliche Vegetation und Fauna
- HEMP Claudia und Andreas: *Podisma pedestris* L. (Saltatoria: Catantopidae) in der Hersbrucker Alb
- DOLEK Matthias und GEYER Adi: Das Biotopmanagement und die Habitatbindung der Rotflügeligen Oldlandschrecke (*Oedipoda germanica* Latr. 1804) in der Frankenalb
- FLECKENSTEIN Kurt et al.: Realisierung von Ausgleichs- und Ersatzmaßnahmen bei Freileitungen
- FLECKENSTEIN Kurt et al.: Methoden zur Bewertung von Eingriffen in das Landschaftsbild bei Freileitungen
- FLECKENSTEIN Kurt et al.: Bewertung von Beeinträchtigungen der Avifauna im landschaftspflegerischen Begleitplan für Freileitungen

ANL-Nachrichten:

- Bibliographie: Veröffentlichungen der ANL im Jahr 1995
- Veranstaltungsspiegel der ANL im Jahr 1995 mit den Ergebnissen der Seminare und Mitwirkung der ANL-Referenten bei anderen Veranstaltungen sowie Sonderveranstaltungen der ANL
- Forschungsvergabe der ANL
- Mitglieder des Präsidiums und Kuratoriums/Personal der ANL

Heft 19 (1995)

Seminarthemen und Grundsatzfragen

- FLUHR-MEYER, Gerti: Johann Rueß (1869 - 1943) und der Bund Naturschutz in Bayern
 - STENSCHKE, York Christian: Rechtsprechung zum naturschutzrechtlichen Inschutznahmeverfahren
 - HIRSCH, Stefan: Wallfahrtsstätten als Teil geistlicher Landschaften: "Theatrum terrae sanctae" – Kalvarienberge und Sakrallandschaft in Oberbayern
 - BERGER, Rupert: Die Pflanze in Kult und Alltagsbrauch
 - BRIEMLE, Helga: Gärten - Von Kindern, für Kinder
 - LUZ, Renate: Naturspiel - Beispiel Garten
 - AGDE, Georg: Welche Unfälle in Kinderspielfeldern können wir durch gesetzliche und technische Maßnahmen verhindern?
 - FISCH, Emmi: Kindergärten - Lust und Last des Unterhaltes
 - HÜBNER, Klaus: Wintererlebniswochen - eine Alternative zu Schulschulreisen
 - KNAUER, Norbert: Biotische Vielfalt in der Agrarlandschaft - Notwendigkeit und Strategie zur Entwicklung einer Biodiversität durch die Landwirtschaft
 - ČERŮSKÝ, Jan: Die globale Strategie der Biodiversität und ihre nationale Anwendung am Beispiel der Tschechischen Republik
 - TAMPE, Klaus: Kosten und Nutzen eines nachhaltigen Schutzes der Biodiversität
 - HENLE, Klaus: Mangelnder Erfolg beim Schutz von Biodiversität: Systematisierung der Gründe
 - JEDICKE, Eckhard: Grenzstrukturen in Wäldern und ihr Einfluß auf die Avifauna
- Forschungsarbeiten:**
- MÜLLER, Norbert: Wandel von Flora und Vegetation nordalpiner Wildfließlandschaften unter dem Einfluß des Menschen
 - REICHHOLF-RIEHM, Helgard: Verockerung von Altwässern

Fortsetzung: Heft 19 (1996)

- HEMP, Andreas: Die landschaftsökologische Bedeutung der Dolomitziefernwälder (Buphthamo - Pinetum) in der Frankenalb
- FISCHER, Hagen S.: Auswertung der geobotanischen Dauerbeobachtungen in ausgewählten Biotopen in Bayern - Konzept und exemplarische Auswertung eines Sandmagerrasentransekte

ANL-Nachrichten:

- Bibliographie: Veröffentlichungen der ANL im Jahr 1994 • Veranstaltungsspiegel der ANL im Jahr 1994 mit den Ergebnissen der Seminare • Mitwirkung der ANL-Referenten bei anderen Veranstaltungen sowie Sonderveranstaltungen der ANL • Forschungsvergabe der ANL • Mitglieder des Präsidiums und Kuratoriums Personal der ANL

Heft 18 (1994)

Seminarthemen und Grundsatzfragen

- FLUHR-MAYER Gerti: Prof. Dr. Otto Kraus (1905-1984). Erster Hauptamtlicher Naturschützer Bayerns.
- KADNER Dieter: Die Bayerische Landesstelle für Naturschutz unter Prof. Dr. Otto Kraus (1949-1967).
- ZWANZIG Günter: Vom Naturrecht zum Schöpfungsrecht. Zur Geschichte des Naturschutzgedankens.
- BENNINGER Martin: Landschaft durch Landwirtschaft – Inwertsetzung ihrer Pflegefunktion.

Forschungsarbeiten

- HEBAUER Franz: Katalog der bayerischen Wasserkäfer, ihrer Ökologie, Verbreitung, Gefährdung.
- BURMEISTER Ernst-Gerhard: Die limnischen Feenkrebse (*Anostraca*), Schildkrebse (*Notostraca*), Muschelschaler (*Conchostraca*), Asseln (*Isopeoda limn.*) und Flohkrebse (*Amphipoda*) in Bayern. (*Crustacea*). Kommentar und Stoffsammlung zur „Roten Liste“ der limnischen Krebse in Bayern.
- BURMEISTER Ernst-Gerhard: Faunistische Begleituntersuchung aquatischer Makroinvertebraten neu angelegter Kleingewässer bei Eichenau (Lkr. Fürstentfeldbruck). Ein Beitrag zur Problematik künstlich angelegter Kleingewässer.
- UTSCHECK Hans: Zur Dynamik von Tagfaltergemeinschaften im Flußauenwald der Innstaufstufe. Perach 1976-1987 (*Lepidoptera*; *Rhopalocera*).
- GEISER Remigius: Artenschutz für holzbewohnende Käfer (*Coleoptera xylobionta*).
- BUSLER Heinz: Die xylobionte Käferfauna im Naturschutzgebiet „Scheerwehrgelände bei Schalkhausen“ (Stadt Ansbach/Mittelfranken).
- RÖTZER Thomas und WÜRLÄNDER Roland: Neuartige phänologische Karten von Bayern und deren Anwendungsmöglichkeiten in der Landschaftsökologie und Landschaftsplanung.
- KAISER Kurt und ZIMMERMANN Antje: Physisch-geographische Untersuchung an Mooren und Seen im Havelquellgebiet (Müritz-Nationalpark).
- LEHMANN Reinhold, KIFINGER Bruno, BOHL Erik und BAUER Johannes: Bewertungsmodell für die Entwicklung von Zielvorstellungen des Gewässerschutzes.
- FLECKENSTEIN Kurt und RHIEM Walter: Umwelt- und Landschaftsplanung für Freileitungen. Abgrenzung der Anforderungen in den unterschiedlichen Genehmigungsverfahren.
- FLECKENSTEIN Kurt und RHIEM Walter: Der Landschaftspflegerische Begleitplan (LBP) für Freileitungen.

ANL – Nachrichten:

- Bibliographie: Veröffentlichungen der ANL im Jahre 1993.
- Veranstaltungsspiegel der ANL im Jahre 1993 mit den Ergebnissen der Seminare.
- Forschungsvergabe der ANL.
- Mitglieder des Präsidiums und Kuratoriums/Personal der ANL.
- KÖSTLER Evelin, JAHRESTORFER Elisabeth und PRAXENTHALER Hildegard: Bibliographie: Veröffentlichungen der ANL 1992.
- Veranstaltungsspiegel der ANL im Jahre 1992 mit den Ergebnissen der Seminare.
- Forschungsvergabe der ANL.
- Mitglieder des Präsidiums und Kuratoriums; Personal der ANL.

Beihfte zu den Berichten

Beihfte erscheinen in unregelmäßiger Folge und beinhalten die Bearbeitung eines Themenbereichs.

Beihft 1

HERINGER J.K.: Die Eigenart der Berchtesgadener Landschaft – ihre Sicherung und Pflege aus landschaftsökologischer Sicht, unter besonderer Berücksichtigung des Siedlungswesens und Fremdenverkehrs. 1981. 128 S. mit 129 Fotos. DM 17,-

Beihft 2

Pflanzen- und tierökologische Untersuchungen zur BAB 90 Wolnzach-Regensburg. Teilabschnitt Elsendorf-Saalhaupt. 71 S., Abb., Ktn., 19 Farbfotos DM 23,-

Beihft 3

SCHULZE E.-D. et al.: Die pflanzenökologische Bedeutung und Bewertung von Hecken.

Fortsetzung: Beihefte

- = Beiheft 3, T. 1 zu den Berichten der ANL. DM 37,-
Gegenstand und Umfang des Forschungsauftrags · Strücker in der natürlichen und anthropogen beeinflussten Vegetation Mitteleuropas · Kohlenstoffhaushalt, Wachstum und Wuchsform von Holzgewächsen im Konkurrenzgefüge eines Heckenstandortes, Diss. von Manfred Küppers · Die Ökologie wichtiger Holzarten der Hecken · Die Beziehung von Hecken und Ackerrainen zu ihrem Umland · Die Bewertung der nordbayerischen Hecken aus botanischer Sicht · Autoren: Ernst-Detlef Schulze, Albert Reif unter Mitarbeit von Christoph Knop und Katharina Zahner.
- ZWÖLFER, H. et al.: Die tierökologische Bedeutung und Bewertung von Hecken.
- = Beiheft 3, T. 2 zu den Berichten der ANL. DM 36,-

Ziele und Grundlagen der Arbeit · Wissenschaftliche Ergebnisse · Schlußfolgerungen für die Praxis der Landschaftspflege und für den integrierten Pflanzenschutz · Kontakte zu anderen Institutionen · Ergebnisse des Klopffrosen-Programmes · Zur Phänologie ausgewählter Arthropodengruppen der Hecke · Die Erfassung von Lepidopteren-Larven an Schlehe und Weißdorn · Einfluß des Alters auf die räumliche Verteilung von Weißdornbüschen auf Phytophage und ihre Parasiten · Einfluß von Alter und räumlicher Verteilung von Wildrosen auf den Wickler *Notocelia roborana* D.&S. und seine Parasiten · Zur Populationsökologie einiger Insekten auf Wildrosen · Untersuchungen zum Verhalten, zur Biologie und zur Populationsdynamik von *Yponomeuta padellus* auf der Schlehe · Faunistisch-ökologische Analyse ausgewählter Arthropoden-Gruppen · Untersuchungen zum Brutvogelbestand verschiedener Heckengebiete – Wildspurendichte und Wildverbiß im Heckenbereich · Analyse des Blatt-Biomasse-Konsums an Schlehe, Weißdorn und Wildrose durch photophagische Insekten · Begründung der Bewertungszahlen für Heckenholzarten · Aus Kleinschmetterlingen in Hecken gezogene Parasitoidenarten (Tabellen) · Heckenpflanzen als Wirte landwirtschaftlicher Schadorganismen (Tabellen) · Autoren: Helmut Zwölfer, Gerhard Bauer, Gerd Heusinger u.a.

Beiheft 4

ZAHLHEIMER, W.: Artenschutzgemäße Dokumentation und Bewertung floristischer Sachverhalte – Allgemeiner Teil einer Studie zur Gefäßpflanzenflora und ihrer Gefährdung im Jungmoränengebiet des Inn-Vorland-Gletscher (Oberbayern). 143 S., 97 Abb. und Hilfskärtchen, zahlr. Tab., mehrere SW-Fotos. DM 21,-

Beiheft 5

ENGELHARDT W., OBERGRUBER R. und REICHHOLZ J.: Lebensbedingungen des europäischen Feldhasen (*Lepus europaeus*) in der Kulturlandschaft und ihre Wirkungen auf Phytologie und Verhalten. DM 28,-

Beiheft 6

MELZER A. und MICHLER G. et al.: Ökologische Untersuchungen an südbayerischen Seen. 171 S., 68 Verbreitungskärtchen, 46 Graphiken, zahlr. Tab. DM 20,-

Beiheft 7

FOECKLER Francis: Charakterisierung und Bewertung von Augewässern des Donaupraumes Straubing durch Wassermolluskengesellschaften. 149 S., 58 Verbreitungskärtchen, zahlr. Tab. u. Graphiken, 13 Farbfotos. DM 27,-

Beiheft 8

PASSARGE Harro: Avizönosen in Mitteleuropa. 128 S., 15 Verbreitungskarten, 38 Tab., Register der Arten und Zönosen. DM 18,-

Beiheft 9

KÖSTLER Evelin und KROGOLL Bärbel: Auswirkungen von anthropogenen Nutzungen im Bergland – Zum Einfluß der Schafbeweidung (Eine Literaturstudie). 74 S., 10 Abb., 32 Tab. DM 12,-

Beiheft 10

Bibliographie 1977-1990: Veröffentlichungen der Bayerischen Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege. 294 S. DM 15,-

Beiheft 11

CONRAD-BRAUNER Michaela: Naturnahe Vegetation im Naturschutzgebiet „Unterer Inn“ und seiner Umgebung – Eine vegetationskundlich-ökologische Studie zu den Folgen des Stau-stufenbaus 175 S., Zahlr. Abb. u. Karten. DM 44,-

Beiheft 12

Festschrift zum 70. Geburtstag von Prof. Dr. Dr. h.c. Wolfgang Haber; 194 S., 82 Fotos, 44 Abb., 5 Farbkarten (davon 3 Faltkarten), 5 Veg. tab. DM 24,-

- GOPPEL Christoph: Vorwort
- TÖPFER Klaus: Würdigung der Person, Prof. Dr. Dr. h.c. Wolfgang Haber

Fortsetzung: Beihefte

- Fototeil
- Verzeichnis der wissenschaftlichen Veröffentlichungen von Prof. Dr. Dr. h.c. Wolfgang Haber
- WÖRNLE Peter: Öffentlichkeitsarbeit für den Naturschutz
- TREPL Ludwig: Die Diversitäts-Stabilitäts-Diskussion in der Ökologie
- GANZERT Christian: Konzeption für eine ökologische Agrarlandschaftsforschung
- SCHREIBER Karl-Friedrich: Muß eine sekundär-progressive Sukzession immer nach bekannten Modellvorstellungen ablaufen? – Gegenbeispiele aus den Bracheversuchen Baden-Württembergs
- RUTHSATZ Barbara: Erfolgskontrolle von Biotopsicherungsmaßnahmen im Niedermoorgrünland eines NSG in der westpfälzischen Moorniederung bei Kaiserlautern
- ELLENBERG Heinz: Wiesensterben auf Island. – Eine Rück- und Vorschau
- OTTE Annette; Steffi SCHÖFMANN; Inge SCHNIEPP und Ursula DORNER (mit einem Beitrag von Wolfgang BRAUN): Eine Kulturlandschaft auf der Roten Liste – Rekonstruktion des Nutzungsgütes und der Vegetation einer traditionellen Kulturlandschaft am südbayerischen Alpenrand: Landbewirtschaftung in Kochel am See in den 40er und 50er Jahren
- HOISL Richard: Bodenordnung als Beitrag zur Landschaftsentwicklung
- SPANDA Lutz und Bertram BORETZKI: Biosphärenreservate als Instrument des Naturschutzes
- GREBE Reinhard: Das Biosphärenreservat Rhön – Vorbild einer umweltgerechten Regionalentwicklung

■ Forschungsberichte

Forschungsbericht 1
JANSEN Antje: Nährstoffökologische Untersuchungen an Pflanzenarten und Pflanzengemeinschaften von voralpinen Kalkmagerrasen und Streuwiesen unter besonderer Berücksichtigung naturschutzrelevanter Vegetationsänderungen. DM 20,-

Forschungsbericht 2
(versch. Autoren): Das Haarmoos – Forschungsergebnisse zum Schutz eines Wiesenbrüteregebietes. DM 24,-

Forschungsbericht 3
HÖLZEL Norbert: Schneeheide-Kiefernwälder in den mittleren Nördlichen Kalkalpen. DM 23,-

Forschungsbericht 4
HAGEN Thomas: Vegetationsveränderungen in Kalkmagerrasen des Fränkischen Jura; Untersuchung langfristiger Bestandsveränderungen als Reaktion auf Nutzungsumstellung und Stickstoff-Deposition. DM 21,-

Forschungsbericht 5
LOHMANN Michael und Michael VOGEL: Die bayerischen Ramsargebiete – Eine kritische Bestandsaufnahme der Bayerischen Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege. DM 14,-

■ Lehrhilfen

- Handreichung zum Thema Naturschutz und Landschaftspflege (hrsg. in Zusammenarbeit mit dem Staatsinstitut für Schulpädagogik und Bildungsforschung, München). DM 14,-

■ Sonderdrucke aus den Berichten der ANL

- »Die Staueisen am unteren Inn« aus Heft 6/82 DM 5,-
- »Natur und Landschaft im Wandel« aus Heft 10/86 (vergriffen)

■ Landschaftspflegekonzept Bayern

- Bd. I. Einführung DM 38,-
- Bd. II. 1 Kalkmagerrasen DM 45,-
- Teil 1 DM 42,-
- Teil 2
- Bd. II. 2 Dämme, Deiche und Eisenbahnstrecken DM 34,-
- Bd. II. 3 Bodensaure Magerrasen DM 39,-
- Bd. II. 4 Sandrasen DM 34,-
- Bd. II. 5 Streuobst DM 34,-
- Bd. II. 6 Feuchtwiesen DM 32,-
- Bd. II. 7 Teiche DM 27,-
- Bd. II. 8 Stehende Kleingewässer DM 35,-
- Bd. II. 9 Streuwiesen DM 41,-
- Bd. II. 10 Gräben DM 25,-
- Bd. II. 11 Agrotopen DM 35,-
- Teil 1 DM 37,-
- Teil 2 DM 43,-
- Bd. II. 12 Hecken- und Feldgehölze DM 36,-
- Bd. II. 13 Nieder- und Mittelwälder DM 36,-
- Bd. II. 14 Einzelbäume- und Baumgruppen DM 32,-
- Bd. II. 15 Geotope DM 38,-
- Bd. II. 16 Leitungstrassen DM 25,-

- Bd. II. 17 Steinbrüche DM 32,-
- Bd. II. 18 Kies-, Sand- und Tongruben DM 31,-
- Bd. II. 19 Bäche und Bachufer DM 49,-

■ Informationen

Informationen 1 – Die Akademie stellt sich vor Faltblatt, kostenfrei

Information 2 – Grundlagen des Naturschutzes. (vergriffen)

Informationen 3 – Naturschutz im Garten – Tips und Anregungen zum Überdenken, Nachmachen und Weitergeben. DM 2,-

Information 4 – Begriffe aus Ökologie, Landnutzung und Umweltschutz. In Zusammenarbeit mit dem Dachverband wissenschaftlicher Gesellschaften der Agrar-, Forst-, Ernährungs-, Veterinär- und Umweltforschung e.V. München. (derzeit vergriffen: Neuaufgabe in Vorbereitung; siehe bei CD's!)

Information 5 – Natur entdecken – Ein Leitfaden zur Naturbeobachtung. DM 2,-

Information 6 – Natur spruchreif. (Aphorismen zum Naturschutz) DM 6,-

Information 7 – Umweltbildungseinrichtungen in Bayern DM 15,-

Einzel Exemplare von Info 3, Info 5 und Info 6 werden gegen Zusendung von DM 3,- (für Porto + Verpackung) in Briefmarken ohne Berechnung des Heftpreises abgegeben.

Ab 100 Stück werden bei allen Infos (3/4/5) 10% Nachlaß auf den Heftpreis gewährt.

■ CD's

Informationseinheit Naturschutz (CD-ROM-Version) DM 74,-

Die Informationseinheit Naturschutz ist ein Compendium aus 150 Textbausteinen (jeweils 2-3 Seiten Umfang) und 250 Bildern, die frei miteinander kombiniert werden können. Über Grundlagen des Naturschutzes, Ökologie, Landnutzung, Naturschutz und Gesellschaft, bis hin zum Recht und zur praktischen Umsetzung sind alle wichtigen Bereiche behandelt. Im Anhang wurde außerdem die „Informationen 4: Begriffe aus Ökologie, Landnutzung und Umweltschutz“ mit aufgenommen.

Das neue Medium erlaubt eine einfache und praktische Handhabung der Inhalte. Für den MS-Internet Explorer 4.0 werden mindestens ein 486-Prozessor, ein Arbeitsspeicher von 8 MB unter windows 95 bzw. von 16 MB unter windows NT benötigt.

■ Diaserien

- Diaserie Nr. 1 »Feuchtgebiete in Bayern« 50 Kleinbildias mit Textheft. DM 150,-
- Diaserie Nr. 2 »Trockengebiete in Bayern.« 50 Kleinbildias mit Textheft. DM 150,-

- Diaserie Nr. 3 »Naturschutz im Garten« 60 Dias mit Textheft und Begleitkassette. DM 150,-

■ Plakatserie »Naturschutz«

- 3 Stück im Vierfarbdruck DIN A2. DM 3,-
- + Verpackungskostenanteil bis 15 Serien. DM 5,-

■ Faltblätter

„Persönlichkeiten im Naturschutz“

- Prof. Dr. Otto Kraus
- Johann Rueß

Ökologische Lehr- und Forschungsstation Straß

Laufener Seminarbeiträge (LSB) (Tagungsberichte)

Zu ausgewählten Seminaren werden Tagungsberichte erstellt. In den jeweiligen Tagungsberichten sind die ungekürzten Vorträge eines Fach- bzw. wissenschaftlichen Seminares abgedruckt.

Diese Tagungsberichte sind ab 1/82 in »Laufener Seminarbeiträge« umbenannt worden.

2/78 Begrünungsmaßnahmen im Gebirge.	(vergriffen)
3/79 Seenforschung in Bayern.	(vergriffen)
4/79 Chance für den Artenschutz in Freilichtmuseen.	(vergriffen)
5/79 Ist Pflege der Landschaft erforderlich?	(vergriffen)
6/79 Weinberg-Flurbereinigung und Naturschutz.	DM 8,-
7/79 Wildtierhaltung in Gehegen.	DM 6,-
1/80 Tierökologische Aspekte im Siedlungsbereich.	(vergriffen)
2/80 Landschaftsplanung in der Stadtentwicklung, in dt. und engl. Ausgabe.	DM 9,-/11,-
3/80 Die Region Untermain – Region 1 – Die Region Würzburg – Region 2 –	DM 12,-
4/80 Naturschutz und Recht.	(vergriffen)
5/80 Ausbringung von Wildpflanzen.	(vergriffen)
6/80 Baggerseen und Naturschutz.	(vergriffen)
7/80 Geoökologie und Landschaft.	(vergriffen)
8/80 Freileitungsbau und Belastung der Landschaft.	(vergriffen)
9/80 Ökologie und Umwelthygiene.	DM 15,-
1/81 Stadtökologie.	(vergriffen)
2/81 Theologie und Naturschutz.	DM 5,-
3/81 Greifvögel und Naturschutz.	(vergriffen)
4/81 Fischerei und Naturschutz.	(vergriffen)
5/81 Fließgewässer in Bayern.	(vergriffen)
6/81 Aspekte der Moornutzung.	(vergriffen)
7/81 Beurteilung des Landschaftsbildes.	(vergriffen)
8/81 Naturschutz im Zeichen knapper Staatshaushalte.	DM 5,-
9/81 Zoologischer Artenschutz.	DM 10,-
10/81 Naturschutz und Landwirtschaft.	(vergriffen)
11/81 Die Zukunft der Salzach.	DM 8,-
12/81 Wiedereinbürgerung gefährdeter Tierarten.	(vergriffen)
13/81 Seminarergebnisse der Jahre 76-81.	(vergriffen)
1/82 Der Mensch und seine städtische Umwelt- humanökologische Aspekte.	(vergriffen)
2/82 Immissionsbelastungen ländlicher Ökosysteme.	(vergriffen)
3/82 Bodennutzung und Naturschutz.	DM 8,-
4/82 Walderschließungsplanung.	DM 9,-
5/82 Feldhecken und Feldgehölze.	DM 25,-
6/82 Schutz von Trockenbiotopen – Buckelfluhen.	DM 9,-
7/82 Geowissenschaftliche Beiträge zum Naturschutz.	(vergriffen)
8/82 Forstwirtschaft unter Beachtung forstlicher Ziele und der Naturschutzgesetzgebung.	(vergriffen)
9/82 Waldweide und Naturschutz.	(vergriffen)
1/83 Dorfökologie – Das Dorf als Lebensraum/ +1/84 Dorf und Landschaft. Sammelbd.	(vergriffen)
2/83 Naturschutz und Gesellschaft.	DM 8,-
3/83 Kinder begreifen Natur.	(vergriffen)
4/83 Erholung und Artenschutz.	DM 16,-
5/83 Marktwirtschaft und Ökologie.	(vergriffen)
6/83 Schutz von Trockenbiotopen – Trockenrasen, Triften und Hutungen.	DM 9,-
7/83 Ausgewählte Referate zum Artenschutz.	DM 14,-
8/83 Naturschutz als Ware – Nachfrage durch Angebot und Werbung.	(vergriffen)
9/83 Ausleihbarkeit von Eingriffen in den Naturhaushalt.	(vergriffen)
1/84 siehe 1/83	
2/84 Ökologie alpiner Seen.	DM 14,-
3/84 Die Region 8 – Westmittelfranken.	DM 15,-
4/84 Landschaftspflegliche Almwirtschaft.	DM 12,-
5/84 Schutz von Trockenbiotopen – Trockenstandorte aus zweiter Hand.	(vergriffen)
6/84 Naturnaher Ausbau von Grünanlagen.	(vergriffen)
7/84 Inselökologie – Anwendung in der Planung des ländlichen Raumes.	DM 16,-
1/85 Rechts- und Verwaltungsaspekte der naturschutzrechtlichen Eingriffsregelung.	(vergriffen)
2/85 Wasserbau – Entscheidung zwischen Natur und Korrektur.	DM 10,-
3/85 Die Zukunft der ostbayerischen Donaulandschaft.	DM 19,-
4/85 Naturschutz und Volksmusik.	DM 10,-
1/86 Seminarergebnisse der Jahre 81-85.	DM 7,-
2/86 Elemente der Steuerung und der Regulation in der Pelagialbiozönose.	DM 16,-
3/86 Die Rolle der Landschaftsschutzgebiete.	DM 12,-
4/86 Integrierter Pflanzenbau.	DM 13,-

Fortsetzung: Laufener Seminarbeiträge

5/86 Der Neuntöter – Vogel des Jahres 1985. Die Saatkrähe – Vogel des Jahres 1986.	DM 10,-
6/86 Freileitungen und Naturschutz.	DM 17,-
7/86 Bodenökologie.	DM 17,-
8/86 Dorfökologie: Wasser und Gewässer.	(vergriffen)
9/86 Leistungen und Engagement von Privatpersonen im Naturschutz.	DM 5,-
10/86 Biotopverbund in der Landschaft.	DM 23,-
1/87 Die Rechtspflicht zur Wiedergutmachung ökologischer Schäden.	DM 12,-
2/87 Strategien einer erfolgreichen Naturschutzpolitik.	DM 12,-
3/87 Naturschutzpolitik und Landwirtschaft.	DM 15,-
4/87 Naturschutz braucht Wertmaßstäbe.	DM 10,-
5/87 Die Region 7 – Industrieregion Mittelfranken	DM 11,-
1/88 Landschaftspflege als Aufgabe der Landwirte und Landschaftsgärtner.	DM 10,-
2/88 Dorfökologie: Wege und Einfriedungen.	(vergriffen)
3/88 Wirkungen von UV-B-Strahlung auf Pflanzen und Tiere.	DM 13,-
1/89 Greifvogelschutz.	DM 13,-
2/89 Ringvorlesung Naturschutz.	DM 15,-
3/89 Das Braunkehlchen – Vogel des Jahres 1987 Der Wendehals – Vogel des Jahres 1988.	DM 10,-
4/89 Hat die Natur ein Eigenrecht auf Existenz?	DM 10,-
1/90 Einsatzmöglichkeiten der Fernerkundung in der Landschaftsökologie.	(vergriffen)
2/90 Sicherung und Schaffung von Arbeitsplätzen durch Naturschutz.	DM 12,-
3/90 Naturschutzorientierte ökologische Forschung in der BRD.	DM 11,-
4/90 Auswirkungen der Gewässerversauerung.	DM 13,-
5/90 Aufgaben und Umsetzung des Landschaftspflegerischen Begleitplanes.	(vergriffen)
6/90 Inhalte und Umsetzung der Umweltverträglichkeitsprüfung (UVP).	(vergriffen)
1/91 Umwelt/Mitwelt/Schöpfung – Kirchen und Naturschutz.	DM 11,-
2/91 Dorfökologie: Bäume und Sträucher.	DM 12,-
3/91 Artenschutz im Alpenraum	DM 23,-
4/91 Erhaltung und Entwicklung von Flußauen in Europa.	DM 21,-
5/91 Mosaik – Zyklus – Konzept der Ökosysteme und seine Bedeutung für den Naturschutz.	DM 9,-
6/91 Länderübergreifende Zusammenarbeit im Naturschutz (Begegnung von Naturschutzfachleuten aus Bayern und der Tschechischen Republik).	DM 17,-
7/91 Ökologische Dauerbeobachtung im Naturschutz.	DM 14,-
1/92 Ökologische Bilanz von Stauräumen.	DM 15,-
2/92 Wald- oder Weideland – zur Naturgeschichte Mitteleuropas.	DM 15,-
3/92 Naturschönerer Bildungs- und Erlebnistourismus.	DM 16,-
4/92 Beiträge zu Natur- und Heimatschutz.	DM 21,-
5/92 Freilandmuseen – Kulturlandschaft – Naturschutz.	DM 15,-
1/93 Hat der Naturschutz künftig eine Chance.	DM 10,-
2/93 Umweltverträglichkeitsstudien – Grundlagen, Erfahrungen, Fallbeispiele.	DM 18,-
1/94 Dorfökologie – Gebäude – Friedhöfe – Dorftränder sowie ein Vorschlag zur Dorfbiotopkartierung.	DM 25,-
2/94 Naturschutz in Ballungsräumen.	DM 16,-
3/94 Wasserkraft – mit oder gegen die Natur.	DM 19,-
4/94 Leitbilder, Umweltqualitätsziele, Umweltstandards.	DM 22,-
1/95 Ökosponsoring – Werbestrategie oder Selbstverpflichtung?	DM 15,-
2/95 Bestandsregulierung und Naturschutz.	DM 16,-
3/95 Dynamik als ökologischer Faktor.	DM 15,-
4/95 Vision Landschaft 2020.	DM 24,-
1/96 Novellierung des Bundesnaturschutzgesetzes – naturschutzfachliche Anforderungen	(vergriffen)
2/96 Naturschutzrechtliche Eingriffsregelung – Praxis und Perspektiven	DM 22,-
3/96 Biologische Fachbeiträge in der Umweltplanung	DM 24,-
4/96 GIS in Naturschutz und Landschaftspflege	DM 15,-
5/96 Persönlichkeiten und Prominenten nehmen Stellung zum Naturschutz und zur Akademie	(vergriffen)
6/96 Landschaftsplanung – Quo Vadis? Standortbestimmung und Perspektiven gemeindlicher Landschaftsplanung	DM 18,-
1/97 Wildnis – ein neues Leitbild? Möglichkeiten ungestörter Naturentwicklung für Mitteleuropa	DM 19,-
2/97 Die Kunst des Luxurierens	DM 19,-
3/97 3. Franz-Rutner-Symposium Unbeabsichtigte und gezielte Eingriffe in aquatische Lebensgemeinschaften	DM 14,-
4/97 Die Isar – Problemfluß oder Lösungsmodell?	DM 20,-

Fortsetzung: Laufener Seminarbeiträge

5/97 UVP auf dem Prüfstand	DM 19,-
1/98 Umweltökonomische Gesamtrechnung	(im Druck)
2/98 Schutz der Genetischen Vielfalt	DM 15,-
3/98 Deutscher und Bayerischer Landschaftspflegetag 1997	DM 14,-

Berichte der ANL

Die seit 1977 jährlich erscheinenden Berichte der ANL enthalten Originalarbeiten, wissenschaftliche Kurzmitteilungen und Bekanntmachungen zu zentralen Naturschutzproblemen und damit in Zusammenhang stehenden Fachgebieten.

Heft 1-4 (1979) (vergriffen)	
Heft 5 (1981)	DM 23,-
Heft 6 (1982)	DM 34,-
Heft 7 (1983)	DM 27,-
Heft 8 (1984)	DM 39,-
Heft 9 (1985)	DM 25,-
Heft 10 (1986)	DM 48,-
Heft 11 (1987) (vergriffen)	
Heft 12 (1988) (vergriffen)	
Heft 13 (1989) (vergriffen)	
Heft 14 (1990)	DM 38,-
Heft 15 (1991)	DM 39,-
Heft 16 (1992)	DM 38,-
Heft 17 (1993)	DM 37,-
Heft 18 (1994)	DM 34,-
Heft 19 (1995)	DM 39,-
Heft 20 (1996)	DM 35,-
Heft 21 (1997) (in Vorbereitung)	
Heft 22 (1998) (in Vorbereitung)	

Vorschau

- LSB Naturschutz und Landwirtschaft – Quo vadis?
- LSB Moornutzung
- Forschungsbericht: Motivationsanalyse von Outdoorsportlern
- LSB Schutzgut Boden
- LSB Zielarten, Leitarten, Indikatorarten

Bezugsbedingungen

1. BESTELLUNGEN

Die Veröffentlichungen der Bayerischen Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege können über die Akademie, Postanschrift: Postfach 1261, D-83406 Laufen/Salzach, bezogen werden. Die Bestellungen sollen eine exakte Bezeichnung des Titels enthalten. Bestellungen mit Rückgaberecht oder zur Ansicht können nicht erfüllt werden.

Bitte den Bestellungen kein Bargeld, keine Schecks und keine Briefmarken beifügen; Rechnung liegt der Lieferung jeweils bei.

Der Versand erfolgt auf Kosten und Gefahr des Bestellers. Beanstandungen wegen unrichtiger oder unvollständiger Lieferung können innerhalb von 14 Tagen nach Empfang der Sendung berücksichtigt werden.

2. PREISE UND ZAHLUNGSBEDINGUNGEN

Bei Abnahme von 10 und mehr Exempl. jew. eines Titels wird aus Gründen der Verwaltungsvereinfachung ein Mengenrabatt von 10 % gewährt. Die Kosten für die Verpackung und Porto werden in Rechnung gestellt. Die Rechnungsbeträge sind spätestens zu dem in der Rechnung genannten Termin fällig.

Die Zahlung kann nur anerkannt werden, wenn sie auf das in der Rechnung genannte Konto der Staatsoberkasse München unter Nennung des mitgeteilten Buchungskennzeichens erfolgt. Es wird empfohlen, die der Lieferung beifügigen und vorbereiteten Einzahlungsbelege zu verwenden. Bei Zahlungsverzug werden Mahnkosten erhoben und es können ggf. Verzugszinsen berechnet werden. Erfüllungsort und Gerichtsstand für beide Teile ist München. Bis zur endgültigen Vertragserfüllung behält sich die ANL das Eigentumsrecht an den gelieferten Veröffentlichungen vor.

3. PREISE UND ZAHLUNGSBEDINGUNGEN

Die Herstellung von Vervielfältigungen – auch auszugsweise – aus den Veröffentlichungen der Bayerischen Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege sowie die Benutzung zur Herstellung anderer Veröffentlichungen bedürfen der schriftlichen Genehmigung unseres Hauses.

