

Die Vorkommen der Flaum-Eiche und ihrer Hybriden nördlich der Alpen

Ralf Kätzel*, Thomas Kamp**, Aki Michael Höltnen***, ****, Frank Becker*, Helmut Josef Riederer** und Jens Schröder*****

Zusammenfassung

Die Flaum-Eiche (*Quercus pubescens* Willd.) ist eine in Deutschland seltene Baumart, deren Bestände hier die nördliche Grenze ihres natürlichen Verbreitungsgebietes bilden. Von 2010 bis 2013 wurden ihre Vorkommen nach einheitlichen Kriterien und Methoden bundesweit erfasst. Es wurden 26 Vorkommen mit einer Gesamtzahl von etwa 14.500 Individuen über alle Entwicklungsstufen kartiert. Die Flächengröße der untersuchten Vorkommen reicht von 0,5 bis 38 ha bei einem Median von 2,6 ha. Ein inselartiges Vorkommen im polnischen Naturschutzgebiet Bielinek (Unteres Odertal) wurde in die Betrachtung einbezogen. Nach Populationsgröße, Altersstruktur und Vitalität liegen die Verbreitungsschwerpunkte der Flaum-Eiche mit hoher in-situ-Erhaltungsfähigkeit im südwestlichen Baden-Württemberg. Benannte Vorkommen in anderen Regionen konnten nicht aufgefunden oder auf Grund von Bastardisierung mit Trauben-Eiche nicht bestätigt werden.

Für den größten Teil der Populationen wurden mit DNA-Markern Artintegrität und genetische Variabilität untersucht. Die ermittelten genetischen Diversitätsunterschiede zwischen den Vorkommen sowie die gegenüber Stiel- und Trauben-Eichen-Populationen hohen Differenzierungswerte lassen vermuten, dass Drifteffekte aufgrund reproduktiver Isolation gekoppelt mit geringen effektiven Populationsgrößen die bestandesgenetischen Strukturen stark geprägt haben. Mit Hilfe Genotyp-basierter Clusteranalysen wurden drei deutsche Bestände sowie das polnische Vorkommen als artreine und zwei weitere als nahezu artreine Vorkommen eingeschätzt. Die anderen Bestände waren mit Hybriden und/oder Trauben-Eichen durchsetzt.

Schlüsselwörter: *Quercus pubescens*, seltene Arten, Populationsgenetik, DNA-Marker, Vitalität, in-situ-Erhaltung

Abstract

Populations of Pubescent Oak (*Quercus pubescens* Willd.) and its hybrids north of the Alps

Pubescent oak (*Quercus pubescens* Willd.) is a rare tree species in Germany. Its populations here mark the northern border of its natural range in Europe. A nationwide inventory of all *Q. pubescens* populations was carried out from 2010 to 2013 following standardised methods and criteria. 26 spatially separate occurrences with a total of 14,500 individuals of all ages could be identified. Population areas range from 0.5 to 38 ha with a median of 2.6 ha. Analyses included a population in the Polish nature reserve „Bielinek“ in the Oder river valley. Regarding age structure, vitality, and abundance, the regions with the highest in-situ „maintainability“ are located in the Southwest of Baden-Wuerttemberg. Populations in other regions could either not be found or consisted of hybrids and other *Quercus* species.

DNA markers were applied in most of the populations in order to assess their taxonomic status and genetic diversity. Diverging values of genetic diversity and high genetic differentiation compared to populations of *Q. petraea* and *Q. robur* indicate that genetic drift has strongly affected genetic structures due to reproductive isolation and small effective population sizes. As a result of genotype-based clustering methods, only three German and the Polish population in Bielinek proved to be pure while two other stands were classified as almost pure *Q. pubescens*. All other analyzed populations turned out to include considerable numbers of hybrids and/or Sessile oak.

Key words: *Quercus pubescens*, rare species, population genetics, DNA markers, vitality, in-situ protection

* Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Fachbereich Waldentwicklung und Monitoring, Alfred-Möller-Straße 1, 16225 Eberswalde

** Forstbüro Ostbayern, Deschermühlweg 19, 93453 Neukirchen b. Hl. Blut

*** Plant Genetic Diagnostics GmbH, Kuckuckskamp 2, 22927 Großhansdorf

**** Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), Prof.-Oelkers-Str. 6, 34346 Hannoversch Münden

***** Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Urbane Pflanzenökophysiologie, Lentzeallee 55, 14195 Berlin

1 Einführung

Die Flaum-Eiche (*Quercus pubescens* Willd.) erreicht als mediterrane Baumart im Süden Baden-Württembergs die nördliche natürliche Verbreitungsgrenze ihres submediterranen Verbreitungsgebietes (Abbildung 1). Nördlich dieser Grenze gehört die Baumart zu den botanischen Raritäten und ist nur in wenigen verstreut vorkommenden Teilpopulationen zu finden. Im Zuge des Klimawandels könnte sich die Arealgrenze jedoch in Richtung Norden verschieben (European Forest Data Center, 2013). Aus evolutionsbiologischer Sicht ist daher die Untersuchung von genetischen Strukturen und von physiologischen Anpassungsprozessen, die zur Manifestierung oder Auflösung von Populationen am äußersten Verbreitungsrand führen, von großem Interesse. Voraussetzung hierfür sind Kenntnisse über Status und Struktur dieser Randpopulationen.

Im Zuge des von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Auftrag des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) geförderten Verbundprojekts zur „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener und gefährdeter Baumarten in Deutschland“ (2010 bis 2013), darunter der Flaum-Eiche, wurden diese Populationen erfasst und charakterisiert (Kätzel et al., 2011; Schröder et al., 2013). Im Fokus der Untersuchungen stand u.a. die Aufnahme von Parametern zur Größe, zur Vitalität,

zur demografischen und zur genetischen Struktur der Populationen.

Bereits vor diesen Erhebungen lagen Beschreibungen über verstreute Flaum-Eichenvorkommen für verschiedene Gebiete mit trocken-warmem, submediterranean Klima vor: für das Schweizer Jura, den Oberelsass, für die Rheinebene und den Mittelrhein, den Kaiserstuhl, Gottmadingen auf dem Heilsberg, für das Saaletal bei Jena und den Nationalpark Unteres Odertal bei Gartz (vgl. u. a. Ulbrich, 1924; Schütt et al., 1998; Konczak, 1999; Sayer, 2000; Endtmann, 2008). Das nordöstlichste, inselartige Vorkommen befindet sich im polnischen Naturschutzgebiet Bellinchen (Bielinek Nature Reserve) in der deutsch-polnischen Grenzregion an den steilen Trockenhängen der Oder mit über 200-jährigen Bäumen (Endtmann, 2008; Höltnen et al., 2012; Kätzel et al., 2012).

Neben der Kartierung und Bewertung der Vorkommen war die Schätzung des Hybridisierungsanteils der vermeintlichen Flaum-Eichen insbesondere mit der Trauben-Eiche (*Q. petraea*) und damit die Artintegrität ein besonderer Schwerpunkt der genetischen Untersuchungen im genannten Verbundprojekt. Gerade im Kontaktbereich zwischen *Q. petraea* und *Q. pubescens* sind Hybride mit einer Vielzahl morphologischer Zwischenformen zu beobachten, was die klassische taxonomische Zuordnung erschwert und teilweise unmöglich macht (vgl. Endtmann, 2008).

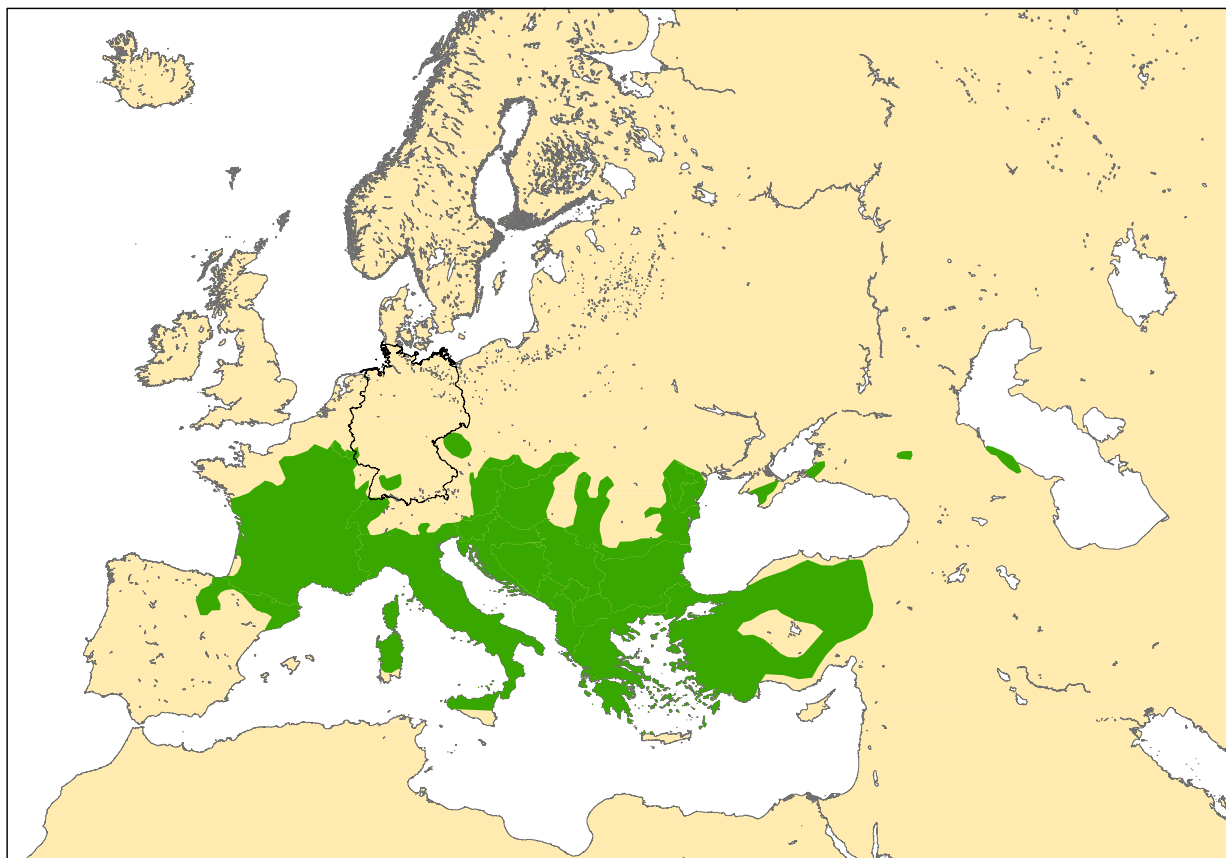


Abbildung 1

Natürliches Verbreitungsgebiet der Flaum-Eiche (nach Walter und Straka, 1970)

2 Methoden

Die Untersuchungen der Flaum-Eichenvorkommen erstreckten sich über vier Phasen, beginnend bei der Datenrecherche über die Kartierung im Gelände und die genetische Charakterisierung bis hin zur zusammenfassenden Wertung aller Informationen in Form der Zuweisung verschiedener Stufen der in-situ-Erhaltungsfähigkeit. Im Folgenden werden die methodischen Grundlagen dieser Arbeitsschritte erläutert.

Kartierung im Gelände

In der ersten Bearbeitungsphase wurde in verschiedenen Quellen nach bereits bekannten Vorkommen recherchiert und diese durch zusätzliche Informationen ergänzt. Anschließend erfolgte nach einheitlichen Kartiervorgaben in den Vegetationsperioden 2010 und 2011 die bundesweite Kartierung im Gelände. Neben der Artansprache und den räumlichen Lageparametern wurden auch die Populationsgrößen, die Durchmesserstruktur (BHD), die Begründungsart, die Vitalität der Bäume (in Anlehnung an Roloff, 2001) getrennt nach Durchmessergruppen sowie die Verjüngung erfasst und in eine einheitliche Datenbank übertragen (Tabelle 1). Pro Vorkommen wurde ein Koordinatenpunkt aufgenommen, der den Punkt der größten Individuendichte innerhalb seiner Gesamtfläche markiert.

Tabelle 1

Aufnahmeparameter bei der Kartierung im Gelände

1 Gehölzart	Art, bereits ausgewiesenes Genobjekt (<i>in-situ</i> , <i>ex-situ</i>)
2 Lage	Bundesland, Landkreis, Gemeinde, Revier, Koordinaten, Bundeswuchsgebiet
3 Schutzstatus	NSG, Biosphärenreservat, FFH-Gebiet, etc.
4 Eigentümer	Eigentumsart
5 Anzahl der Individuen	ggf. geschätzt
6 Fläche	Größe in ha, Anteil der Zielbaumart an vorhandenen Mischbaumarten
7 Alter	Durchmesserstruktur, Verjüngung, Altbäume
8 Begründungsart	Pflanzung, Naturverjüngung, Stockausschlag, Wurzelbrut, etc.
9 Vitalität	Stufe 0-4, Baumkronenansprache nach ROLOFF (2001)
10 Beschreibung	Besonderheiten, Schäden, Gefährdungen

Beprobung

Nach der Kartierung der Vorkommen wurden die für die genetische Charakterisierung zu beprobenden Bestände ausgewählt. Unter Berücksichtigung der verfügbaren Ressourcen und des Anspruchs, möglichst große und vitale Vorkommen zu beproben, die das deutsche Verbreitungsgebiet möglichst repräsentativ abdecken, fiel die Wahl auf insgesamt 20 Genobjekte. In zwei Fällen (NIE [Niederrotweil] und SCH [Schelingen]) wurden nahe benachbarte Vorkommen zu je einem größeren Probenkontingent zusammengefasst, der Standort ZEL (Zellerhorn) wurde aufgrund der geringen

Baumanzahl von fünf Individuen verworfen. Insgesamt gingen somit Proben aus 12 (Sammel-)Vorkommen in die Untersuchungen ein (Tabelle 2).

In den ausgewählten Beständen erfolgte die Entnahme von Blattproben an jeweils etwa 20 bis 30 Bäumen. Dieser Richtwert konnte wegen zu geringer Baumzahlen nicht in jedem Fall erreicht werden, so dass insgesamt Proben von 360 Bäumen in die genetischen Analysen eingingen. Die Beprobung selbst wurde möglichst rasterförmig durchgeführt, das heißt gleichmäßig verteilt über das gesamte Vorkommen. Jeder beprobte Baum wurde per GPS eingemessen und durch digitale Photoaufnahmen dokumentiert. Entnommen und analysiert wurden drei bis fünf grüne, ausgefärbte und gesunde Blätter.

Genetische Untersuchungen

Da die Zuordnung der europäischen Eichenarten nach morphologischen Merkmalen nicht einheitlich ist (Sayer, 2000; Kätzel, 2006; Höltnen et al., 2012), widmete sich die dritte Projektphase der genetischen Charakterisierung. Mit den eingesetzten genetischen Markern sollten die Eichen eindeutig taxonomisch klassifiziert werden. Hierzu wurden sieben DNA-Marker (Kern-Mikrosatelliten: *QrZAG5b*, *QrZAG11*, *QrZAG20*, *QrZAG65*, *QrZAG96*, *QpZAG110* und *QrZAG112*) von Blattproben analysiert. Die verwendeten Genmarker haben sich als eine sehr aussagefähige und verlässliche Grundlage für die Zuordnung von Beständen, aber auch Einzelindividuen zu verschiedenen Arten bzw. Reproduktionseinheiten erwiesen. Als Vergleichsgruppen wurden bekannte Genmuster der Flaum-Eichen des Dreiländerecks Deutschland-Frankreich-Schweiz einbezogen (Höltnen et al., 2012).

Darüber hinaus sollten die genetischen Strukturen der Populationen analysiert werden. Als Vielfaltsmaße werden sowohl die absolute Anzahl an Allelen (N) als auch deren effektive Anzahl v_2 angegeben (vgl. Hattemer et al., 1993). Der Parameter v_2 berücksichtigt relative Allelhäufigkeiten, wodurch der Einfluss geringer Stichprobengrößen minimiert wird.

Als Maß der genetischen Differenzierung wurde zunächst der paarweise genetische Abstand zwischen allen Beständen d_0 bestimmt (Gregorius, 1974). Um den Grad der Differenzierung von einer Population zu allen anderen zu bestimmen, wurde das genetische Differenzierungsmaß D_j (Gleichung 2) berechnet (Gregorius und Roberds, 1986). Beide Maße quantifizieren, wie stark sich die genetischen Strukturen zwischen Populationen unterscheiden, und messen den relativen Anteil der Allele, die ausgetauscht werden müssten, um identische genetische Strukturen zwischen Populationen (= allelische Häufigkeiten) zu erhalten (Werte zwischen 0 und 1).

Die statistische Einordnung der Multilocus-Genotypdaten in Gruppen erfolgte mit dem Programm STRUCTURE 2.3.2 (zu Software-Details siehe Pritchard et al. 2009). Diese Methode eignet sich nicht nur für die innerartliche Zuordnung von Individuen zu Populationen, sondern auch für die Gruppierung von Individuen in verschiedene taxonomische Einheiten (Arten bzw. Unterarten) mit mehr oder weniger starken Anteilen von Hybridisierung. Grundlage war eine Publikation von Lepais et al. (2006), in der verschiedene Eichenarten

(*Q. petraea*, *Q. pubescens*, *Q. pyrenaica* und *Q. robur*) in Frankreich zunächst genetisch und anschließend taxonomisch untersucht worden sind. Das Programm beinhaltet eine modellbasierte Clustermethode, die Rückschlüsse auf Populationsstrukturen und Reproduktionsverhältnisse ermöglicht. Dabei werden die einzelnen Individuen bestimmten Populationen bzw. Reproduktionseinheiten zugeordnet. Diese Methode wurde erstmals von Prithchard et al. (2000) veröffentlicht und von Falush et al. (2003, 2007) weiter entwickelt.

In einem abschließenden vierten Schritt wurden die Daten hinsichtlich der räumlichen Konzentration bzw. der Isolation von Vorkommen und ihres Gefährdungsgrades ausgewertet.

3 Ergebnisse

Baumzahl, Anzahl und Lage der Vorkommen

Auf dem Gebiet der Bundesrepublik Deutschland wurden insgesamt 26 Vorkommen mit einer geschätzten Gesamtzahl

von rund 14.500 Individuen über alle Entwicklungsstufen kartiert. Bis auf ein Vorkommen im thüringischen Saaletal bei Jena mit geschätzten 120 Bäumen liegen alle in Deutschland erfassten (potenziellen) Flaum-Eichen-Bestände im Südwesten von Baden-Württemberg. Diese 25 Vorkommen nehmen eine Fläche von insgesamt 182 ha ein (Tabelle 2).

Der größte Anteil der Vorkommen mit den höchsten Baumzahlen (18 Vorkommen mit knapp 14.000 Bäumen) befindet sich im Wuchsgebiet „Ober rheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene“ mit dem Schwerpunkt Oberheingraben und Kaiserstuhl. Darunter erreicht die Population im NSG Büchsenberg am Kaiserstuhl mit geschätzten 11.000 Bäumen die größte Baumdichte. Der Oberheingraben und seine Randzonen haben die mildesten Winter und die wärmsten Sommer in Deutschland bei geringen bis mäßigen Niederschlägen, was den Standortansprüchen der Flaum-Eiche entgegen kommt. Linksrheinisch schließt sich im Südwesten das französische „Saône-Tiefland“ an, mit den Vogesen im Norden und dem Jura im Südosten. Die Einwanderung der Flaum-Eiche

Tabelle 2

Übersicht der kartierten Flaum-Eichenvorkommen in Deutschland mit Angabe des Schutzstatus (a = Naturschutzgebiet, b = Fauna-Flora-Habitat, c = Vogelschutzgebiet, d = Biosphärenreservat)

Land	Ort / Region	Kürzel	Anzahl Bäume	Fläche (ha)	Lage	Wuchsgebiet
BW	Sasbach	SAS ¹	300	16,1	NSG Limberg ^{a,b,c}	Ober rheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene
BW	Kiechlinsbergen	KIE	150	37,5	südlich Kiechlinsbergen-Amoltern ^{b,c}	Ober rheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene
BW	Ballrechten	BAL ¹	200	1,5	NSG Kastelberg ^{a,b}	Ober rheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene
BW	Büchsenberg	BUE ¹	11.000	10,4	NSG Büchsenberg ^{a,c}	Ober rheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene
BW	Niederrotweil	NIE ¹	130	1,5	NSG Bitzenberg ^{a,c}	Ober rheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene
			200	0,9	NSG Schneckenberg ^{a,c}	
			50	9,5	NSG Steinbruch Niederrotweil ^{a,b,c}	
			50	4,8	NSG Ebnet ^{a,c}	
BW	Oberweiler	OBE ¹	300	28,8	NSG Innerberg ^{a,b}	Ober rheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene
BW	Schelingen	SCH ¹	18	1,5	NSG Scheibenbuck-Bluttenbuck ^{a,b,c}	Ober rheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene
			200	1,3	NSG Scheibenbuck-Bluttenbuck ^{a,b,c}	
			180	3,4	NSG Dachslöcher Buck ^{a,b,c}	
			100	0,6	NSG Ohrberg ^{a,b,c}	
			20	0,5	NSG Haselschacher Buck ^{a,b,c}	
			40	0,8	NSG Badberg ^{a,b,c}	
BW	Istein	IST ¹	500	17,9	NSG Isteiner Klotz ^{a,b,c}	Ober rheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene
BW	Grenzach	GRE ¹	250	10,5	NSG Buchswald ^{a,b,c}	Ober rheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene
BW	Grenzach	BUC	100	2,5	NSG Buchswald bei Grenzach ^{a,b}	Ober rheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene
BW	Birnberg	BIR ¹	22	2,6	südlich Griessen, nördlich Hohentengen am Hochrhein ^b	Südwestdeutsches Alpenvorland
BW	Bechtersbohl	KUE	50	4,2	NSG Küssaberg ^{a,b}	Südwestdeutsches Alpenvorland
BW	Griessen	GRI	500	17,5	westlich Griessen, nördlich Unterriedern ^b	Südwestdeutsches Alpenvorland
BW	Kätzler	KAE ¹	13	2,2	südöstlich Klettgau, südwestlich Unterriedern ^b	Südwestdeutsches Alpenvorland
BW	Schönberg	SBE ¹	30	1,4	zw. Öschingen und Gönningen ^{b,c,d}	Schwäbische Alb
BW	Zellerhorn	ZEL	5	1,0	NSG Zellerhornwiese ^{a,b,c}	Schwäbische Alb
BW	Bad Urach	NAE	10	3,5	NSG Nägelsfels ^{a,b,c,d}	Schwäbische Alb
TH	Jena	GGB ¹	120	2,4	NSG Grosser Gleisberg bei Jena ^{a,b}	Ostthüringisches Trias-Hügelland

¹ Vorkommen wurden für genetische Analysen beprobt.

aus Frankreich und dem Mittelmeerraum könnte durch klimatische Verhältnisse im Saônetal und dem sich südlich anschließenden Rhônetal begünstigt worden sein.

Vier Vorkommen mit insgesamt über 500 Bäumen befinden sich im südlichen Bereich des Wuchsgebietes „Südwestdeutsches Alpenvorland“ an der Grenze zum schweizerischen „Mittelland-Hochrhein“. Drei kleinere Vorkommen (insgesamt etwa 50 Bäume) wurden auf der „Schwäbischen Alb“ an Hängen mit süd- bis südwestlicher Ausrichtung nachgewiesen. Das nördlichste untersuchte Vorkommen mit 120 Bäumen, verteilt auf 2,4 ha, liegt in Thüringen bei Jena im „Ostthüringischen Trias-Hügelland“.

Neun kartierte Populationen weisen Baumzahlen zwischen 11 und 50 Individuen auf. Bei zwölf Vorkommen schwanken die Baumzahlen zwischen 101 und 500 Individuen.

Bereits vor der bundesweiten Erfassung wurden zusätzlich drei von Konczak (1998, 1999) beschriebene „Verdachts-Vorkommen“ im Nationalpark Unteres Odertal (nahe der Ortslagen Gellmersdorf/Mühlenbeck, Gartzter Schrey und Mescherin) hinsichtlich ihrer Artzuordnung überprüft. Insgesamt wurden 27 Eichen unterschiedlicher Altersstadien als Flaum-Eiche oder ggf. als Bastarde nach blattmorphologischen Merkmalen angesprochen (Kätzel et al., 2012).

Alle untersuchten Vorkommen liegen in Gebieten mit Schutzstatus (Tabelle 2). Einem Natura 2000 Schutzstatus unterliegen alle Vorkommen – 13 Bestandesflächen sind

sowohl Fauna-Flora-Habitate (FFH) als auch Vogelschutzgebiete (SPA), neun Vorkommen sind Bestandteil von Fauna-Flora-Habitaten und vier Vorkommen liegen in Vogelschutzgebieten. Darüber hinaus sind 16 Bestandesflächen zusätzlich als Naturschutzgebiete ausgewiesen. Im Biosphärenreservat Schwäbische Alb liegen zwei Flaum-Eichenvorkommen.

Anhand der Darstellung der Kerneldichte (Bornmann und Waltman, 2011) werden einerseits die Zentren von genetischen Ressourcen der Flaum-Eiche und andererseits isolierte Vorkommen erkennbar. Abbildung 2 zeigt die Verdichtungsräume der beprobten zwölf (Sammel-)Vorkommen unter Berücksichtigung der Baumzahl der Vorkommen. Hier werden Populationen insbesondere mit hoher Baumzahl, aber auch enger Nachbarschaft hervorgehoben.

Danach bestehen in Deutschland für die Flaum-Eiche vier Vorkommensschwerpunkte mit jeweils bis zu vier Teilbereichen (Abbildung 2). Die höchsten Dichten liegen im Kaiserstuhl-Gebiet mit den Beständen Büchsenberg (BUE), Sasbach (SAS) und den Sammel-Vorkommen Niederrotweil (NIE) und Schelingen (SCH) vor. Der Teilbereich Markgräflerland-Dinkelberg, mit den Vorkommen Ballrechten (BAL) und Oberweiler (OBE) im Norden und Istein (IST) und Grenzach (GRE) im Süden, schließt sich dem Bereich Kaiserstuhl rheinaufwärts an. Die Entfernung zwischen diesen beiden Teilbereichen ist nur gering und beträgt zwischen den berechneten Grenzen etwa 10 km.

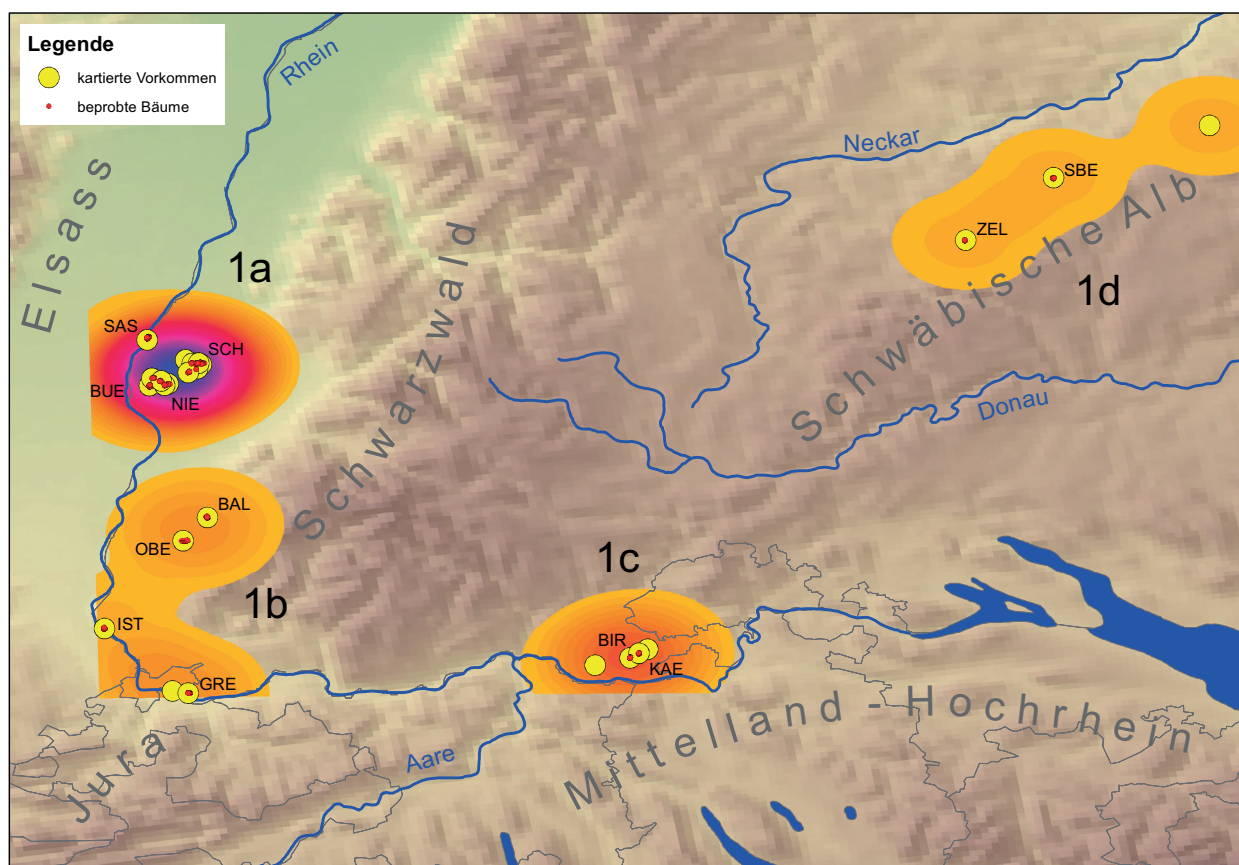


Abbildung 2

Kerneldichtekarte der untersuchten Flaum-Eichen-Vorkommen im südwestlichen Baden-Württemberg mit den Vorkommensschwerpunkten 1a Kaiserstuhl, 1b Markgräflerland-Dinkelberg, 1c Klettgau und 1d Schwäbische Alb. Angegeben ist zusätzlich die Lage der beprobten Bäume.

Es ist mit einiger Wahrscheinlichkeit davon auszugehen, dass bisher nicht gefundene bzw. kartierte Vorkommen existieren, über die die beiden Bereiche verbunden sein könnten. Weiter rheinaufwärts befindet sich der Teilbereich Klettgau mit den beprobten Vorkommen Birnberg (BIR) und Kätzler (KAE). Eine Verbindung entlang des Rheins nach Grenzach und Istein (Markgräflerland-Dinkelberg) könnte über versprengte Einzelvorkommen existieren (Abbildung 2).

Durchmesser- und Altersstruktur

Neben der Individuenanzahl beeinflusst die demografische Struktur einer Population deren Überlebensfähigkeit. Da das Alter der Einzelbäume nur schwer zu ermitteln war, wurde der Brusthöhendurchmesser (BHD) gemessen und einer von drei „Durchmesserstufen“ (BHD < 7 cm, BHD 7 – 20 cm, BHD > 20 cm) zugeordnet. Für eine potentiell überlebensfähige Population wurde von einer pyramidalen Durchmesserstruktur mit großer Verjüngungsstufe ausgegangen. Je größer die Abweichung von dieser ist, desto ungünstiger erfolgte die Einstufung der Vorkommen. Der Anteil der Naturverjüngung wurde gesondert, differenziert nach Höhenstufen (< 1,5 m und bis ca. 3 m Höhe), aufgenommen.

Über 70% (etwa 10.000 Individuen) der erfassten Flaum-Eichen liegen in der mittleren Durchmesserstufe von 7 bis 20 cm. Fast ein Drittel (27%; etwa 4.000 Bäume) sind starke bzw. stärkere Bäume mit mehr als 20 cm Brusthöhendurchmesser. Junge Bäume mit weniger als 7 cm BHD kommen nur sehr selten vor (216 Individuen; 1,5%). Eine natürliche Verjüngung ließ sich in 89% der Flaum-Eichenvorkommen beobachten. Nur zwei Vorkommen in Baden-Württemberg (ein Teilbestand mit nur insgesamt 13 Bäumen aus dem zusammengelegten Vorkommen Niederrotweil und das Vorkommen Kätzler) sowie das Vorkommen bei Jena in Thüringen verjüngen sich nicht.

Im polnischen Bielinek sollten dendrochronologische Untersuchungen an 13 Eichen zusätzlich Aufschluss über die

Altersstruktur der Population geben. Nach den Bohrkernanalysen waren die ältesten Flaum-Eichen mit Stammdurchmessern (BHD) von 60 bis 80 cm mehr als 250 Jahre alt, insgesamt war die Altersvariation jedoch hoch. Die jüngsten der beprobten Bäume waren nur wenig über 100 Jahre alt (Abbildung 3). Im Vergleich zu ebenfalls untersuchten Trauben-Eichen aus nahegelegenen Beständen waren die Jahrringbreiten sehr gering. Nach den stärksten mittleren Zuwächsen mit bis zu 3,5 mm/Jahr zwischen 1915 und 1928 fielen die durchschnittlichen Jahrringbreiten tendenziell auf unter 1 mm/Jahr ab. Auffällig waren die hohe Gleichläufigkeit zwischen den beprobten Bäumen im Verlauf der Jahrringbreiten und die relativ breiten Splintbereiche (25 bis 30 Jahre) im Vergleich zur Trauben-Eiche (12 bis 18 Jahre).

Vitalität der Bäume

Neben den populationsbewertenden Merkmalen liefert die Vitalitätseinschätzung der Einzelbäume, differenziert nach Alters-(Durchmesser-)gruppen, wichtige Hinweise über die potenzielle Überlebensfähigkeit der Population. Die Bewertung der Vitalität wurde auf der Grundlage der Kronenstruktur in vier Stufen von 0 (sehr vital) bis 3 (absterbend) vorgenommen. Die Vitalität der kartierten Einzelbäume entsprach überwiegend (76%) der Klasse 2. Nur 4% bzw. 12% der Vorkommen wurden in die Vitalitätsstufen 0 und 1 eingestuft. Die Vitalitätsstufe 3 ist ebenfalls nur mit wenigen Beständen (8%; Schelingen Dachslöcher Buck, Schelingen Ohrberg) belegt. Innerhalb der Populationen ist die Schwankungsbreite der Vitalitätsstufen gering.

Gesamtbewertung der Vorkommen („in-situ-Erhaltungsfähigkeit“)

In die Gesamtbewertung der Überlebensfähigkeit der Vorkommen an den jeweiligen Standorten gingen die

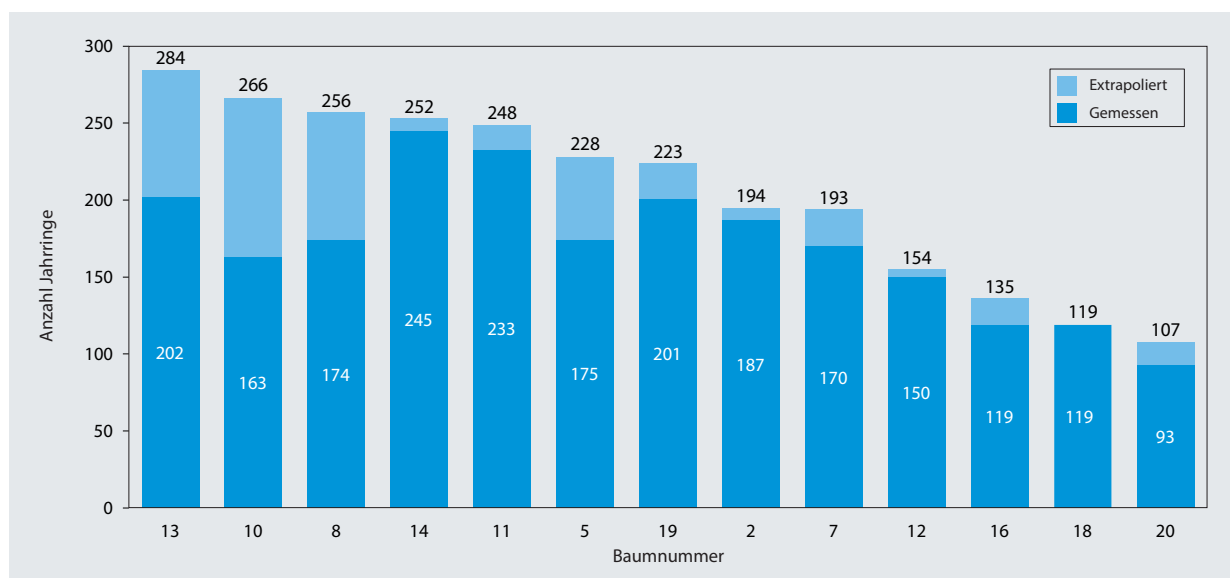


Abbildung 3

Gemessene Jahrringe und geschätzte Alter der untersuchten Flaum-Eichen in Bielinek

Populationsgröße (Abundanz), die Altersstrukturqualitätsklasse und die durchschnittliche Vitalität ein. Als Leitbild für eine hohe Überlebensfähigkeit gilt eine individuenreiche Population mit einer pyramidalen demografischen Struktur bei großem Verjüngungsanteil und hoher Vitalität in allen Durchmesserstufen. Je größer die Abweichung von dieser Idealverteilung war, desto ungünstiger wurde die Altersstrukturqualität des konkreten Vorkommens auf einer Skala von 1 (sehr gut) bis 5 (sehr schlecht) bewertet. Aus den Vitalitäten der einzelnen Durchmesserstufen und der prozentualen Häufigkeit der Durchmesserstufe innerhalb eines Vorkommens wurde die Gesamt-Vitalität des Vorkommens berechnet und mit der Abundanzklasse sowie der Altersstrukturqualität kombiniert.

Die resultierende Bewertung der in-situ-Erhaltungsfähigkeit erfolgte ebenfalls in fünf Stufen von sehr gut (1) über gut (2), geschwächt (3) und bedroht (4) bis absterbend (5). Von den untersuchten Flaum-Eichenvorkommen in Deutschland konnte auf dieser Grundlage nur der Bestand in Sasbach (SAS) als einziger mit „gut“ bewertet werden. Er liegt auf einer exponierten Geländekuppe am Rhein mit geschätzten 300 Individuen. Die mit über 11.000 Bäumen größte Population im NSG Büchsenberg (BUE) ist aufgrund fehlender Bäume mit weniger als 7 cm BHD in die Klasse „geschwächt“ eingestuft worden. In dieser Klasse finden sich neun (36 %) weitere Vorkommen. Der Bestand im Sammelvorkommen Schelingen (SCH mit insgesamt sechs Teilbeständen) umfasst zwar geschätzte 180 Bäume mit „sehr guter“ Altersstruktur, ist aber in einem schlechten Zustand (Vitalitätsstufe 3).

Die Mehrzahl der Vorkommen (56 %) ist mittelfristig in ihrem Bestand „bedroht“. Die drei Vorkommen auf der Schwäbischen Alb sind ebenso „geschwächt“ wie die beiden Vorkommen im Klettgau (BIR, KAE). Die Bestände IST, GRE und BAL sind „bedroht“. Im Kaiserstuhl-Gebiet sind „geschwächte“ und „bedrohte“ Bestände vorhanden. Ein Vorkommen ist als „absterbend“ zu bewerten (SCH, Dachs-löcher Buck).

Diversität, Artzuordnung und Bestimmung des Hybridanteils auf der Grundlage genetischer Untersuchungen

In die genetischen Analysen gingen wie im Abschnitt „Beprobung“ beschrieben nicht alle Vorkommen als getrennte Populationen ein (Tabelle 2). Es ergaben sich zwölf Stichprobenkollektive, die in den Analysen durch die Referenzvorkommen Bielinek (BIE) in Polen sowie Sigolsheim (SIG) und Bollenberg (BOL) im Elsass ergänzt wurden.

An den sieben untersuchten Mikrosatelliten-Loci sind zwischen 19 und 37, über alle Genorte insgesamt 194 verschiedene Allele identifiziert worden (Tabelle 3). Damit liegen hier hoch variable Genmarker vor.

Tabelle 3

Bezeichnung der verwendeten Kern-Mikrosatelliten, die in dieser Studie gefundenen Fragmentlängen in Basenpaaren (bp) sowie die Anzahl der Allele pro SSR-Genort über alle Populationen (aktuelle Proben und Referenzproben)

	Min. und max. Allellängen	Anzahl Allele
SSR-Locus	in bp	(beobachtet)
QrZAG112	83 – 117	19
QrZAG96	140 – 188	25
QpZAG110	190 – 242	26
QrZAG11	243 – 311	28
QpZAG20	151 – 209	26
QpZAG5b	218 – 300	37
QpZAG65	248 – 312	33

Basierend auf Multilocus-Genotypen wurde mit Hilfe des Programms STRUCTURE 2.3.2 (Prithchard et al., 2000; Falush et al., 2003, 2007; Hubisz et al., 2009) der Genpool der Flaum-Eiche von Vergleichspopulationen (Trauben- und Stiel-Eiche) eindeutig abgegrenzt. Die Methode ermöglicht damit auch die Schätzung von Hybridanteilen (Abbildung 4).

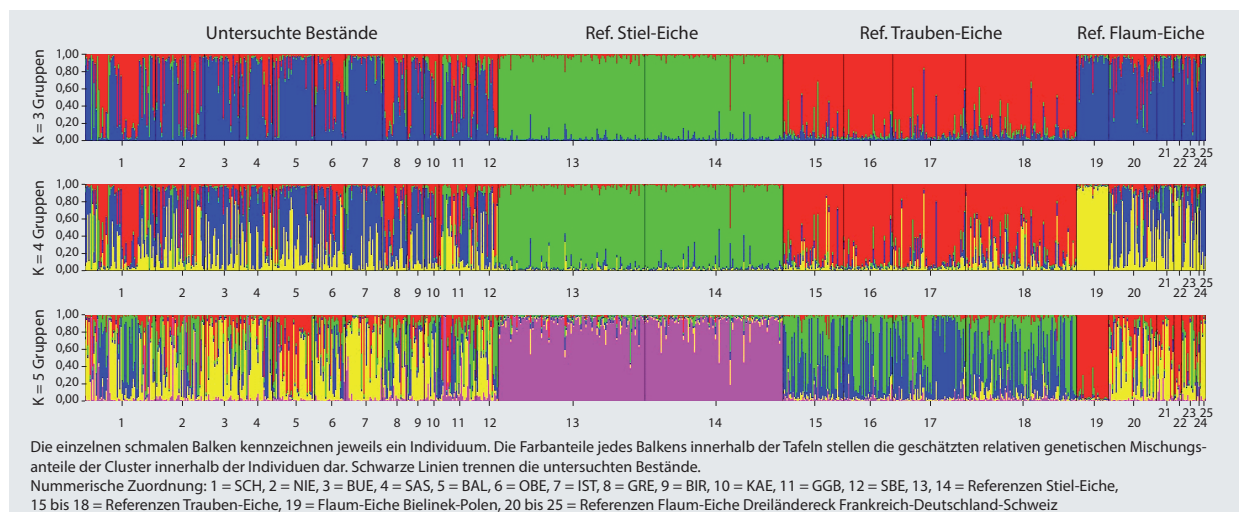


Abbildung 4

Graphische Darstellung der Clusterzugehörigkeiten jedes Individuums zu jeweils drei, vier und fünf reproductiven Gruppen

Clustert man alle untersuchten Eichen in zunächst zwei Gruppen ($K = 2$), so spaltet sich zuerst die Stiel-Eiche von den beiden anderen Eichenarten ab (vgl. Neophytou et al., 2010; Höltnen et al., 2012). Nach der Erhöhung der Gruppenzahl auf $K = 3$ bilden sich jeweils neue Cluster, welche die Trauben- und Flaum-Eichen als eigene reproduktive Einheiten trennen. Im Durchschnitt werden die meisten Bestände größtenteils der Flaum-Eichen-Gruppe zugeordnet, auch wenn der Einfluss der Trauben-Eiche, vermutlich durch Hybridisierung, relativ stark ist. Insbesondere die Bestände SCH und GRE werden zu über 45 % in die Trauben-Eichen-Fraktion gruppiert. Die Bestände BUE, BAL und IST hingegen stellen eher geschlossene Reproduktionseinheiten der Flaum-Eichenfraktion dar. In einzelnen Fällen sind mit großer Wahrscheinlichkeit auch reine Stiel-Eichen in die Analytik eingegangen (im Wesentlichen in den Beständen SCH, NIE, KAE und GGB).

Interessant ist die Entwicklung der Gruppenstrukturen, wenn die Clusterzahl weiter erhöht wird. Werden die Individuen in weitere „artspezifische“ Gruppen eingeteilt, bedeutet dies hohe Artintegrität mit Populationsstrukturen (z. B. durch reproduktive Isolation verschiedener Herkunft oder Baumgruppen). Vermischen sich die Gruppen, ist das ein deutlicher Hinweis auf eine Vermischung der Genpools durch Hybridisierung. Bei Erhöhung der Clusterzahl von $K = 3$ auf $K = 5$ wird die Stiel-Eiche stets einer einzigen Gruppe zugeordnet, während sich die Individuen der Trauben- und Flaum-Eichen auf mehrere, größtenteils nach Species aufgetrennte Gruppen aufteilen. Bei der Zuordnung der Genotypen auf $K = 4$ Gruppen wird zunächst die Flaum-Eiche im Wesentlichen auf zwei getrennte Gruppen verteilt (Unteres Odertal bei Bielinek sowie übrige Flaum-Eichen-vorkommen). Die Trauben-Eichen verbleiben in einem eigenen Cluster.

Wird die Zuordnung in $K = 5$ Gruppen gewählt, so werden auch die Trauben-Eichen hauptsächlich zwei verschiedenen Gruppen zugeteilt. Insgesamt zeigt sich aber ein ähnliches Bild wie bei $K = 3$ und $K = 4$. Danach ließ sich jeder Baum einer Art oder einem Hybriden zuordnen.

Bei vorausgegangenen Untersuchungen im deutschen (drei Populationen) und im polnischen Teil des Unteren

Odertals zeigte sich, dass es sich bei den 28 beprobten Bäumen (20 Alteichen, acht junge Bäume im Stangenholzstadium) in Bielinek ausschließlich um Flaum-Eichen handelt. Von den 27 untersuchten Eichen im westlichen Odertal auf der deutschen Seite konnte nur eine als Flaum-Eiche identifiziert werden. (Anmerkung: Zwei weitere, jüngere Bäume in Mescherin sind genetisch der Flaum-Eiche sehr ähnlich; wurden jedoch konsequenterweise den Hybriden zugeordnet). 19 Bäume wurden trotz der scheinbar stärkeren Blattbehaarung genetisch eher den Trauben-Eichen zugeordnet. Bei sieben Bäumen handelt es sich um Hybride zwischen Flaum- und Trauben-Eiche, wobei auf Grundlage der Trennwerte die stärkere genetische Nähe zu einer der beiden Elternarten herausgearbeitet werden konnte.

Genetische Variabilität

In Tabelle 4 ist die Anzahl der an den jeweiligen Genorten gefundenen Allele für die einzelnen Bestände dargestellt. Hier zeigen sich deutliche Unterschiede. Der Bestand KAE weist nur insgesamt 65 Allele (zwischen 5 und 12 Allelen pro Locus), der Bestand GGB mit 128 (12 bis 28 pro Locus) die nahezu doppelte Anzahl an Allelen auf. Unter den Referenzproben befindet sich jedoch ein Bestand mit noch weniger genetischen Varianten. In BIE (= Bielinek, Polen) sind nur insgesamt 61 Allele (5 bis 12 pro Locus) beobachtet worden.

Diese Zahlen können allerdings durch unterschiedliche Stichprobengrößen beeinflusst sein, da seltene Allele mit einer höheren Wahrscheinlichkeit in großen Populationen auftauchen als in kleinen. Deshalb ist zusätzlich der Parameter der genetischen Diversität v_2 (effektive Anzahl an Allelen) berechnet worden, der neben den absoluten auch die relativen Häufigkeiten genetischer Varianten mit berücksichtigt und stochastische Probleme minimiert (Tabelle 5). Die Diversitätswerte für v_2 sind etwas ausgeglichener. Dennoch ist ein ähnlicher Trend erkennbar. Die Proben vom Standort GGB charakterisieren auch hier den mit weitem Abstand variabelsten Bestand mit effektiv 9,8 Allelen pro Locus, gefolgt von den Beständen NIE, SAS und SCH. Die morphologisch und genetisch als sehr artrein

Tabelle 4

Anzahl gefundener Allele für die untersuchten Flaum-Eichenbestände an sieben SSR-(Mikrosatelliten-) Genorten sowie Gesamtanzahl an Allelen über alle Loci

SSR-Locus	SCH	NIE	BUE	SAS	BAL	OBE	IST	GRE	BIR	KAE	GGB	SBE	BIE ¹	BOL ¹	SIG ¹
QrZAG112	11	9	9	13	9	7	10	7	6	5	12	8	5	10	7
QrZAG96	20	16	15	19	15	17	14	14	11	11	17	16	10	15	11
QpZAG110	12	14	11	12	10	10	11	9	9	10	17	12	7	12	7
QrZAG11	16	14	11	12	12	10	11	12	9	10	16	13	6	11	7
QpZAG20	17	17	12	12	14	11	10	11	9	8	15	12	10	14	9
QpZAG5b	24	23	15	21	22	15	17	16	14	12	28	17	12	21	12
QpZAG65	27	18	22	23	14	18	12	12	16	9	23	19	11	24	11
Total	127	111	95	112	96	88	85	81	74	65	128	97	61	107	64

¹ = Referenzpopulationen

charakterisierten Referenzbestände zeigen auch hier jedoch ein sehr differenziertes Bild. Der Referenzbestand BOL liegt auf einem vergleichsweise hohen Diversitätsniveau (8,4 effektive Allele pro Locus). Gegenüber den Flaum-Eichen im süddeutschen Dreiländereck zeigten die Genorte der Mikrosatelliten des Bestandes in Bielinek (BIE) die geringste Diversität ($v_2 = 5,22$).

Neben den Mikrosatelliten-Markern wurde das individuelle Vorkommen BIE zusätzlich auf der Grundlage von Isoenzym-Markern an neun Genorten (FEST-B, PGI-B, MNR-A, GOT-B, PGM-B, IDH-B, 6PGDH-B, IDH-A, SKDH-A) vom ASP in Teisendorf (Bayern) genetisch charakterisiert (Konnert et al. 2004). An den Genorten der acht Isoenzyme zeigte sich keine Einengung der genetischen Vielfalt. Verglichen mit Brandenburger Trauben-Eichenbeständen (Tauern/Kleinsee, Fünfeichen/Level 2) waren die Werte für die genetische Diversität ($V_{\text{gam}} = 16,38$) und den Heterozygotiegrad ($H_b = 24,4\%$) sogar überdurchschnittlich hoch. Bei einem wenig von Null verschiedenen F-Wert (0,0078) zeigten sich keine Inzuchteffekte.

Genetische Differenzierung zwischen den Beständen

In Tabelle 6 sind die paarweisen genetischen Abstände zwischen den untersuchten Eichenbeständen dargestellt. Die Werte variieren von 0,316 zwischen SCH und NIE bis zu 0,553 zwischen KAE und BAL. Das bedeutet, dass zwischen diesen Beständen 31,6% bzw. 55,3% der genetischen Varianten ausgetauscht werden müssten, um identische genetische Profile zu erhalten. Im Mittel unterscheiden sich die Bestände um 42,9%. Höhere genetische Abstände sind zu Referenzproben zu beobachten (im Mittel 50,6%).

Wie repräsentativ die genetische Ausstattung eines Bestandes im Vergleich zum gesamten untersuchten Genpool (also der Gesamtheit aller anderen Individuen) ist, wird durch den Differenzierungsparameter D_j bestimmt (siehe Abbildung 5). Hier zeigt sich, dass die Bestände SCH und NIE mit einem Wert von circa 0,26 am geringsten vom gesamten Genbestand der gezogenen Proben abweichen. Die Bestände IST und KAE sind innerhalb der Bestände mit $D_j > 0,4$ am

Tabelle 5

Genetische Diversität v_2 an sieben SSR-(Mikrosatelliten-) Genorten sowie das Mittel über alle Loci

SSR-Locus	SCH	NIE	BUE	SAS	BAL	OBE	IST	GRE	BIR	KAE	GGB	SBE	BIE ¹	BOL ¹	SIG ¹
QrZAG112	2,5	2,7	2,5	3,2	4,0	2,2	5,1	3,0	2,2	1,6	2,4	3,1	3,2	4,9	3,8
QrZAG96	9,2	7,5	8,6	10,1	9,6	12,3	7,8	7,7	6,0	8,0	9,5	10,6	6,9	7,3	7,3
QpZAG110	6,3	5,2	4,7	8,0	2,5	2,9	5,0	5,0	4,4	5,1	6,3	6,8	4,2	5,8	4,0
QrZAG11	6,4	6,8	5,2	5,6	7,0	4,1	5,0	7,6	5,4	7,0	7,0	4,5	5,1	6,6	5,9
QpZAG20	6,4	9,6	7,3	6,7	10,0	9,4	6,0	5,9	6,4	4,7	7,2	6,4	6,2	6,1	6,0
QpZAG5b	11,3	17,0	7,9	12,8	9,0	9,1	9,0	12,0	10,1	8,0	19,8	12,5	6,7	10,4	7,9
QpZAG65	18,0	13,1	15,2	15,3	9,6	14,1	8,3	8,8	11,5	7,7	16,3	14,7	7,1	17,9	7,3
Mittel	8,6	8,8	7,4	8,8	7,4	7,7	6,6	7,1	6,6	6,0	9,8	8,4	5,6	8,4	6,0

¹ = Referenzpopulationen

Tabelle 6

Paarweise genetische Abstände (d_0 nach Gregorius 1974) zwischen den untersuchten Eichenbeständen

	NIE	BUE	SAS	BAL	OBE	IST	GRE	BIR	KAE	GGB	SBE	BIE ¹	BOL ¹	SIG ¹
SCH	0,316	0,378	0,337	0,405	0,413	0,447	0,413	0,383	0,446	0,355	0,370	0,586	0,358	0,478
NIE		0,335	0,364	0,362	0,433	0,437	0,404	0,401	0,470	0,380	0,399	0,562	0,371	0,451
BUE			0,397	0,409	0,439	0,403	0,446	0,423	0,462	0,424	0,471	0,596	0,434	0,459
SAS				0,478	0,435	0,450	0,390	0,397	0,439	0,390	0,399	0,577	0,383	0,514
BAL					0,418	0,444	0,458	0,461	0,553	0,430	0,492	0,552	0,465	0,498
OBE						0,508	0,462	0,413	0,493	0,428	0,469	0,580	0,455	0,577
IST							0,476	0,445	0,516	0,484	0,526	0,598	0,428	0,538
GRE								0,392	0,422	0,442	0,454	0,597	0,439	0,487
BIR									0,402	0,420	0,480	0,568	0,389	0,486
KAE										0,451	0,439	0,613	0,488	0,553
GGB											0,421	0,562	0,465	0,536
SBE												0,623	0,446	0,505
BIE													0,571	0,584
BOL														0,424

¹ = Referenzpopulationen

stärksten differenziert und damit bezogen auf den gesamten Genpool am wenigsten repräsentativ. Von den Referenzbeständen weichen insbesondere BIE und SIG mit Werten von $D_j = 0,45$ bzw. $0,54$ am deutlichsten von dem durchschnittlichen genetischen Profil ab.

Interessanterweise unterscheidet sich das Vorkommen an der Oder (Ref. BIE in Abbildung 5) erheblich von den Flaum-Eichen des Dreiländerecks (Deutschland, Frankreich, Schweiz). Dies belegen auch die hohen intraspezifischen genetischen Abstandswerte zwischen den beiden Regionen. Insgesamt ist die genetische Differenzierung im Vergleich zu den anderen heimischen Eichenarten aber als sehr hoch zu bewerten (vgl. Degen et al., 2010). Aber auch hier gilt es zu beachten, dass Drifteffekte gerade in Zusammenhang mit geringen Stichprobengrößen besonders ins Gewicht fallen können und genetische Differenzierungswerte somit an Signifikanz verlieren können (im Bestand KAE konnten nur 12 Proben untersucht werden).

Genetische Variabilität und Reproduktionszusammenhalt

Ein interessanter Zusammenhang wird deutlich, wenn die Höhe des reproduktiven Zusammenhalts der beprobten Bestände über deren genetischer Diversität aufgetragen wird (Abbildung 6). Hier zeigt sich der Trend, dass Hybridschwärme oder Bestände, die aus mehreren Eichenarten bestehen, eine deutlich höhere genetische Variabilität vorzuweisen haben. Dies ist nicht überraschend, da die verschiedenen Arten unterschiedliche Häufigkeitsverteilungen ihrer allelischen Varianten mitbringen. Der Bestand GGB beispielsweise zeigt hohe Anteile aller drei heimischen Eichenarten. Die Folge ist eine hohe genetische Diversität (zu Lasten der Artintegrität). Die Bestände BUE und BAL hingegen zeigen eine hohe Artintegrität und ihre genetischen

Diversitätswerte liegen mit 7,4 effektiven Allelen pro Locus ungefähr auf mittlerem Niveau. Die als sehr artrein charakterisierten Bestände (BIE, SIG aus dem Referenzprobenmaterial sowie IST) haben zwar hohe Zuordnungswerte für die Flaum-Eichenfraktion, dafür fallen die Diversitäten deutlich niedriger aus.

Zusammenfassend zeigt sich, dass die Proben aus den Beständen BUE, BAL und IST neben dem Bestand im polnischen Bielinek überwiegend als genetisch sehr artreine Flaum-Eiche charakterisiert werden können. Im Mittelfeld liegen BIR und SAS. Die übrigen Bestände repräsentieren eher Stichproben aus größeren Hybridschwärmen zwischen Flaum- und Trauben-Eiche (oder einer Mischung aus den beiden reinen Arten) bzw. sogar nahezu artreinen Trauben- und Stiel-Eichen.

4 Diskussion

Die Flaum-Eiche besiedelt im südwestlichen Baden-Württemberg den derzeit nördlichsten Rand ihres natürlichen, zusammenhängenden Verbreitungsgebietes und stellt dort in wenigen Beständen die einzigen größeren und erhaltungsfähigen Vorkommen in der Bundesrepublik Deutschland dar. Betrachtet man die Indikatoren Vitalität, demografische Struktur, Populationsgröße und Individuendichte, so wäre die Mehrzahl der Vorkommen langfristig nicht überlebensfähig. In Baden-Württemberg steht die Flaum-Eiche als eine lokale Charakterart auf der Roten Liste (Gefährdungsgrad 3). Andererseits lassen die teilweise hohen Baumalter und hohen Diversitätskennziffern ein hohes Anpassungspotenzial insbesondere in kleinen ökologischen Nischen, u.a. auf Extremstandorten wie an den Trockenhängen des Unteren Odertals, erkennen. Generell besiedelt der Großteil der untersuchten Vorkommen Bergkuppen oder Hanglagen.

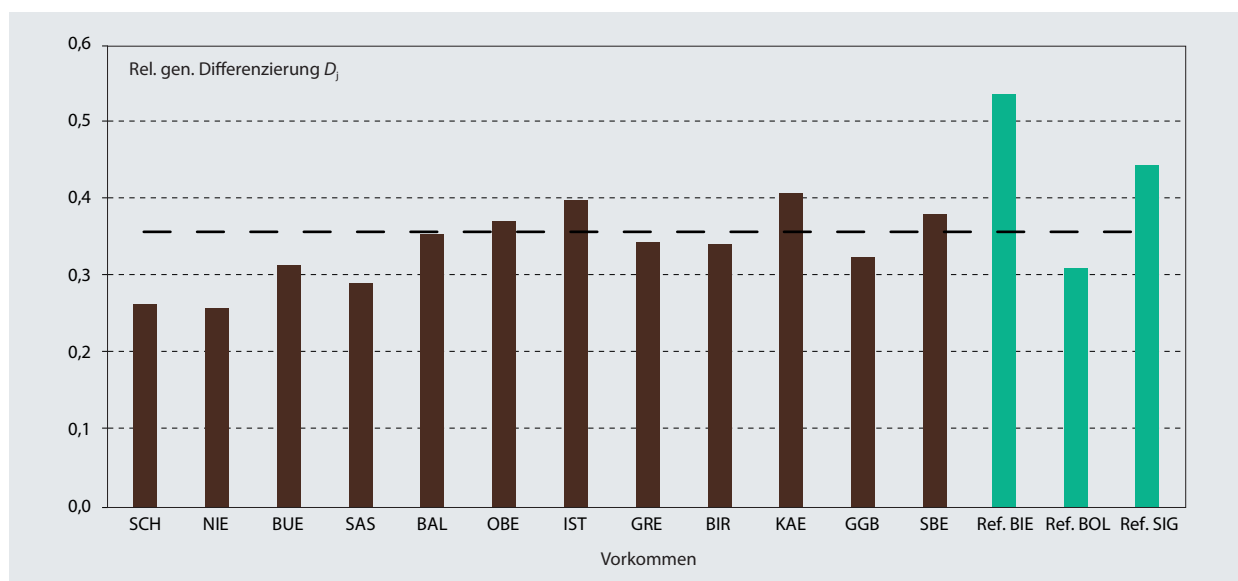


Abbildung 5

Relative genetische Differenzierung D_j jedes einzelnen Bestandes zum Komplement (= Gesamtheit aller anderen untersuchten Bestände). Die gestrichelte Linie gibt die durchschnittliche Gesamtdifferenzierung δ an

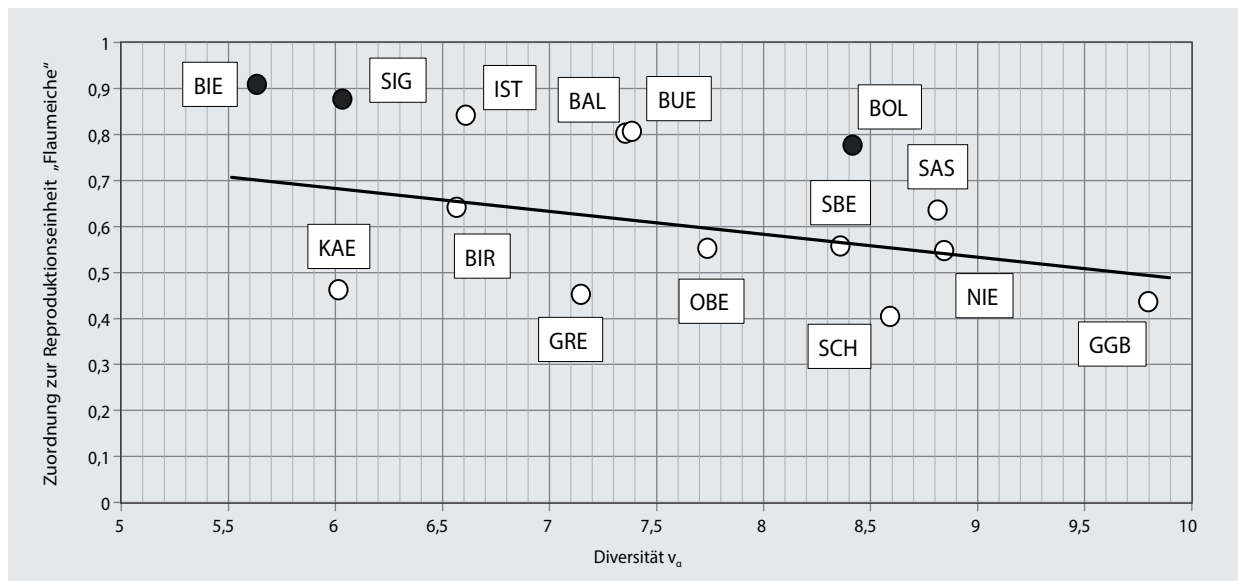


Abbildung 6

Zusammenhang zwischen genetischer Diversität (=effektive Allelzahl) auf der Abszisse und dem relativen Anteil der untersuchten Bestände an artreiner Flaum-Eiche auf der Ordinate (untersuchte Bestände = leere Punkte, Referenzbestände = gefüllte Punkte)

Ebenso ist die Flaum-Eiche im Untersuchungsgebiet in freistehenden Kleingruppen, Waldrandlagen oder lichten Mischwäldern zu finden. Einzig im NSG Büchsenberg am Kaiserstuhl ist sie bestandsbildend.

Zwar befinden sich alle Vorkommen in Naturschutzgebieten und / oder Natura 2000 Gebieten, aber drei Viertel der Bestände sind von Weinanbauflächen umgeben und somit von direkten oder indirekten Bewirtschaftungsmaßnahmen betroffen. An vielen Stellen steht die Flaum-Eiche in Konkurrenz zur Buche und wird bei Übershattung verdrängt. Erhaltungsmaßnahmen sollten vordringlich auf den Schutz der Naturverjüngung ausgerichtet sein.

Die Probleme der Flaum-Eiche wie Überalterung, Verdrängung durch andere Baumarten, Isolation der Vorkommen und mangelnde Vitalität sind im Rahmen des oben beschriebenen BLE-Verbundprojekts auch für andere seltene Arten festgestellt worden (Schröder et al., 2013). Beispiele sind Wild-Apfel und Wild-Birne, der Speierling oder auch die Elsbeere. Wie der Speierling sind jedoch die Flaum-Eichen auf nur wenige vereinzelte Populationen beschränkt, während Elsbeere, Eibe und Wildobst deutlich weiter verbreitet sind. Einzelheiten dazu finden sich in den am Ende dieses Beitrags mit dem entsprechenden Link genannten ausführlichen Abschlussberichten aller im Projekt untersuchten Baumarten.

Auf Grund der charakteristischen Gefährdung der seltenen Arten ist auch für die Flaum-Eiche zu empfehlen, die wichtigsten Populationen mit einem genetischen Monitoring zu überwachen (Kätzel et al., 2005). Dieses Monitoring sollte insbesondere die Parameter Vitalität (Kronenverlichtung, Vergilbungen, Feinreisiganteil, biotische Schaderreger) und die Verjüngungsintensität (Fruktifikation, Aufkommen von Naturverjüngung, Schäden an der Verjüngung) umfassen. Daneben sollten in weiten Zeitabständen (zehn Jahre)

Wiederholungsuntersuchungen zu den genetischen Populationsstrukturen durchgeführt werden, so dass mögliche Änderungen in der „Kampfzone“ der nördlichen Verbreitungsgrenze dokumentiert werden können.

Obgleich die Flaum-Eiche für die Forstwirtschaft in der Bundesrepublik derzeit keine Bedeutung hat, könnte sich dies langfristig ändern. Unter forstlichen Gesichtspunkten sind die wenigen Individuen, meist Hybriden, die „Trauben-Eichen-ähnliche“ Stammformen ausbilden und gleichzeitig eine erhöhte Trockenstresstoleranz aufweisen, unter den Bedingungen des Klimawandels von besonderem Interesse. Flaum-Eichen-Wälder werden in Süd- und Südosteuropa oft als Niederwald zur Brennholzgewinnung bewirtschaftet. Ihr Holz ähnelt dem der Stiel-Eiche, ist aber schwerer, dauerhafter, hart und weniger elastisch. Hier wird es zum Möbelbau und als Bauholz verwendet (Banfi und Consolino, 1998).

Trotz ihrer geringeren Wuchsleistung hat die Flaum-Eiche in ihrem heutigen natürlichen Verbreitungsgebiet eine nicht zu unterschätzende waldökologische Bedeutung (Mikroklima, Bodenschutz, Nahrungsquelle, Artendiversität, Waldästhetik u. a.). Da die Kronen nicht sehr dicht schließen, entwickelt sich eine artenreiche Kraut- und Strauchschicht (Hecker, 2006). Lichte Flaum-Eichenwälder gehören deshalb zu den artenreichsten Ökosystemen Europas (Glatzer und Schramm, 2010) und sind somit eine ökologische Bereicherung in durch Trockenheit geprägten Regionen.

Unter sommertrockenen Bedingungen steigert die waldbauliche Integration der Flaum-Eiche die ökologische Stabilität der Waldgesellschaften. Die hohe Konkurrenzkraft der Flaum-Eiche gegenüber der Wald-Kiefer (*Pinus sylvestris* L.), wie sie sich im letzten Jahrzehnt im Wallis und in Graubünden (Schweiz) zeigt (Weber et al., 2008; Sterck et al., 2008; Rigling et al., 2006, 2013), kann gegenwärtig kleinflächig

auch im Nationalpark Unteres Odertal beobachtet werden. An Trockenhängen am Gartzter Schrey sterben vermehrt Kiefern ab, während Trauben-Eichen und Flaum-Eichen-Hybride mit hoher Vitalität in die Sterbelücken einwandern.

Einige wenige Vorkommen haben das Potenzial zur Gewinnung von forstlichem Vermehrungsgut. Dabei ist zu berücksichtigen, dass die Baumart dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) unterliegt. Bevor die Flaum-Eiche zu einer Kandidaten-Baumart für aktive Waldumbaumaßnahmen zur Klimaanpassung auf extremen Standorten in Deutschland avanciert, sind jedoch noch umfassende Forschungsarbeiten zu leisten. Die aktuelle Erfassung überlebensfähiger Vorkommen stellt einen ersten Schritt in diese Richtung dar.

Dank

Ermöglicht wurde das Projekt durch die Finanzierung des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (Förderkennzeichen AZ 114-02.05-20.0074/09 - E - Los 1). Insbesondere danken wir Herrn Dr. Norbert R. Kowarsch für die administrative Begleitung durch die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) als Projektträger. An dem bundesweiten Verbundprojekt zur Erfassung von insgesamt zehn seltenen Baumarten waren alle deutschen forstlichen Versuchsanstalten sowie 21 private Kartierbüros beteiligt. Die Erstellung und Pflege der Datenbank wurde von Herrn Jürgen Kayser (IDAMA GmbH, Freiburg) übernommen. Für eine Liste aller Beteiligten sowie den ausführlichen Abschlussbericht verweisen wir auf die Seite: http://www.ble.de/DE/03_Forschungsfoerderung/04_BiologischeVielfalt/BV-Erhebungen/TagDesWaldes-Bundesweite-Waldbaum-Erhebung.html.

Literatur

- Banfi E, Consolino F (1998) Bäume in Garten, Park und freier Natur. Klagenfurt : Keiser, 223 p
- Bornmann L, Waltman L (2011) The detection of "hot regions" in the geography of science : a visualization approach by using density maps [online]. Zu finden in <<http://arxiv.org/ftp/arxiv/papers/1102/1102.3862.pdf>> [zitiert am 10.06.2014]
- Degen B, Höltnen AM, Rogge M (2010) Use of DNA-fingerprints to control the geographic origin of forest reproductive material. *Silvae Genet* 59:268-273
- Endtmann KJ (2008) Natur- und Landschaftsschutz im Gebiet um Bellinchen / Bielinek und Hohenlubbichow / Lubiechow Gorny. *Eberswalder Forstl SchrR* 37:42-74
- European Forest Data Centre (2013) Tree species maps : species habitat suitability [online]. Zu finden in <<http://forest.jrc.ec.europa.eu/efdac/applications/species-distribution/>> [zitiert am 23.06.2014]
- Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2003) Inference of population structure : extensions to linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164:1567-2620
- Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2007) Inference of population structure using 480 multilocus genotype data : dominant markers and null alleles. *Molecular Ecol Notes* 7:574-578
- Glatzer K, Schramm E (2010) Klimabezogener Umbau der Eichenwälder mit mediterranen Eichen : eine vorläufige Wirkungs- und Folgenabschätzung [online]. Zu finden in <http://www.bik-f.de/files/publications/kfp_nr-5.pdf> [zitiert am 10.06.2014]
- Gregorius HR (1974) Genetischer Abstand zwischen Populationen : I. Zur Konzeption der genetischen Abstandsmessung. *Silvae Genet* 23:22-27
- Gregorius HR, Roberds JH (1986) Measurement of genetical differentiation among subpopulations. *Theor Appl Genet* 71:826-834
- Hattemer HH, Bergmann F, Ziehe M (1993) Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaft. Frankfurt a M : Sauerländer, 492 p
- Hecker U (2006) BVL-Handbuch Bäume und Sträucher. München : BVL, 478 p
- Höltnen AM, Buschbom J, Kätzel R (2012) Die Artintegrität unserer heimischen Eichen *Quercus robur* L., *Q. petraea* (Matt.) Liebl. und *Q. pubescens* Willd. aus genetischer Sicht. *Allg Forst-Jagdztg* 183:100-110
- Hubisz MJ, Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2009) Inferring weak population structure with the assistance of same group information. *Mol Ecol Resour* 9:1322-1332
- Kätzel R (2006) Zur taxonomischen Einordnung der einheimischen Eichenarten. *Eberswalder Forstl SchrR* 25:11-12
- Kätzel R, Becker F, Schröder J, Glatthorn J, Höltnen A, Löffler S (2012) Flaum- und Zerr-Eiche in Brandenburg : alternative Baumarten im Klimawandel? *Eberswalder Forstl SchrR* 49:23-36
- Kätzel R, Maurer WD, Konnert M, Scholz F (2005) Genetisches Monitoring in Wäldern. *Forst Holz* 60(5):179-183
- Kätzel R, Schulze T, Becker F, Schröder J, Riederer J, Kamp Th, Wurm A, Huber G (2011) Seltene Baumarten in Deutschland – Erfassung und Erhaltung. *AFZ Wald* 66(19):37-39
- Konczak P (1998) Flora der Oderhänge bei Bellinchen. *Verh Bot Ver Berlin Brandenburg* 131:97-125
- Konczak P (1999) Die Flaum-Eiche in Ostbrandenburg. *Verh Bot Ver Berlin Brandenburg* 132:141-151
- Konnert M, Fromm M, Wimmer Th (2004) Anleitung für Isoenzymuntersuchungen bei Stieleiche (*Quercus robur*) und Traubeneiche (*Quercus petraea*) [online]. Zu finden in <http://blag-fgr.genres.de/fileadmin/SITE_GENRES/downloads/docs/BLAG/stieleiche-arbeitsanleitung.pdf> [zitiert am 11.06.2014]
- Lepais O, Léger V, Gerber S (2006) High throughput microsatellite genotyping in oak species. *Silvae Genet* 55:4-5
- Neophytou C, Aravanopoulos FA, Fink S, Dounavi A (2010) Detecting interspecific and geographic differentiation patterns in two interfertile oak species (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl. and *Q. robur* L.) using small sets of microsatellite markers. *For Ecol Manage* 259:2026-2035
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945-959
- Pritchard JK, Wen X, Falush D (2009) Documentation for structure software: Version 2.3 [online]. Zu finden in <http://pritchardlab.stanford.edu/structure_software/release_versions/v2.3.4/structure_doc.pdf> [zitiert am 19.09.2014]
- Rigling A, Dobberrin M, Bürgi M, Feldmeier-Christe E, Gimmi U, Ginzler C, Graf U, Mayer P, Wohlgemuth T (2006) Baumartenwechsel in den Walliser Waldföhrenwäldern : Wald und Klimawandel. *Forum Wissen* 2006:23-33
- Rigling A, Bigler C, Eilmann B, Feldmeier-Christe E, Gimmi U, Ginzler C, Graf U, Mayer P, Vacchiano G, Weber P, Wohlgemuth T, Zweifel R, Dobberrin M (2013) Driving factors of a vegetation shift from Scots pine to pubescent oak in dry Alpine forests. *Global Change Biol* 19:229-240
- Roloff A (2001) Baumkronen : Verständnis und praktische Bedeutung eines komplexen Naturphänomens. Stuttgart : Ulmer, 164 p
- Sayer U (2000) Die Ökologie der Flaumeiche (*Quercus pubescens* Willd.) und ihrer Hybriden auf Kalkstandorten an ihrer nördlichen Arealgrenze : Untersuchungen zu Boden, Klima und Vegetation. Berlin : Cramer, 198 p, Diss Bot 340
- Schröder J, Kätzel R, Schulze T, Kamp Th, Huber G, Höltnen A, Steiner W, Konnert M (2013) Seltene Baumarten in Deutschland : Zustand und Gefährdung. *AFZ Wald* 68(12):4-6
- Schütt R, Weisgerber H, Lang J, Roloff A, Stimm B (Hrsg.) (1998) Enzyklopädie der Holzgewächse : Band III-2. Landsberg/Lech : ecomed
- Sterck FJ, Zweifel R, Sass-Klassen U, Chowdhury Q (2008) Persisting soil drought reduces leaf specific conductivity in Scots pine (*Pinus sylvestris*) and pubescent oak (*Quercus pubescens*). *Tree Physiol* 28:529-536
- Ulbrich E (1924) Die Flaumeiche, *Quercus lanugosa* als neuer Waldbaum in Norddeutschland und die Nomenklatur. *Mitt Dtsch Dendrol Gesell* 34:297-304
- Walter H, Straka H (1970) Arealkunde. Stuttgart : Ulmer
- Weber P, Rigling A, Eilmann B, Mayer P, Wohlgemuth Th, Dobberrin M (2008) Verjüngung und Konkurrenz der Flaumeiche im Wallis. *Informationsbl Wald* 22:1-3