

Erfassung der genetischen Ressourcen der Ulmen-Arten in Deutschland

Schlussbericht

des Auftrages

„Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Schwarzpappel und der Ulmenarten in Deutschland“, Teillos 2: „Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen der Ulmenarten (*Ulmus spec.*) in der Bundesrepublik Deutschland“

Aktenzeichen: 541-73.01/05BE001

Berichtszeitraum: 01.10.2005 – 12.07.2007

Laufzeit: 26.07.2005 – 27.07.2007

Bietergemeinschaft:

Landesforstanstalt Eberswalde
Thüringer Landesanstalt für Wald, Jagd und Fischerei
Landesamt für Forsten und Großschutzgebiete
Mecklenburg-Vorpommern
Staatsbetrieb Sachsenforst

vertreten durch die

Landesforstanstalt Eberswalde (Auftragnehmer)
Dr. habil. Ralf Kätzel

Bearbeiter:

Dipl.-Ing. (FH) Andreas Reichling
Berichtsteil Genetische Charakterisierung: Ute Tröber

Eberswalde, 27.07.2007

Projektpartner:

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

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

Thüringer Landesanstalt für Wald, Jagd und Fischerei, Jägerstr. 1, 99867 Gotha
Frau Karina Kahlert

Landesforst Mecklenburg-Vorpommern, Anstalt des öffentlichen Rechts,
Fritz-Reuter-Platz 9, 17139 Malchin
Herr Wolfgang Voth

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

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	5
2	Ziele und Aufgabenstellung des Projekts	6
2.1	Ablauf und Planung des Projekts	6
2.2	Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde	8
3	Material und Methoden	8
3.1	Projektmanagement	8
3.2	Verwendung der Datenbank	8
3.3	Datenrecherche; Abfrage der Quellen; Erfassung FFH, GSG, NWR und Literaturrecherche Versuchsflächen	9
3.4	Auswertung der Quellenabfrage	10
3.5	Kartierung	11
3.6	Auswertung der Datenbank	12
3.6.1	Schutzstatus	13
3.6.2	Abundanz	13
3.6.3	Altersstruktur	13
3.6.4	Vitalität	16
3.6.5	Ermittlung der Erhaltungswürdigkeit nach phänotypischen Kriterien	16
3.7	Darstellung der Kerneldichte	17
3.8	Genetische Charakterisierung	18
4	Darstellung der wichtigsten Ergebnisse	22
4.1	Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen im Bezug auf Deutschland, die Bundesländer und die Wuchsgebiete	22
4.1.1	Flatterulme (<i>Ulmus laevis</i>)	23
4.1.2	Bergulme (<i>Ulmus glabra</i>)	30
4.1.3	Feldulme (<i>Ulmus minor</i>)	37
4.2	Durchschnittliche Größe der Vorkommen: Fläche und Baumzahl	44
4.3	Altersstruktur/Durchmesserstruktur	46
4.3.1	Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen	47
4.3.2	Altersstrukturqualitätsklassen	50
4.3.3	Anteile der Durchmesserstufen in den Bundesländern	51
4.4	Vitalitätsstufen	52
4.5	Anteil der Altersstruktur- und Vitalitätsstufen	59
4.6	Naturverjüngung	61
4.7	Eigentumsverhältnisse	67
4.8	Schutzstatus	69
4.9	Populationsgenetische Struktur bei ausgewählten Vorkommen	70
4.9.1	<i>Ulmus laevis</i>	70
4.9.2	<i>Ulmus glabra</i>	75
4.9.3	<i>Ulmus minor</i>	80
4.9.4	Vergleich der drei Ulmen-Arten	87
5	Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse .	89
5.1	Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit	90
5.1.1	<i>Ulmus laevis</i>	93
5.1.2	<i>Ulmus glabra</i>	100

5.1.3	<i>Ulmus minor</i>	106
5.2	Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen	111
5.3	Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung	111
6	<i>Zusammenfassung</i>	113
7	<i>Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen</i>	115
8	<i>Literaturverzeichnis</i>	116

1 Einleitung

Ulmen sind Bäume, die schon seit dem Neolithikum eine große Bedeutung im Leben der Menschen in Mitteleuropa hatten. Leider sind sie heute sehr selten geworden und vielen Menschen unbekannt.

In Deutschland kommen drei der weltweit 45 Arten der Gattung *Ulmus* vor. Das sind die Flatter-Ulme (*Ulmus laevis*) und die nah miteinander verwandte Berg-Ulme (*Ulmus glabra*) und Feld-Ulme (*Ulmus minor*). Alle drei Arten haben verschiedene Standortansprüche und Verbreitungen.

Die Flatter-Ulme ist eine charakteristische Baumart der Hartholzaue größerer Flüsse. Sie ist sehr tolerant gegenüber längeren Überflutungen und oberflächennah anstehendem Stauwasser, so dass sie oft auf Gley-Standorten oder anmoorigen Böden wächst. Vielfach kommt sie auch in Talgründen in Erlen-Eschenwäldern oder als Nebenbaumart in Eichen-Hainbuchenwäldern oder Erlenbruchwäldern vor. Die Flatter-Ulme ist eine eher kontinentale Art, die ihre Verbreitungsschwerpunkte von Ostdeutschland über Polen und die baltischen Staaten bis in die Region zwischen Moskau und Kasan hat.

Die Berg-Ulme kommt hauptsächlich im Berg- und Hügelland bis etwa in 1000m Höhe vor, vereinzelt auch in noch höheren Lagen. Sie wächst meist auf nährstoffreichen, frischen bis feuchten aber gut belüfteten Standorten und verträgt keine Staunässe. Häufig sind dies kolluviale Böden steiler Talhänge und Schluchten. Sie ist oft mit Bergahorn, Gemeiner Esche und Sommerlinde vergesellschaftet. Die Berg-Ulme ist die am stärksten nördlich verbreitete Art. Sie erreicht in Skandinavien die Südspitze des Lofotenbogens und umfasst die gesamten Britischen Inseln. Weiter südlich bis Italien und auf dem Balkan wächst sie dann auf den höheren Lagen. Versprengete Vorkommen finden sich bis zum Ural und zwischen dem Schwarzen und Kaspischen Meer.

Die Feld-Ulme ist eine typische Baumart der großen Flusstäler des Tieflandes und der kollinen Stufe. Sie wächst dort in der Hartholzaue, aber auch in höher gelegenen trockeneren Bereichen in Feldgehölzen, Hecken und Waldrändern. Sie gilt als wärmeliebende Baumart, ist überflutungstolerant und erträgt auch längere Trockenperioden. Die Feld-Ulme ist die Art mit der stärksten südlichen Verbreitung. Sie besiedelt große Teile Spaniens, Frankreichs und Italiens und erreicht sogar Nordafrika. In Nordwestdeutschland und Holland fehlt sie in großen Bereichen.

Die Bestände der Feld-Ulme und der Berg-Ulme wurden in der Vergangenheit stark durch eine Krankheit, das s.g. Ulmensterben in Mitleidenschaft gezogen. Dabei handelt es sich um eine Pilzinfektion mit dem Schlauchpilz *Ophiostoma ulmi*, die um 1929 in den Niederlanden zu ersten Mal beobachtet worden ist. Es erfolgte eine schnelle epidemische Ausbreitung in Europa und Westasien, der ein großer Teil der Berg- und Feld-Ulmen Bestände zum Opfer fielen. Der Pilz wird durch den Fraß des Ulmensplintkäfers, einer Borkenkäferart, oder über Verwachsungen an den Wurzeln übertragen. Nach dem Abklingen der Epidemie in den vierziger Jahren trat in den sechziger Jahren eine neue aggressivere Variante mit dem Namen *Ophiostoma novo-ulmi* auf. Diese zweite Befallswelle wirkte sich noch wesentlich dramatischer auf die Bestände aus als die erste. In einigen Ländern wurde ein Großteil des Bestandes vernichtet. Die Ulmenkrankheit ist bis heute in Europa verbreitet. Man geht von einem wellenförmigen Verlauf auf niedrigem Niveau aus, in dem sich der Wirt, der Erreger und der Vektor gegenseitig beeinflussen.

Die Flatter-Ulme zeigt sich weitgehend resistent gegenüber dem Erreger des Ulmensterbens. Da das Holz dieser Baumart aber forstlich von geringer Bedeutung ist und

ihr Lebensraum zunehmend seltener wird, sollten auch die Bestände dieser Baumart beobachtet werden.

2 Ziele und Aufgabenstellung des Projekts

Das Projekt zur Erfassung der genetischen Ressourcen der Ulmen-Arten in Deutschland wurde initiiert, um die Gefährdung der drei Baumarten bundesweit abschätzen zu können und erste Ergebnisse zur genetischen Variation zu erhalten. Dazu war es erforderlich, eine umfassende Bestandeserfassung nach bundesweit einheitlichen Kriterien durchzuführen. Bisher lagen Daten zu den drei Baumarten nur in einigen wenigen Bundesländern in nicht einheitlicher Form vor. Untersuchungen zur genetischen Vielfalt fehlten bisher völlig. Um den Forschungsbedarf in diesem Bereich abzudecken, wurde von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Auftrag des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) ein Projekt über 24 Monate finanziert. Ziel war es, alle erhaltungswürdigen und erhaltungsnotwendigen Vorkommen der drei heimischen Ulmen-Arten (*Ulmus laevis*, *Ulmus glabra* und *Ulmus minor*) bundesweit zu erfassen, zu charakterisieren und nach den Aspekten „Erhaltungswürdigkeit“ und „Erhaltungsdringlichkeit“ zu bewerten. Die Ergebnisse sollen als Grundlage für künftige Umsetzungen von Generhaltungsmaßnahmen dienen.

2.1 Ablauf und Planung des Projekts

Für das Projekt wurde folgender Leistungsumfang vorgegeben:

1. Erhebung von Informationen über Vorkommen aus den Quellen der Forstlichen Versuchsanstalten, Überarbeitung und Bewertung der Quelldaten
2. terrestrische Erfassung und Charakterisierung der Vorkommen nach Erhaltungswürdigkeit und Erhaltungsdringlichkeit gem. Ausschreibung
3. biochemisch-genetische Charakterisierung ausgewählter Vorkommen mit dem Ziel:
 1. die Artzugehörigkeit zu überprüfen
 2. die genetische Variation von Populationen zu erfassen
4. Dokumentation der Ergebnisse in einer zentralen Datenbank mit GIS-Anbindung (Teillos 1)
5. zusammenfassende Bewertung aller Informationen zum Vorkommen und zur Gefährdung der Baumart in der BRD
6. Ableitung von Empfehlungen zur Erhaltungswürdigkeit von Vorkommen und der Dringlichkeit der Maßnahmen aus Bundessicht mit regionalen Schwerpunkten im Rahmen der Berichterstattung und unter Berücksichtigung regionaler Schwerpunkte (kartografische Darstellung)

Projektbearbeitung

Der Ablauf des Projektes erfolgte in folgenden Arbeitsschritten (Tabelle 2.2.)

Tab. 2.2: Geplante Arbeitsschritte des Teilloser Ulme

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

B1 Landesforstanstalt Eberswalde

UA= Unterauftrag an Dritte

B2

Staatsbetrieb

Sachsenforst

B3 Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt

B4 Forstliche Versuchs- und

Forschungsanstalt Baden-Württemberg

2.2 Ausgangssituation und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

Zu Beginn des Projektes lagen bundesweit keine, nach einheitlichen Kriterien erhobenen, Daten zu Vorkommen der Ulmen-Arten vor, die ohne vorherige Überprüfung hätten übernommen werden können (Kap. 3.3).

Für die genetische Charakterisierung der Ulmen-Arten mit Isoenzymanalysen konnte an einige wenige Untersuchungen angeknüpft werden (Kap. 3.8). Die Datenbank wurde aus dem parallel laufenden Projekt zur Erfassung der genetischen Ressourcen der Schwarz – Pappel übernommen (Kap. 3.2).

In den nachfolgenden Kapiteln wird themenbezogen auf die jeweilige Ausgangssituation eingegangen.

3 Material und Methoden

3.1 Projektmanagement

Für das Projekt haben sich die Forstlichen Versuchsanstalten der Bundesländer Brandenburg, Sachsen, Thüringen, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen und Baden-Württemberg zu einem Projektverbund zusammengeschlossen. Für die Koordination des Projektes war die brandenburgische Landesforstanstalt Eberswalde verantwortlich.

Aufgrund analoger Zielstellungen und der Verwendung einheitlicher Methoden (Kartieranleitung, Datenbank) wurde zwischen den Bietergemeinschaften des Projektes zur Erfassung der Schwarz-Pappel (Los 1) und der Erfassung der Ulmen-Arten (Los 2) ein Kooperationsvertrag geschlossen, der die Grundlagen für die gemeinsame Bearbeitung beider Projekte darstellt. Ziel der Kooperation war die gemeinsame Kartierung aller vier Baumarten. Dabei lag die Verantwortung der Kartierung in einer abgegrenzten Region jeweils bei dem Bieters (Projektpartner).

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

3.2 Verwendung der Datenbank

Es wurde die Datenbank aus dem Projekt Schwarz-Pappel (Teillos 1) in einem vorher abgestimmten Format übernommen.

Die Dokumentation der Daten erfolgte mittels einer in MS-Access2000 nutzbaren Datenbank. Sie besteht aus 2 MS-Access2000 Datenbankdateien. Die Datei FGR.mdb besaß als Datenbankfrontend die Funktionen zur Dateneingabe, Plausibilitätsprüfung und Berichterstattung. Die einzubindende zweite Datenbankdatei FGDxx_d.mdb beinhaltete die eingegebenen Daten zu den Vorkommen. Sie war je Aufnahmetrupp spezifisch und wurde mit der Koordinationsstelle ausgetauscht.

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

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

Um Mehrfachnennungen zu vermeiden, wurden alle Daten eines Bundeslandes untereinander abgeglichen, soweit dies nicht schon durch die jeweiligen forstlichen Versuchsanstalten erfolgt war. Bei den Recherchen aus den verschiedenen Quellen wurde konkret wie folgt vorgegangen:

Die Recherchen in den FFH-Naturschutzdatenbanken waren zumeist wenig effizient, da für FFH-Gebiete nur Angaben zu Arten, die in den Anhängen der FFH-Richtlinie gelistet sind vorlagen und die Ulmen-Arten nicht dazu gehören. Es wurden folgende FFH Lebensraumtypen abgefragt: LRT 91 FO (Erlen- und Eschenwälder und Weichholzaunenwälder an Fließgewässern), 91 EO (Eichen-Ulmen-Eschen-Auenwälder am Ufer großer Flüsse), 9130 (Waldmeister-Buchenwald), 9150 (Mitteleuropäische Kalk-Buchenwälder), 9160 (Sternmieren-Eichen-Hainbuchenwald), 9170 (Labkraut-Eichen-Hainbuchenwald), 9180 (Schlucht- und Hangmischwälder). Diese FFH-Lebensraumtypen umfassen zwar oft Fundorte der gesuchten Arten, waren aber räumlich sehr weitläufig und vielfach durch die Biotopkartierung genauer untersetzt. Somit war die Biotopkartierung, sofern sie aktuell vorlag, eine wesentlich ergiebigere Datenquelle für diese Flächen. Biotopkartierungen deckten ebenso meist auch die Bereiche von Großschutzgebieten und Naturwaldreservaten ab, so dass diese nicht gesondert abgefragt werden mussten.

Eine Abfrage der Baumschulen nach Saatgutbeständen und Samenplantagen war nicht ergiebig, da die Ulmen-Arten nicht dem Forstvermehrungsgesetz (FoVG) unterliegen. Eine Datenbankabfrage nach Ulmenvorkommen in der Datenbank der Bundeswaldinventur (BWI 2) brachte keine verwertbaren Ergebnisse, da hier nicht zwischen den einzelnen Ulmen-Arten unterschieden wurde. Gleiches gilt für die Betriebsinventur in den Bundesländern Bayern und Baden-Württemberg. In den ostdeutschen Bundesländern wurde eine Datenbankabfrage des Datenspeichers Wald nach den Ulmen-Arten durchgeführt. Viele der recherchierten Daten waren nach Eigentumsarten klassifiziert, jedoch wurde beim Privatwald der Eigentümer aus Datenschutzgründen häufig nicht angegeben. Da einige Bundesländer Vorkommen im Privateigentum nicht erfassten, wurden dort (z. B. Bayern, Sachsen-Anhalt) diese Vorkommen gesondert abgefragt. Die Daten der Bundesforsten wurden erst einige Zeit nach Beginn der Erfassungen geliefert, so dass sie nicht mehr in die Aufteilung der zu erfassenden Vorkommen mit einbezogen werden konnten.

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

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

3.4 Auswertung der Quellenabfrage

Die Daten der Vorkommen lagen in den Bundesländern in unterschiedlichem Umfang und Qualität vor. Die Vorkommen mussten nach den, durch das BLE-Projekt definierten, Genobjektskriterien klassifiziert werden. Dies machte eine räumliche Darstellung mit dem Geografischen Informationssystem (GIS) (*ArcView 3.3*) notwendig, um insbesondere die Kriterien > 5 Bäume und max. Baumabstand von 1000 m einhalten zu können.

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

Falls die Datensätze Angaben zur Größe der Vorkommen enthielten, wurden sie nach ihrer Größe klassifiziert und durch verschieden große Symbole dargestellt. Durch die Bildung von Puffern wurden Vorkommen gebildet, bei denen das in der Kartieranleitung geforderte Kriterium von mindestens fünf Bäumen einer Art, sowie Baumabstand max. 1000 m erfüllt war. Die Auswahl der Vorkommen, vor allem die Vorkommensangaben ohne Baumzahl, erfolgte unter anderem unter Berücksichtigung der Datenqualität in Bezug auf Genauigkeit der Ortsangabe, Angaben zur Anzahl der Vorkommen und Alter der Daten.

Das Rankingverfahren der Vorkommen im GIS wurde wie folgt vorgenommen:

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

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

3.5 Kartierung

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

Bei der Kartierung wurden die Bäume phänotypisch charakterisiert, es erfolgten neben der morphologischen Artdetermination auch Vitalitäts- und Struktureinschätzungen.

Am 6./7. April 2006 erfolgte in Eberswalde eine Schulung für alle am Projekt beteiligten Kartierer. Hierzu wurden den Kartierern neben der Kartieranleitung, die bereits Grundlage der Ausschreibung war, die Datenbank sowie die vorrecherchierten Vorkommen für die jeweilige Kartierregion übergeben. In der Kartiererschulung wurden u. a. die Kartieranleitung mit Erfassungsbogen, die Datenbank mit Eingabemaske sowie die morphologische Ansprache der Baumarten theoretisch und praktisch erläutert. Anschließend begann die Kartierung in allen Bundesländern. Zwischen den Kartierern, den verantwortlichen Versuchsanstalten und der Koordinierungsstelle in Eberswalde bestand seit dem enger Kontakt zur Klärung von Detailfragen.

In Bayern erfolgte die Erfassung durch einen Diplomanden, der die Erfassungsbögen zusammen mit der Kartieranleitung in Form einer Umfrage an die Forstämter der Bayerischen Staatsforsten, das Ministerium für Land- und Forstwirtschaft, die größten bayerischen Großprivatwaldverwaltungen und das Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht in Teisendorf schickte, mit der Bitte alle größeren Ulmenvorkommen zu melden.

Für die Durchführung der Erfassungen in Brandenburg und Berlin durch den Projektmitarbeiter wurde ein Lizenz für die GIS Programme für *Arc Gis 9* und *Arc Pad 7* erworben. Um die Koordinaten im Feld zu erfassen, wurde ein Personal Digital Assistant (PDA) (*Dell Axim x 51v*) mit einer externen GPS-Maus (*Holux GPS Slim 236*) erworben. Die Lage der Vorkommen und die Position des Kartierers im Feld konnte auf dem PDA in Kombination mit *Arc Pad* und dem GPS auf einem Luftbild visualisiert werden, was eine sehr präzise Kartierung ermöglichte.

Die Vor-Ort-Erfassungen erfolgten von Mai bis Oktober 2006 im belaubten Zustand. Eine repräsentative Auswahl je Wuchsgebiet erfasster Vorkommen wurde nach den zehn Kriterien gem. Leistungsbeschreibung der Ausschreibung des Projektes charakterisiert (Tabelle 3.5.1). Dabei wurden durch ein bis mehrtägige Dienstreisen die ausgewiesenen Vorkommen sukzessive nacheinander angefahren und nach Kartieranleitung erfasst.

Tabelle 3.5.1: Zu erfassende Kriterien gemäß Leistungsbeschreibung

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

Im Vordergrund stand die Überprüfung folgender Kriterien:

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

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

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

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

3.6 Auswertung der Datenbank

Die Kartiererdatenbanken wurden von der Firma IDAMA mehrfach auf Plausibilität und Koordinatenfehler geprüft und zu einer Gesamtdatenbank zusammengefügt. In dieser Gesamtdatenbank konnten nun die Abfragen für die verschiedenen Auswertungen formuliert werden.

Auf der Grundlage der recherchierten und terrestrisch erfassten Daten wurden die Vorkommen nach Populationsgröße und Gefährdungsgrad registriert und bewertet. Die regionale Bewertung erfolgte auf der Grundlage der ökologischen Grundeinheiten für die

Bundesrepublik. Den Bundesländern werden Empfehlungen zur Ausweisung von Vorkommen sowie zum Umfang und zur Dringlichkeit von Generhaltungsmaßnahmen gegeben.

3.6.1 Schutzstatus

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

3.6.2 Abundanz

Die einzelnen Vorkommen wurden nach ihrer Gesamtbaumzahl den folgenden 10 Abundanzklassen zugeordnet. Der Wert wurde in die Spalte „AB_Klasse“ in der „Genobjektstabelle“ der Datenbank eingetragen.

Tabelle 3.6.1: Abundanzklassen

Stufe	Individuenzahl
1	5 - 10
2	11 - 20
3	21 - 50
4	51 - 100
5	101 - 200
6	201 - 500
7	501 - 1000
8	1001 - 3000
9	3001 - 10000
10	> 10001

3.6.3 Altersstruktur

Da das Alter von Bäumen nicht ohne weiteres zu bestimmen ist, wurde statt dessen die Durchmesserstruktur ermittelt. Um die Struktur der Durchmesservertelung in den drei verschiedenen Durchmesserklassen zu bewerten, wurde ein eigenes Bewertungsschema entwickelt. Als ideale Durchmesserstruktur wurde zunächst als Leitbild eine pyramidale Verteilung angenommen, je größer die Abweichung von dieser ist, desto ungünstiger wurde diese bewertet.

Zur Beschreibung und Bewertung der Durchmesserstruktur wurde ein fünfstufiges Schema erstellt, welches eine s.g. Alterstrukturqualitätsklasse angibt. Für die Auswertung in der Datenbank wurde eine Eingabemaske entwickelt, in welcher man Kriterien für die einzelnen fünf Klassen definieren kann (Abb. 3.6.1 – 3.6.3). Die Ergebnisse werden als Tabelle

dargestellt. Zu jedem Vorkommen wurde die Klassenbezeichnung (1 bis 5) in eine neue Spalte der Genobjektstabelle der Datenbank eingetragen.

Folgende Besonderheiten mussten bei der Festlegung der Werte in den Durchmesserstufen beachtet werden.

Bei *U. glabra* und *U. minor* gilt es, den Einfluss des Ulmensterbens auf die Populationsstruktur darzustellen. Daher wurde bei diesen beiden Baumarten das Vorhandensein stärkerer Bäume mit einem BHD von über 20 cm als sehr positiv gewertet. Der für die Einstufung entscheidende Faktor ist der Anteil der Bäume > 20 cm BHD. Bei *U. glabra* ist für eine Einstufung in die oberen 3 Klassen ein Anteil von 20 %, 10 % bzw. 1 % in der BHD Klasse > 20 cm notwendig (Abb. 3.6.2). Bei *U. minor* bei der Bäume in dieser Klasse noch wesentlich seltener erfasst werden konnten, wurden für die erste bis dritte Stufe Werte vom 10 %, 5 % und 1 % festgelegt (Abb. 3.6.3). Für eine Einstufung in die verbleibenden unteren beiden Klassen sind bei der Baumarten dann die Anteile in den BHD Stufen < 20 cm verantwortlich.

Bei *U. laevis*, die ja nicht von dem Ulmensterben betroffen ist, enthalten die meisten Vorkommen hohe Anteile an Bäumen in der BHD Klasse > 20 cm. Hier liegen die Probleme in einer oftmals fehlenden oder zu geringen Naturverjüngung, also bei Bäumen in der Klasse < 7cm. Der Prozentwert in der BHD Klasse < 7 cm sinkt daher von 30 % auf 20 %, auf 5 % und dann auf einen Kombiwert aus allen Bäumen < 20 cm mit dem Kriterium > 1% Anteil ab (Abb. 3.6.1).

Art Vorgabe: Abundanzklassen und aktualisieren Tab. letzte Aktualisierung: 27.04.2007

Mindestprozentanteile

Hinweise zur Aktualisierung der Auswertungsparameter:
 1) Button Abundanzklassen und aktualisieren Tab.
 GENOBJEKT_DURCH_VITALITAET_Temp
 =Abundanzklasse setzen (Tab. Genobjekt Spalte AB_Klasse)
 +Aktualisierung der Tab.
 GENOBJEKT_DURCH_VITALITAET_Temp
 2) Button Aktualisierung der AltersstrukturQualitätsklassen je Baumart (aktualisiert wird die Spalte AQS_F in Tab. Genobjekt, Referenztab.=ALTERSSTRUKTURQUALKLASSE)
 3) Button Erhaltungswürdigkeit setzen (akt. wird die Spalte

Qualitätsklasse	1 < 7cm	1 + 2 < 20cm	2 7- 20 cm	2 + 3 ≥ 7 cm	3 > 20 cm	Natur- verjüngun g	Bemerkung:
1 sehr gut	≥ 30 %	≥ %	≥ 20 %	≥ %	≥ 20 %	k.E.	
2 gut	≥ 20 %	≥ %	≥ 15 %	≥ %	≥ 10 %	k.E.	
3 mittel	≥ 5 %	≥ %	≥ 10 %	≥ %	≥ 10 %	k.E.	
4 schlecht	≥ 0 %	≥ 1 %	≥ 0 %	≥ %	≥ 0 %	k.E.	
5 sehr schlecht	≥ 0 %	≥ %	≥ 0 %	≥ %	≥ 0 %	k.E.	
*	≥ %	≥ %	≥ %	≥ %	≥ %		

Abb. 3.6.1: Screenshot der Eingabemaske zur Alterstrukturqualität aus der Datenbank: *Ulmus laevis*

Art Vorgabe: Abundanzklassen und aktualisieren Tab. letzte Aktualisierung: 27.04.2007

Mindestprozentanteile

Hinweise zur Aktualisierung der Auswertungsparameter:
 1) Button Abundanzklassen und aktualisieren Tab.
 GENOBJEKT_DURCH_VITALITAET_Temp
 =Abundanzklasse setzen (Tab. Genobjekt Spalte AB_Klasse)
 +Aktualisierung der Tab.
 GENOBJEKT_DURCH_VITALITAET_Temp
 2) Button Aktualisierung der AltersstrukturQualitätsklassen je Baumart (aktualisiert wird die Spalte AQS_F in Tab. Genobjekt, Referenztab.=ALTERSSTRUKTURQUALKLASSE)
 3) Button Erhaltungswürdigkeit setzen (akt. wird die Spalte

Qualitätsklasse	1 < 7cm	1 + 2 < 20cm	2 7- 20 cm	2 + 3 ≥ 7 cm	3 > 20 cm	Natur- verjüngun g	Bemerkung:
1 sehr gut	≥ 30 %	≥ %	≥ 20 %	≥ %	≥ 20 %	k.E.	
2 gut	≥ 20 %	≥ %	≥ 15 %	≥ %	≥ 10 %	k.E.	
3 mittel	≥ 5 %	≥ %	≥ 10 %	≥ %	≥ 1 %	k.E.	
4 schlecht	≥ 0 %	≥ 1 %	≥ 0 %	≥ %	≥ 0 %	k.E.	
5 sehr schlecht	≥ 0 %	≥ %	≥ 0 %	≥ %	≥ 0 %	k.E.	
*	≥ %	≥ %	≥ %	≥ %	≥ %		

Abb. 3.6.2: Screenshot der Eingabemaske zur Alterstrukturqualität aus der Datenbank: *Ulmus glabra*

Art Vorgabe: **Ulmus minor** Abundanzklassen und aktualisieren Tab.

Mindestprozentanteile letzte Aktualisierung: 27.04.2007

Hinweise zur Aktualisierung der Auswertungsparameter
 1) Button Abundanzklassen und aktualisieren Tab.
 GENOBJEKT_DURCH_VITALITAET_Temp
 =Abundanzklasse setzen (Tab. Genobjekt Spalte AB_Klasse)
 +Aktualisierung der Tab.
 GENOBJEKT_DURCH_VITALITAET_Temp
 2) Button Aktualisierung der AltersstrukturQualitätsklassen je Baumart (aktualisiert wird die Spalte AQ5_F in Tab. Genobjekt, Referenztabelle=ALTERSSTRUKTURQUALITÄT)
 3) Button Erhaltungswürdigkeit setzen (akt. wird die Spalte

Qualitätsklasse	1 < 7cm	1 + 2 < 20cm	2 7 - 20 cm	2 + 3 ≥ 7 cm	3 > 20 cm	Natur- verjüngun- g	Bemerkung:
1 sehr gut	≥ 20 %	≥ 20 %	≥ 30 %	≥ 10 %	k.E.		
2 gut	≥ 20 %	≥ 20 %	≥ 20 %	≥ 5 %	k.E.		
3 mittel	≥ 10 %	≥ 20 %	≥ 20 %	≥ 1 %	k.E.		
4 schlecht	≥ 0 %	≥ 20 %	≥ 20 %	≥ 0 %	k.E.		
5 sehr schlecht	≥ 0 %	≥ 0 %	≥ 0 %	≥ 0 %	k.E.		
*	≥ %	≥ %	≥ %	≥ %			

Abb. 3.6.3: Screenshot der Eingabemaske zur Alterstrukturqualität aus der Datenbank: *Ulmus minor*

Demografische Strukturen

Zur graphischen Veranschaulichung der demografischen Strukturen der Populationen der Ulmen-Arten wurden Durchmesserstrukturpyramiden erstellt. Dafür wurden sieben verschiedene Typen gebildet, die durch repräsentative Demonstrationsgrafiken veranschaulicht wurden. Die verschiedenen Typen weisen unterschiedliche Dominanzen in den Durchmesserstufen auf (Tabelle 3.6.2).

Die Darstellung dient einer visuellen Einschätzung, welcher Typ von Durchmesserstrukturen mit welcher Häufigkeit vertreten ist. Die Grafiken spiegeln dabei die durchschnittliche Struktur der jeweiligen Typen wieder.

Tabelle 3.6.2: Typen von demografischen Strukturen

Typ	<7cm	7 – 20 cm	>20cm
1	> 50 und < 80 %	*	*
2	≥ 80	*	*
3	*	> 50 und < 80 %	*
4	*	≥ 80	*
5	*	*	> 50 und < 80 %
6	*	*	≥ 80
7	< 50	< 50	< 50

* die beiden mit * versehenen Spalten enthalten die verbleibenden Prozente von 100%

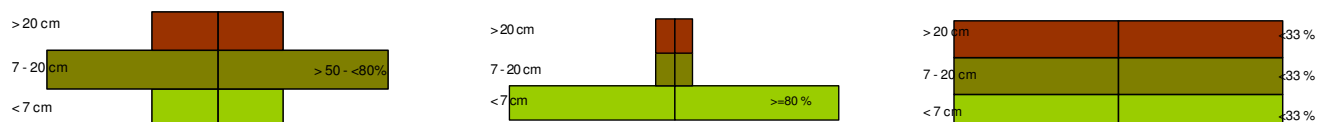


Abb. 3.6.4: Beispiele für eine mögliche Zusammensetzung der Anteile der Stufen (hier die Typen 3, 6 und 7)

3.6.4 Vitalität

Die Vitalität ist der entscheidende Parameter zur Einschätzung des aktuellen Gesundheitszustandes der Vorkommen. Sie wurde für jede der 3 Durchmesserstufen getrennt erfasst, um den Zustand einer Population differenziert nach dem Alter der Bäume bewerten zu können.

Zur Vergleichbarkeit der Vorkommen untereinander wurde die durchschnittliche Vitalität des einzelnen Vorkommens berechnet. Dabei wurde zunächst die durchschnittliche Vitalität der Durchmesserstufe in Abhängigkeit der prozentualen Häufigkeit innerhalb der Stufe berechnet. Hieraus wurde die durchschnittliche Vitalität des gesamten Vorkommens erneut in Abhängigkeit der prozentualen Anteile je Durchmesserstufe berechnet. Als Ergebnis wurde ein Durchschnittswert je Vorkommen in eine neue Spalte in der Genobjektstabelle der Datenbank eingetragen.

Der Wert für die durchschnittliche Vitalität des Vorkommens wird im Weiteren für die Bewertung der Vorkommen verwendet (Kap 3.6.6).

3.6.5 Ermittlung der Erhaltungswürdigkeit nach phänotypischen Kriterien

Über die *Erhaltungswürdigkeit* entscheiden die Populationsgröße, die Vitalität, die Verjüngungsfreudigkeit und ggf. die genetische Vielfalt. Aus den hier vorliegenden drei neu generierten Werten für Abundanz, Durchmesserstruktur und Vitalität wurde nun ein Wert zur Zuordnung der Erhaltungswürdigkeit der Vorkommen abgeleitet. Der Begriff *Erhaltungsfähigkeit* untersetzt die Beschreibung der Erhaltungswürdigkeit (siehe Kap. 5.1).

Bei der Auswertung der Datenbank wurde jedes Vorkommen in eine Bewertung von sehr gut (1), gut (2), geschwächt (3), bedroht (4) bis absterbend (5) eingeteilt. Für die Einteilung in eine der entsprechenden Stufen lagen folgende Kriterien zugrunde:

Tabelle 3.6.3: Alterstrukturqualitätsklassen

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

Die Datenbank verfügt, wie bei der Auswertung der Alterstrukturqualitätsklassen, zur Gesamtbewertung über eine Abfrage mit Eingabemaske (Abb. 3.6.4). Eine individuelle Anpassung der Parameter war somit möglich.

ERW_P: Kurz	Erhaltungswürdigkeit	Sort	Bemerk.	Abundanz-klasse Min.	Abundanz-klasse Max.	Vitalität Minimal	Vitalität Maximal
1	sehr gut	10		7	1	0	1
2	gut	20		6	2	0	1,4999
3	geschw.	30		5	3	0	1,9999
4	bedroht	40		0	4	0	2,2999
5	absterb.	50		0	5	0	3
9	k.E.	90	keine Eingab.			0	

Abb. 3.6.4: Screenshot der Eingabemaske zur Gesamtbewertung aus der Datenbank

Als Ergebnis wurden die Bewertungsbezeichnungen als Wert zwischen 1 und 5 in eine neue Spalte in die Datenbank eingetragen. Folgende Übersicht zeigt eine Möglichkeit zur Klassifizierung der erhaltungswürdigen Vorkommen nach der Erhaltungsfähigkeit:

Tabelle. 3.6.4: Darstellung zur Klassifizierung in Erhaltungsfähigkeit

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

AQK=Altersstrukturqualitätsklasse

3.7 Darstellung der Kerneldichte

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

Das Volumen unter der Oberfläche entspricht dem Wert des Bevölkerungsfeldes für den Punkt. Die Dichte jeder Ausgabe-Raster-Zelle wird berechnet, indem die Werte aller Kerneloberflächen, die den Mittelpunkt der Raster-Zelle überlagern, addiert werden. Die Kernelfunktion basiert auf der von SILVERMANN (1986) beschriebenen quadratischen Kernelfunktion.

Es wurden zwei verschiedene Auswertungsvarianten vorgenommen. Zum einen wurden alle Vorkommen unabhängig ihrer Baumzahl gleich gewichtet. Das Volumen unter der Oberfläche entspricht bei der Berechnung dann dem Wert 1.

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

3.8 Genetische Charakterisierung

Die Isoenzymanalysen werden hauptsächlich mit dem Ziel durchgeführt, die genetische Variation der Art im Untersuchungsgebiet zu beschreiben und eventuelle regionale Unterschiede in den genetischen Strukturen zu erfassen. Gleichzeitig bieten sie eine Möglichkeit, die Artzuordnung von Individuen bzw. die Artreinheit von Populationen zu prüfen. Aus dem Pool der bundesweit kartierten Vorkommen wurde eine Auswahl von 11 Vorkommen von *U. glabra*, 10 von *U. laevis* und 10 von *U. minor* für die biochemisch-genetische Analysen getroffen.

Die Auswahl der zu untersuchenden Populationen erfolgte im Herbst 2006, nachdem die Kartierung weitgehend abgeschlossen war, so dass ein Überblick über die Lage, die Struktur und den Zustand der größeren Vorkommen existierte.

Die Grundlage zur Auswahl war die vorliegende Datenbank. Nach einem Rankingverfahren wurden für jedes Bundesland die zu charakterisierenden Vorkommen ausgewählt. Die wichtigsten Kriterien waren die Vorkommensgröße (mind. 50 Bäume), Durchmesserstruktur, Vitalität und Eigentumsart. Populationen in Privatbesitz wurden nicht berücksichtigt. Zusätzlich wurde auf eine ausgewogene Verteilung der zu beprobenden Vorkommen über die Wuchsgebiete geachtet.

Um populationsgenetische Auswertungen zu ermöglichen, sollte der Stichprobenumfang der untersuchten Populationen 50 Individuen nicht unterschreiten. Es wurden pro Baum Zweigstücke mit mindestens 10 vitalen Knospen geschnitten, die Bäume wurden dauerhaft markiert. Die Beprobung erfolgte durch die jeweiligen Versuchsanstalten, die Proben wurden an den Staatsbetrieb Sachsenforst zur Analyse gesendet.

Zur biochemisch-genetischen Charakterisierung wurden Isoenzymanalysen auf der Grundlage der Stärkegelelektrophorese durchgeführt. Als Untersuchungsmaterial diente Meristemgewebe aus vegetativen Knospen in Winterruhe, besonders während der Dormanz, die je nach Witterung meistens etwa von der ersten Dezemberhälfte bis zur zweiten Januarhälfte dauert. Für die Probengewinnung stand nur der Winter 2006/2007 zur Verfügung, in dem die Witterung viel zu warm war. Die Ernte der Knospen begann deshalb später und zog sich bis in den März 2007, so dass aufgrund der bereits begonnenen Stoffwechselprozesse mit Einschränkungen in der Analysierbarkeit der Proben zu rechnen war.

Die Probenahme wurde nach einer einheitlichen Arbeitsanleitung in Verantwortung der für die Kartierung zuständigen Bundesländer organisiert. Im Labor des Staatsbetriebes Sachsenforst Graupa (nachfolgend SBS) wurden die Proben bei –80°C eingelagert und danach analysiert.

Bisher gibt es nur wenige Berichte über Isoenzymanalysen an Ulmen. Die verfügbaren Quellen beziehen sich entweder nur auf spezielle Enzymsysteme, auf wenige Individuen oder auf nur einzelne der im vorliegenden Projekt zu bearbeitenden Arten (RICHENS & PEARCE 1984, MACHON et al. 1997, COGOLLUNDO-AUGUTIN et al. 2000, GEHLE & KRABEL 2002, REMUS 2005). Unter Einbeziehung der Literaturangaben wurde die Methodik folgendermaßen angepasst.

Extraktion

Der Extraktionspuffer (siehe Anlage 3) besteht aus einer TRIS-Borat-Stammlösung, die im Kühlschrank mehrere Wochen gelagert werden kann, und einigen Zusätzen. Der fertige Extraktionspuffer ist gekühlt bis zu 5 Tagen haltbar, dann muss er frisch angesetzt werden.

Die Beigabe von gereinigtem Quarzsand, einer Spatelspitze Polyclar und einer kleinen Menge Aktivkohle zum Zerreiben erleichtert den Aufschluss der Zellen. Beim Homogenisieren des Knospenmaterials entsteht bei Berg- und Feld-Ulme eine klebrige Masse. Um ein möglichst feines Homogenat zu erhalten, hat sich deshalb das trockene Zerreiben von Probenmaterial, Quarzsand, Polyclar und Aktivkohle und erst danach die Zugabe von 200 µl Extraktionspuffer (reicht für 5-8 Papierstreifen) bewährt.

Bei Flatter-Ulme kann auf die Beigabe von Aktivkohle verzichtet und die Menge an Extraktionspuffer auf 150 µl reduziert werden. Ebenso erübrigt sich das trockene Zerreiben, da keine klebrige Masse entsteht.

Elektrophorese und Anfärbung der Enzyme

Um in die Erfassung der genetischen Variation möglichst viele Genorte einzubeziehen, wurden zunächst folgende Enzymsysteme für die drei Arten getestet:

Trennsystem Poulik: AAT, LAP, AAP, PGI, PGM, ADH, MNR und Peroxidase

Trennsystem Tris-Citro: IDH, MDH, SKDH, 6-PGDH, ADH, PGM und Aconitase.

Im Ergebnis dieser Voruntersuchungen wurden in die Analysen 6 Enzymsysteme einbezogen, wobei zwischen den Arten leichte Unterschiede bezüglich der auswertbaren Genorte auftraten. (Tabelle 3.7.1). Für die Auftrennung wurden die Trennsysteme Poulik (Systeme AAT, PGM, PGI) und Tris-Citro (Systeme IDH, MDH, 6-PGDH) verwendet. Die Rezepturen für Trennung und Anfärbung der Enzyme enthält Anlage 3.

Tabelle 3.7.1: Übersicht über die untersuchten Enzymgenorte

Abkürzung	Bezeichnung	Nomenklatur -Nr.	Analysierte Genorte		
			<i>Ulmus minor</i>	<i>Ulmus glabra</i>	<i>Ulmus laevis</i>
AAT (=GOT)	Aspartat- Aminotransferase	EC 2.6.1.1	A, B	A	A, B
PGM	Phosphogluco- Mutase	EC 2.7.5.1	A, B	A, B	A, B
PGI	Phosphoglucose- Isomerase	EC 5.3.1.9	B	B	(A), B
IDH	Isocitrat- Dehydrogenase	EC 1.1.1.42	A		A
MDH	Malat- Dehydrogenase	EC 1.1.1.37	(A), B	B	(A), B
6-PGDH	6-Phosphogluconat- Dehydrogenase	EC 1.1.1.44	A, B	A, B	A, B

Ansprache der Enzymmuster

Für die untersuchten Enzymgenorte existieren nur wenige Angaben zum Nachweis der genetischen Kontrolle. Bei Feld-Ulme wurde er von COGOLLUNDO-AUGUTIN *et al.* (2000) für die Genorte AAT-A, 6-PGDH-B, IDH, MDH-A, -B und PGI-B geführt. GEHLE & KRABEL (2002) beschreiben den Nachweis für die Genorte PGM-A, -B, 6-PGDH-A, PGI-B und AAT-B bei Flatter-Ulme, sowie für AAT-A, PGM-B, MDH-A und IDH-A bei Feld-Ulme. In der Ansprache der Isoenzymmuster in der vorliegenden Untersuchung wird unterstellt, dass die genetische Kontrolle an allen drei Arten vorliegt. Aufgrund der sehr unterschiedlichen Allelbezeichnungen in den verschiedenen Quellen wurde eine eigene Nomenklatur erarbeitet. Dabei wurden die Bezeichnungen nach Möglichkeit so gewählt, dass sie über die drei Arten einheitlich verwendet werden können. Im Verlauf der Untersuchung zeigte sich, dass das an einigen Genorten funktioniert, an anderen jedoch nicht möglich ist, weil die Wanderungsgeschwindigkeiten bestimmter Allele sich zwischen den Arten geringfügig unterscheiden (Anlage 4).

Um die sichere und einheitliche Ansprache der Isoenzymmuster zu gewährleisten, wurden Referenzbäume aller drei Arten festgelegt, von denen in der Regel zwei verschiedene Proben der entsprechenden Art auf jedem Gel mit aufgetragen wurden:

Feld-Ulme: Klone FE 104, FE 116, FE 117, FE 120 (Genarchiv Baumschule Graupa)

Berg-Ulme: Klone B 15, B 16, B 18, B 21, B 22, B 26 (Samenplantage Graupa)

Flatter-Ulme: L 1, L 2, L 3 (Forstbotanischer Garten Tharandt)

Die Referenzen der Feld- und Berg-Ulme wurden bereits in einer früheren Untersuchung (REMUS 2005) verwendet, während die Flatter-Ulmen neu zu untersuchen waren.

Quantifizierung und Bewertung der genetischen Variation

Die Daten der Individuen wurden zunächst innerhalb der Vorkommen im Hinblick auf Artzugehörigkeit, eventuelle Klonstrukturen und Parameter der genetischen Vielfalt (HATTEMER *et al.* 1993) ausgewertet. Soweit es der Stichprobenumfang und die Struktur der Vorkommen zuließen, wurden weitere populationsgenetische Parameter (HATTEMER *et al.* 1993) ermittelt. Dazu kam das Programm GSED (GILLET 2002) zur Anwendung. Aus dem Vergleich von Vorkommen, die im Rahmen des Projektes analysiert wurden, sollen Erkenntnisse über die großräumige genetische Variation der Arten gewonnen werden.

Untersuchte Vorkommen

Insgesamt wurden dem Labor des SBS Proben von 1600 Individuen aus 31 Vorkommen zur Verfügung gestellt. Die Proben stammen aus 11 Bundesländern und verteilen sich folgendermaßen auf die Arten (Tabelle 3.7.2):

Tabelle 3.7.2: Untersuchte Ulmenvorkommen (FEUL – Feld-Ulme, BUL – Berg-Ulme, FLUL – Flatter-Ulme)

Art	Bundesland	Vorkommen	Genobjekt	N	Ortsbezeichnung
FEUL	Brandenburg	BB 1	15	50	Rev. Freienwalde
FEUL	Brandenburg	BB 2	40	50	Rev. Passow
FEUL	Thüringen	TH 1	30	50	
FEUL	Sachsen	SN 1	49	50	Rev. Lichtensee
FEUL	Baden-Württemberg	BW 1	147	51	
FEUL	Rheinland-Pfalz	RP 1	22	60	Bockenheim
FEUL	Rheinland-Pfalz	RP 2	85	60	Rev. Oberolm, Oppenheim
FEUL	Niedersachsen	NI 1	85	50	Liebenburg
FEUL	Sachsen- Anhalt	ST 1	49	54	Osendorf
FEUL	Sachsen- Anhalt	ST 2	245	69	Klein Rosenberg
FEUL		Summe		544	
BUL	Saarland	SL	5	50	
BUL	Baden-Württemberg	BW 2	39	52	Wehr
BUL	Baden-Württemberg	BW 3	72	52	
BUL	Hessen	HE 1	63	50	FoA Reinhardshagen
BUL	Niedersachsen	NI 2	60	50	FoA Münden
BUL	Niedersachsen	NI 3	7	57	FoA Lauterberg
BUL	Schleswig-Holstein	SH 1	23	55	FoA Trittau
BUL	Thüringen	TH 2	12	50	
BUL	Brandenburg	BB 3	209	50	Rev. Damme
BUL	Sachsen	SN 2	83	50	Rev. Lichtenberg, Frauenstein
BUL	Mecklenburg-Vorpommern	MV 1	61	50	Rev. Hühnerbusch, Teldau
BUL		Summe		566	
FLUL	Sachsen	SN 3	61	50	Rev. Cosel, Zabeltitz
FLUL	Brandenburg	BB 4	12	50	Rev. Bernöwe
FLUL	Brandenburg	BB 5	3	50	Rev. Prötzel
FLUL	Mecklenburg-Vorpommern	MV 2	48	50	Rev. Friedrichsthal, Pingelshagen
FLUL	Baden-Württemberg	BW 4	181	50	
FLUL	Rheinland-Pfalz	RP 3	170	60	Nr. 17, Kloster Engelport
FLUL	Hessen	HE 2	39	50	FoA Langen
FLUL	Niedersachsen	NI 4	93	61	FoA Nienburg
FLUL	Schleswig-Holstein	SH 2	20	56	FoA Trittau
FLUL	Sachsen- Anhalt	ST 3	201	13	Klein Rosenberg
FLUL		Summe		490	

Das Vorkommen ST 3 wurde nicht untersucht, da aufgrund der sehr geringen Stichprobengröße keine Auswertung möglich war. In einigen der Vorkommen mit über 50 Proben wurde die Untersuchung von vornherein auf 50 Individuen begrenzt, da für zusätzliche Untersuchungen die Kapazität des Projektes nicht ausreichte.

4 Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

Die in der Datenbank erfassten Aufnahmeergebnisse wurden nach verschiedenen Kriterien ausgewertet. Es wurden nur Bestände als Vorkommen ausgewiesen, die folgende Definitionskriterien erfüllten:

- Die zahlenmäßige Untergrenze der zu erfassenden Bestände liegt bei 5 Individuen, wobei mehrere Stämme aus einer Wurzel als ein Individuum gelten.
- Einzelbäume wurden nicht erfasst.
- Ein Vorkommen besteht nur aus einer der genannten Baumarten, kamen mehrere Ulmen-Arten im räumlichen Zusammenhang vor, wurde jede Art als eigenständiges Vorkommen kartiert.
- Ein Vorkommen grenzt sich dabei vom nächsten der gleichen Art durch einen Mindestabstand der Individuen von 1000 m ab. Wurde ein Vorkommen durch die Grenze eines Bundeslandes geteilt, so wurden zwei nach Bundesländern getrennte Objekte ausgeschieden und entsprechend kartiert.
- Weitere Grenzen, wie z. B. Schutzgebiets- oder Gemeinde- bzw. Forstamtsgrenzen führten nicht zur weiteren Aufgliederung.

Das Bundesland Bremen ist bei den Darstellungen über die Bundesländer nicht aufgeführt, da dort keine Vorkommen erfasst wurden.

4.1 Baumzahl, Zahl und Lage der Vorkommen im Bezug auf Deutschland, die Bundesländer und die Wuchsgebiete

Ein grundlegendes Ergebnis des Projektes ist die Erfassung der Gesamtzahl der Vorkommen und der Baumzahl der drei heimischen Ulmen-Arten im Bundesgebiet.

Beim Vergleich der drei erfassten Ulmen-Arten ist *Ulmus glabra* mit 1.017 Vorkommen die in Deutschland am meisten verbreitete heimische Ulmenart. Insgesamt konnten 232.726 Bäume erfasst werden (Abb. 4.1.1).

Lediglich von *Ulmus minor* wurden mit 321.572 Bäumen mehr Individuen erfasst. Hier wird aber im Vergleich zu den beiden anderen Ulmen-Arten eine starke Diskrepanz zwischen der Zahl der Vorkommen und der Baumzahl deutlich. Von *U. minor* wurden mit 463 Vorkommen die geringste Zahl an Vorkommen erfasst.

Von *Ulmus laevis* wurden 137.961 Bäume, verteilt auf 825 Vorkommen, erfasst.

Es ist darauf hinzuweisen, dass dies nicht die exakte Individuenanzahl in Deutschland ist, da die Baumzahl bei größeren Vorkommen geschätzt werden musste.

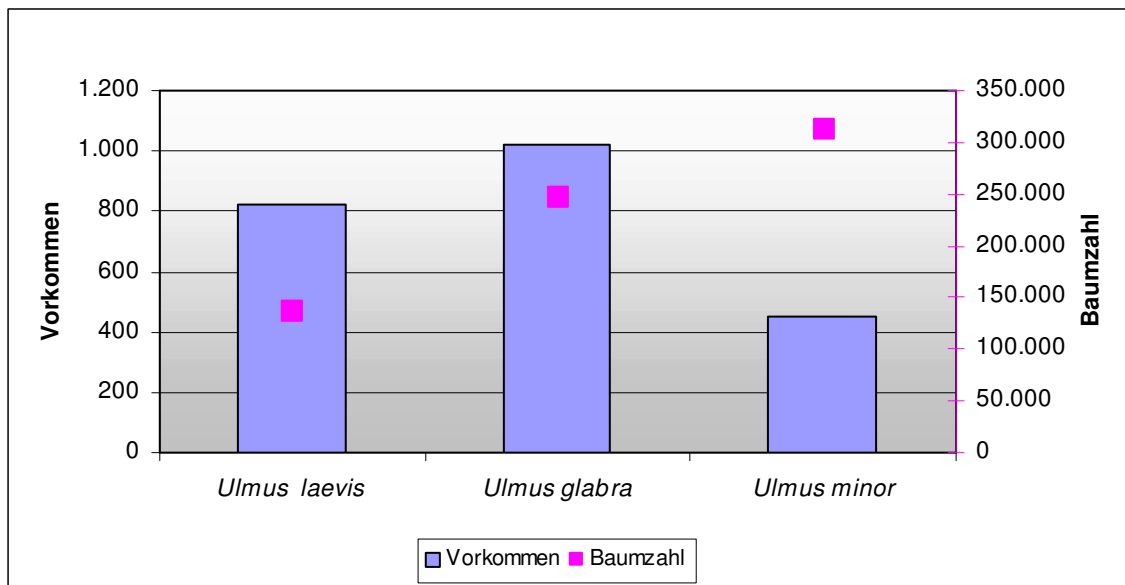


Abb. 4.1.1: Baumzahl und Zahl der Vorkommen

4.1.1 Flatterulme (*Ulmus laevis*)

Mit 183 Vorkommen konnte in Brandenburg die bundesweit höchste Anzahl an Vorkommen von *U. laevis* erfasst werden (Abb. 4.1.2). Mecklenburg-Vorpommern mit insgesamt 164 Vorkommen, Sachsen mit 96 und Sachsen-Anhalt mit 86 Vorkommen haben im bundesweiten Vergleich ebenfalls eine überdurchschnittliche Zahl an Vorkommen und deuten auf einen Schwerpunkt der Verbreitung in den nordöstlichen bzw. östlichen Bundesländern hin.

Eine ähnliche Tendenz ist bei der Baumzahl zu erkennen. Hier liegt Brandenburg mit 58.158 erfassten Flatter-Ulmen weit vorn. Mecklenburg-Vorpommern folgt mit 24.576, also etwas weniger als der Hälfte und Sachsen-Anhalt mit 16.353 Bäumen. Alle anderen Bundesländer haben deutlich geringere Werte von unter 10.000 Bäumen.

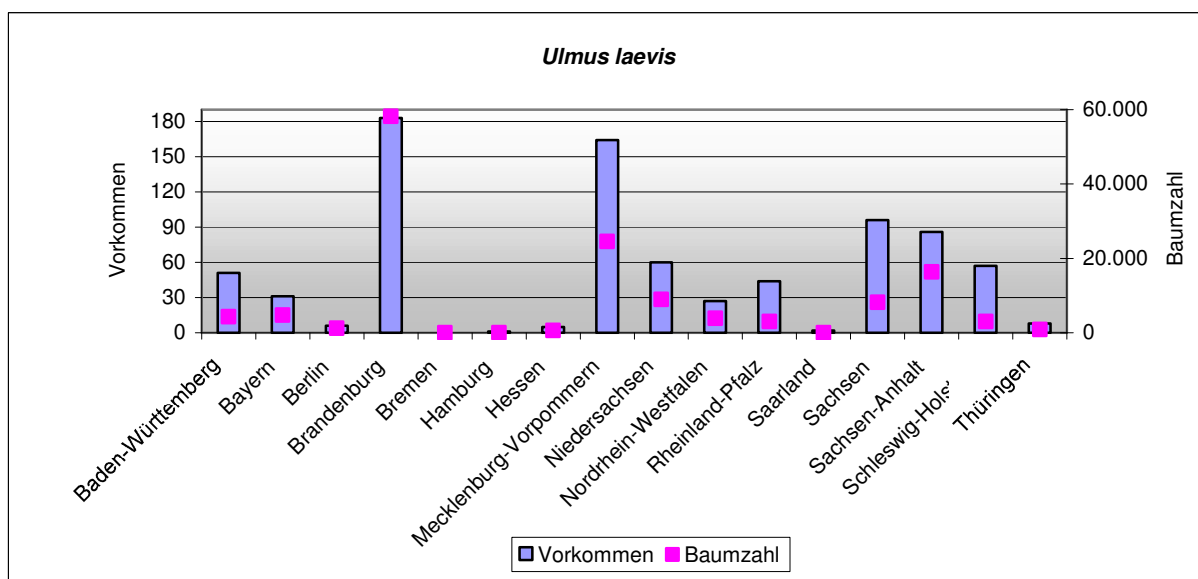


Abb. 4.1.2: Anzahl der Vorkommen und Bäume von *Ulmus laevis* nach Bundesländern

Beim Vergleich der Zahl der Vorkommen von *U. laevis* in Relation zur Landesfläche dominieren erneut die nordostdeutschen Bundesländer (Abb. 4.1.3). Die benachbarten Bundesländer Mecklenburg-Vorpommern, Berlin und Brandenburg, weisen gefolgt von Sachsen, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein, die höchste Dichte an Vorkommen auf. Auch in der Relation der Baumzahl zur Landesfläche sind in Reihenfolge Brandenburg, Berlin und Mecklenburg-Vorpommern die Bundesländer, in denen die höchsten Werte ermittelt wurden.

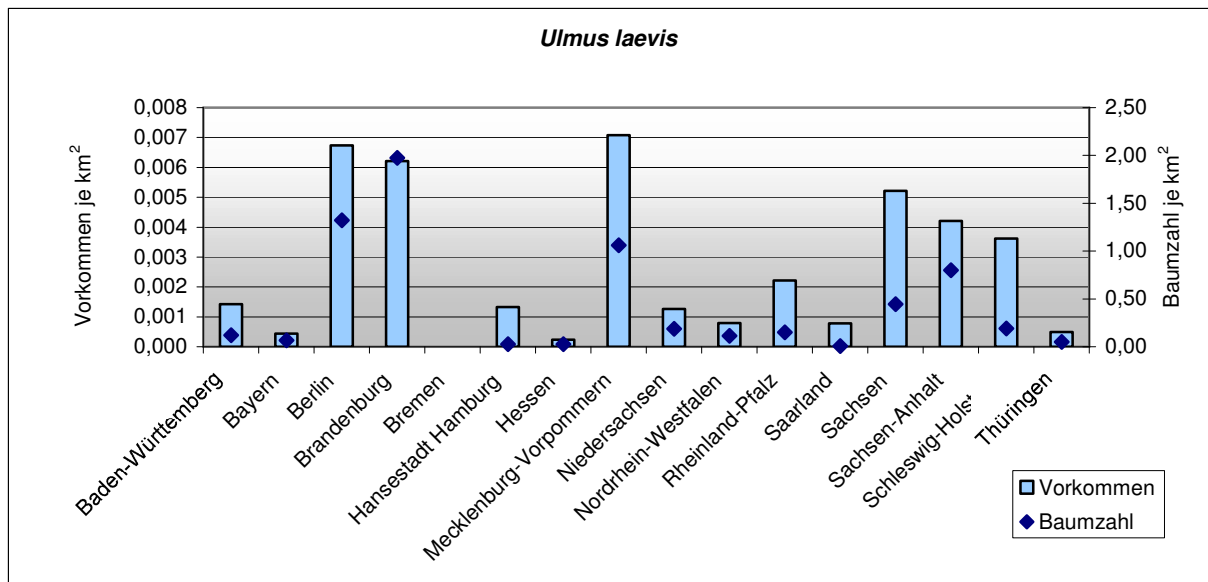


Abb. 4.1.3: Baumzahl und Vorkommen von *Ulmus laevis* je km² Landesfläche

Die Abb. 4.1.4 und 4.1.6 zeigen den Schwerpunkt der Verbreitung in den nordostdeutschen Bundesländern. Besonders die zentralen Bundesländer im Bereich der Mittelgebirge fallen durch ihre geringe Zahl an Vorkommen auf.

Die Abb. 4.1.5 und 4.1.7 stellen Vorkommensschwerpunkte nach Wuchsgebieten dar. Die größte Zahl mit 26.998 Bäume wurden im Wuchsgebiet 24 (Mittelbrandenburger Talsand und Moränenland) gefunden (Tab 4.1.1). Aber auch in den anderen glazial stark überformten Bereichen Nordostdeutschlands wurden große Vorkommen von *U. laevis* gefunden, wie z. B. in den Wuchsgebieten 2 (Jungmoränenlandschaft Schleswig Holstein), 5 (Ostholsteinisches-Westmecklenburger Jungmoränenland), 9 (Nordostbrandenburger Jungmoränenland), 10 (Ostmecklenburger-Nordbrandenburger Jungmoränenland) und 22 (Mittleres Nordostdeutsches Altmoränenland). Bedingt durch das Relief finden sich in diesen Wuchsgebieten viele Bereiche mit Binnenentwässerung und daraus resultierender Staunässe, welche das Vorkommen der Flatter-Ulme begünstigen.

Im Westen und Süden von Deutschland sind die Vorkommen eher vereinzelt zu finden und vielfach auch deutlich kleiner. Oftmals konzentrieren sie sich hier entlang oder in der Nähe der größeren Flusstäler. Eine deutliche Konzentration ist hier im Wuchsgebiet 65 (Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main Ebene) zu finden. In diesem Wuchsgebiet liegen mit 88 Vorkommen die meisten Vorkommen von *U. laevis*. In vielen Wuchsgebieten im Bereich der Mittelgebirge sowie am Alpenrand wurden keine bis sehr wenige Vorkommen der Flatter-Ulme gefunden. Insgesamt fehlt *U. laevis* in 31 vielfach zusammenhängenden Wuchsgebieten, so dass man nicht von einem flächendeckenden Vorkommen der Art in Deutschland sprechen kann.

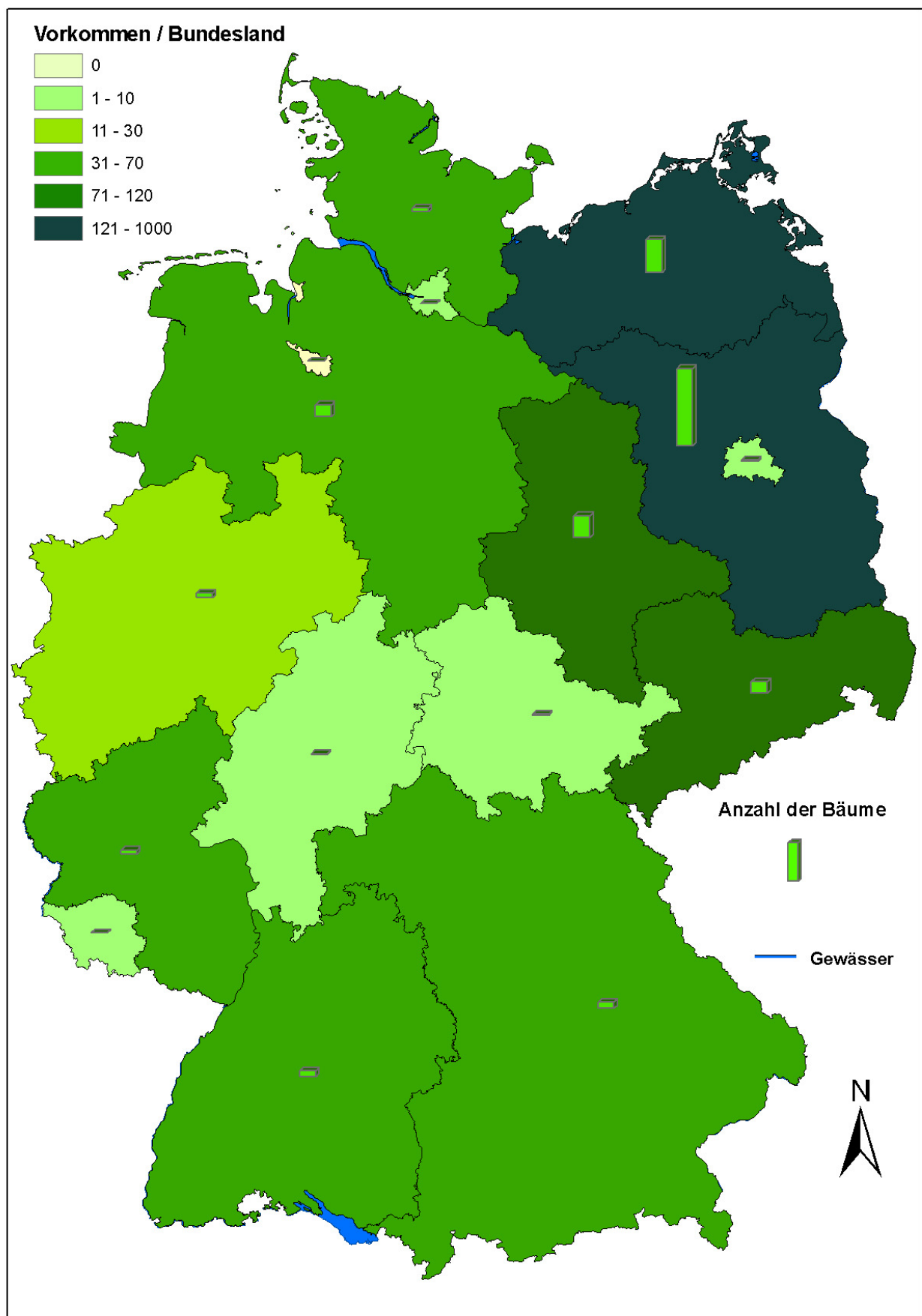


Abb. 4.1.4: Vorkommen und Baumzahl von *Ulmus laevis* nach Bundesländern

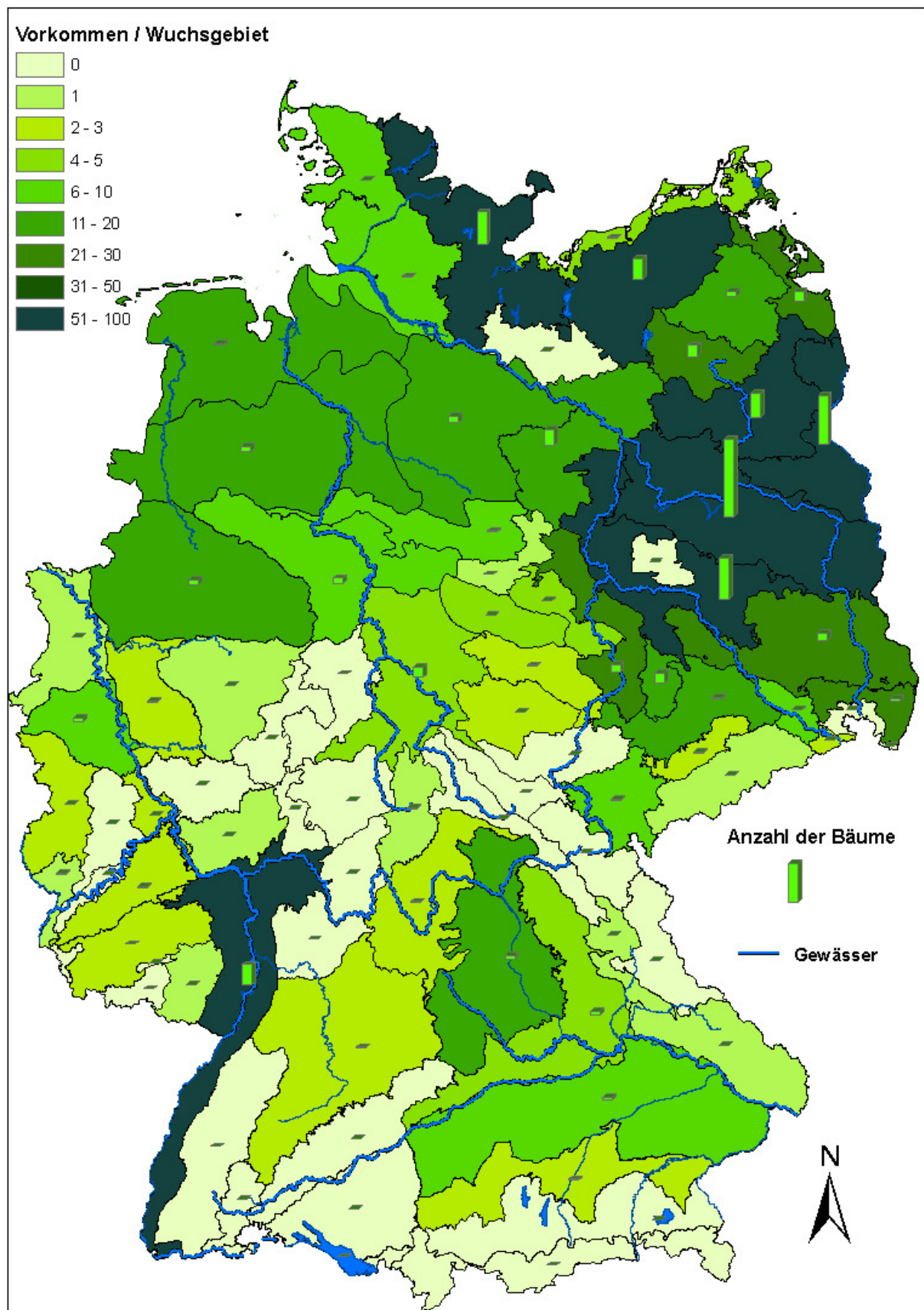


Abb. 4.1.5: Vorkommen und Baumzahl von *Ulmus laevis* nach Wuchsgebieten

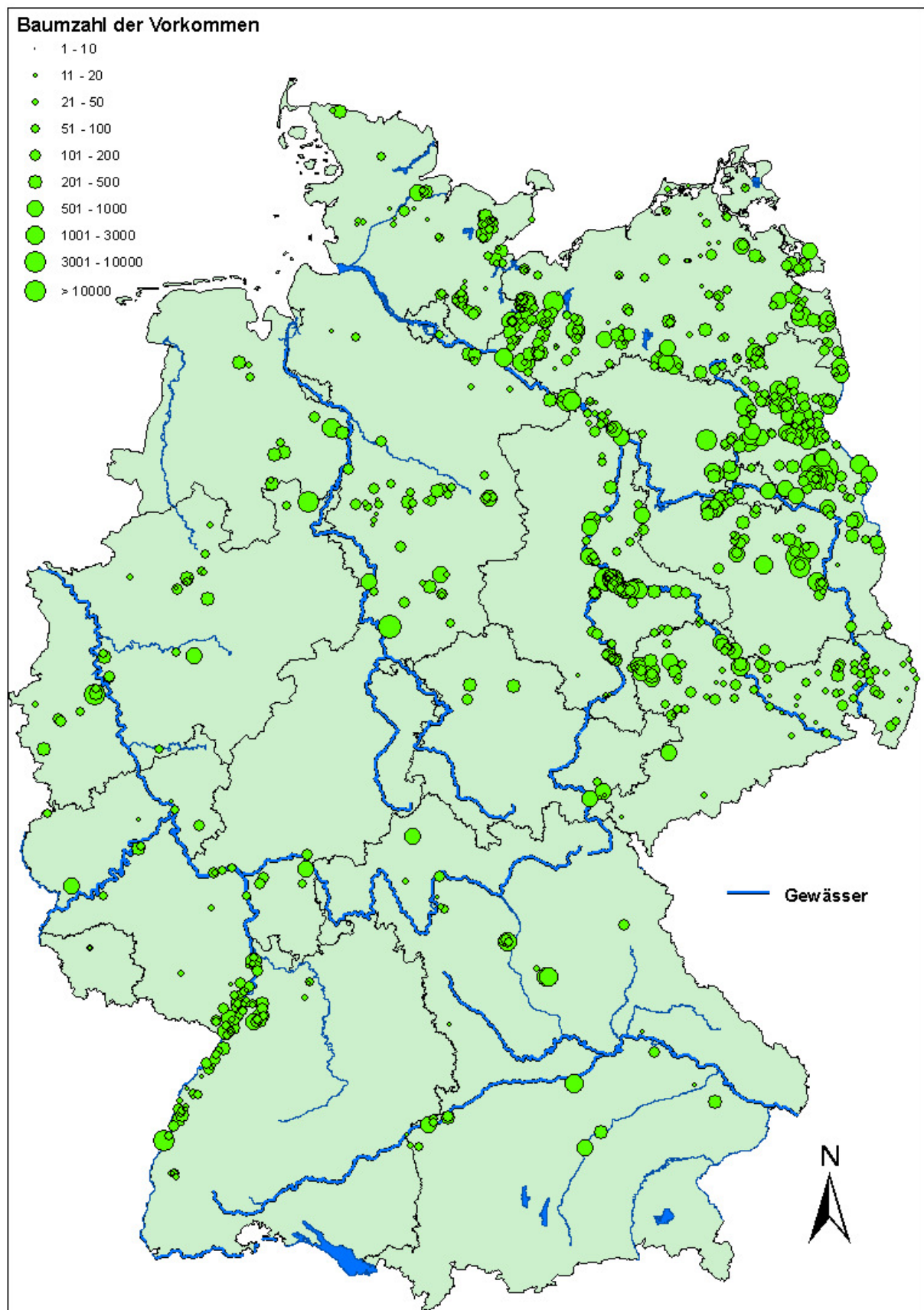


Abb. 4.1.6: Vorkommen in Abundanzklassen von *Ulmus laevis* nach Bundesländern

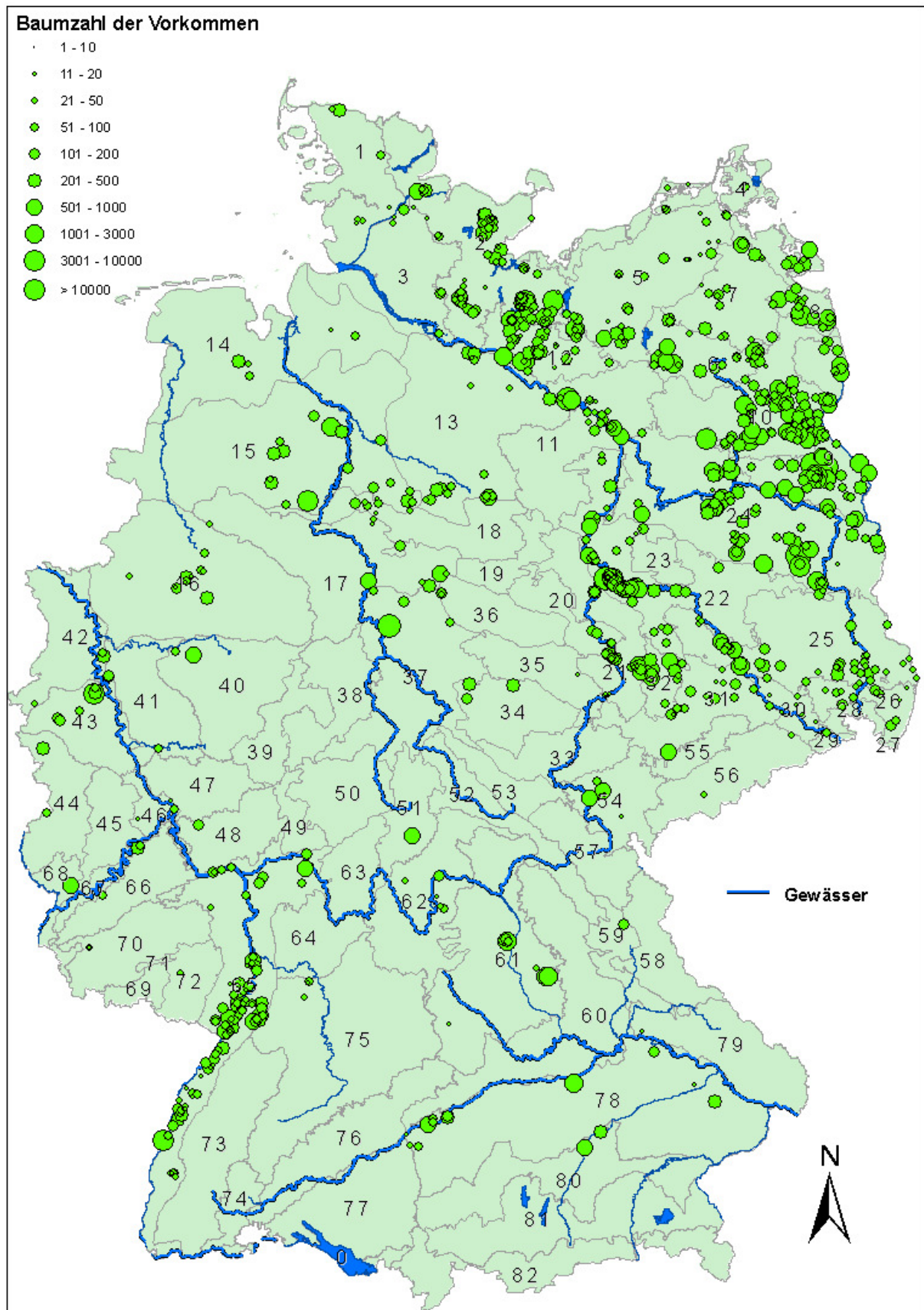


Abb. 4.1.7: Vorkommen in Abundanzklassen von *Ulmus laevis* nach Wuchsgebieten

Tabelle 4.1.1: Wuchsgebiete, Vorkommen und Baumzahl von *Ulmus laevis*

	Forstliche Wuchsgebiete	Vorkommen	Baumzahl
1	Schleswig-Holstein Nordwest	6	167
2	Jungmoränenlandschaft Schleswig-Holstein Ost / Nordwest-Mecklenburg	82	11084
3	Schleswig-Holstein Südwest	7	218
4	Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland	5	65
5	Ostholsteinisch-Westmecklenburger Jungmoränenland	54	7014
6	(Mittel-) Mecklenburger Jungmoränenland -niederungen und -inseln als Einsprengsel	30	4112
7	Ostmecklenburg-Vorpommersches Jungmoränenland	17	1683
8	Ostvorpommersches Küstenland	21	3702
9	Nordostbrandenburger Jungmoränenland (Mittelbrandenburger Jungmoränenland)	51	16912
10	Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nordbrandenburger Jungmoränenland)	55	8463
11	Ostniedersächsisch-altmärkisches Altmoränenland (Westprignitz-Altmärkisches Altmoränenland)	18	5533
13	Ostniedersächsisches Tiefland	19	2320
14	Niedersächsischer Küstenraum	12	561
15	Mittelwestniedersächsisches Tiefland	16	1782
16	Westfälische Bucht	15	1438
17	Weserbergland	8	1913
18	Nordwestdeutsche Berglandschwelle	8	402
19	Nordwestliches Harzvorland	1	22
20	Nordöstliche Harzvorländer	5	296
21	Sachsen-Anhaltinische Löß-Ebene	27	2540
22	Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland	58	14277
23	Hoher Fläming		
24	Mittelbrandenburger Talsand- und Moränenland	60	26998
25	Düben-Niederlausitzer Altmoränenland	30	2517
26	Lausitzer Löß-Hügelland	21	731
28	Oberlausitzer Bergland		
29	Elbsandsteingebirge	2	27
30	Westlausitzer Platte und Elbtalzone	6	83
31	Sächsisch-Thüringisches Löß-Hügelland	15	557
32	Leipziger Sandlöß-Ebene	10	2960
33	Ostthüringisches Trias-Hügelland		
34	Thüringer Becken	2	205
35	Nordthüringisches Trias-Hügelland	2	121
36	Harz	4	108
37	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	4	3459
38	Nordwesthessisches Bergland		
39	Nördliches hessisches Schiefergebirge		
40	Sauerland	1	245
41	Bergisches Land	3	184
42	Niederrheinisches Tiefland	1	11
43	Niederrheinische Bucht	6	1434
44	Nordwesteifel	2	160
45	Osteifel		
46	Mittelrheintal	2	36
47	Westerwald		
48	Taunus	1	100
49	Wetterau und Gießener Becken		
50	Vogelsberg und östlich angrenzende Sandsteingebiete		
51	Rhön	1	325
52	Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland		
53	Thüringer Gebirge		
54	Vogtland	6	515
55	Erzgebirgsvorland	2	295
56	Erzgebirge	1	11
57	Frankenwald, Fichtelgebirge und Steinwald		
58	Oberpfälzer Wald		
59	Oberpfälzer Becken- und Hügelland	1	100
60	Frankenalb und Oberpfälzer Jura	4	1500
61	Fränkischer Keuper und Albvorland	13	1327
62	Fränkische Platte	2	76
63	Spessart		
65	Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene	88	7146
66	Hunsrück	3	230
68	Gutland	1	250
69	Saarländisch-Pfälzisches Muschelkalkgebiet		
70	Saar-Nahe Bergland	2	21
72	Pfälzerwald	1	14
73	Schwarzwald		
75	Neckarland	3	72
76	Schwäbische Alb		
77	Südwestdeutsches Alpenvorland		
78	Tertiäres Hügelland	7	911
79	Bayerischer Wald	1	8
80	Schwäbisch-Bayerische Schotterplatten- und Altmoränenlandschaft	2	450
81	Schwäbisch-Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge		
82	Bayerische Alpen		

4.1.2 Bergulme (*Ulmus glabra*)

Die meisten Vorkommen von *U. glabra* wurden in Baden-Württemberg (153) erfasst, gefolgt von Sachsen (136), Mecklenburg-Vorpommern und Niedersachsen (je 128) (Abb. 4.1.9). Noch deutlicher wird die Bedeutung Baden-Württembergs für die Berg-Ulme bei der Baumzahl. Hier konnten 100.192 Berg-Ulmen gezählt werden, fast dreimal so viel wie in Niedersachsen, das mit 35.842 die zweit höchste Baumzahl besitzt, vor Mecklenburg-Vorpommern mit 24.691 Bäumen.

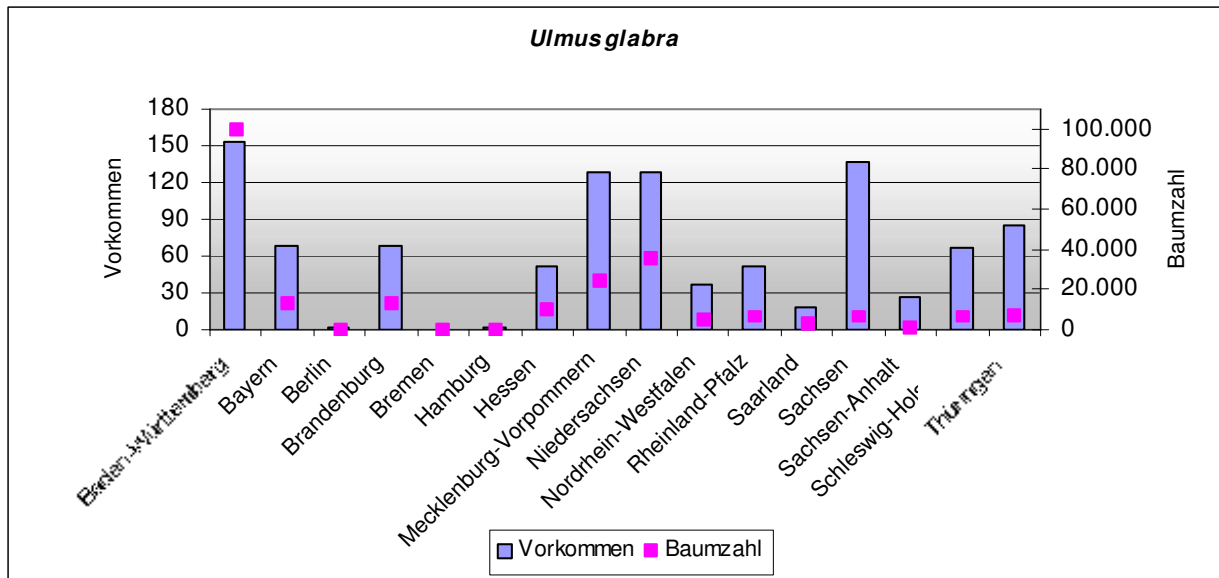


Abb. 4.1.9: Anzahl der Vorkommen und Bäume von *Ulmus glabra* nach Bundesländern

Bei der Relation der Anzahl der Vorkommen von *U. glabra* im Vergleich zur Landesfläche erreichen Sachsen und das Saarland im bundesweiten Vergleich die höchsten Werte, gefolgt von Mecklenburg-Vorpommern, Thüringen, Schleswig-Holstein und Baden-Württemberg (Abb. 4.1.10). Die mit Abstand höchste Baumzahl pro km² wurde wiederum in Baden-Württemberg nachgewiesen, es folgen das Saarland und Mecklenburg-Vorpommern.

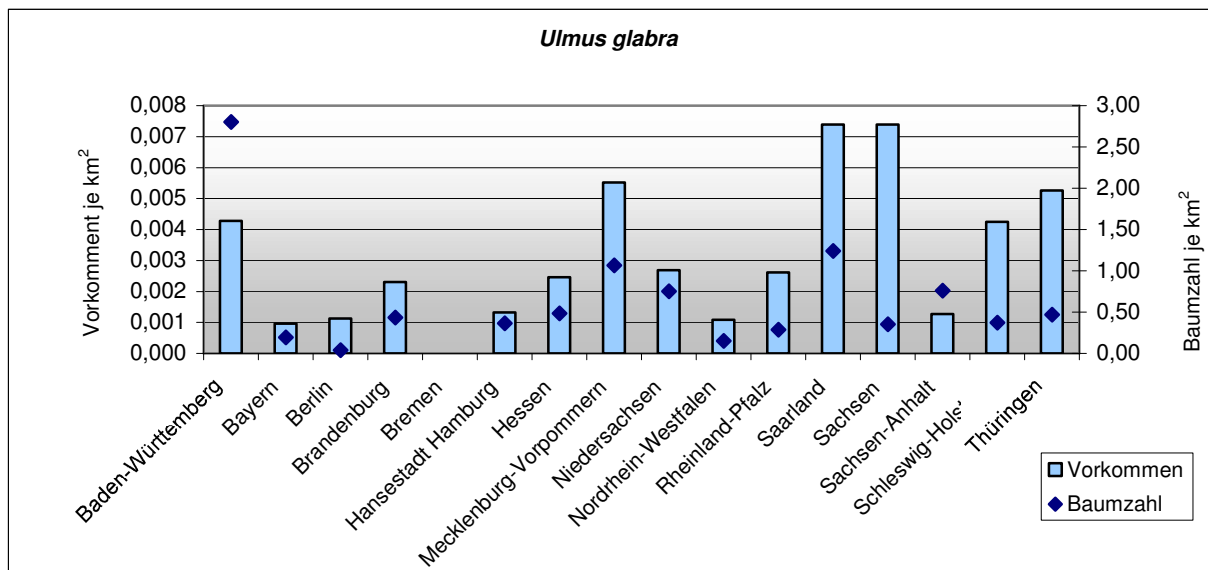


Abb. 4.1.10: Baumzahl und Vorkommen von *Ulmus glabra* je km² Landesfläche

Die Abb. 4.1.11 und 4.1.13 verdeutlichen die unterschiedliche Verteilung der Vorkommen von *U. glabra* in den einzelnen Bundesländern.

Ein sehr differenziertes Bild für die Verteilung liefern Abb. 4.1.12 und 4.1.14 mit der Darstellung der Wuchsgebiete. Diese verdeutlichen mehrere Verbreitungsschwerpunkte der Baumart. Eines der Gebiete ist das Norddeutsche und Nordostdeutsche Tiefland mit dem Wuchsgebiet 2 (Jungmoränenlandschaft Schleswig Holstein Ost / Nordwest Mecklenburg), in dem mit 74 Vorkommen die größte Zahl an Vorkommen erfasst wurde (Tab 4.1.2).

Die Hauptverbreitung liegt ganz eindeutig im Bereich der Mittelgebirge. Die mit Abstand höchste Baumzahl von 72.585 Bäumen bei 57 Vorkommen wurde im Wuchsgebiet 76 (Schwäbische Alb) erfasst. Ebenfalls hohe Werte mit 63 Vorkommen und 24.042 Bäumen wurden im Wuchsgebiet 37 (Mitteldeutsches Trias Berg- und Hügelland) erfasst, sowie mit 54 Vorkommen und 3005 Bäumen im Wuchsgebiet 56 (Erzgebirge).

U. glabra konnte in 10 verstreut liegenden Wuchsgebieten nicht nachgewiesen werden und ist in einigen Wuchsgebieten nur in geringer Zahl vertreten. Bereiche mit geringen Vorkommen sind Süd-Brandenburg, Sachsen Anhalt, Nord- und West-Niedersachsen sowie der Westen von Nordrhein-Westfalen. Dennoch kann man von einer fast flächendeckenden Verbreitung der Art ausgehen.

Die relativ geringe Zahl an Vorkommen in Bayern könnte auch auf die dort abweichende Erfassungsmethode zurückzuführen sein.

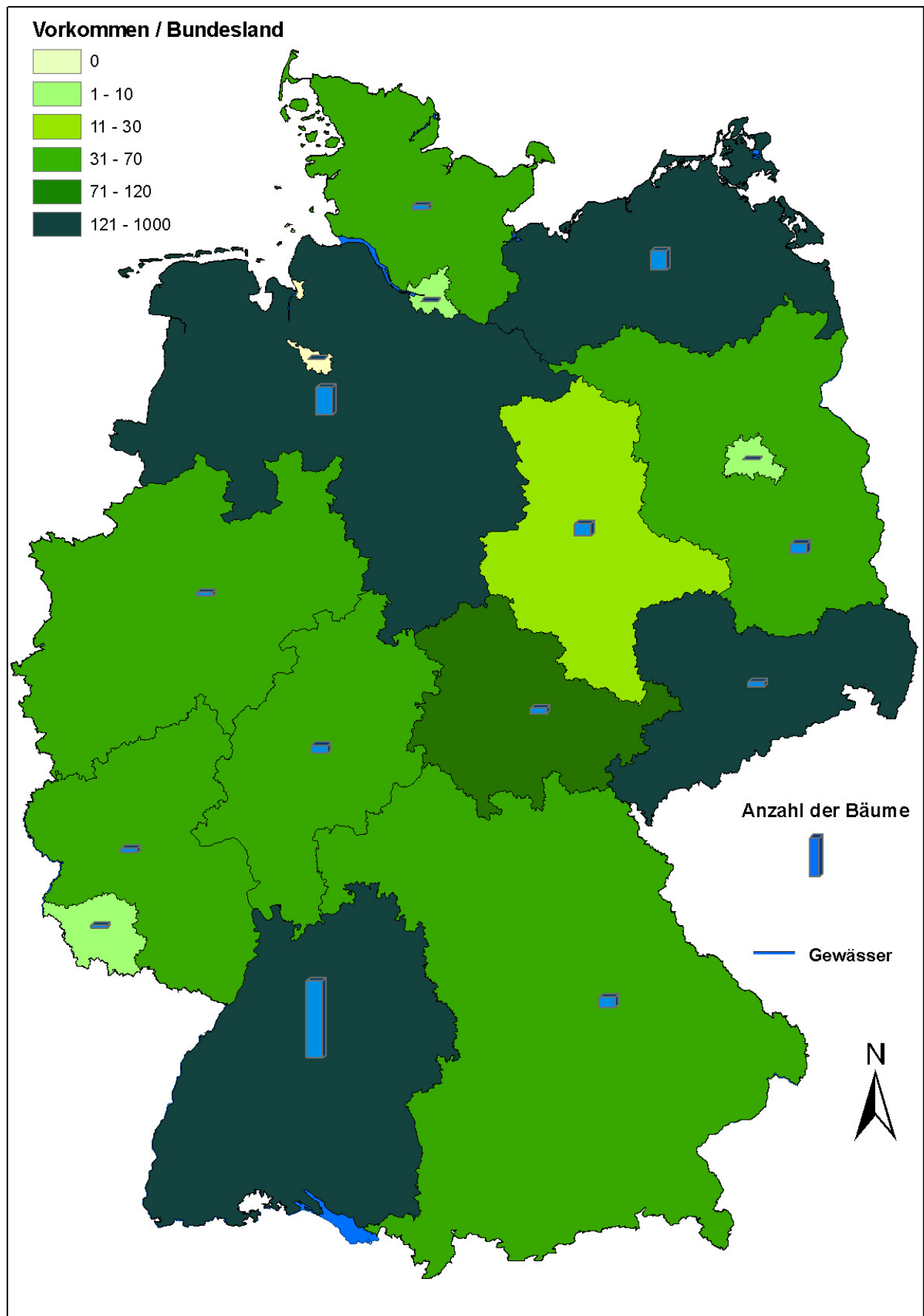


Abb. 4.1.11: Vorkommen und Baumzahl von *Ulmus glabra* nach Bundesländern

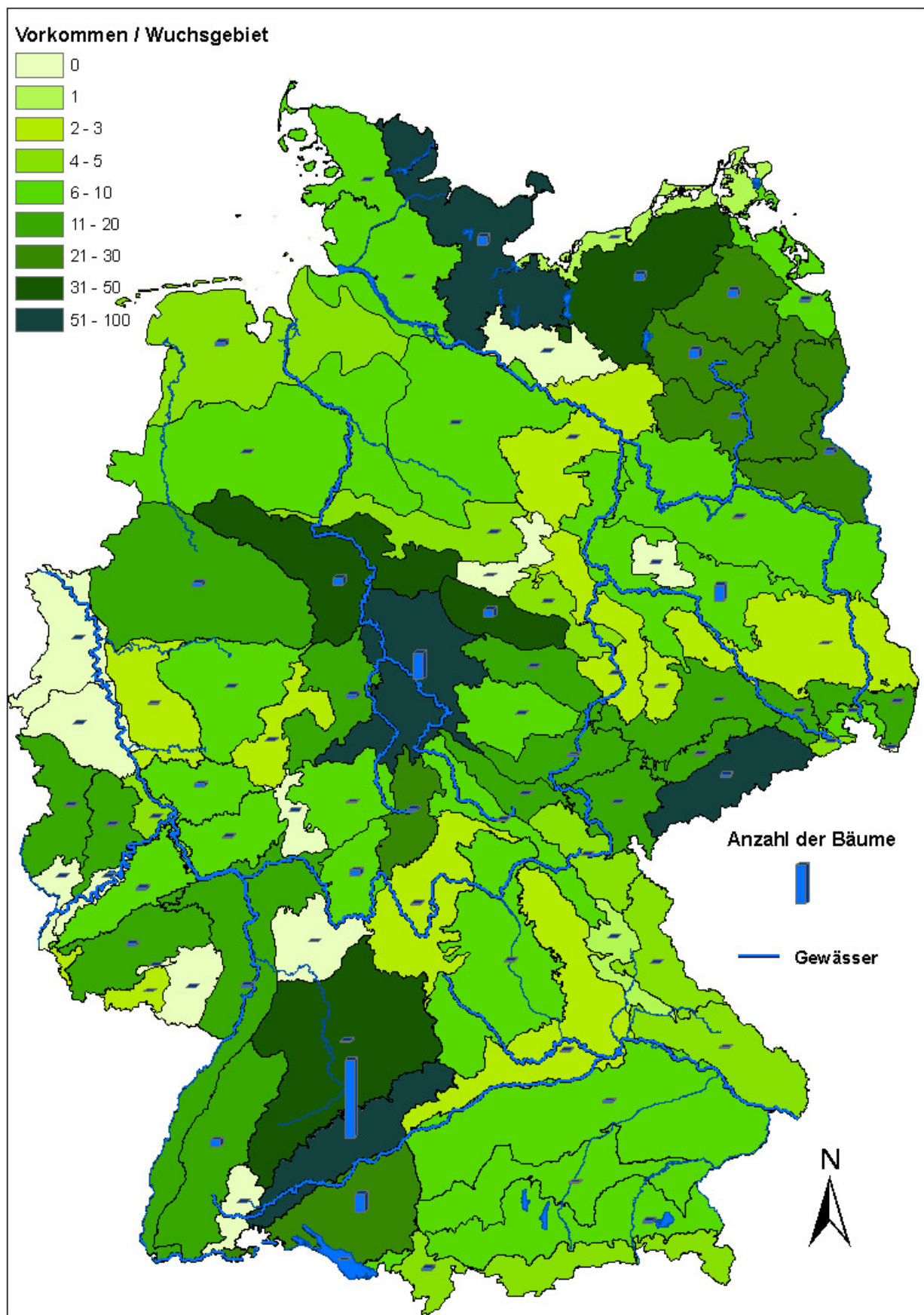


Abb. 4.1.12: Vorkommen und Baumzahl von *Ulmus glabra* nach Wuchsgebieten

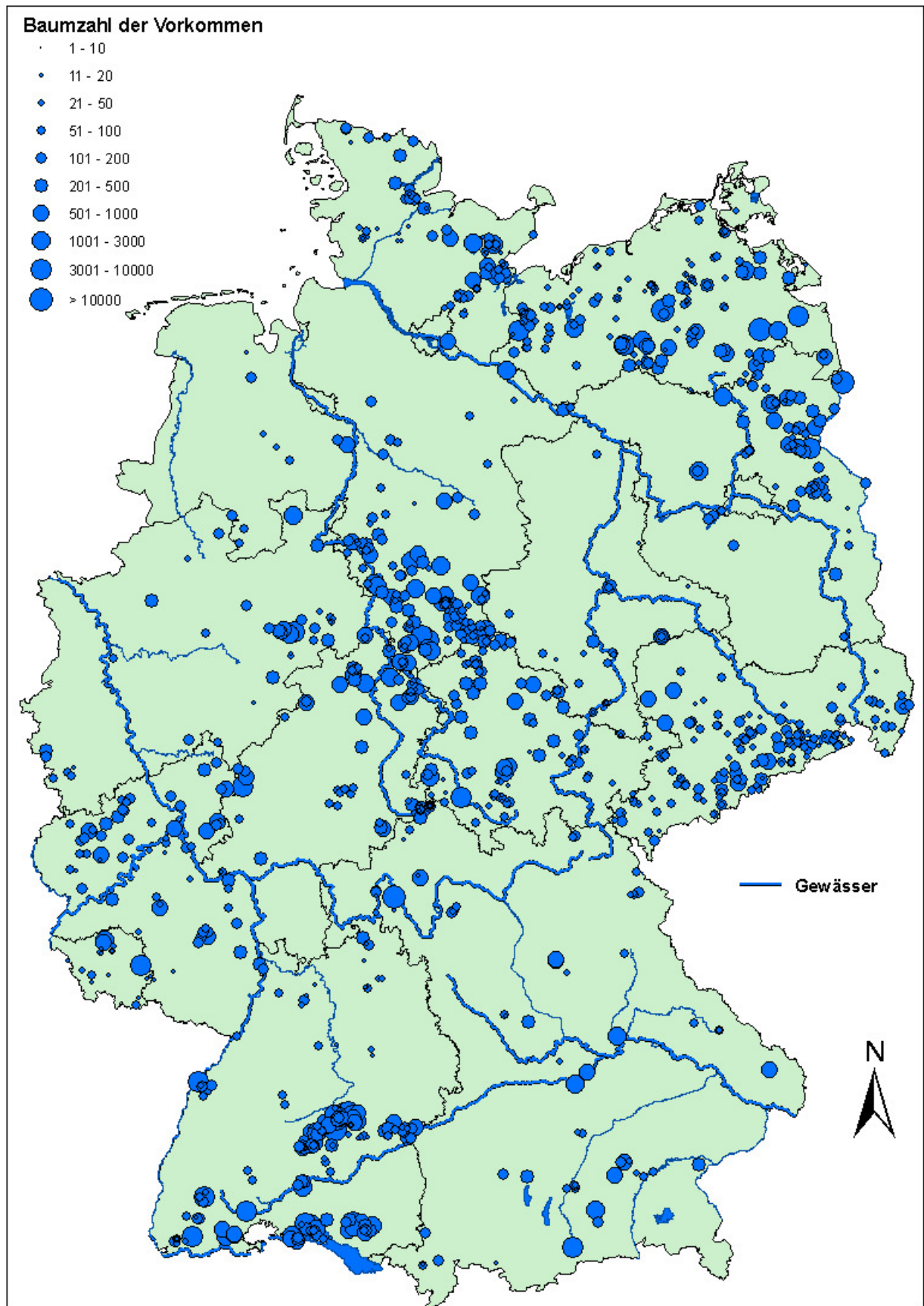


Abb. 4.1.13: Vorkommen in Abundanzklassen von *Ulmus glabra* nach Bundesländern

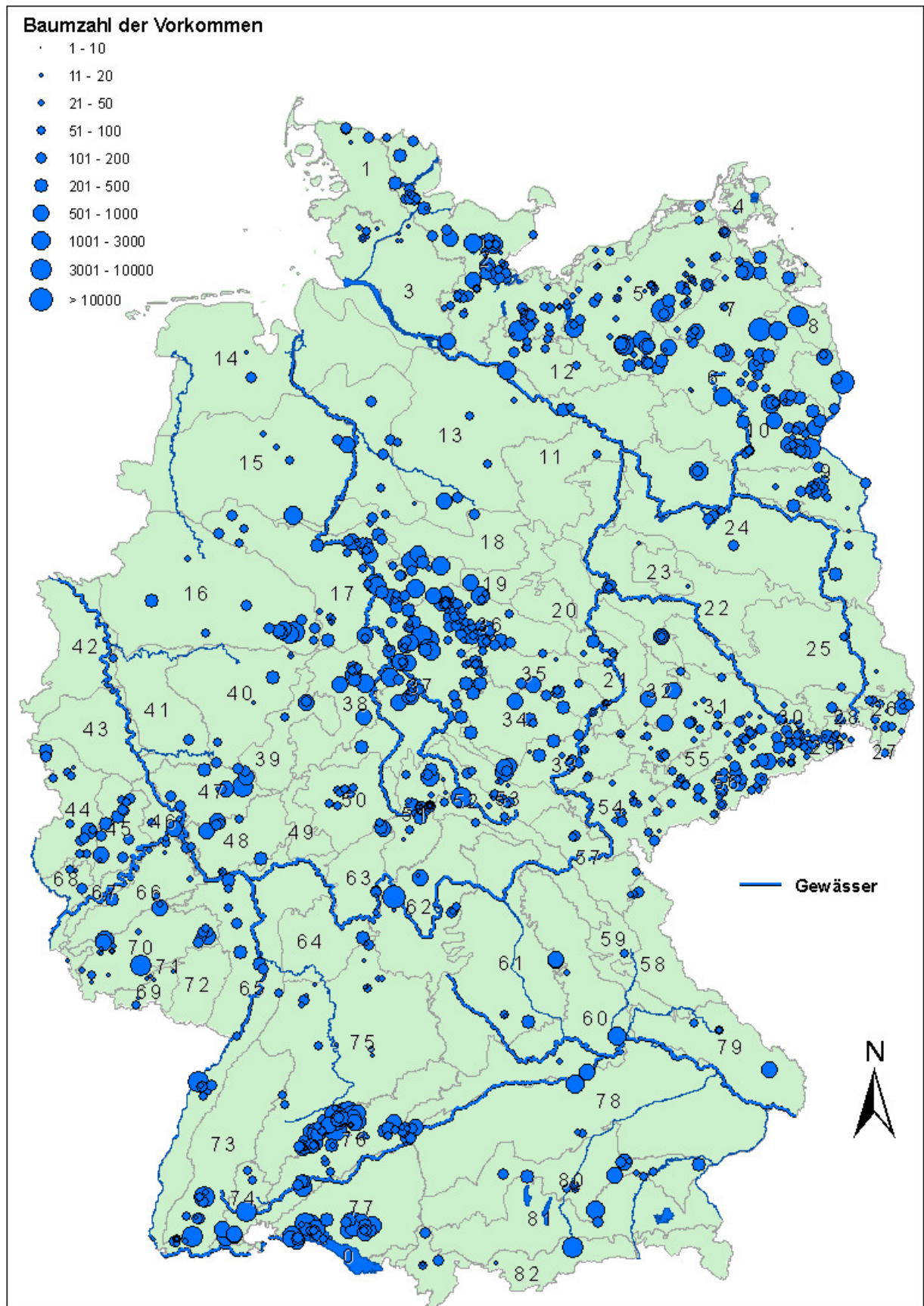


Abb. 4.1.14: Vorkommen in Abundanzklassen von *Ulmus glabra* nach Wuchsgebieten

Tabelle 4.1.2: Wuchsgebiete, Vorkommen und Baumzahl von *Ulmus glabra*

	Forstliche Wuchsgebiete	Vorkommen	Baumzahl
1	Schleswig-Holstein Nordwest	10	326
2	Jungmoränenlandschaft Schleswig-Holstein Ost / Nordwest-Mecklenburg	74	8082
3	Schleswig-Holstein Südwest	7	355
4	Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland	1	69
5	Ostholsteinisch-Westmecklenburger Jungmoränenland	47	5068
6	(Mittel-) Mecklenburger Jungmoränenland -niederungen und -inseln als Einsprengsel	29	8476
7	Ostmecklenburg-Vorpommersches Jungmoränenland	22	6680
8	Ostvorpommersches Küstenland	8	2116
9	Nordostbrandenburger Jungmoränenland (Mittelbrandenburger Jungmoränenland)	24	3940
10	Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nordbrandenburger Jungmoränenland)	27	3510
11	Ostniedersächsisch-altmärkisches Altmoränenland (Westprignitz-Altmärkisches Altmoränenland)	3	243
13	Ostniedersächsisches Tiefland	7	477
14	Niedersächsischer Küstenraum	5	3611
15	Mittelwestniedersächsisches Tiefland	10	680
16	Westfälische Bucht	17	2795
17	Weserbergland	38	7000
18	Nordwestdeutsche Berglandschwelle	5	497
19	Nordwestliches Harzvorland		
20	Nordöstliche Harzvorländer	5	232
21	Sachsen-Anhaltinische Löß-Ebene	2	43
22	Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland	9	15025
23	Hoher Fläming		
24	Mittelbrandenburger Talsand- und Moränenland	10	1310
25	Düben-Niederlausitzer Altmoränenland	2	46
26	Lausitzer Löß-Hügelland	16	740
28	Oberlausitzer Bergland	7	214
29	Elbsandsteingebirge	5	191
30	Westlausitzer Platte und Elbtalzone	12	641
31	Sächsisch-Thüringisches Löß-Hügelland	12	544
32	Leipziger Sandlöß-Ebene	2	306
33	Osthüringisches Trias-Hügelland	17	1824
34	Thüringer Becken	6	838
35	Nordthüringisches Trias-Hügelland	15	878
36	Harz	41	7503
37	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	63	24042
38	Nordwesthessisches Bergland	11	3180
39	Nördliches hessisches Schiefergebirge	3	520
40	Sauerland	6	251
41	Bergisches Land	2	191
42	Niederrheinisches Tiefland		
43	Niederrheinische Bucht		
44	Nordwesteifel	14	1077
45	Osteifel	13	1214
46	Mittelhheintal	4	165
47	Westerwald	7	3180
48	Taunus	7	820
49	Wetterau und Gießener Becken		
50	Vogelsberg und östlich angrenzende Sandsteingebiete	7	300
51	Rhön	24	2565
52	Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland	8	1347
53	Thüringer Gebirge	15	375
54	Vogtland	15	377
55	Erzgebirgsvorland	19	870
56	Erzgebirge	54	3005
57	Frankenwald, Fichtelgebirge und Steinwald	4	144
58	Oberpfälzer Wald	4	139
59	Oberpfälzer Becken- und Hügelland	1	31
60	Frankenalb und Oberpfälzer Jura	2	270
61	Fränkische Keuper und Albvorland	9	954
62	Fränkische Platte	3	268
63	Spessart	6	4775
65	Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene	19	3144
66	Hunsrück	10	1823
68	Gutland		
69	Saarländisch-Pfälzisches Muschelkalkgebiet	2	46
70	Saar-Nahe Bergland	20	3124
72	Pfälzerwald		
73	Schwarzwald	15	6287
75	Neckarland	36	1580
76	Schwäbische Alb	57	72585
77	Südwestdeutsches Alpenvorland	30	16956
78	Tertiäres Hügelland	7	1684
79	Bayerischer Wald	4	368
80	Schwäbisch-Bayerische Schotterplatten- und Altmoränenlandschaft	10	1115
81	Schwäbisch-Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge	7	1948
82	Bayerische Alpen	5	2103

4.1.3 Feldulme (*Ulmus minor*)

Sachsen-Anhalt hat signifikant die mit Abstand meisten Vorkommen von *U. minor* (Abb. 4.1.14). 169 von bundesweit 461 Vorkommen (37 %) der Feld-Ulme wurden allein in diesem Bundesland erfasst. Weitere im bundesweiten Vergleich bedeutsame Bundesländer sind Brandenburg mit 83 Vorkommen und Rheinland-Pfalz mit 71 Vorkommen.

Besonders deutlich wird die Bedeutung von Sachsen-Anhalt auch bei der Betrachtung der Baumzahlen. Mit 218.576 erfassten Feld-Ulmen befinden sich mehr als zwei Drittel des bundesweiten Bestandes in diesem Bundesland. Weiterhin von Bedeutung sind die Bundesländer Brandenburg mit 38.800 Bäumen und Rheinland-Pfalz mit 18.351 Bäumen.

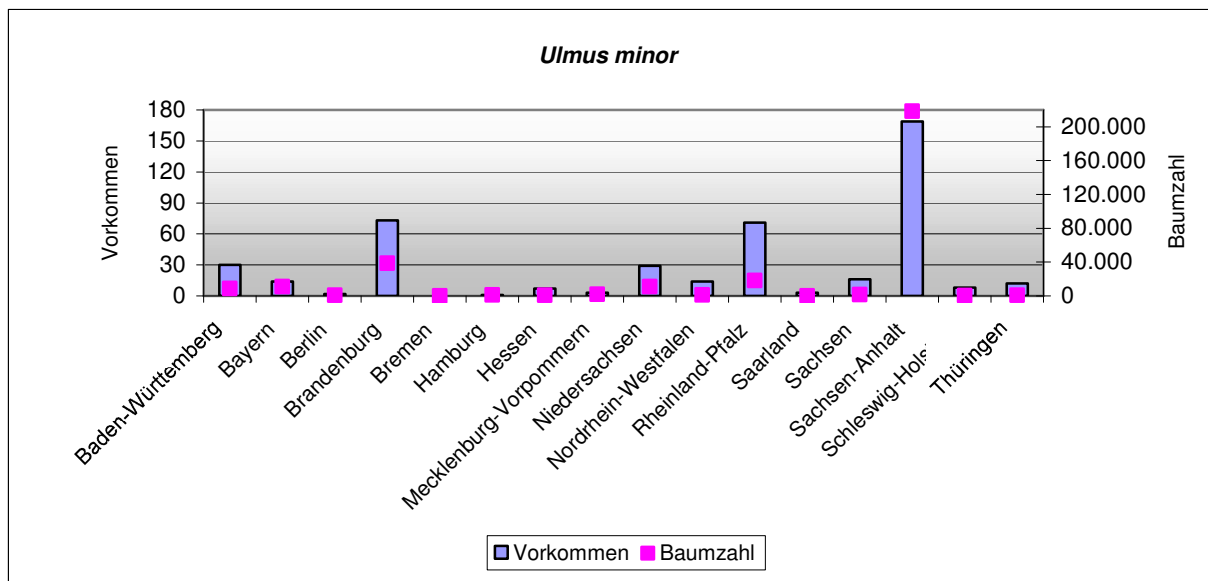


Abb. 4.1.14: Anzahl der Vorkommen und Bäume von *Ulmus minor* nach Bundesländern

Beim Vergleich der Vorkommen und Baumzahlen von *U. minor* in Relation zur Landesfläche hebt sich Sachsen-Anhalt erneut deutlich ab (Abb. 4.1.15). Weiterhin weisen Rheinland-Pfalz sowie Brandenburg und Berlin im bundesweiten Vergleich höherer Werte für den Anteil der Vorkommen auf.

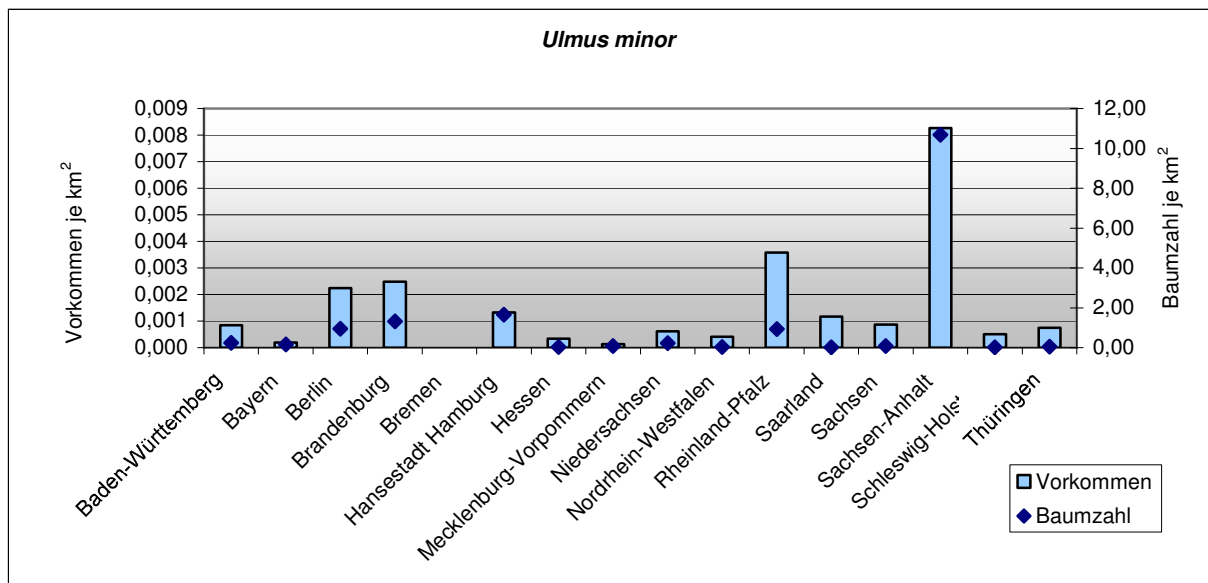


Abb. 4.1.15: Baumzahl und Vorkommen von *Ulmus minor* je km² Landesfläche

Die Abb. 4.1.16 und 4.1.18 verdeutlichen noch einmal die räumliche Verteilung der Feld-Ulmenbestände auf die Bundesländer.

Die Darstellung der Verteilung auf die Wuchsgebiete in Abb. 4.1.17 und Abb. 4.1.19 differenzieren die Vorkommen noch weiter. Dabei fällt auf, dass 62 % der Bäume in nur zwei Wuchsgebieten wachsen. Dies ist das Wuchsgebiet Nr. 21 (Sachsen-Anhaltinische Löß-Ebene) mit 101.688 Bäumen und 61 Vorkommen sowie das Wuchsgebiet 22 (Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland) mit 93.002 Bäumen und 49 Vorkommen (Tab. 4.1.3). Die angrenzenden Wuchsgebiete 20 (Nordöstliche Harzvorländer), 24 (Mittelbrandenburger Talsand und Moränenland), und 10 (Ostmecklenburger-Nordbrandenburger Jungmoränenland) weisen ebenfalls im Bundesdurchschnitt erhöhte Werte auf. Im Süden und Westen von Deutschland, mit einer allgemein geringen Zahl an nachgewiesenen Vorkommen, hebt sich das Wuchsgebiet 65 (Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene) mit 88 erfassten Vorkommen und 24.934 Bäumen deutlich ab.

Aus 33 Wuchsgebieten wurden keine Vorkommen der Feld-Ulmen erfasst. Dies betrifft große Teile von Bayern aber auch Mecklenburg-Vorpommerns und Hessens. In vielen anderen Regionen außerhalb der hier genannten Verbreitungsschwerpunkte wurden nur sehr geringe Vorkommen erfasst. Somit muss man bei *U. minor* von größeren Verbreitungslücken ausgehen.

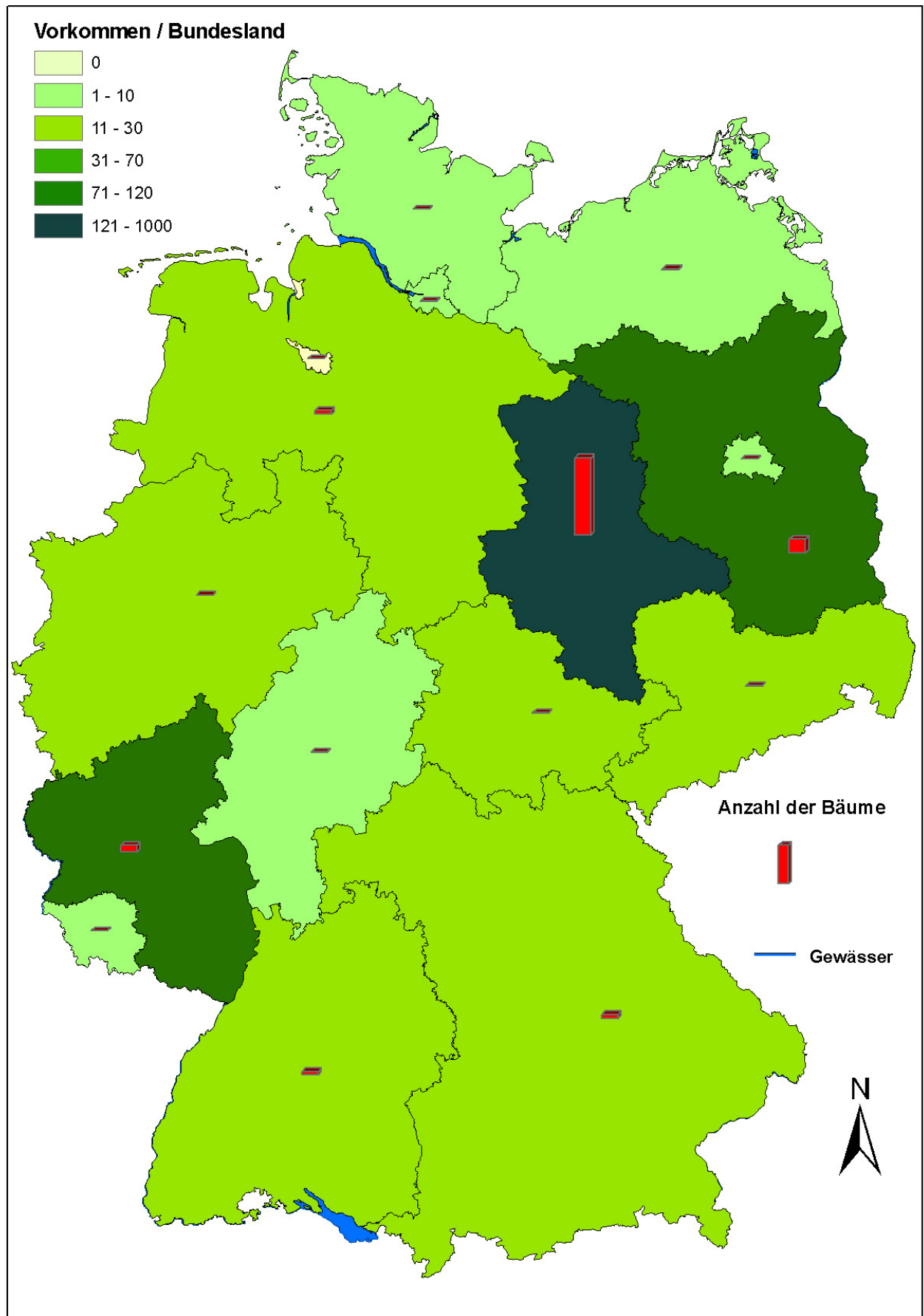


Abb. 4.1.16: Vorkommen und Baumzahl von *Ulmus minor* nach Bundesländern

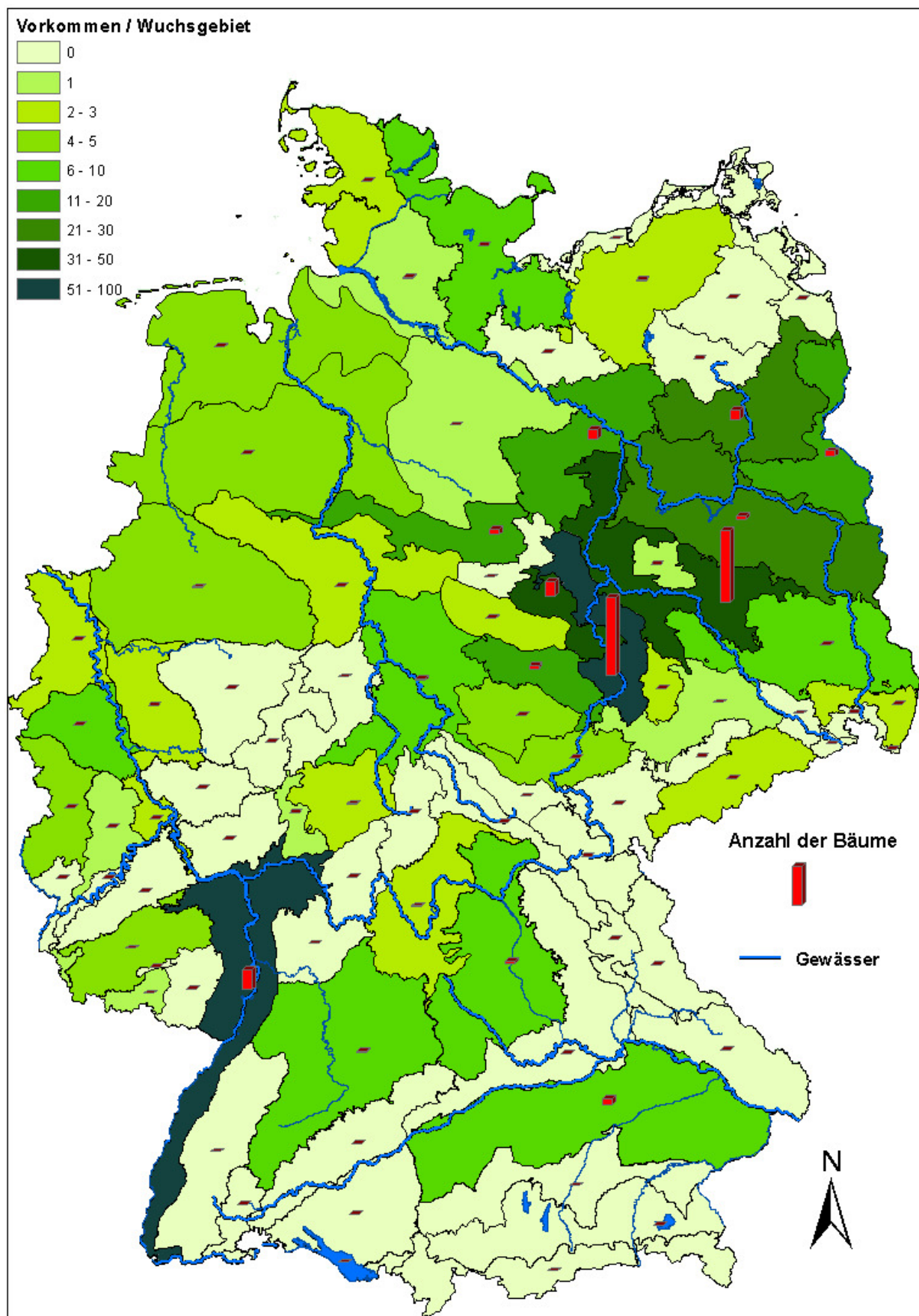


Abb. 4.1.17: Vorkommen und Baumzahl von *Ulmus minor* nach Wuchsgebieten

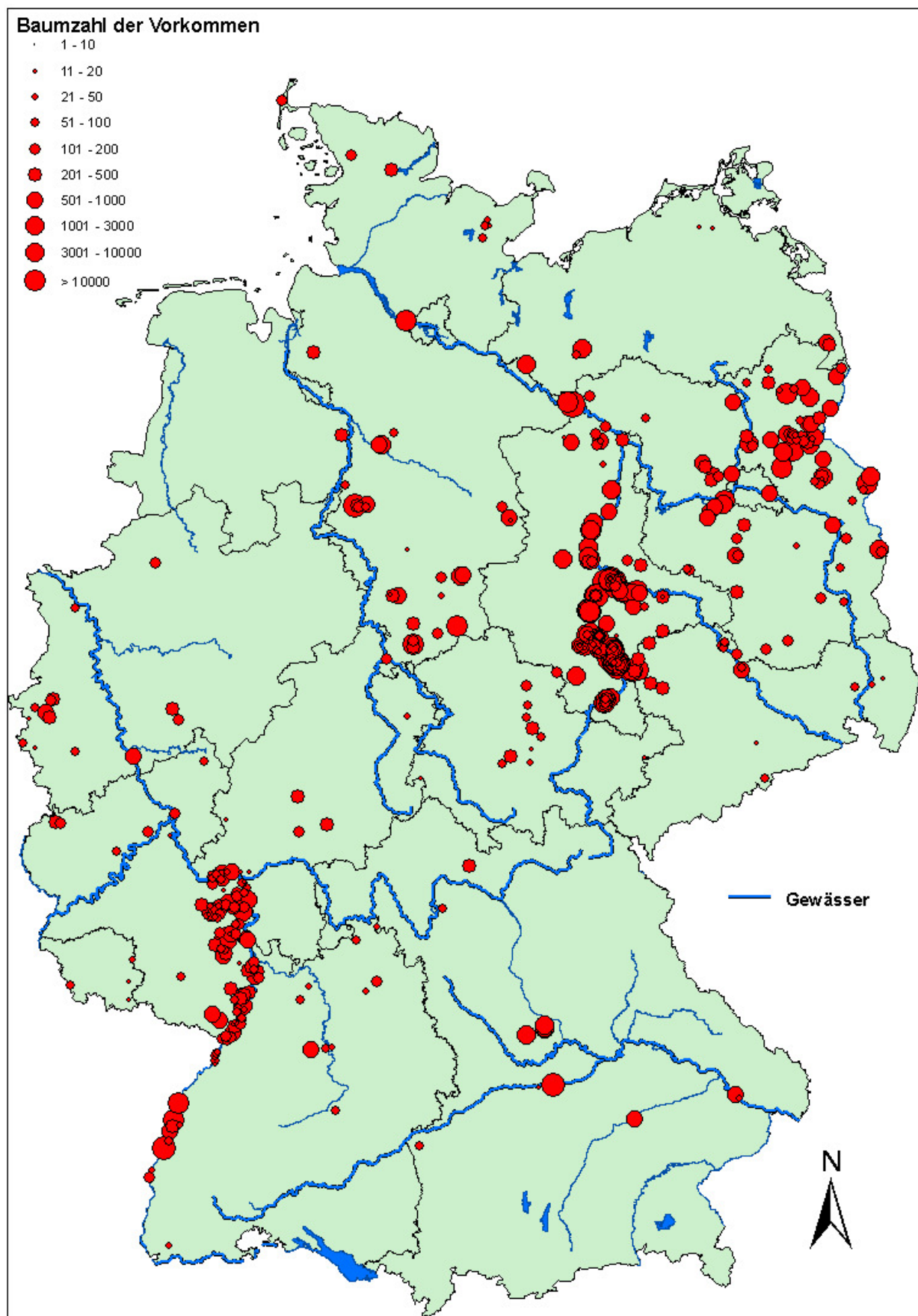


Abb. 4.1.18: Vorkommen in Abundanzklassen von *Ulmus minor* nach Bundesländern

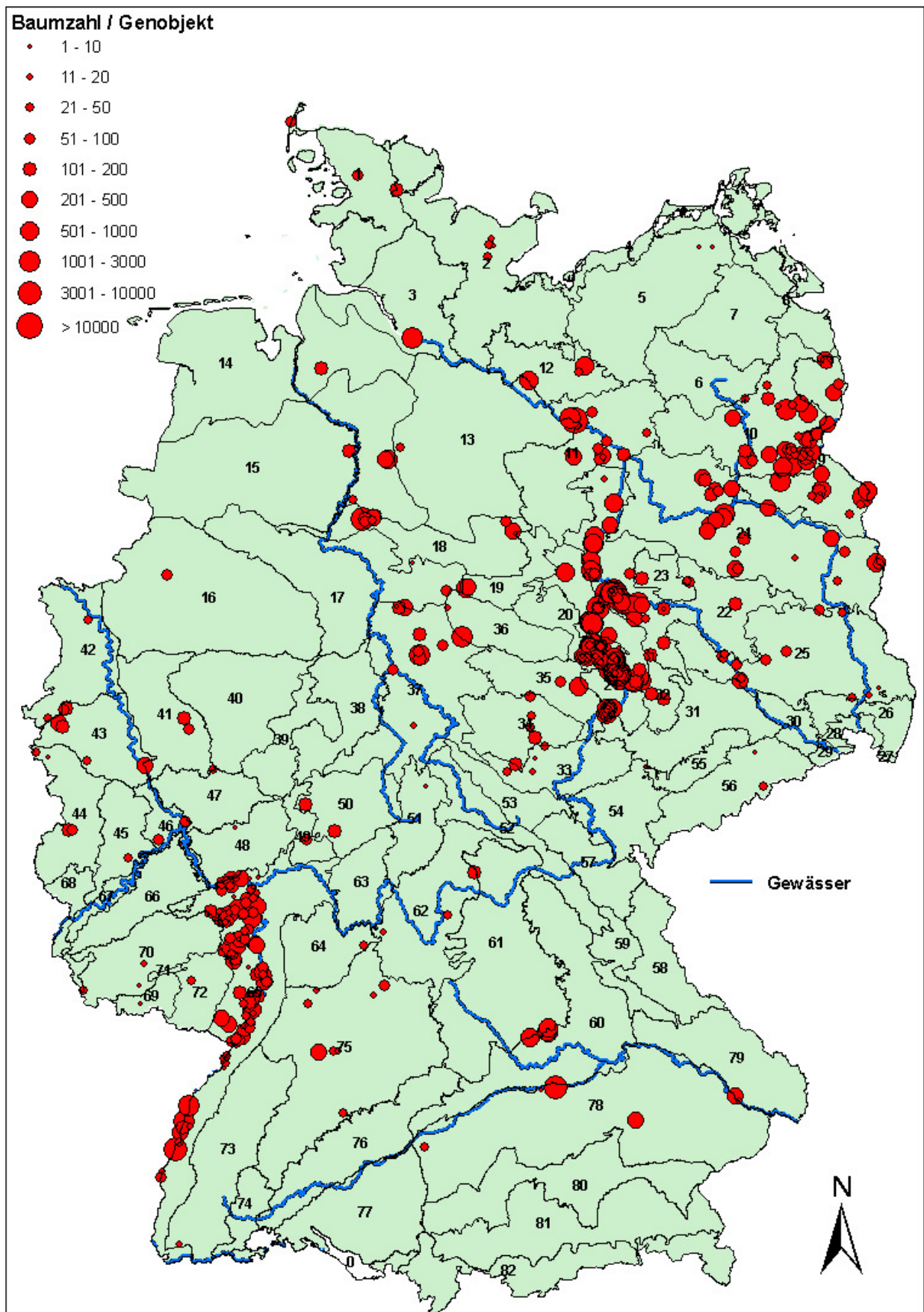


Abb. 4.1.18: Vorkommen in Abundanzklassen von *Ulmus minor* nach Wuchsgebieten

Tabelle 4.1.3: Wuchsgebiete, Vorkommen und Baumzahl von *Ulmus minor*

	Forstliche Wuchsgebiete	Vorkommen	Baumzahl
1	Schleswig-Holstein Nordwest	2	142
2	Jungmoränenlandschaft Schleswig-Holstein Ost / Nordwest-Mecklenburg	6	227
3	Schleswig-Holstein Südwest	1	1252
4	Mecklenburg-Westvorpommersches Küstenland		
5	Ostholsteinisch-Westmecklenburger Jungmoränenland	3	1740
6	(Mittel-) Mecklenburger Jungmoränenland -niederungen und -inseln als Einsprengsel		
7	Ostmecklenburg-Vorpommersches Jungmoränenland		
8	Ostvorpommersches Küstenland		
9	Nordostbrandenburger Jungmoränenland (Mittelbrandenburger Jungmoränenland)	19	7749
10	Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland (Nordbrandenburger Jungmoränenland)	28	13180
11	Ostniedersächsisch-altmärkisches Altmoränenland (Westprignitz-Altmärkisches Altmoränenland)	11	12772
13	Ostniedersächsisches Tiefland	1	34
14	Niedersächsischer Küstenraum	4	770
15	Mittelwestniedersächsisches Tiefland	4	968
16	Westfälische Bucht	4	335
17	Weserbergland	3	273
18	Nordwestdeutsche Berglandschwelle	12	7263
19	Nordwestliches Harzvorland		
20	Nordöstliche Harzvorländer	46	18796
21	Sachsen-Anhaltinische Löß-Ebene	61	101688
22	Mittleres nordostdeutsches Altmoränenland	49	93002
23	Hoher Fläming	1	111
24	Mittelbrandenburger Talsand- und Moränenland	21	5019
25	Düben-Niederlausitzer Altmoränenland	9	670
26	Lausitzer Löß-Hügelland	2	41
28	Oberlausitzer Bergland		
29	Elbsandsteingebirge		
30	Westlausitzer Platte und Elbtalzone		
31	Sächsisch-Thüringisches Löß-Hügelland	1	5
32	Leipziger Sandlöß-Ebene	3	510
33	Osthüringisches Trias-Hügelland	5	243
34	Thüringer Becken	4	293
35	Nordthüringisches Trias-Hügelland	12	4635
36	Harz	2	1103
37	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	9	1770
38	Nordwesthessisches Bergland		
39	Nördliches hessisches Schiefergebirge		
40	Sauerland		
41	Bergisches Land	2	170
42	Niederrheinisches Tiefland	2	73
43	Niederrheinische Bucht	7	845
44	Nordwesteifel	4	292
45	Osteifel	1	25
46	Mittelnheintal	2	190
47	Westerwald		
48	Taunus		
49	Wetterau und Gießener Becken	1	100
50	Vogelsberg und östlich angrenzende Sandsteingebiete	2	400
51	Rhön		
52	Südthüringisches-Oberfränkisches Trias-Hügelland		
53	Thüringer Gebirge		
54	Vogtland		
55	Erzgebirgsvorland		
56	Erzgebirge	2	60
57	Frankenwald, Fichtelgebirge und Steinwald		
58	Oberpfälzer Wald		
59	Oberpfälzer Becken- und Hügelland		
60	Frankenalb und Oberpfälzer Jura		
61	Fränkischer Keuper und Albvorland	6	3042
62	Fränkische Platte	2	170
63	Spessart		
65	Oberrheinisches Tiefland und Rhein-Main-Ebene	88	25934
66	Hunsrück		
68	Gutland		
69	Saarländisch-Pfälzisches Muschelkalkgebiet	1	10
70	Saar-Nahe Bergland	4	81
72	Pfälzerwald		
73	Schwarzwald		
75	Neckarland	9	580
76	Schwäbische Alb		
77	Südwestdeutsches Alpenvorland		
78	Tertiäres Hügelland	6	7652
79	Bayerischer Wald		
80	Schwäbisch-Bayerische Schotterplatten- und Altmoränenlandschaft		
81	Schwäbisch-Bayerische Jungmoräne und Molassevorberge		
82	Bayerische Alpen		

4.2 Durchschnittliche Größe der Vorkommen: Fläche und Baumzahl

Die Berechnung der durchschnittlichen Fläche und Baumzahl basiert auf der jeweiligen Gesamtzahl der Fläche einer Baumart im Bundesgebiet dividiert durch die Zahl der Vorkommen.

U. glabra besitzt mit einer Durchschnittsgröße von 29 ha die größte durchschnittliche Fläche der Vorkommen (Abb. 4.2.1). Die Vorkommen von *U. laevis* und *U. minor* sind mit etwa 13 ha knapp halb so groß. Bei der durchschnittlichen Anzahl der Bäume je Vorkommen erreicht *U. minor* mit 681 Bäumen den mit Abstand höchsten Wert. *U. glabra* mit durchschnittlich 243 Bäumen und *U. laevis* mit durchschnittlich 167 Bäumen je Vorkommen weisen deutlich geringere Werte auf.

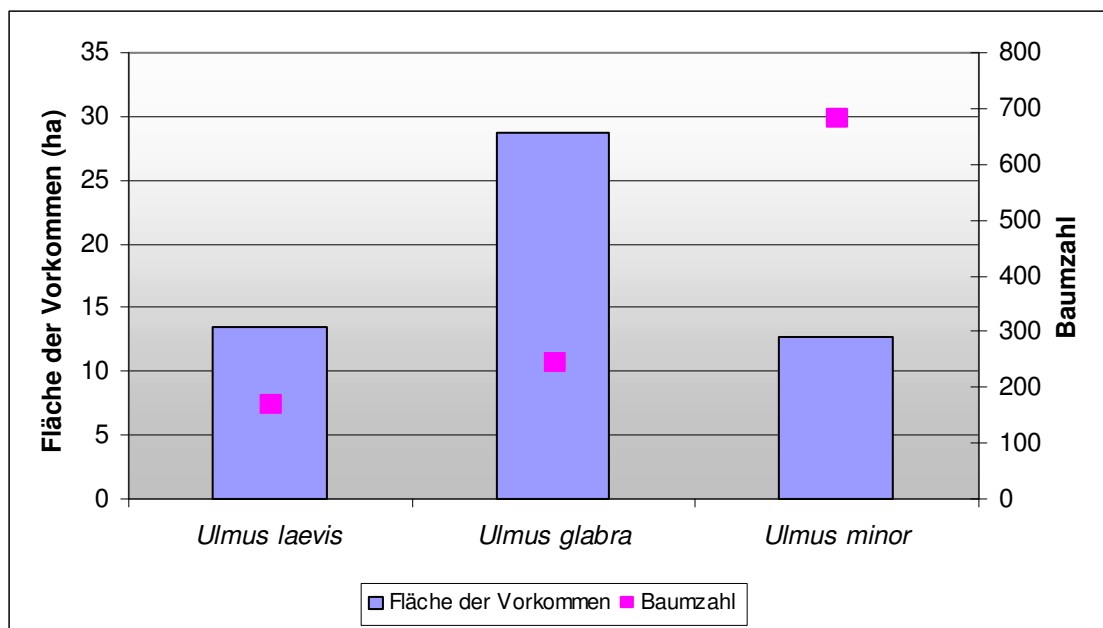


Abb. 4.2.1: Durchschnittliche Fläche und durchschnittliche Baumzahl der Vorkommen der drei Ulmen-Arten im Vergleich

Die mit deutlichem Abstand größten Vorkommen von *U. laevis* mit durchschnittlich 121 ha befinden sich in Baden-Württemberg (Abb. 4.2.2). In Hessen liegt die durchschnittliche Größe bei 34 Hektar und in Bayern bei 21 Hektar. In allen anderen Bundesländern liegen die Durchschnittswerte zwischen 10 und 1 ha. Bei der durchschnittlichen Baumzahl erreicht Brandenburg mit durchschnittlich 314 Bäumen je Vorkommen den höchsten Wert. Die meisten anderen Bundesländer erreichen durchschnittliche Populationsgrößen zwischen 150 und 200 Bäumen je Vorkommen.

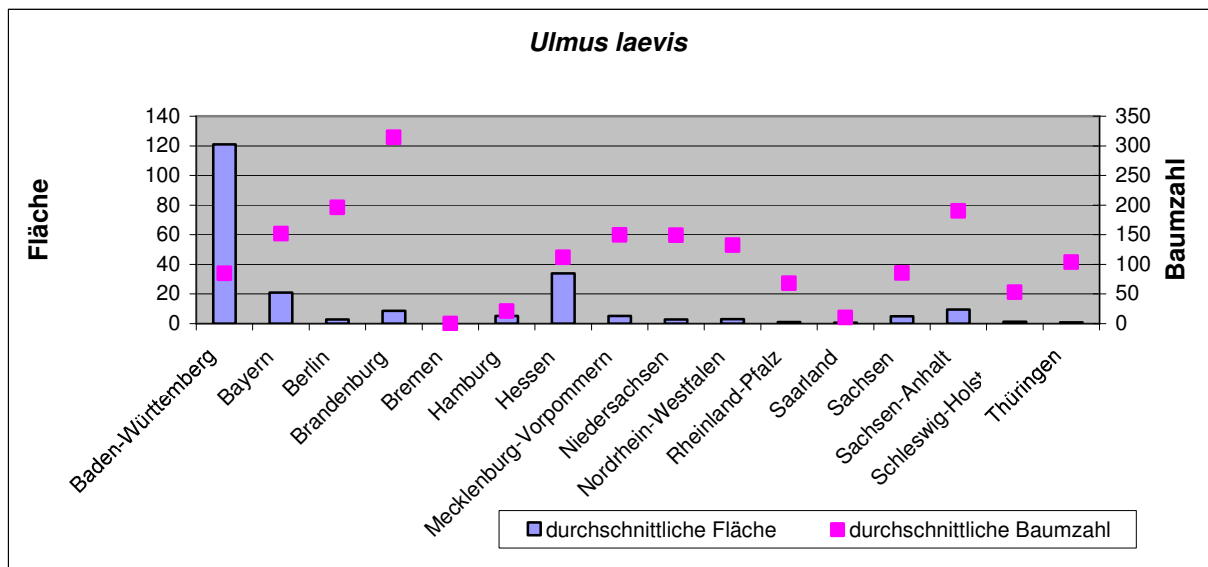


Abb. 4.2.2 : Durchschnittliche Fläche der Vorkommen und Baumzahl von *Ulmus laevis*

Bei *U. glabra* liegen die mit Abstand größten Vorkommen mit durchschnittlich 163 ha Größe in Baden-Württemberg (Abb. 4.2.3). In Bayern beträgt die Durchschnittsgröße 24 ha, in Thüringen und Hessen 9 ha. In allen anderen Bundesländern liegen die Durchschnittswerte zwischen 5 und 1 ha. Auch die höchste durchschnittliche Baumzahl wird in Baden-Württemberg mit 655 Bäumen erreicht.

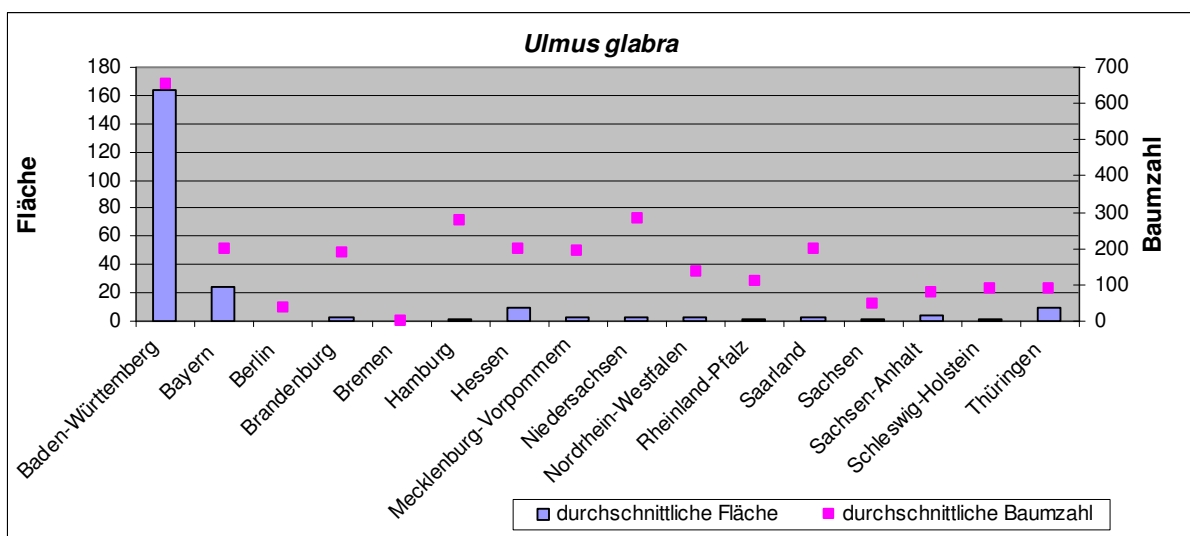


Abb. 4.2.3: Durchschnittliche Fläche der Vorkommen und Baumzahl von *Ulmus glabra*

Die durchschnittliche Vorkommensgröße bei *U. minor* ist in Baden-Württemberg mit durchschnittlich 112 ha sehr hoch (Abb. 4.2.4). In Bayern liegt sie mit 48 ha ebenfalls weit über dem Bundesdurchschnitt. In Sachsen-Anhalt in dem Bundesland mit dem meisten Vorkommen und Bäumen betrug die durchschnittliche Populationsgröße 9 ha, in allen übrigen Bundesländer zwischen 1 und 3 ha. Sachsen-Anhalt ist das Bundesland mit der durchschnittlich höchsten Baumzahl mit 1.293 Bäumen. Hamburg hat insgesamt nur ein Vorkommen der Feld-Ulme und ist somit im Bezug auf Durchschnittswerte nicht relevant.

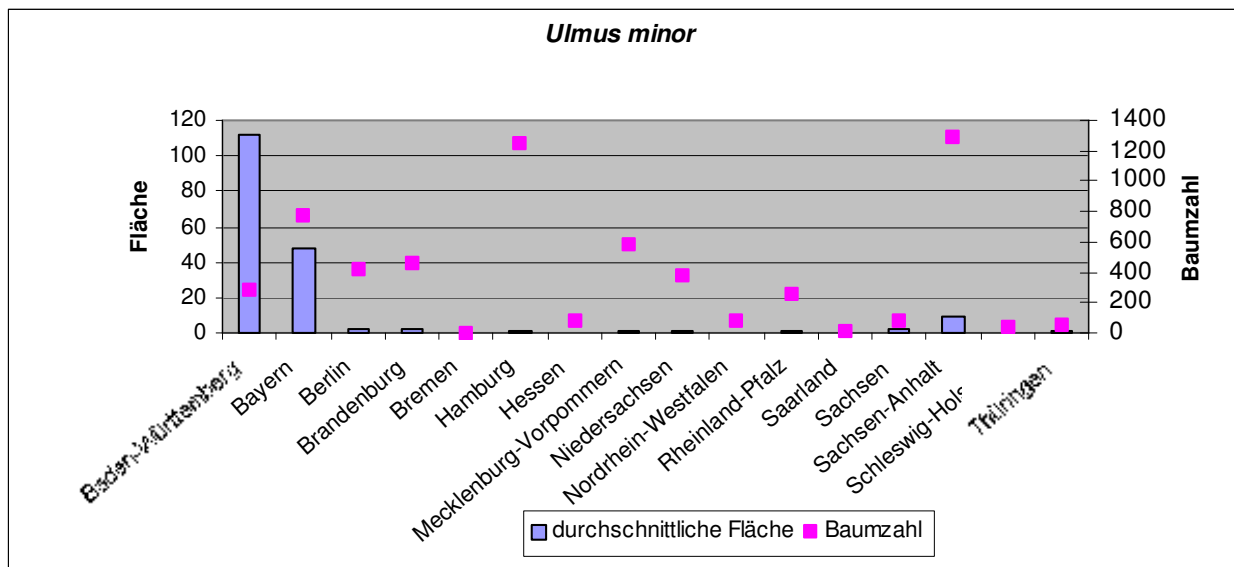


Abb. 4.2.4: Durchschnittliche Fläche der Vorkommen und Baumzahl von *Ulmus minor*

4.3 Altersstruktur/Durchmesserstruktur

Die Altersstruktur ist ein entscheidendes Kriterium, um die zukünftige *in-situ* Überlebensfähigkeit eines Vorkommens einzuschätzen. Da das genaue Alter der Ulmen kaum zerstörungsfrei und nur mit großem Aufwand ermittelt werden kann, soll die Altersstruktur durch die Anteile der drei Durchmesserstufen veranschaulicht werden. Dabei sind die Bäume der Stufe < 7 cm niedrigeren und die der Stufe > 20 cm höheren Alters. In der Abbildung 4.3.1 sind die Anteile der Durchmesserstufen als Altersstrukturpyramiden veranschaulicht. Der Darstellung liegt die bundesweite Baumzahl der einzelnen Durchmesserstufen zu Grunde.

Die Verteilung der Durchmesserstufen lässt sich in zwei Kategorien aufteilen, die sich optisch auch besonders deutlich anhand der Darstellung unterscheiden. Zum einen *U. laevis* mit einer relativ ausgeglichenen Verteilung von der jüngsten zur ältesten Stufe von 28 %, 34 % und 38 %, also mit einem leichten Überhang bei den stärkeren Bäumen, aber insgesamt einer eher ausgeglichenen Struktur. Zum anderen *U. glabra* und *U. minor* bei denen der Anteil der Bäume unter 7 cm BHD bei 68 % bzw. 73 % liegt. Die Anteile der mittleren Klasse von 7-20 cm BHD sind bei diesen beiden Baumarten mit 24 % gleich groß. Die starken Bäume in der Klasse mit BHD > 20 cm besitzen bei *U. glabra* einen Anteil von 8 % und bei *U. minor* lediglich noch 3 %.

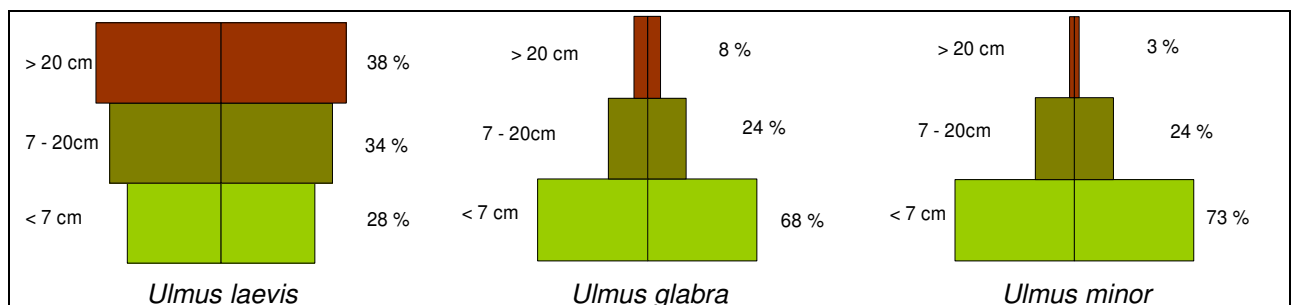


Abb. 4.3.1: Darstellung der Durchmesserstufen als Altersstrukturpyramiden der drei Ulmen-Arten bundesweit

4.3.1 Anteile der demografischen Strukturen bei den Einzelvorkommen

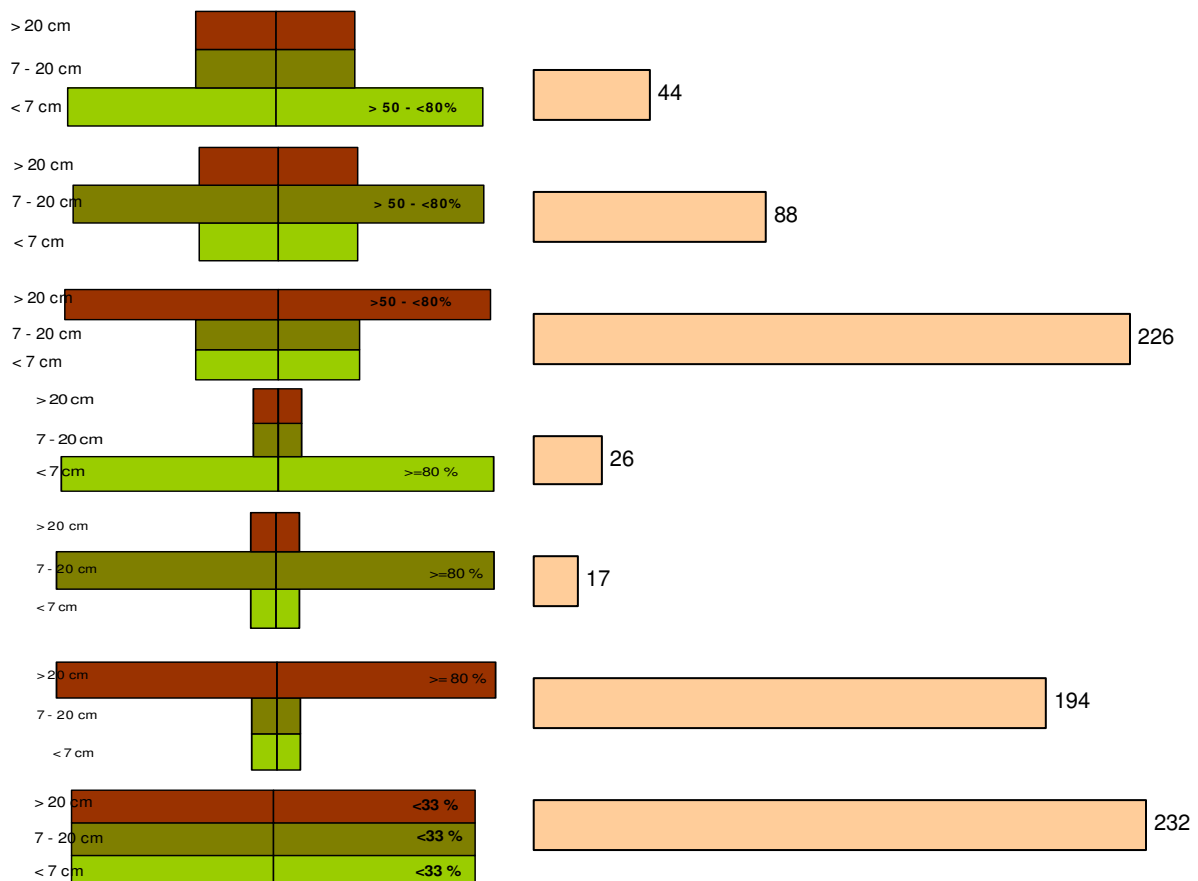
Für die Einschätzung der Notwendigkeit von Generhaltungsmaßnahmen ist die Beschreibung der demografischen Strukturen (Alterspyramiden) hilfreich. So würde eine natürliche Alterspyramide mit einem hohen Verjüngungsanteil und einem hinreichend großen Baumanteil mit alten und mittelalten fruktifizierenden, vitalen Individuen kaum zusätzliche Generhaltungsmaßnahmen erfordern.

Die Abb. 4.3.2 zeigt die Häufigkeit des Auftretens verschiedener demografischer Typenklassen bei *U. laevis*. Auf der linken Seite der Abbildungen ist dabei die Struktur des Typs durch ein dreistufiges Diagramm abgebildet. Die Balken rechts der Diagramme bilden die entsprechende Häufigkeit ab.

Dabei wird deutlich, dass die meisten Populationen einen starken Überhang in der BHD Klasse > 20 cm besitzen. Bei 226 Vorkommen liegt der Anteil in dieser Klasse zwischen 50 % und 80 % und bei 194 Vorkommen liegt der Anteil bei über 80 %. Bei 232 Vorkommen sind die Größenverhältnisse in soweit ausgeglichen, dass in keiner Stufe ein Wert von 33 % überschritten wird.

Vorkommen, die den größten prozentualen Anteil in den BHD Klassen < 7 cm oder zwischen 7 und 15 cm haben, sind stark unterrepräsentiert. Es ist zu vermuten, dass es sich dabei zumeist um Pflanzungen handelt.

Abb. 4.3.2: Häufigkeit ausgewählter Alterstrukturen über alle Vorkommen von *Ulmus laevis*, bundesweit



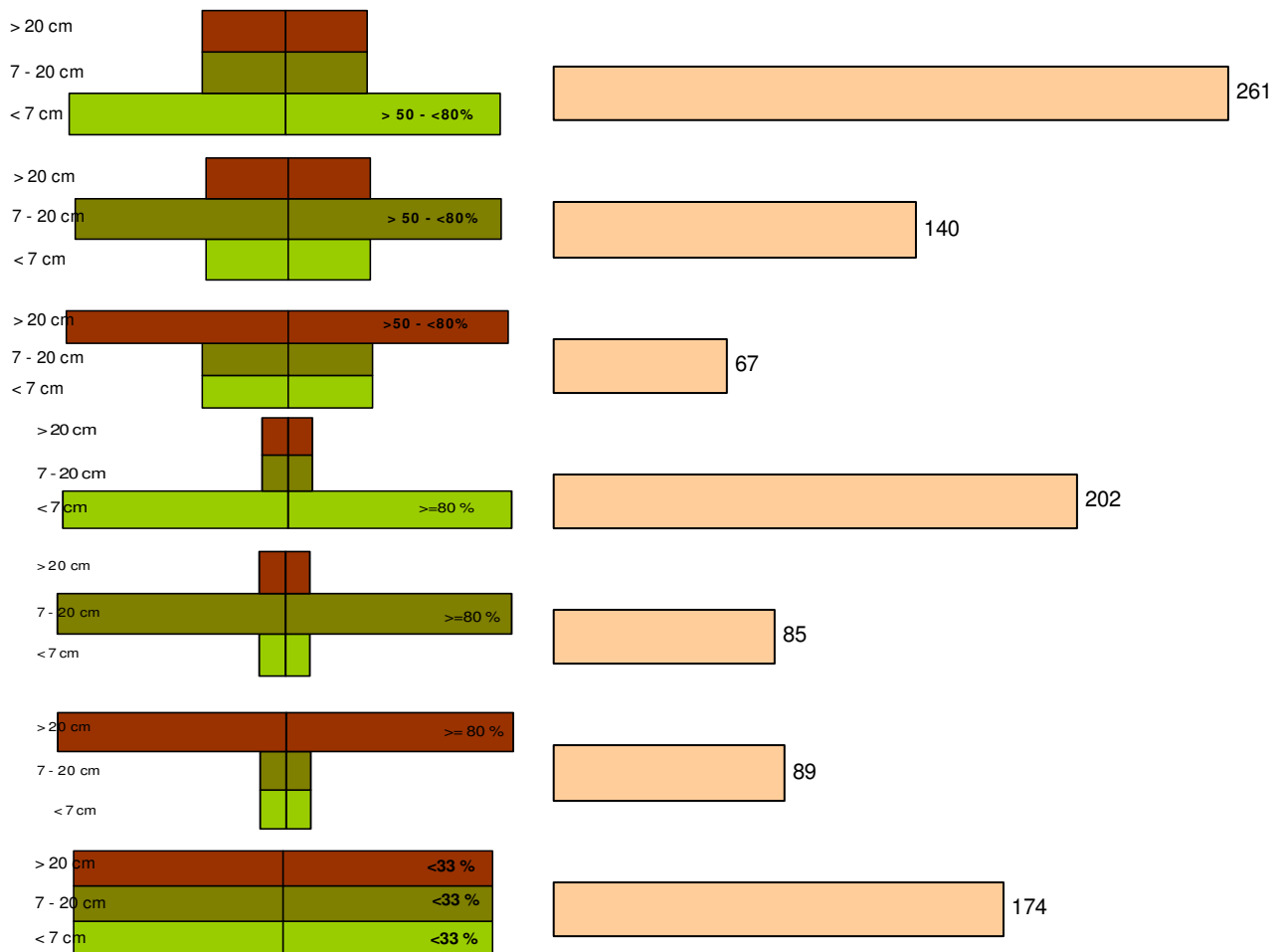
Die Verteilung der Häufigkeiten der demografischen Typenklassen von ***U. glabra*** ist im Vergleich zu den anderen Ulmen-Arten relativ ausgeglichen. Dennoch wird deutlich, dass Vorkommen mit erhöhten Anteilen in der BHD Klasse < 7 cm dominieren (Abb. 4.3.3). Bei 261 Vorkommen liegt der Anteil der Bäume in dieser Klasse zwischen 50 % und 80 % und bei 202 Objekten bei über 80 %.

Der ausgeglichene Strukturtyp, mit Werten von unter 33 % in allen drei BHD Klassen, ist mit 174 Vorkommen relativ häufig vertreten.

In der BHD Stufe von 7 bis 20 cm haben 140 Vorkommen Werte zwischen 50 % und 80 % und 85 Objekte Werte von über 80 %.

Für die Berg-Ulme haben relativ wenige Vorkommen den größten Anteil ihrer Bäume in der BHD Klasse > 20 cm. Bei 89 Vorkommen liegt der Anteil in dieser Klasse über 80 % und bei 67 Vorkommen zwischen 50 % und 80 %.

Abb. 4.3.3: Häufigkeit ausgewählter Alterstrukturen über alle Vorkommen von *Ulmus glabra*, bundesweit



Die Einordnung der Vorkommen von *U. minor* in die demografischen Strukturtypen verdeutlicht den hohen prozentualen Anteil der Bäume in der BHD Klasse < 7 cm (Abb. 4.3.4). Bei 211 Vorkommen erreicht der Anteil in dieser Stufe mehr als 80 % und bei 142 Vorkommen liegt er zwischen 50 % und 80 %.

Vorkommen mit hohen Dominanzen in der BHD Stufe zwischen 7 und 20 cm sind deutlich seltener, bei 59 Vorkommen beträgt der Anteil in dieser Stufe zwischen 50 und 80 % und bei 18 liegt er über 80 %. Eine insgesamt eher ausgeglichene Struktur mit Werten in allen drei BHD-Klassen unter 33 % haben nur 18 Vorkommen.

Sehr selten tritt eine Dominanz in der Klasse über 20 cm BHD auf. Bei 9 Vorkommen lagen die Anteile in dieser Klasse bei über 80 % und bei 4 zwischen 50 % und 80 %.

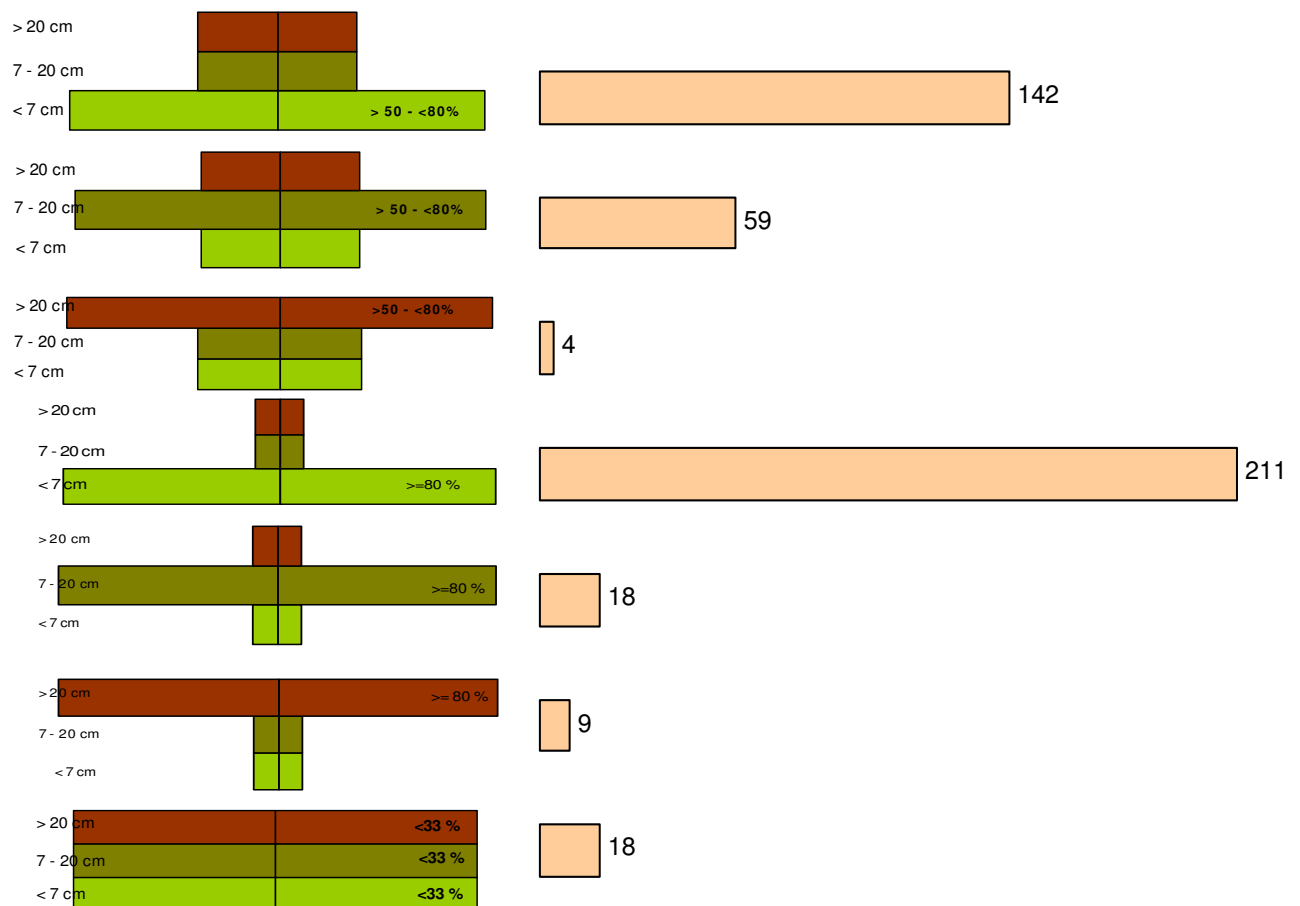


Abb. 4.3.4: Häufigkeit ausgewählter Alterstrukturen über alle Vorkommen von *Ulmus minor*, bundesweit

4.3.2 Altersstrukturqualitätsklassen

Die Altersstrukturqualitätsklasse wurde im Kapitel 3.6.4 beschrieben. Sie stellt ein Bewertungsschema dar, womit die Abweichung von einer idealen Altersklassenverteilung beschrieben werden kann.

Das Bewertungsschema zeigt eine ausgeglichene Verteilung der Bewertungen bei *U. laevis* und *U. glabra*. Bei beiden Arten wurden über die Hälfte der Vorkommen als befriedigend oder besser eingestuft (Tab. 4.3.1 und Abb. 4.3.5). Lediglich ca. 5 % der Vorkommen wurden als sehr schlecht eingestuft. Bei *U. minor* hingegen wurde fast die Hälfte der Vorkommen mit sehr schlecht bewertet und lediglich ca. ein Drittel als befriedigend oder besser.

Nach den definierten Altersstrukturqualitätskriterien werden 86 Vorkommen von *U. laevis*, 170 Vorkommen von *U. glabra* und 211 Vorkommen von *U. minor* hinsichtlich ihrer natürlichen Verjüngung (Überlebensfähigkeit der Population) der Altersstrukturqualitätsklasse „sehr schlecht“ zugeordnet

Tab. 4.3.1: Zahl der Vorkommen in den verschiedenen Altersstrukturqualitätsklassen

Altersstruktur- Qualitätsklasse	Zahl der Vorkommen		
	<i>Ulmus laevis</i>	<i>Ulmus glabra</i>	<i>Ulmus minor</i>
sehr gut (1)	100	151	25
gut (2)	142	134	45
befriedigend (3)	196	375	76
schlecht (4)	301	186	106
sehr schlecht (5)	86	170	211

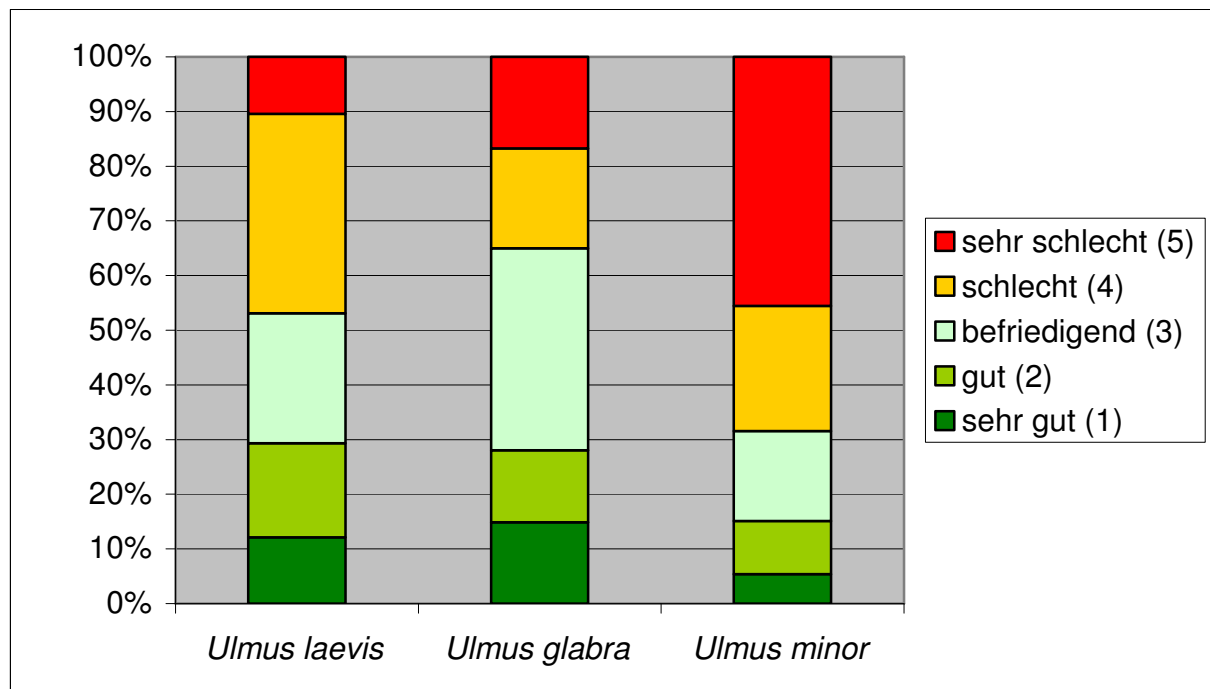


Abb. 4.3.5: Anteile der Vorkommen an den Altersstrukturqualitätsklassen

4.3.3 Anteile der Durchmesserstufen in den Bundesländern

Wie auch in der bundesweiten Darstellung ist die Verteilung der Alterstrukturen von *U. laevis* in den Bundesländern relativ ausgeglichen (Abb. 4.3.6). Dies gilt im Besonderen auch für die Bundesländer mit den größeren Vorkommen. Eher ungünstigere Verteilungen mit geringer oder fehlender Naturverjüngung weisen lediglich die flächenmäßig weniger bedeutenden Bundesländer Hamburg und das Saarland auf.

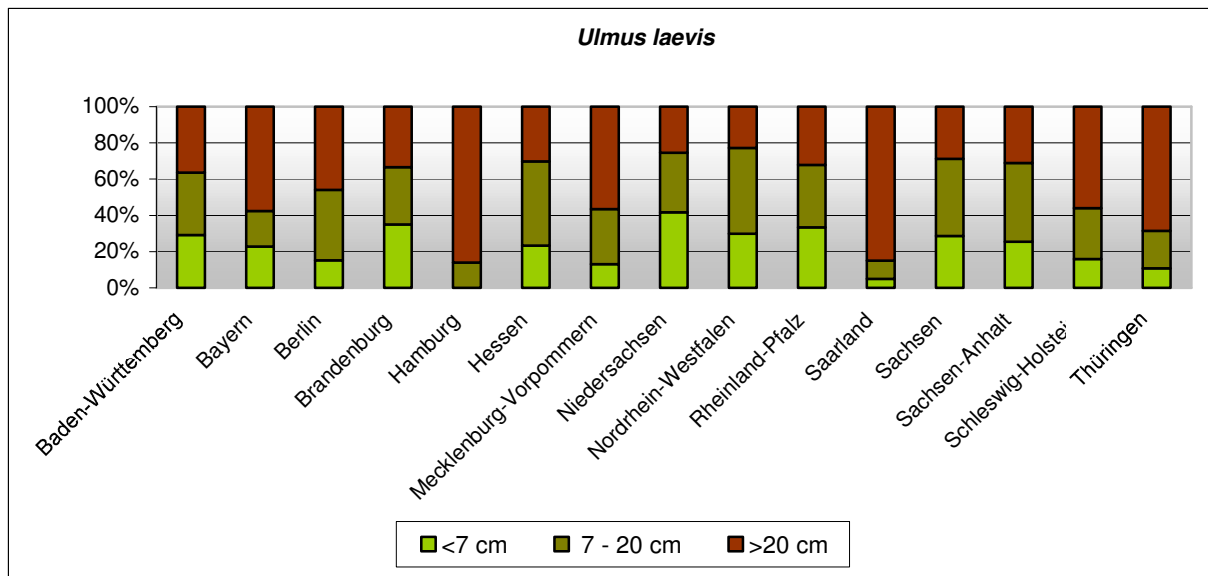


Abb. 4.3.6: Durchmesserstruktur in den Bundesländern von *Ulmus laevis*

Der Anteil der Bäume von *U. glabra* mit einem BHD < 7 cm liegt in allen Bundesländern mit Ausnahme von Sachsen, dem Saarland und Bayern deutlich über 50 % (Abb. 4.3.7). Der Anteil stärkerer Bäume mit BHD > 20 cm liegt dagegen in den meisten Bundesländern um bzw. unter 10 %, Werte über 20 % weisen nur Bayern und Sachsen auf. In Baden-Württemberg, Berlin, Brandenburg, Niedersachsen und dem Saarland liegen die Anteile sogar unter 5 %.

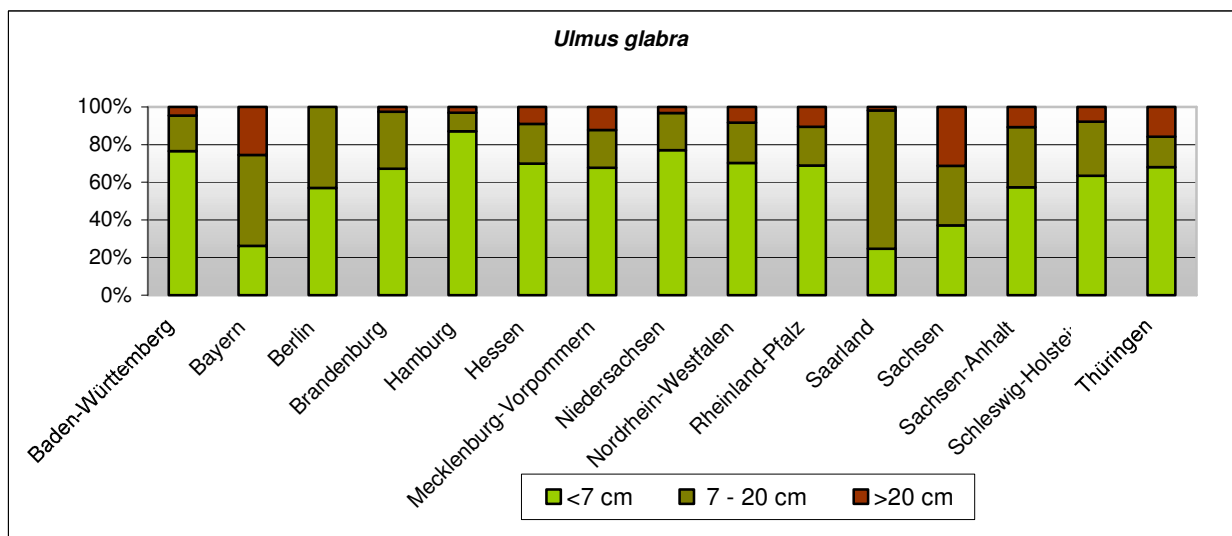


Abb. 4.3.7: Durchmesserstruktur in den Bundesländern von *Ulmus glabra*

Auch bei *U. minor* liegt der Anteil der Bäume < 7 cm BHD in allen Bundesländern mit Ausnahme von Baden-Württemberg, Hessen und dem Saarland deutlich über 50 % (Abb. 4.3.8). Der Anteil stärkerer Bäume mit BHD > 20 cm ist in den meisten Bundesländern sehr gering. Lediglich in Thüringen liegt er bei 30 % und in Baden-Württemberg bei 14 %.

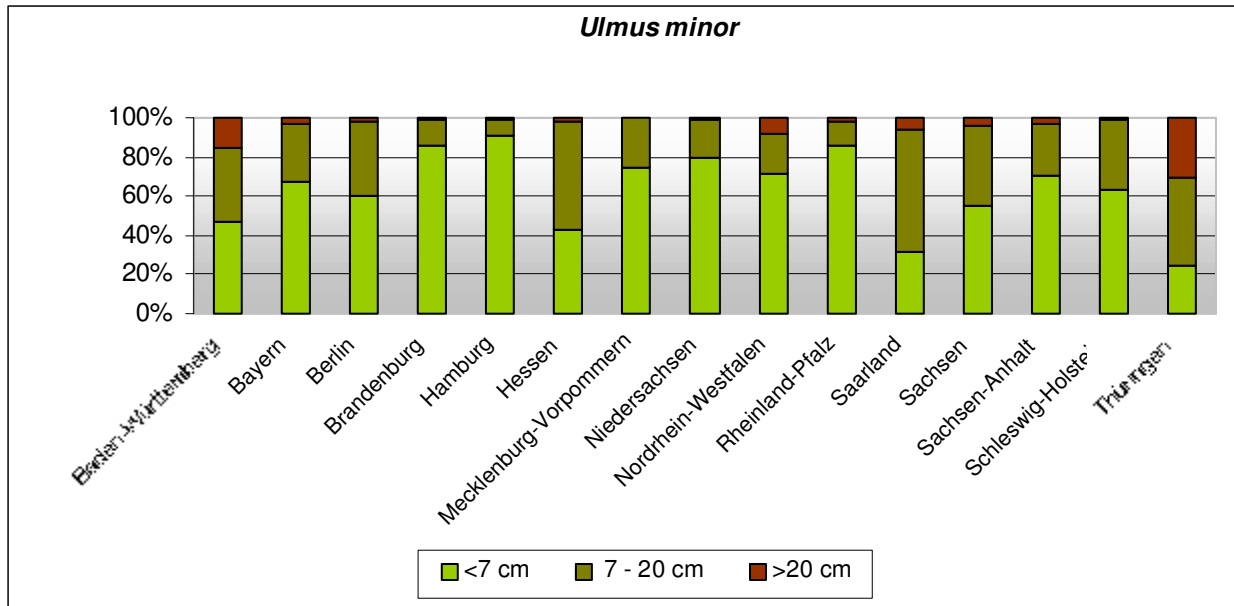


Abb. 4.3.8: Durchmesserstruktur in den Bundesländern von *Ulmus minor*

4.4 Vitalitätsstufen

Die Vitalität eines Vorkommens ist einer der entscheidenden Parameter, um die Anpassung eines Baumes an seinen Standort und die umgebende Umwelt zu beschreiben. Bei der Einschätzung der Erhaltungswürdigkeit ist die Vitalität daher von großer Bedeutung.

Zur Bonitierung der Vitalität der Bäume wurden die Stufen 0 (vital), 1 (geschwächt), 2 (merklich geschädigt) und 3 (absterbend) vergeben (Kapitel 3.6.5).

Beim Vergleich der Vitalitätseinstufung der drei Ulmen-Arten werden deutlich Unterschiede sichtbar (Abb. 4.4.1). Die höchste Vitalität im bundesweiten Vergleich besitzt *U. glabra*, mit 46 % Vitalität 0 und 32 % Vitalität 1. Bei *U. laevis* ist der Anteil der Vitalität 0 zwar deutlich geringer, die Vitalitätsstufen 0 und 1 zusammen haben aber immer noch einen Anteil von 59 %. Bei *U. minor* ergibt die Addition der Vitalitätsstufen 0 und 1 nur noch einen Wert von 48 %. Die Vitalitätsstufe 2 hat hier mit 44 % den höchsten Anteil an den Vorkommen und ebenso ist der Wert für die Vitalitätsstufe 3 mit 8 % im Vergleich zu den anderen Ulmen-Arten sehr hoch.

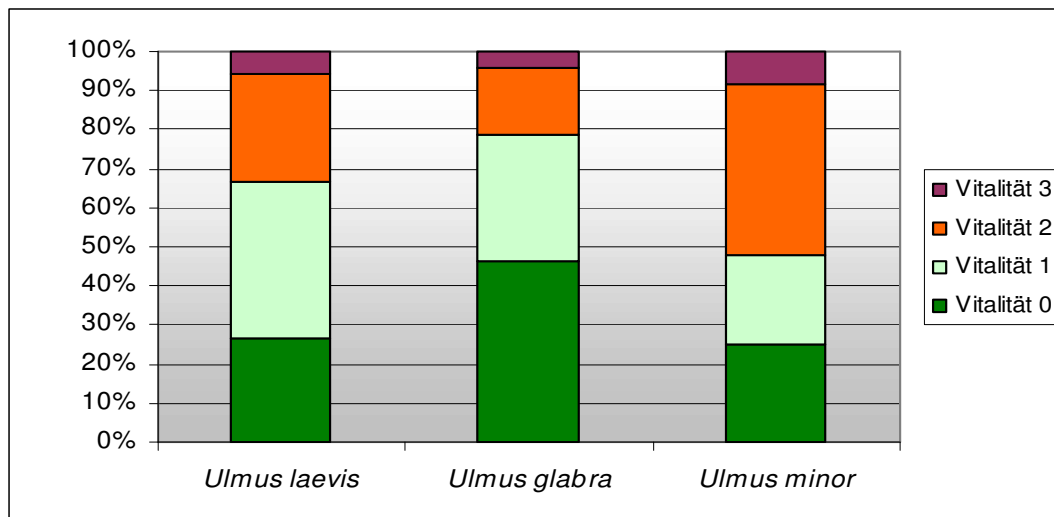


Abb. 4.4.1: Anteile der Vitalitätsstufen der drei Ulmen-Arten

Die Verteilung der Vitalitätsstufen von *U. laevis* innerhalb der einzelnen Bundesländer ist deutlich heterogen (Abb. 4.4.2). Während in den meisten Bundesländern die Werte für die Vitalität 0 und 1 Werte um die 80 % erreichen, was etwa auch dem Bundesdurchschnitt entspricht, beträgt der Wert in Brandenburg nur 60 %. In Hessen und Sachsen-Anhalt ist die Vitalität der Flatter-Ulme noch deutlich geringer, hier dominiert die Vitalitätsklasse 2 mit in Hessen 59 % und in Sachsen-Anhalt mit 57 %.

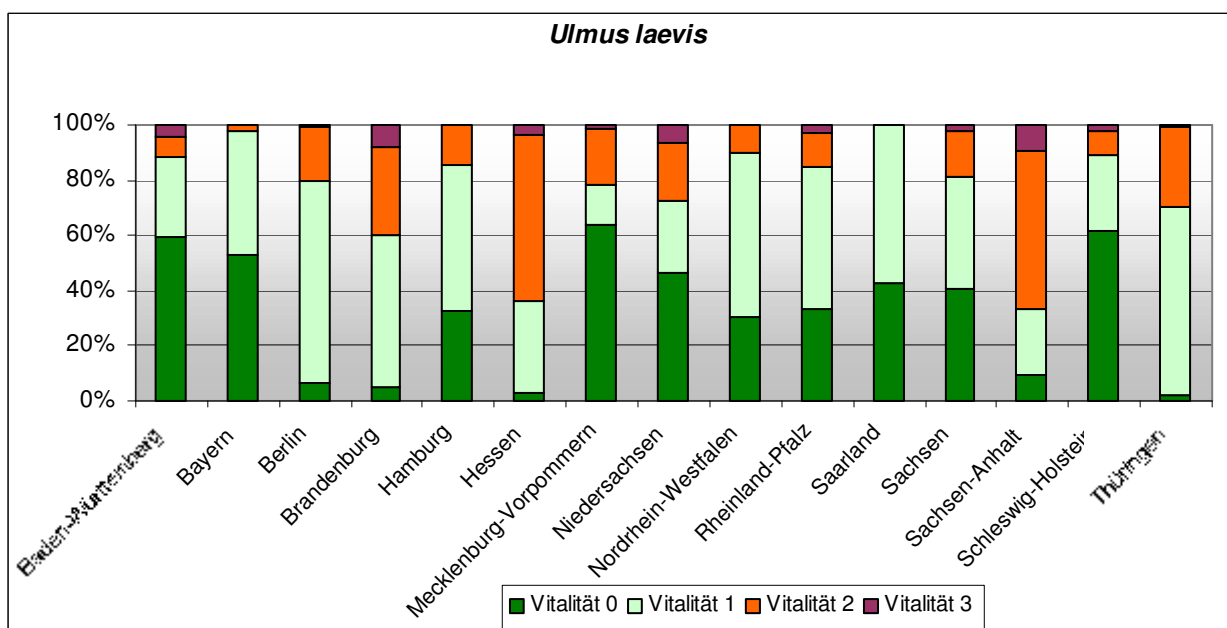


Abb. 4.4.2: Vitalitätsstufen nach Bundesländern *Ulmus laevis*

Hohe Anteile an Bäumen mit der Vitalität 0 haben vor allem Mecklenburg-Vorpommern und Schleswig-Holstein, was auch anhand der Abb. 4.4.3 deutlich wird. Bedeutende Zentren mit überdurchschnittlich vitalen Bäumen sind auf der Karte im westlichen Mecklenburg sowie im Osten von Sachsen zu erkennen.

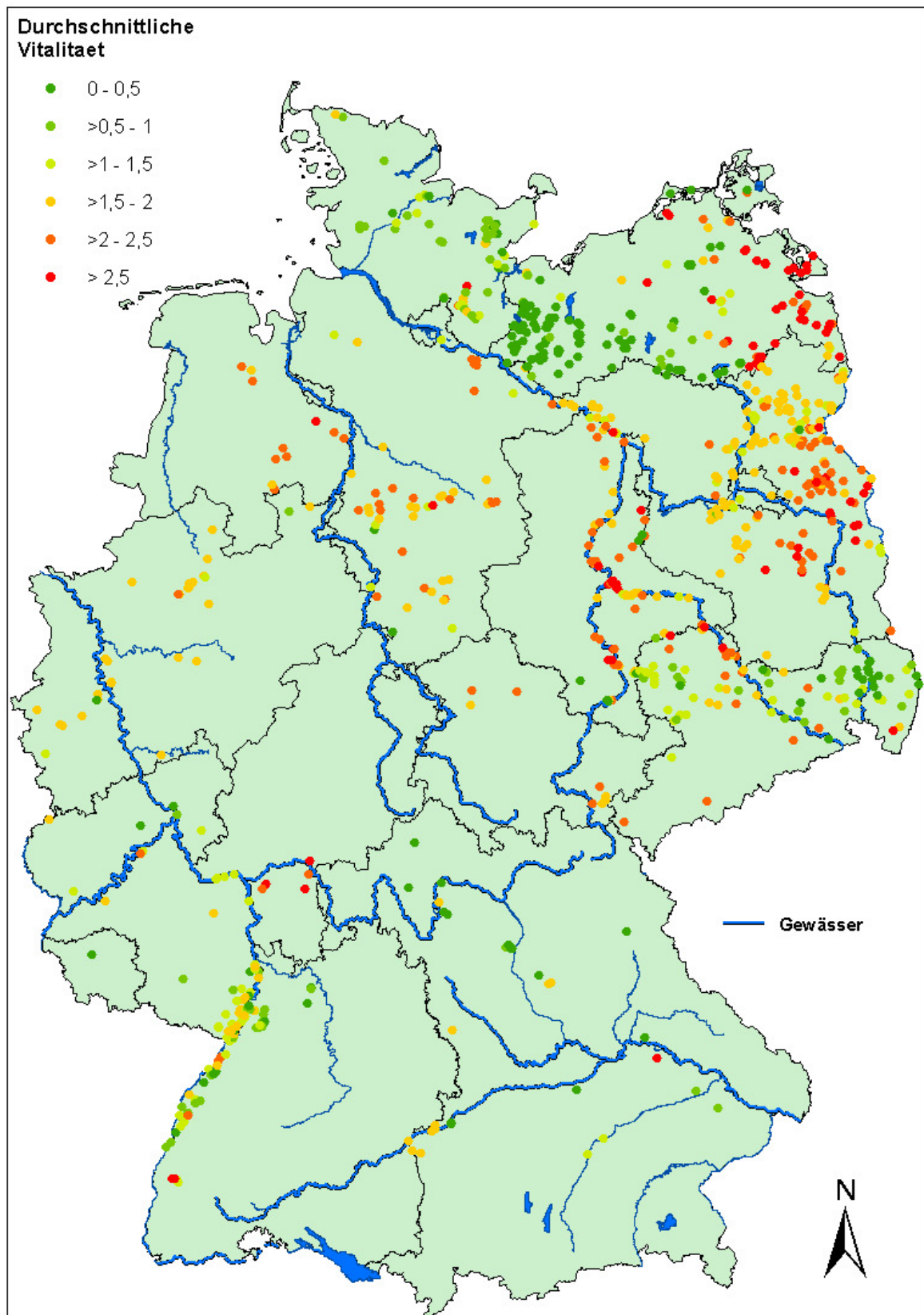


Abb. 4.4.3: Darstellung der Vitalitätstufen der Vorkommen von *Ulmus laevis*

Auch bei *U. glabra* bietet sich ein sehr heterogenes Bild (Abb. 4.4.4). In den meisten Bundesländern dominieren die besseren Vitalitätsstufen und die Werte der Klasse 0 und 1 erreichen zusammen 80 % und mehr. Wiederum in Hessen und Sachsen-Anhalt ist die Vitalität deutlich geringer als in den übrigen Bundesländern. In Hessen beträgt der Anteil der Bäume der Stufe 2 57 % und der Stufe 3 13 %, in Sachsen-Anhalt beträgt der Anteil der Bäume der Stufe 2 81 % und für die Stufe 3 8 %.

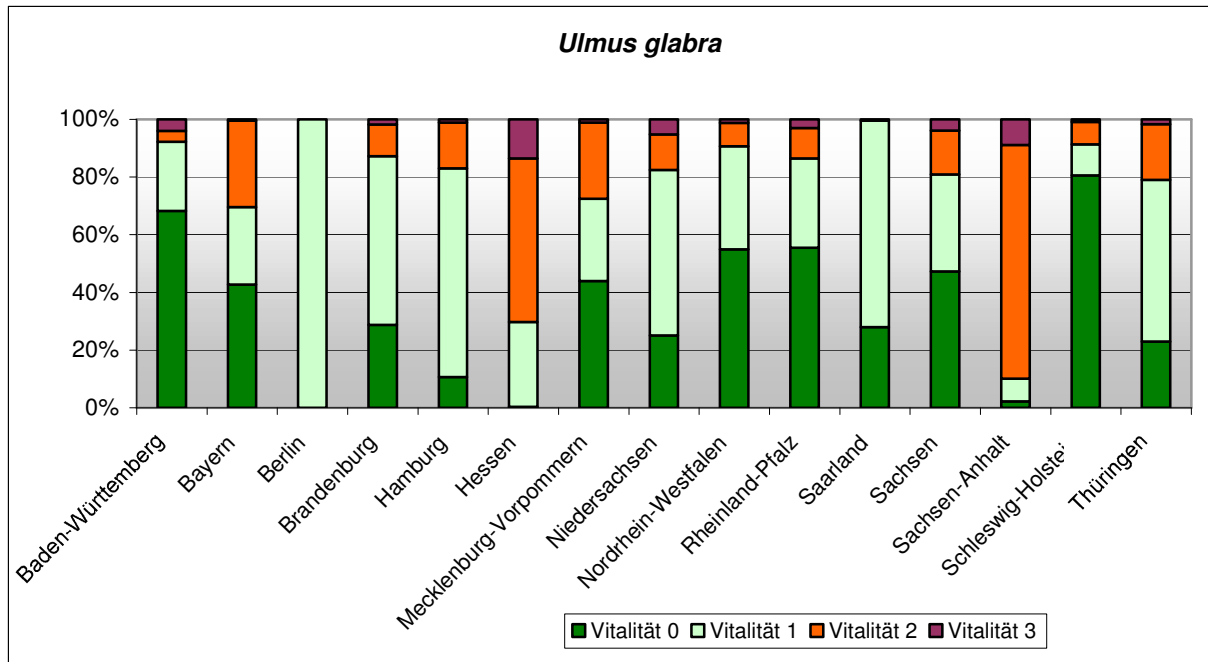


Abb. 4.4.4: Vitalitätsstufen nach Bundesländern von *Ulmus glabra*

Die geringere Vitalität in Hessen wird auch in Abb. 4.4.5 deutlich. Eine auffällig geringe Vitalität von *U. glabra* ist im Zentrum von Deutschland im Grenzbereich von Hessen, Thüringen und Niedersachsen zu finden.

Größere Populationen von Bäumen mit höherer Vitalität kommen vor allem in Schleswig-Holstein, Mecklenburg-Vorpommern und Baden-Württemberg aber auch in Rheinland-Pfalz vor.

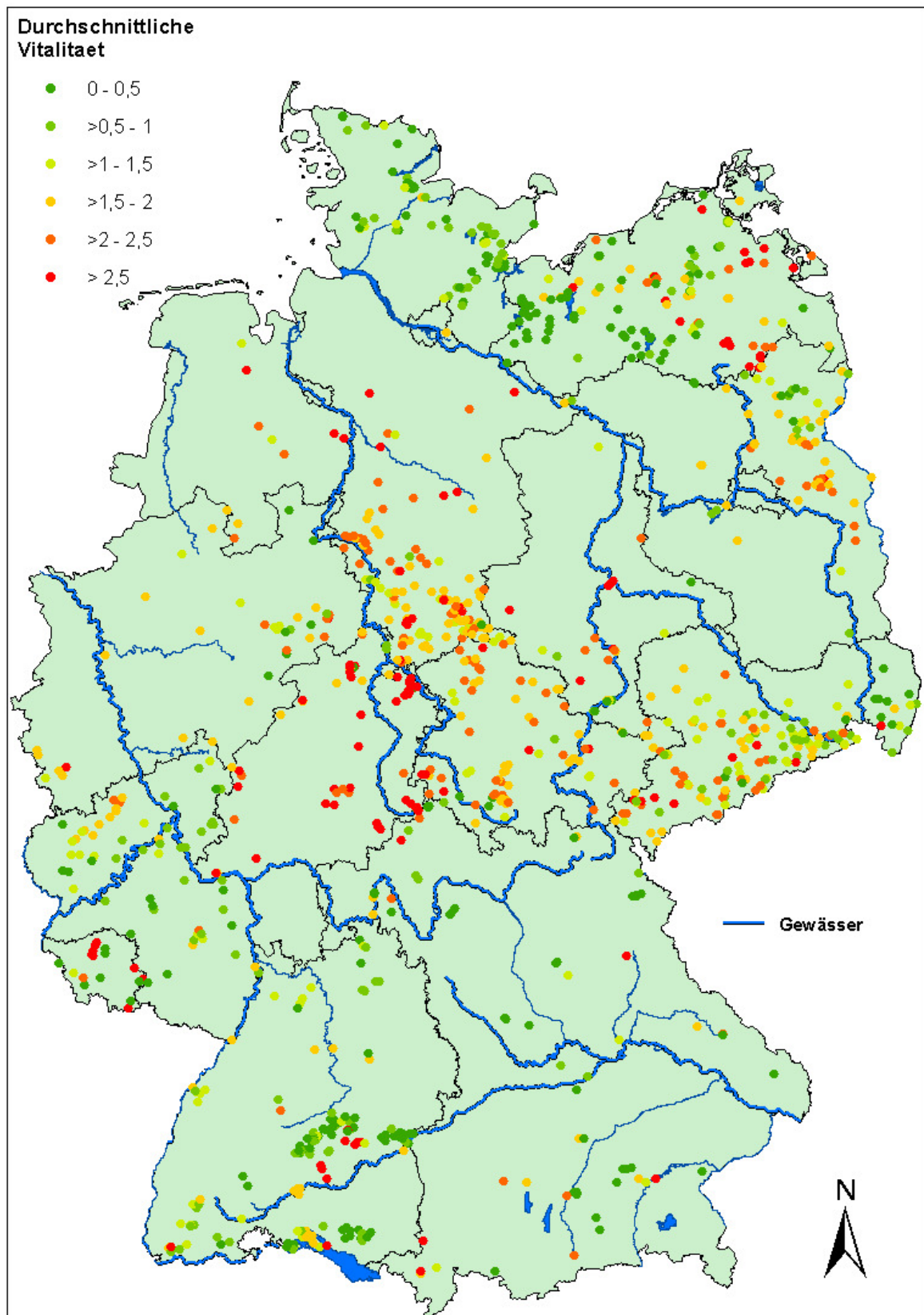


Abb. 4.4.5: Darstellung der Vitalitätsstufen der Vorkommen von *Ulmus glabra*

Auffallend bei *U. minor* ist, die schlechte Vitalität in mehreren Bundesländern (Abb. 4.4.6). Erneut ist die geringste Vitalität in Sachsen-Anhalt und Hessen zu verzeichnen, aber auch Niedersachsen und Sachsen weisen eher geringere Werte auf. In Niedersachsen tritt mit einem Anteil von 17 % für die Vitalität 3 ein sehr hoher Wert in dieser Stufe auf.

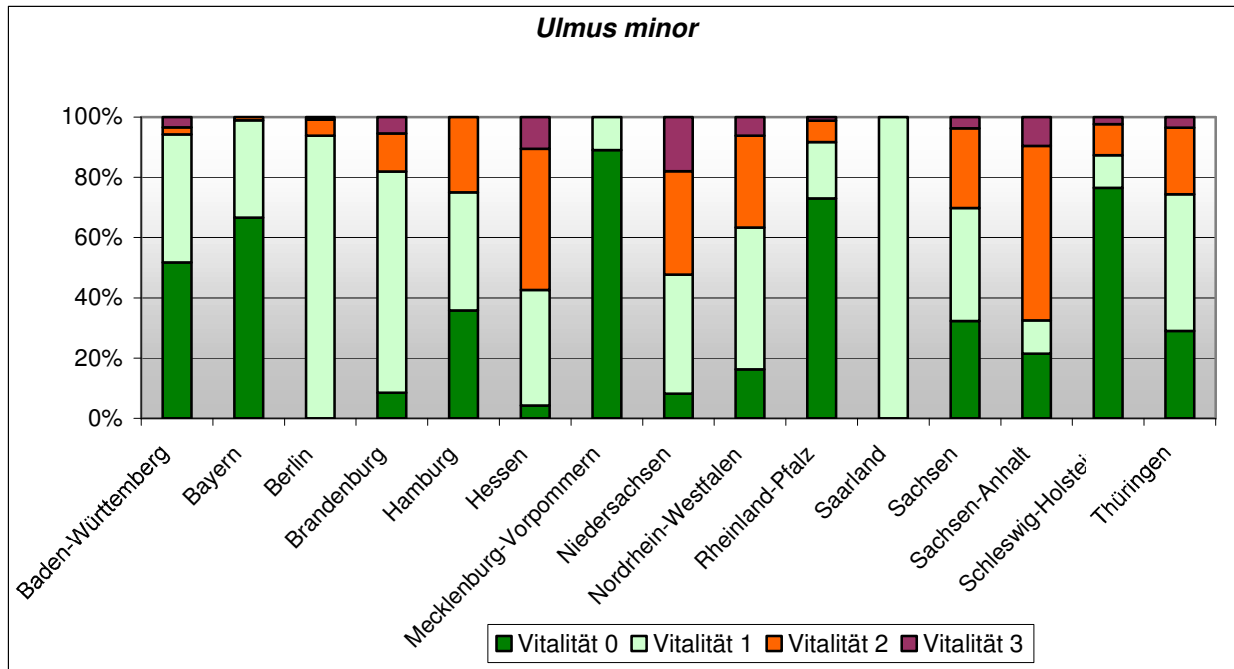


Abb. 4.4.6: Vitalitätsstufen nach Bundesländern von *Ulmus minor*

Eine deutliche Konzentration von Vorkommen mit sehr vitalen Bäumen ist in Abb. 4.4.7 westlich des Rheines in Rheinland-Pfalz zu erkennen. Ansonsten ist die Vitalität bei größeren Konzentrationen von Vorkommen eher gering. Beispiele dafür sind größeren Anhäufungen von Vorkommen in Sachsen-Anhalt und Brandenburg. Beispiele für stark isolierte Populationen mit höherer Vitalität sind in Schleswig-Holstein, Mecklenburg-Vorpommern und Bayern zu finden.

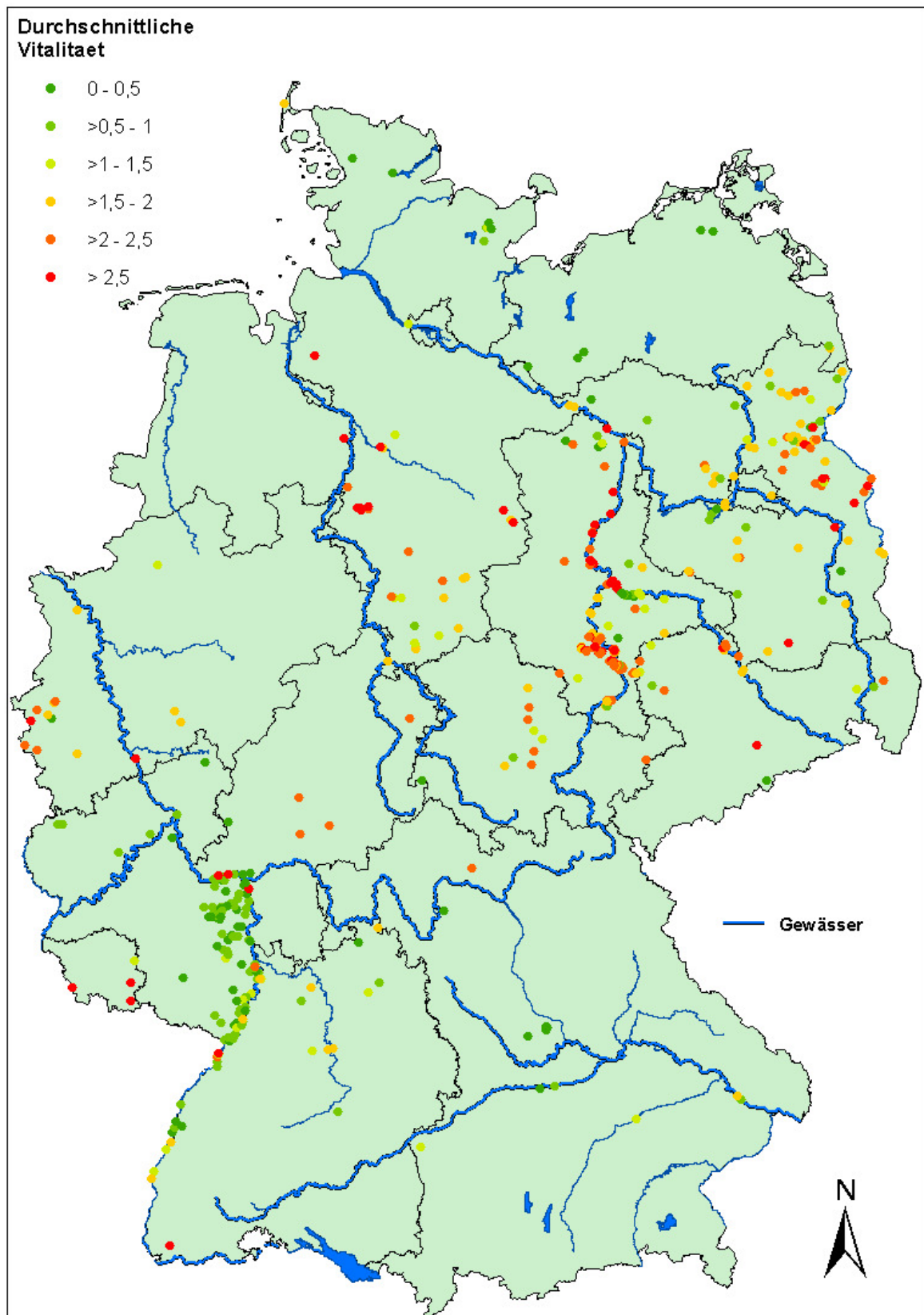


Abb. 4.4.7: Darstellung der Vitalitätsstufen der Vorkommen von *Ulmus minor*

4.5 Anteil der Altersstruktur- und Vitalitätsstufen

Für die Bewertung der Erhaltensfähigkeit und Erhaltenswürdigkeit ist eine integrative Betrachtung von Baumzahl, Altersstruktur der Population und Vitalität notwendig.

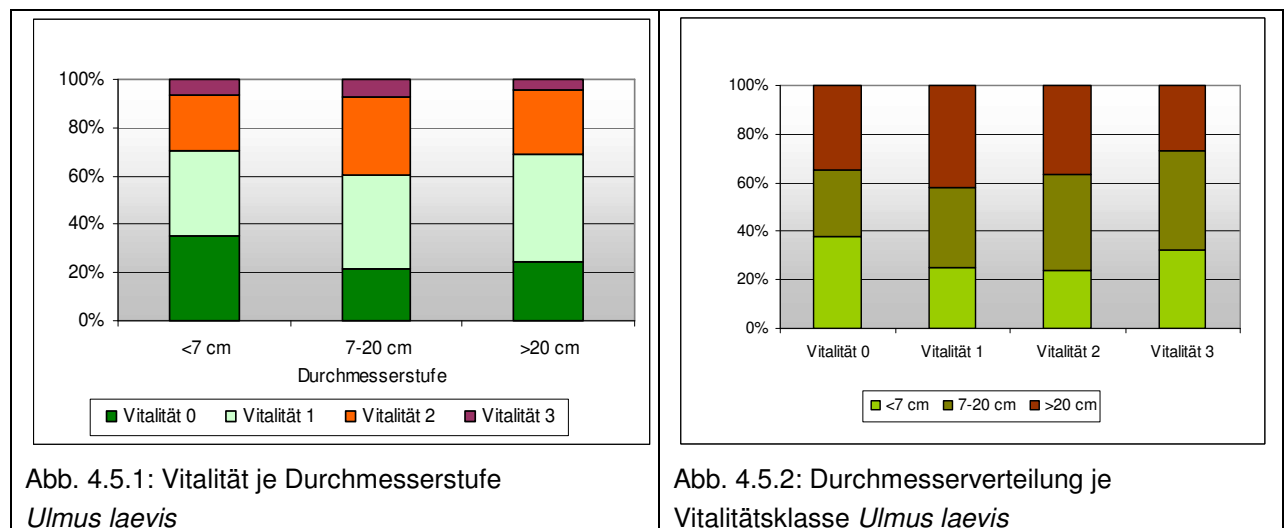
In den folgenden Abbildungen ist einerseits die bundesweite Verteilung der Vitalitätsstufen in den drei Durchmesserklassen und andererseits die Anteile der Durchmesserklassen in den vier Vitalitätsstufen dargestellt.

Bei *U. laevis* sind sowohl die Anteile der Vitalitätsstufen innerhalb der verschiedenen Durchmesserstufen als auch die Anteile der Durchmesserstufen innerhalb der verschiedenen Vitalitätsklassen relativ konstant gleich verteilt (Abb. 4.5.1).

Bei der Verteilung der Vitalitätsstufen auf die verschiedenen Durchmesserstufen beträgt der Wert für die Vitalität 0 und 1 zusammen in jeder BHD Klasse zwischen 60 % und 70 %. Die Werte für die Vitalität 2 liegen zwischen 20 % und 30 % und der Wert für die Vitalität 3 um bzw. unter 5 %.

Die Durchmesserverteilung innerhalb der Vitalitätsstufen bietet ebenfalls ein entsprechend ausgeglichenes Bild (Abb. 4.5.2).

Es sind jeweils keine eindeutigen Trends vorhanden.



Die Anteile der Vitalitätsstufen innerhalb der verschiedenen Durchmesserstufen bei *U. glabra* zeigen eine Abnahme der Vitalität bei ansteigenden BHD (Abb. 4.5.3). Der Anteil der merklich geschädigten (Vitalität 2) und stark geschädigten bis absterbenden Bäume (Vitalität 3) steigt von der BHD Stufe < 7 cm von 18 % auf 21 % bei der BHD Stufe 7 – 20 cm und 42 % bei der BHD Stufe >20cm an.

Ein ähnliches Bild ergibt sich bei den Anteilen der Durchmesserstufen innerhalb der verschiedenen Vitalitätsstufen (Abb. 4.5.4). In der Vitalitätsstufe 0 dominieren die jungen Bäume mit 80 %, ihr Anteil sinkt bis in die Vitalitätsstufe 3 auf ca. 45 % ab, die Werte der BHD Stufen 7-20 und >20cm steigen entsprechend an.

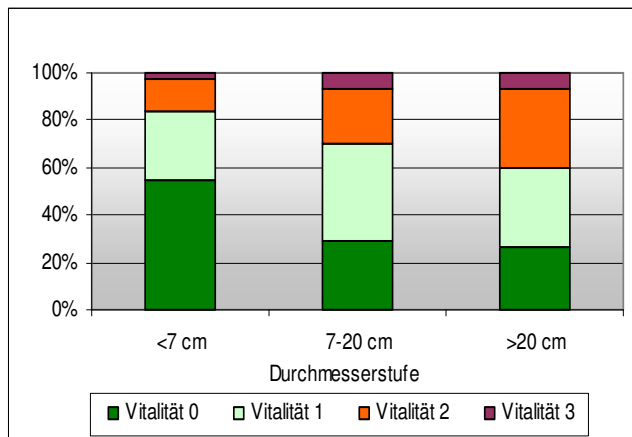


Abb. 4.5.3: Vitalität je Durchmesserstufe
Ulmus glabra

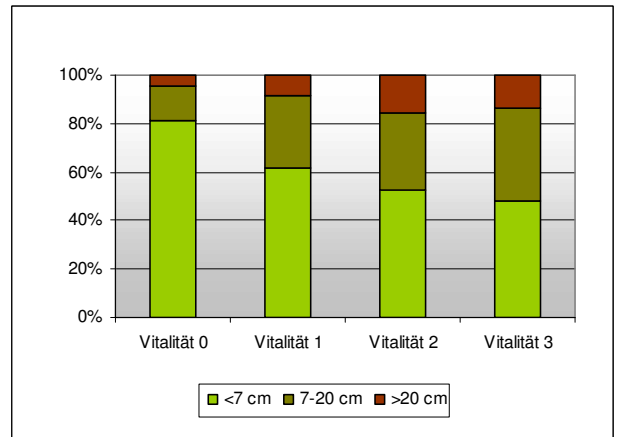


Abb. 4.5.4: Durchmesserverteilung je
Vitalitätsklasse *Ulmus glabra*

Die bei *U. minor* insgesamt geringere Vitalität (Abb. 4.5.5) ist bereits bei jüngeren Bäumen zu beobachten. Die Addition der Vitalitätsstufen 2 und 3 ergibt in der Durchmesserstufe < 7 cm, in der sich die mit Abstand meisten Bäume befinden, einen Anteil von 50 %. Der Anteil der Durchmesserstufen innerhalb der verschiedenen Vitalitätsstufen verdeutlicht ebenfalls, dass die jungen Bäume am vitalsten sind (Abb. 4.5.6). In der Vitalitätsstufe 0 dominiert die Alterstufe < 7 cm mit über 90 %.

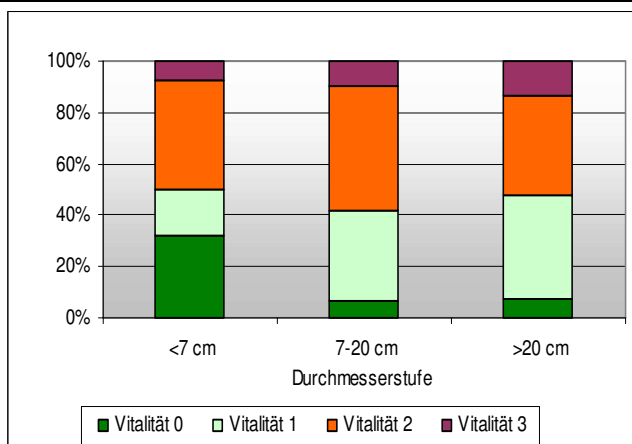


Abb. 4.5.5: Vitalität je Durchmesserstufe
Ulmus minor

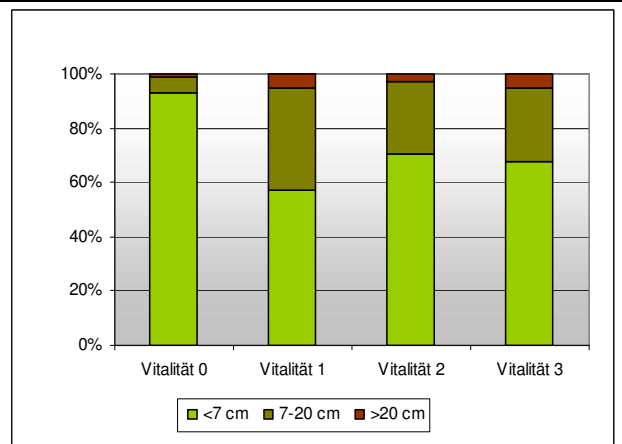


Abb. 4.5.6: Durchmesserverteilung je
Vitalitätsklasse *Ulmus minor*

4.6 Naturverjüngung

Der Anteil der Vorkommen mit Naturverjüngung bundesweit steigt von *U. laevis* mit 60 % zu *U. glabra* mit 70 % auf *U. minor* mit 86 % an (Abb. 4.6.1).

Bei der Auswertung der Naturverjüngung ist kritisch anzumerken, dass die Angabe „Naturverjüngung vorhanden“ im Erfassungsbogen recht allgemein ist. Dies sollte zukünftig genauer untersetzt werden.

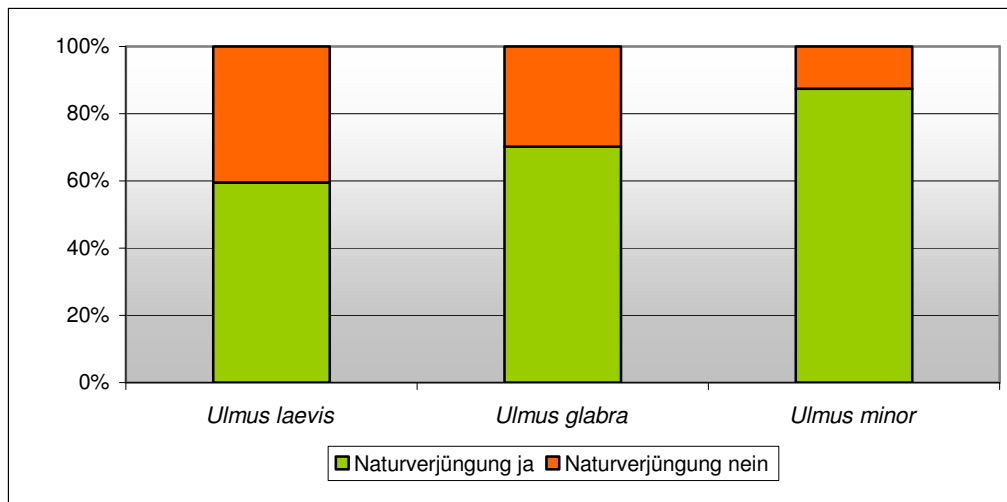


Abb. 4.6.1: Anteile der Vorkommen mit Naturverjüngung, bundesweit

Bei der Betrachtung der Vorkommen von *U. laevis* auf der Ebene der Bundesländer ergibt sich ein sehr heterogenes Bild (Abb. 4.6.2). In Hamburg und dem Saarland fehlt die Naturverjüngung völlig, Schleswig-Holstein mit unter 5 % und Thüringen mit ca. 25 % weisen sehr geringe Werte auf. Auffällig hoch sind die Werte in Hessen mit 100 % und Rheinland-Pfalz mit knapp unter 100 % aller Vorkommen. Allerdings weisen alle genannten Bundesländer auch keine große Zahl an Vorkommen der Flatter-Ulme auf (Kap. 4.1.1). Die meisten Bundesländer mit den größeren Vorkommen, wie z. B. Brandenburg, erreichen Werte zwischen 60 % und 80 %.

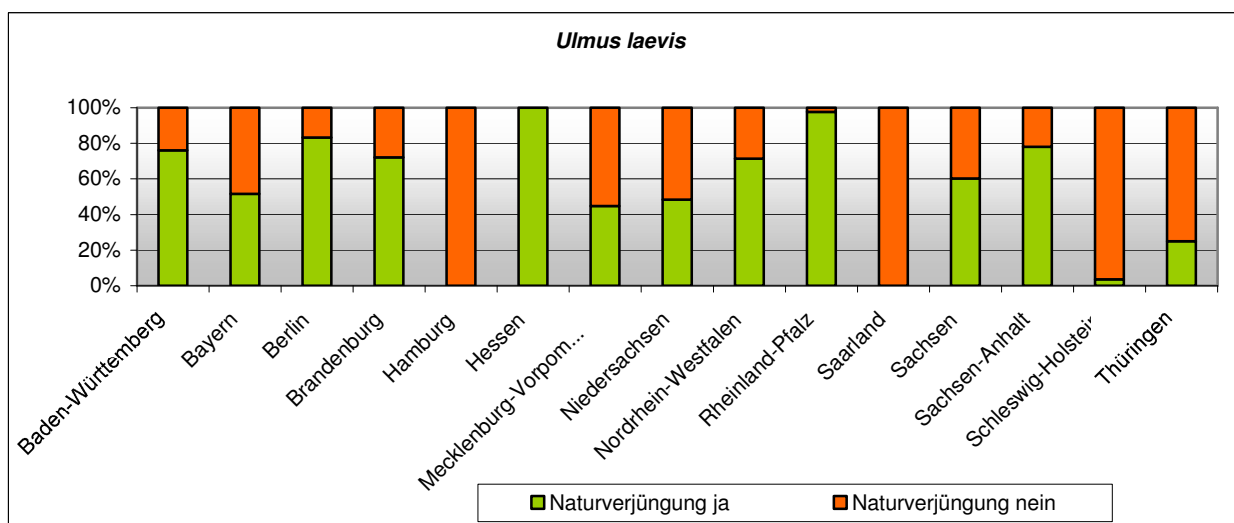


Abb. 4.6.2: Naturverjüngung nach Bundesländern von *Ulmus laevis*

Einige Tendenzen bei der Verteilung der Vorkommen mit Naturverjüngung lassen sich aus Abb. 4.6.3 erkennen. So weisen fast alle Populationen, die unmittelbar am Rhein oder an seinen Zuflüssen liegen, Naturverjüngung auf. Insgesamt liegen die Hauptvorkommen der Art eher im Nordosten von Deutschland (Kap 4.1.1) allerdings haben die Vorkommen im Südwesten deutlich höhere Anteile an Naturverjüngung.

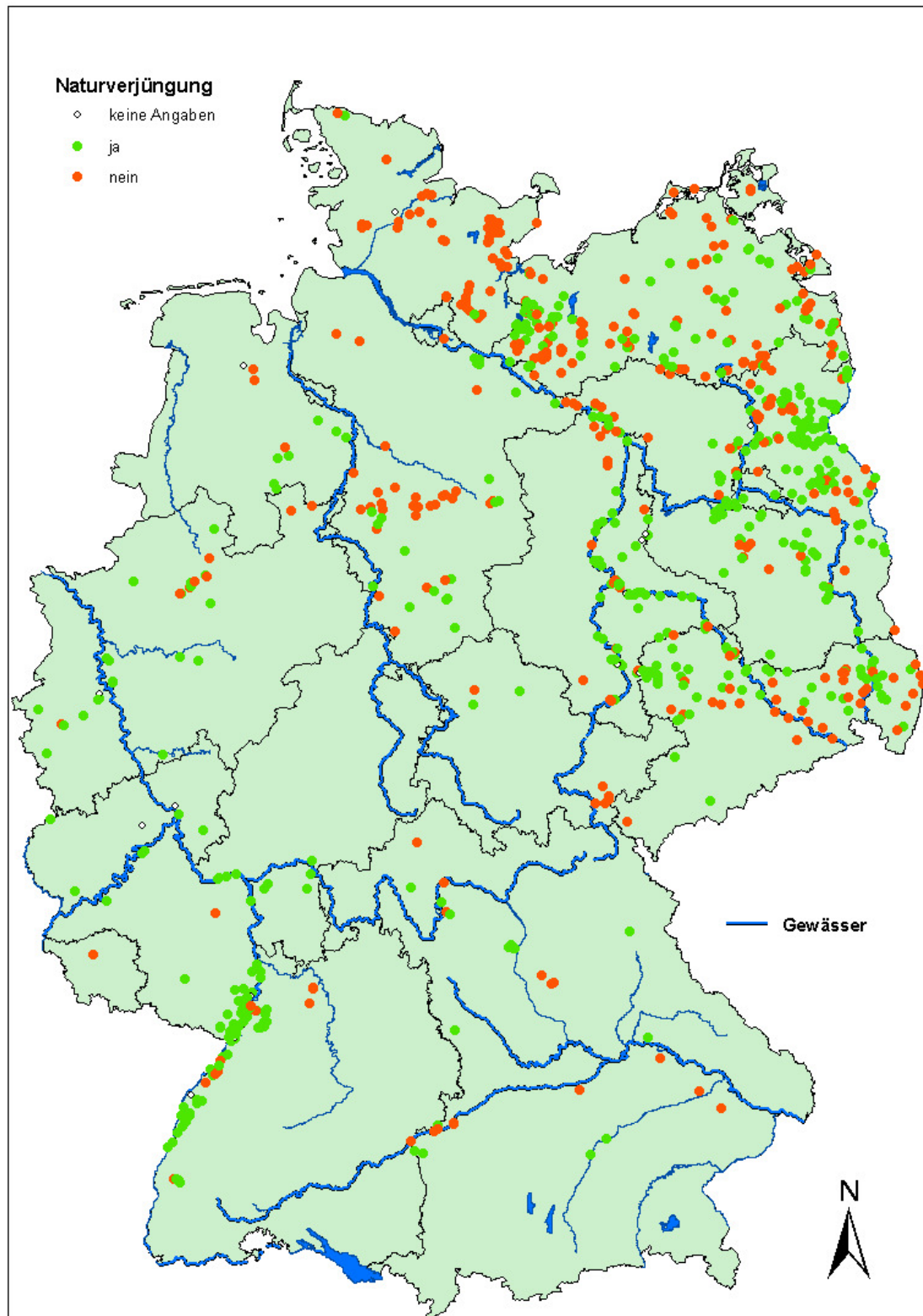


Abb. 4.6.3: Vorkommen mit Naturverjüngung von *Ulmus laevis*

Bei *U. glabra* weisen einige Länder mit geringerem Gesamtvorkommen (Kap 4.1.1) hohe Anteile an Vorkommen mit Naturverjüngung auf, wie z. B. Hamburg und Berlin mit 100 % (Abb. 4.6.4). Aber auch Brandenburg und Rheinland- Pfalz mit größeren Berg-Ulmen-Vorkommen erreichen Werte von über 95 %.

Auffällig geringe Werte traten in Bayern mit 40 % und in Schleswig-Holstein mit 10 % auf.

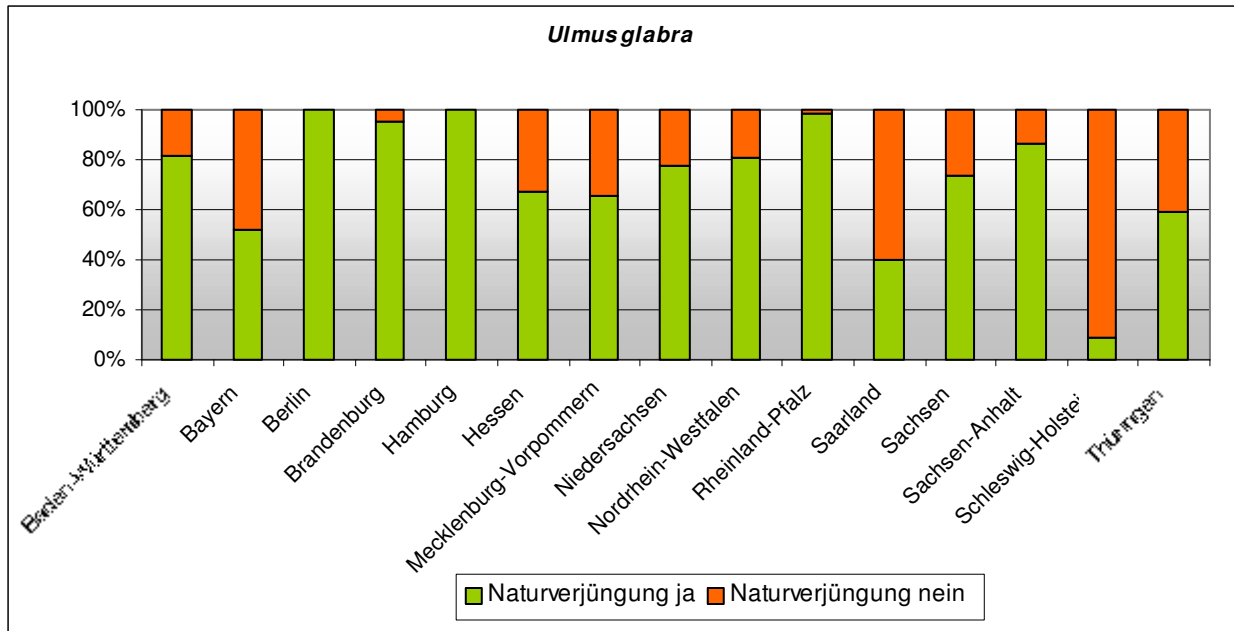


Abb. 4.6.4: Naturverjüngung nach Bundesländern von *Ulmus glabra*

Aus der Verteilung der Vorkommen in Abb. 3.6.5 lassen sich wenige deutliche Trends ablesen. Lediglich auffällig ist eine erhöhte Konzentration von Vorkommen ohne Naturverjüngung in Schleswig-Holstein sowie im Norden von Mecklenburg-Vorpommern.

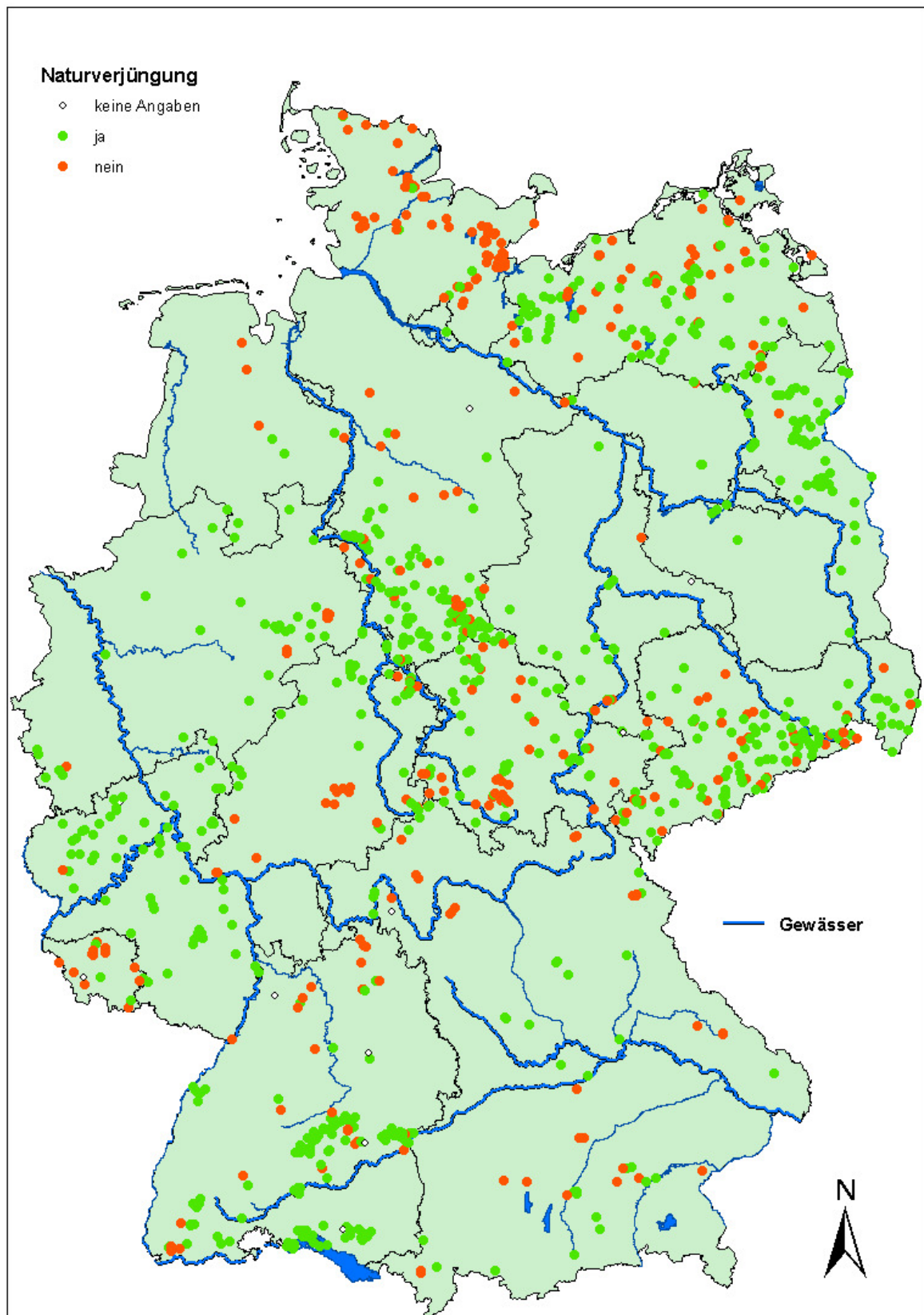


Abb. 4.6.5: Vorkommen mit Naturverjüngung von *Ulmus glabra*

Auch bei *U. minor* weisen Länder mit geringen Gesamtorkommen (Kap. 4.1.1) sehr wenige Vorkommen mit Naturverjüngung auf, wie Schleswig-Holstein, Thüringen, Hessen und Mecklenburg-Vorpommern. Baden-Württemberg, als ein Land mit durchaus vielen Vorkommen, hat einen vergleichsweise geringen Anteil von 70 % an Vorkommen mit Naturverjüngung, alle anderen Bundesländer haben Werte von knapp 90 % bis 100 % (Abb. 4.6.6).

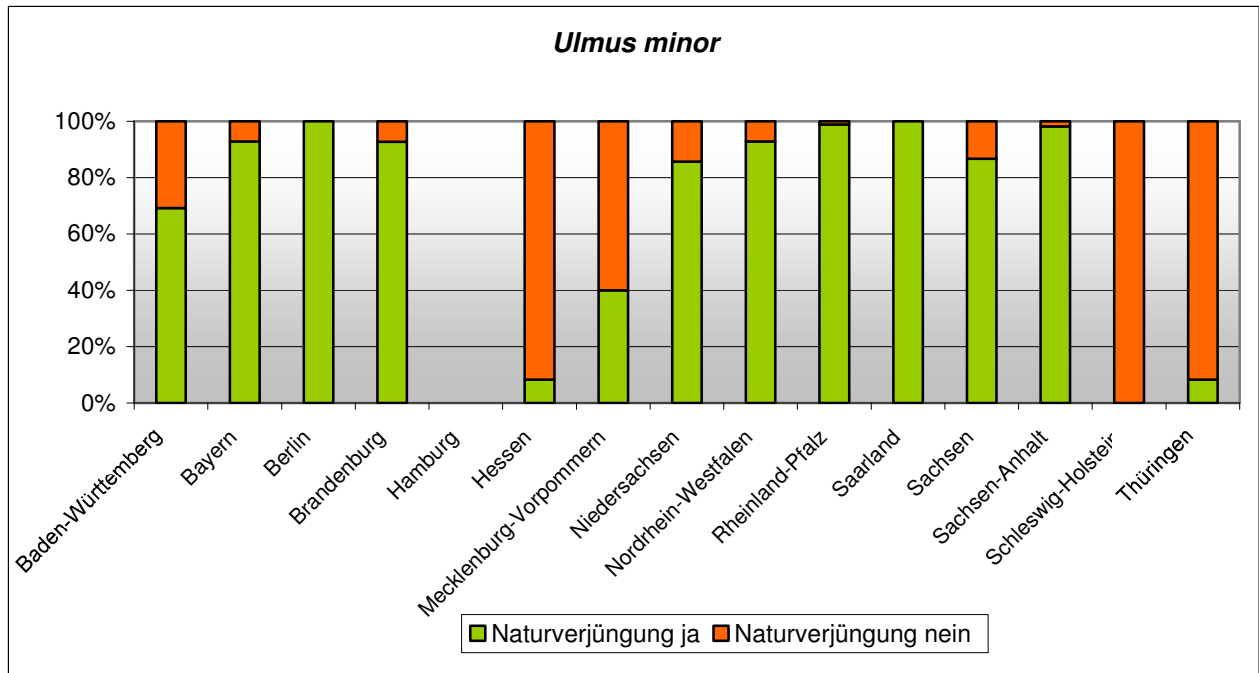


Abb. 4.6.6: Naturverjüngung nach Bundesländern von *Ulmus minor*

U. minor ist die Ulmenart mit den wenigsten Vorkommen ohne Naturverjüngung (s.o.). Daher sind in der Abb. 4.6.7 große Gebiete mit Naturverjüngung dargestellt. Auffällig ist, dass Vorkommen ohne Naturverjüngung häufig geklumpt auftreten. Ein großer Bereich ohne Naturverjüngung ist erneut in Schleswig-Holstein zu finden. Weitere Häufungen treten in Thüringen, Hessen sowie entlang des Rheines auf.

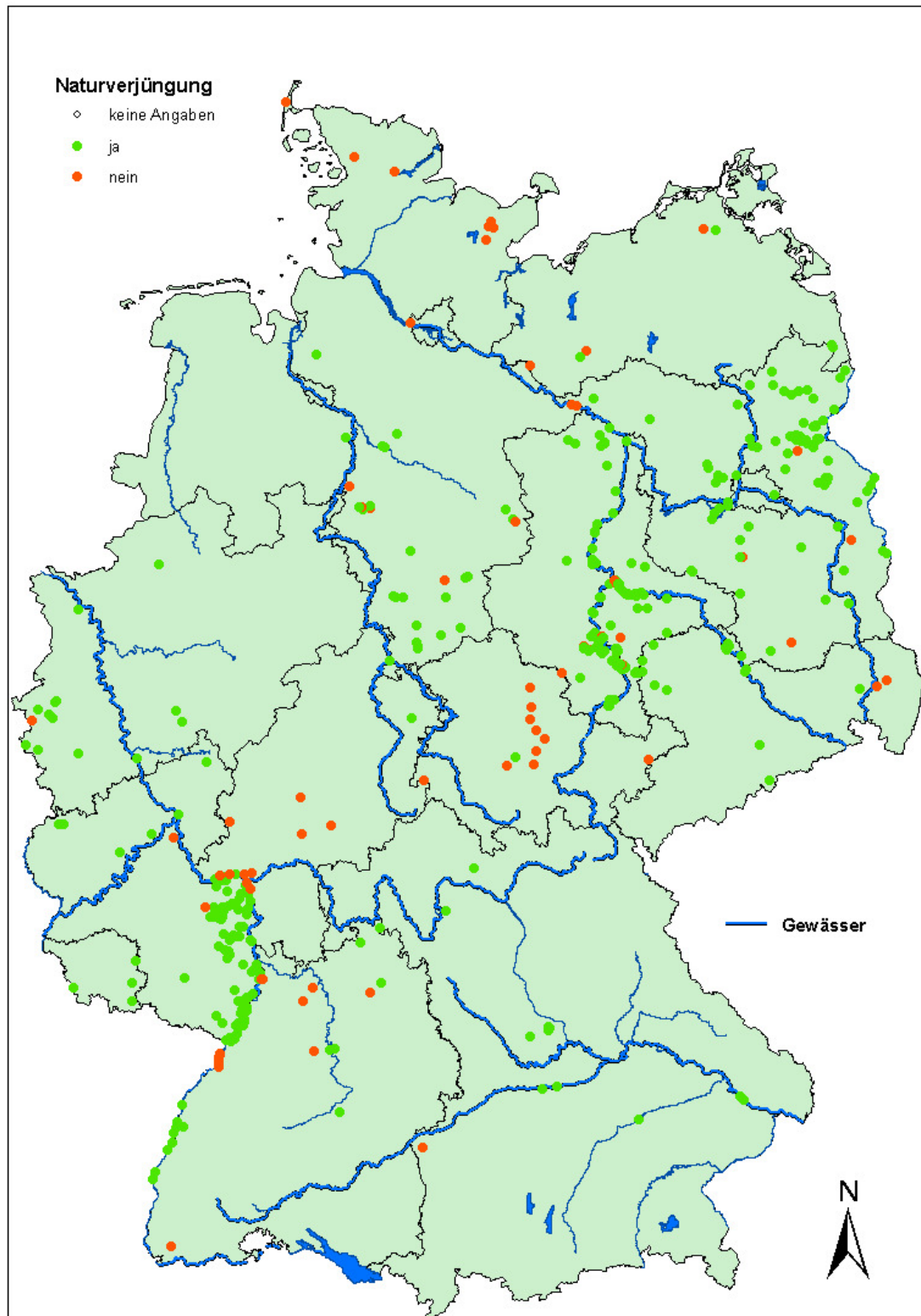


Abb. 4.6.7: Vorkommen mit Naturverjüngung von *Ulmus minor*

Bei der Gesamtbetrachtung des Anteils der Vorkommen mit Naturverjüngung aller drei Ulmen-Arten im Bezug auf die Bundesländer fällt auf, dass in Schleswig-Holstein der niedrigste Wert bestimmt wurde. Im Gegensatz dazu wurde in Rheinland-Pfalz ein konstant sehr hoher, bzw. der höchste Anteil für die Naturverjüngung erreicht.

4.7 Eigentumsverhältnisse

Der Eigentumsnachweis bezieht sich nicht immer auf die gesamte Fläche der einzelnen Vorkommen, da die Grenzen der Vorkommen nicht mit den Eigentumsgrenzen übereinstimmen müssen. Es wurde immer die Eigentumsart angegeben die den flächenmäßig größten Anteil an dem Vorkommen hat. Bei allen drei Ulmen-Arten konnte für einen Teil der Vorkommen keine Eigentumsart bestimmt werden. Dies hat verschiedene Gründe, zumeist handelt es sich dabei um sehr kleinparzellierte Flächen oder landwirtschaftliche Flächen bei denen die Eigentumsbestimmung nur über kostenpflichtige Anfragen bei den Katasterämtern möglich gewesen wäre. Man kann davon ausgehen, dass es sich bei der Mehrzahl der Flächen ohne Eigentumsangabe um Privatbesitz handelt.

Bei dem bundesweiten Vergleich der drei Ulmen-Arten fällt auf, dass Vorkommen in Nichtprivatwald den höchsten Anteil haben (Abb. 4.7.1). Bei *U. minor* ist dies noch am geringsten ausgeprägt, da diese Ulmenart am häufigsten auch außerhalb des Waldes auf landwirtschaftlichen Flächen zu finden ist. Dadurch ist auch der erhöhte Anteil an fehlenden Eigentumsangaben zu erklären. Im Wald haben Landeswald und Kommunalwald den größten Anteil, der des Bundeswaldes ist sehr gering. Der Anteil des Treuhandwaldes erreicht bei *U. laevis*, die ihr Hauptvorkommen in den neuen Bundesländern besitzt, max. 5 %. Im Privatwald liegen die meisten Vorkommen im Kleinprivatwald.

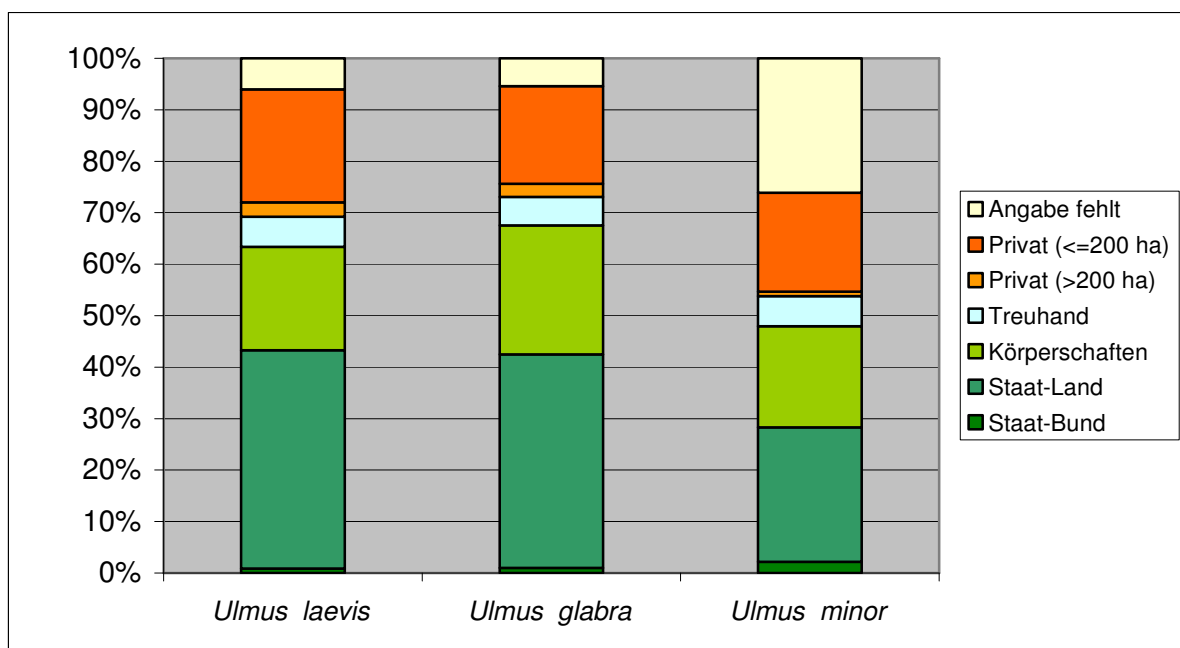


Abb. 4.7.1: Eigentumsarten der 3 Ulmen-Arten bundesweit

In vielen Bundesländern liegen die meisten Vorkommen von *U. laevis* im Nicht-Privatwald, zumeist im Landes- oder Kommunalwald (Abb. 4.7.2). Dies ist z. B. in Baden-Württemberg, Bayern, Berlin, Hessen, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen dem Saarland und Schleswig-Holstein der Fall. Ein erhöhter Anteil von privatem Eigentum liegt in Brandenburg mit 43 % und in Sachsen mit 61 % vor.

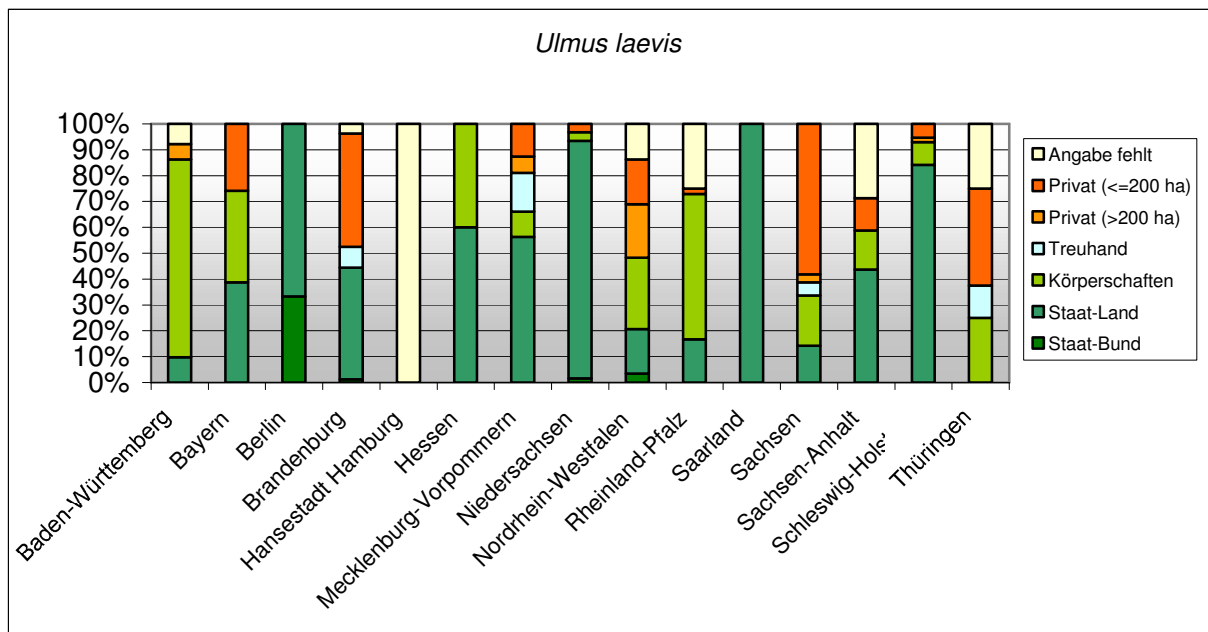


Abb. 4.7.2: Eigentumsarten nach Bundesländern für *Ulmus laevis*

Von *U. glabra* befindet sich in den meisten Bundesländern der größte Teil der erfassten Vorkommen im Nicht-Privatwald (Abb. 4.7.3). Lediglich in Brandenburg sind 57 % und in Sachsen 45 % der Vorkommen in Privatbesitz. In Mecklenburg-Vorpommern ist der Anteil der Vorkommen, die durch die Treuhand verwaltet werden, mit 24 % relativ hoch.

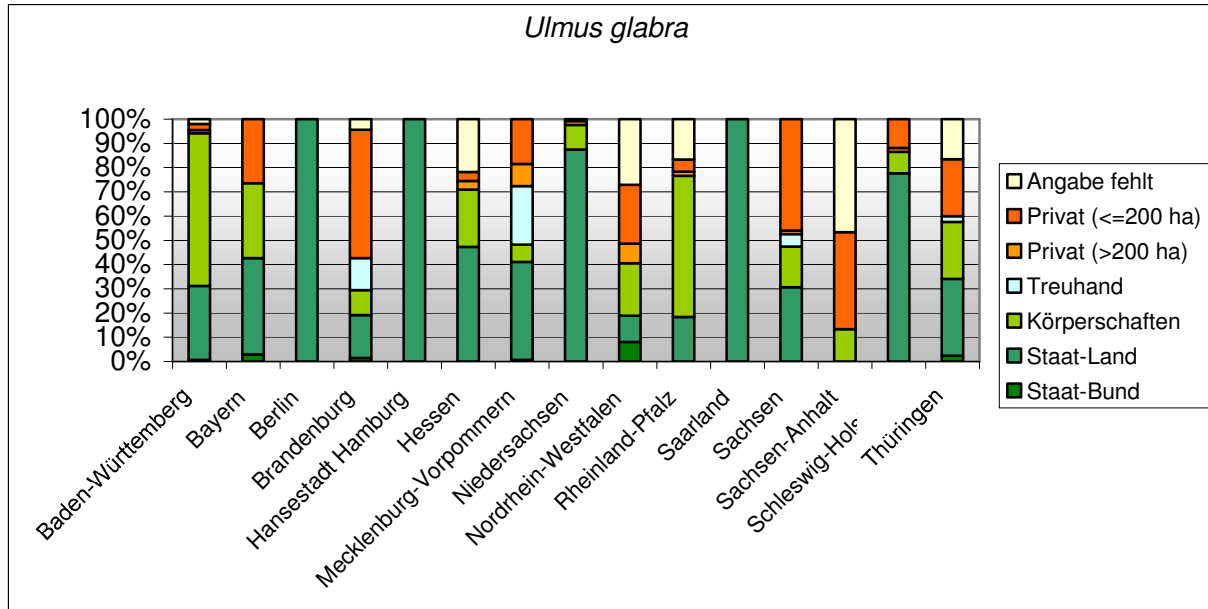


Abb. 4.7.3: Eigentumsarten nach Bundesländern für *Ulmus glabra*

In Sachsen-Anhalt, dem Bundesland mit den größten und individuenreichsten Vorkommen von *U. minor*, liegt der größte Teil der Vorkommen im Landeswald und anderem Nicht-Privatwald. Allgemein dominiert auch in den meisten anderen Bundesländern der Nicht-Privatwald. Ausnahmen sind die Bundesländer Sachsen mit 66 % und Brandenburg mit 47 % Privateigentum (Abb. 4.7.4).

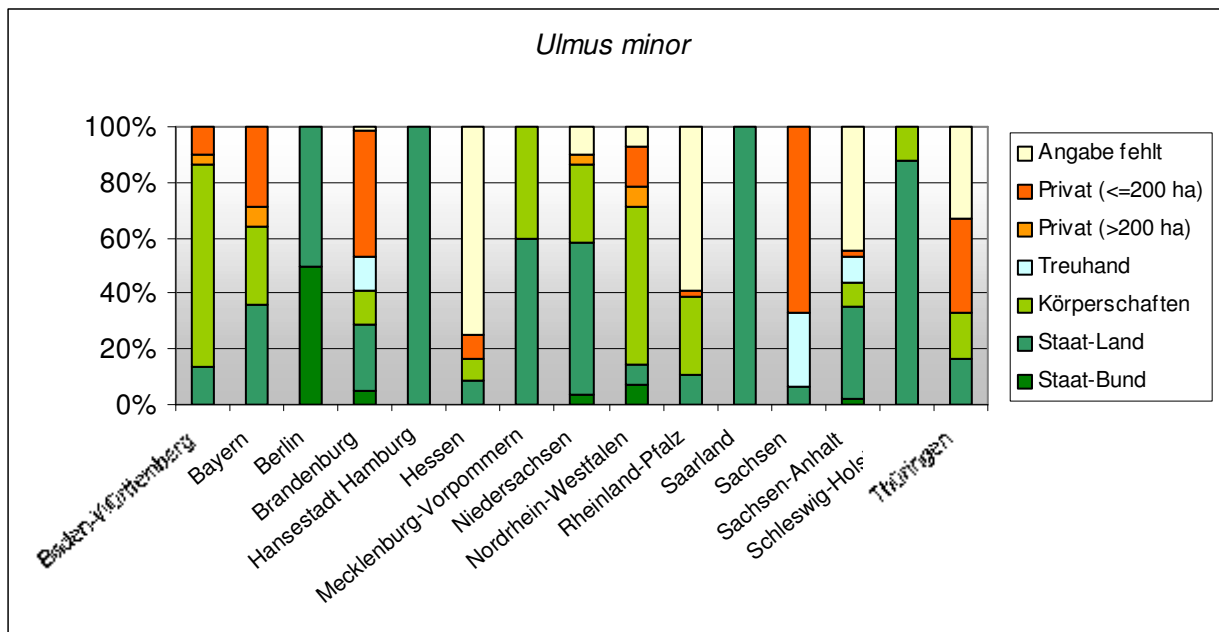


Abb. 4.7.4: Eigentumsarten nach Bundesländern für *Ulmus minor*

4.8 Schutzstatus

Beim Vergleich der drei Ulmen-Arten bezüglich ihrer Lage in Schutzgebieten wird deutlich, dass *U. minor* und *U. laevis* relativ häufiger in den strengen Schutzgebietskategorien wie FFH, SPA und NSG zu finden sind, als *U. glabra*, die lediglich in der sehr schwachen Schutzgebietskategorie Naturpark den höchsten Wert erreicht (Abb. 4.8.1).

Auffällig ist, dass 54 % bis 63 % aller Vorkommen der 3 Ulmen-Arten in Landschaftsschutzgebieten wachsen. Auch der Anteil in Natura 2000 Gebieten ist verglichen mit dem Anteil dieser Gebiete an der Gesamtfläche Deutschlands recht hoch. FFH-Gebiete haben in Deutschland einen Flächenanteil von 9,3 %. Bei den Erfassungen konnten 34 % (*U. glabra*), 41 % (*U. laevis*) und 42 % (*U. minor*) der Vorkommen in FFH -Gebieten nachgewiesen werden. SPA-Gebiete (Special Protected Areas) haben einen Anteil von 8,5 % an der Landesfläche Deutschlands, bei den Untersuchungen konnten 36 % der Vorkommen von *U. minor*, 30 % der von *U. laevis* und 17 % der von *U. glabra* in diesen Gebieten erfasst werden. Beide Natura 2000 Schutzgebietskategorien besitzen folglich einen überdurchschnittlich hohen Anteil der Vorkommen.

Nur 10 % der erfassten Vorkommen von *U. laevis*, 24 % der von *U. glabra* und 44 % der von *U. minor* sind in keiner der sieben aufgeführten Kategorien vertreten.

Bei *U. laevis* ist die hohe Präsenz in Schutzgebieten auch dadurch zu erklären, dass diese Baumart verstärkt in Flußauen und am Rand von Feuchtgebieten vorkommt, also in Landschaftsteilen, die sehr oft geschützt sind, im Besonderen auch durch Natura 2000 Schutzgebiete. Bei *U. minor* trifft dies im Bezug auf die Flussauen ebenfalls bedingt zu, allerdings wächst hier auch fast die Hälfte aller erfassten Vorkommen außerhalb von Schutzgebieten. Letzteres könnte auch durch Vorkommen in Saum- Rand- und Heckenstrukturen von landwirtschaftlichen Flächen oder Weinbergen zu erklären sein.

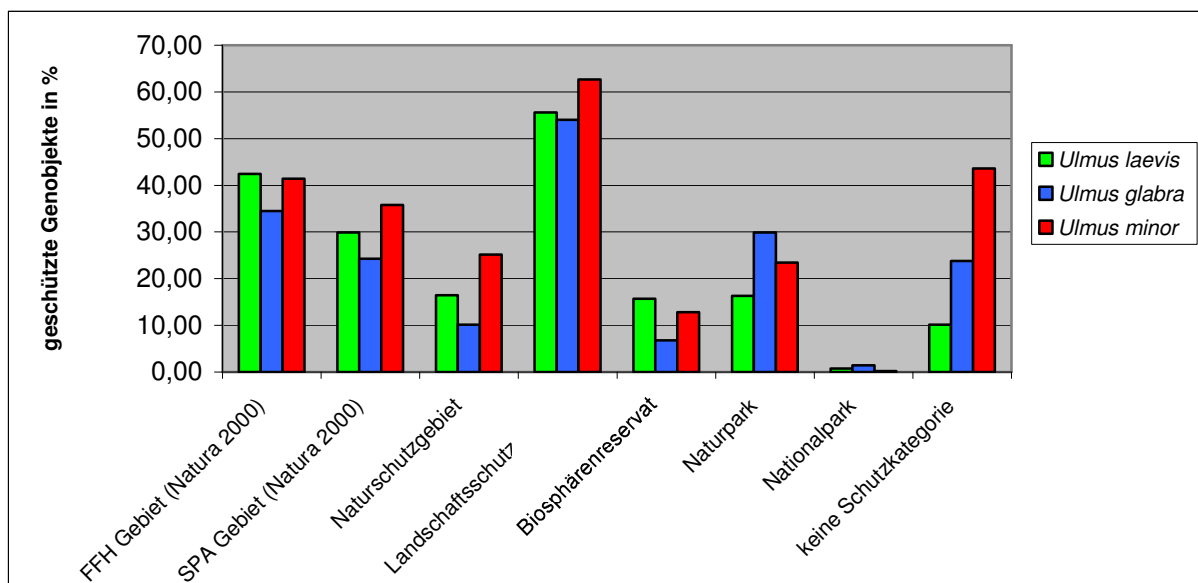


Abb. 4.8.1: Prozentualer Anteil Vorkommen der 3 Ulmen-Arten in Schutzgebietskategorien bundesweit (Mehrfachnennungen möglich).

4.9 Populationsgenetische Struktur bei ausgewählten Vorkommen

4.9.1 *Ulmus laevis*

Charakterisierung der genetischen Variation in den untersuchten Vorkommen

Untersucht wurden Stichproben aus zehn Vorkommen und neun Bundesländern, die insgesamt 490 Individuen umfassten (Tabelle 4.9.1). Das Vorkommen ST 3 wurde aufgrund der sehr kleinen Stichprobe nicht untersucht.

Tabelle 4.9.1: Anzahl von Multilocus(MLGT)-Genotypen von *Ulmus laevis* Vorkommen

Vorkommen	Anzahl Proben		Anzahl MLGT
Nr.	gesamt	ausgewertet	
SN 3	50	50	40
BB 4	50	50	41
BB 5	50	50	36
MV 2	50	31*	26
BW 4	50	50	38
RP 3	60	60	30**
HE 2	50	49	39
NI 4	61	50	39
SH 2	56	50	14***
Summe	477	440	

* Das Vorkommen **MV 2** enthielt verschiedene Arten. Die Individuen Nr. 8, 13 bis 20, 29, 30, 31, 34, 35, 37, 39, 41, 48 und 49 sind eindeutig nicht *U. laevis*, sondern wahrscheinlich *U. minor* und wurden deshalb nicht untersucht. Die verbleibende Stichprobe von *U. laevis* ist mit 31 Bäumen zwar sehr klein, wurde aber trotzdem in die Auswertung einbezogen.

** Im Vorkommen RP 3 wurde ein MLGT an 15 Bäumen (Nr. 17 – 24, 40, 43 – 47, 55) nachgewiesen. Vor Ort sollte geprüft werden, ob es sich bei einem Teil oder bei allen um eine Klonfamilie handeln könnte.

*** Das Vorkommen SH 2 weist drei MLGT auf, die häufiger vorkommen (Tabelle 4.9.1). Dabei wäre ebenfalls zu prüfen, ob und zu welchem Anteil es sich um vegetative Nachkommen eines Klons oder einfach um häufige Genotypen handelt.

Aus der Anzahl der MLGT wird deutlich, dass die vegetative Ausbreitung bei *U. laevis* im Gegensatz zu *U. minor* keine große Rolle spielt. In den meisten untersuchten Vorkommen gibt es nur wenige MLGT, die mehrfach auftreten, und dann i.d.R. nicht öfter als zwei- bis dreimal. Die Tatsache, dass diese Wiederholungen meistens nicht bei aufeinander folgenden Probennummern vorkommen, unterstützt die Vermutung, dass es sich dabei um zufällige Übereinstimmungen an den analysierten Genorten handelt und nicht um Klonzugehörigkeit. In zwei Vorkommen wurden davon abweichende Strukturen beobachtet (Tabelle 4.9.1).

Tabelle 4.9.2: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen SH 2

Anzahl Individuen je MLGT	Probe-Nr.
8	4, 9, 19, 21, 24, 28, 29, 50
13	5, 7, 11, 13, 14, 15, 23, 25, 26, 27, 30, 34, 47
15	3, 6, 8, 10, 12, 16, 17, 18, 20, 22, 31, 36, 37, 48, 49

Parameter der genetischen Variation

Die Allelbesetzung aller Genorte ist relativ ausgeglichen, die meisten Genorte sind mit zwei Allelen je Vorkommen besetzt. Das spiegelt sich in den durchschnittlichen Allelzahlen je Genort (A/L) wider, die im überwiegenden Teil der Vorkommen Werte zwischen 2,1 und 2,3 aufweisen. Ausnahmen bilden die beiden Vorkommen mit häufig wiederholten MLGT (RP 3 und SH 2), bei denen im Durchschnitt weniger als zwei Allele je Genlocus nachgewiesen wurden. Die potenzielle genotypische Vielfalt weist ebenfalls, mit Ausnahme der beiden o. g. Vorkommen, relativ ausgeglichene Werte auf. Etwas überdurchschnittliche Werte an beiden Parametern der genetischen Vielfalt wurden für das Vorkommen BB 5 ermittelt.

Tabelle 4.9.3: Genetische Vielfalt in den untersuchten Vorkommen von *U. laevis* ($G_{(P)}$ - potenzielle genotypische Vielfalt; A/L- durchschnittliche Anzahl der Allele pro Locus; P- Anteil polymorpher Genorte)

Vor- kommen	AAT-A	AAT-B	PGM- A	PGM- B	PGI-A	PGI-B	IDH	MDH- B	6- PGDH-A	G(P)	A/L	P(%)
SN 3	2	2	2	2	2	2	2	2	3	39.366	2,1	100
BB 4	2	2	2	2	2	2	2	2	3	39.366	2,1	100
BB 5	2	2	3	2	2	3	2	2	3	157.464	2,3	100
MV 2	2	2	2	2	2	2	2	2	3	39.366	2,1	100
BW 4	2	2	2	2	2	2	2	2	3	39.366	2,1	100
RP 3	2	2	2	1	2	2	2	2	2	6.561	1,9	88,9
HE 2	2	2	2	1	2	2	2	3	4	43.740	2,2	88,9
NI 4	2	2	2	2	2	2	2	2	4	65.610	2,2	100
SH 2	1	2	2	1	1	2	1	1	2	81	1,4	44,4

In den relativen Häufigkeiten der Allele unterscheiden sich die Vorkommen an einigen Genorten aber sehr deutlich voneinander. In Abb. 4.9.1 und 4.9.2 sind als Beispiel die Allelhäufigkeiten der beiden Genorte A und B des Enzymsystems PGM dargestellt. Der Locus PGM-A weist majorpolymorphe Strukturen mit den Allelen 2 und 3 auf, die jeweils zwischen 13 und 87 % schwanken. Der Genort PGM-B ist in einigen Vorkommen minorpolymorph mit den seltenen Allelen 6 bzw. 8, in anderen monomorph. Diese Unterschiede spiegeln sich in den Werten der Diversität an den einzelnen Loci wider (Abb. 4.9.3), sind aber in den über alle Loci ermittelten Parametern der Genpooldiversität und Differenzierung (Abb. 4.9.4) nicht mehr erkennbar.

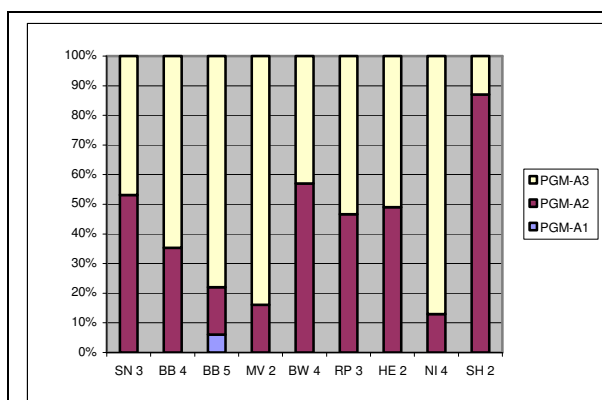


Abb. 4.9.1: Allelhäufigkeiten an den Locus PGM-A

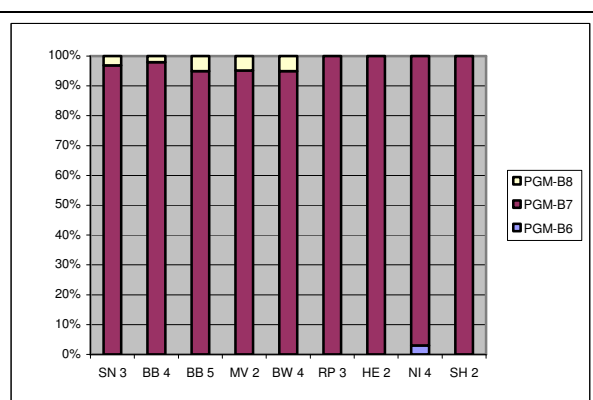


Abb. 4.9.2: Allelhäufigkeiten an den Locus PGM-B

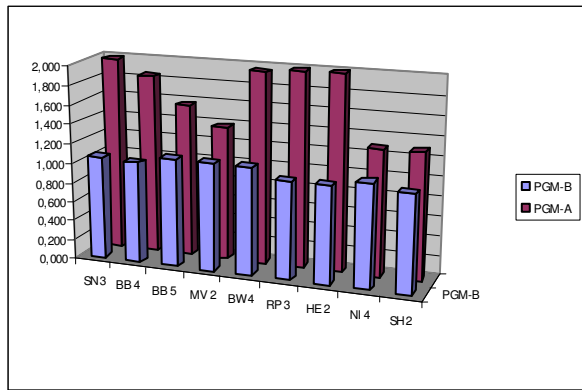


Abb. 4.9.3: Genetische Diversität an den Loci PGM-A und PGM-B

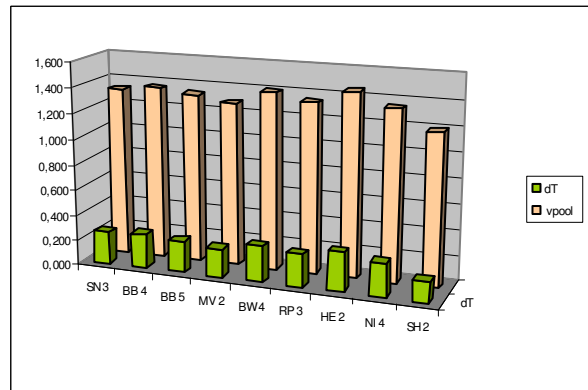


Abb. 4.9.4: Genpooldiversität und Differenzierung in den untersuchten Populationen über alle Loci

Im Dendrogramm der genetischen Abstände (Abb. 4.9.5) wird noch einmal die Ähnlichkeit in den Strukturen der Vorkommen SN 3, BB 4, HE 2 deutlich, die schon in den Werten der genetischen Vielfalt (Tabelle 4.9.3) erkennbar war. Relativ nahe zu dieser Gruppe clustert das Vorkommen BW 4. Die Vorkommen BB 5 und MV 2 bilden eine eigene Gruppe, wenn auch nicht mit so großer Ähnlichkeit wie in der ersten Gruppe. Das Vorkommen NI 4 gruppiert mit keinem anderen Vorkommen. Ein Cluster mit sehr deutlichem Abstand, sowohl von den anderen Vorkommen als auch voneinander, bilden die Vorkommen RP 3 und SH 2 mit den häufigen MLGT.

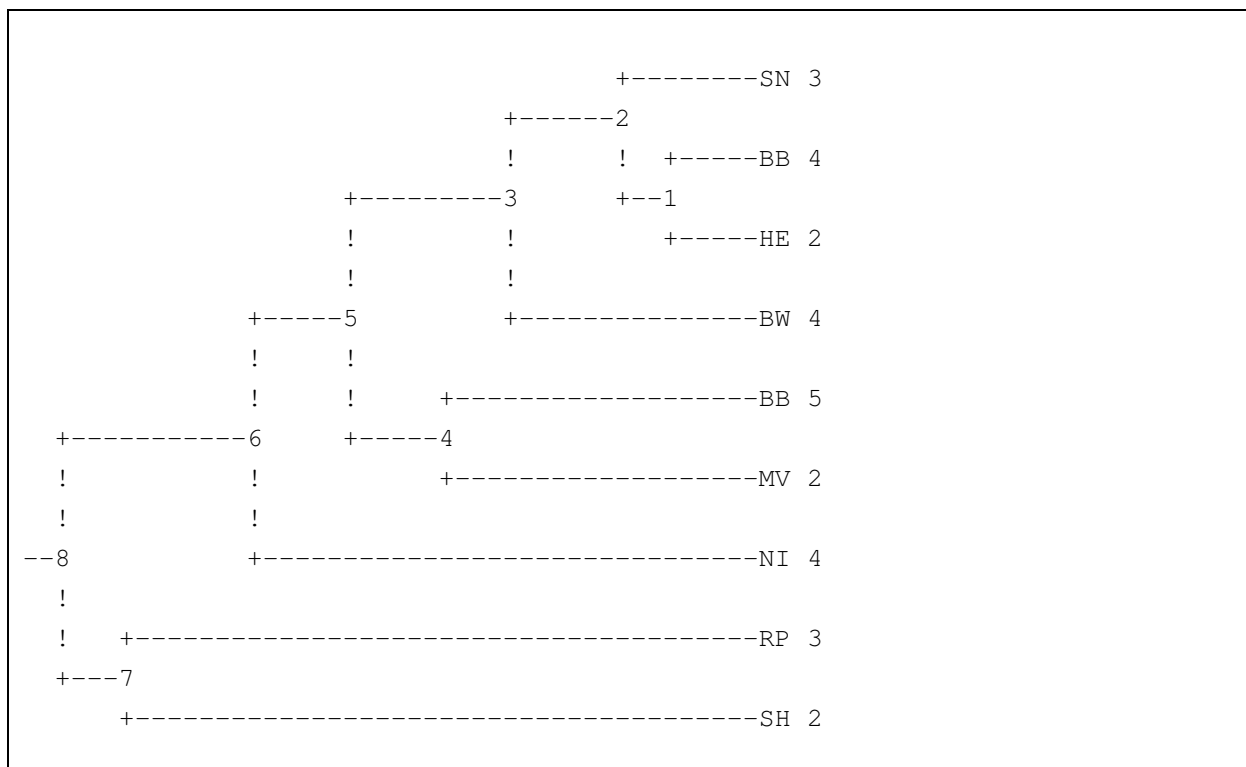


Abbildung 4.9.5: Dendrogramm der allelischen Abstände von *U. laevis* nach NEI (1972)

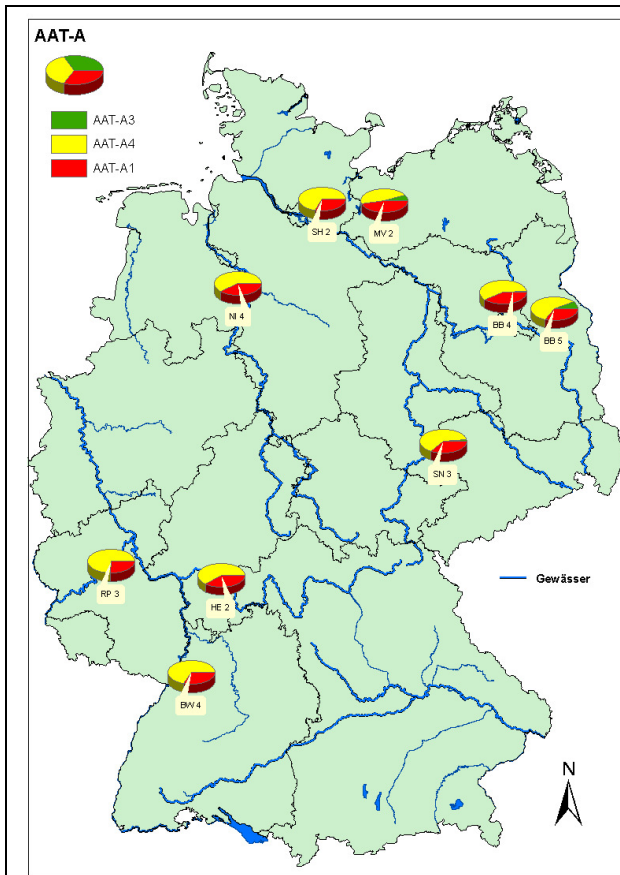


Abb. 4.9.6: Allelhäufigkeiten an dem Loci AAT-A

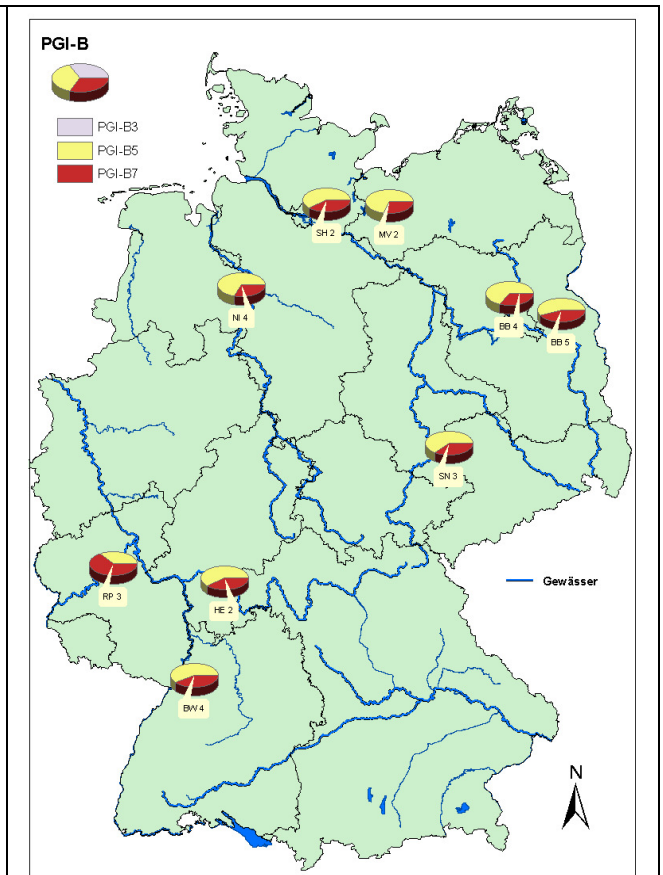


Abb. 4.9.7: Allelhäufigkeiten an dem Loci PGI-B

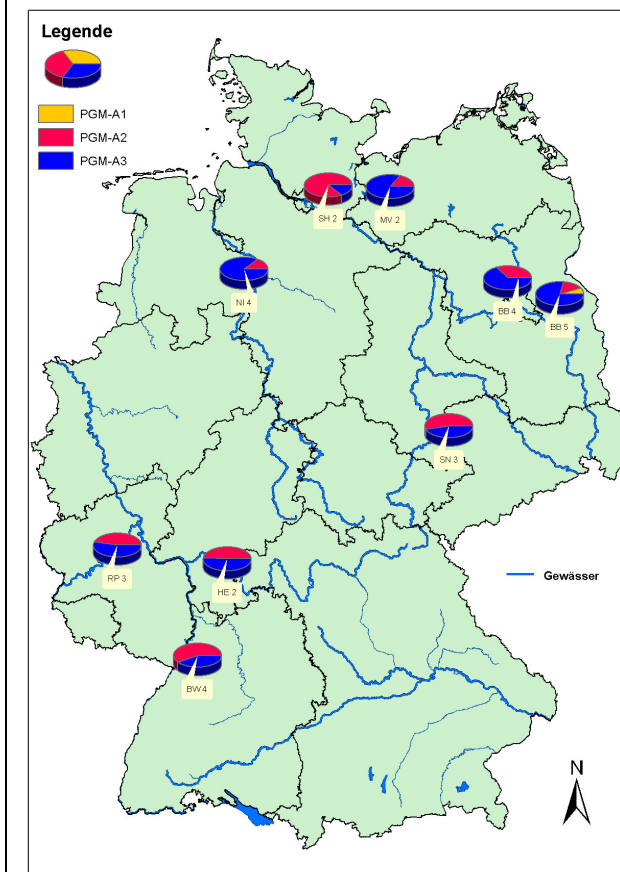


Abb. 4.9.8: Allelhäufigkeiten an dem Loci PGM-A

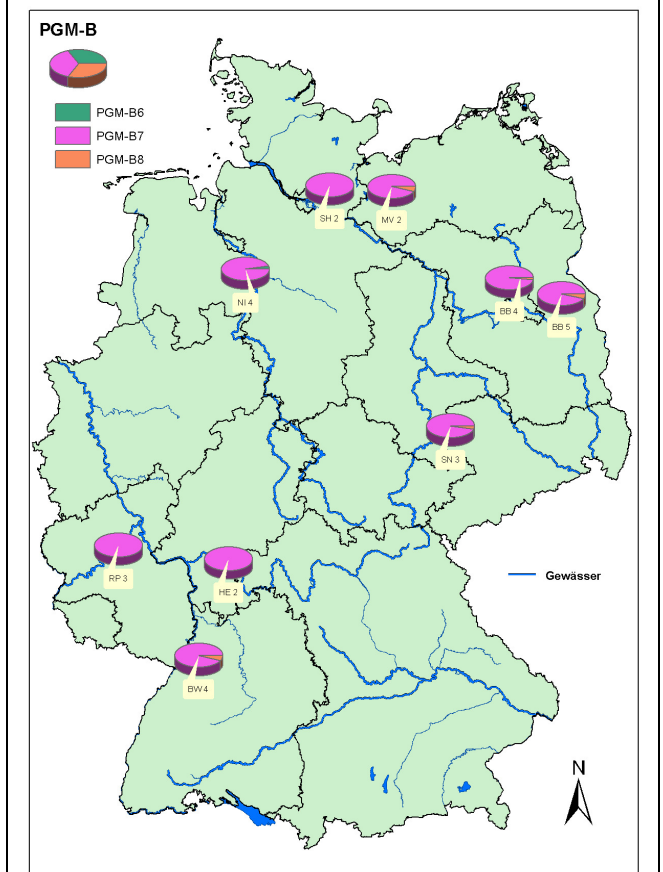


Abb. 4.9.9: Allelhäufigkeiten an dem Loci PGM-B

Zusammenfassung der populationsgenetischen Struktur von *U. laevis*

Bei den untersuchten Vorkommen von *U. laevis* handelt es sich überwiegend um generativ entstandene Populationen, mit Ausnahme der Vorkommen RP 3 und SH 2, in denen Klonstrukturen nicht auszuschließen sind. Für diese beiden Vorkommen ist das Kriterium der Erhaltungswürdigkeit nur bedingt erfüllt, zumindest sind bei Erhaltungsmaßnahmen die Häufungen bestimmter MLGT zu beachten. Für die anderen Vorkommen ergeben sich aus der vorliegenden Untersuchung keine Hinweise auf Einschränkungen in ihrer Bedeutung als Genressource.

Im Vergleich zu *U. minor* weisen die Vorkommen von *U. laevis* nur geringe Unterschiede in den Parametern der genetischen Vielfalt und Diversität auf. Die Betrachtung der genetischen Abstände deutet aber auf beträchtliche Unterschiede zwischen den Vorkommen hin. Die Ursachen dafür könnten die in bestimmten Vorkommen auftretenden seltenen Allele und die starken Häufigkeitsschwankungen einiger Allele sein. Da dies ein Hinweis auf regionale Unterschiede genetischer Strukturen sein könnte, gilt die Empfehlung Erhaltungsmaßnahmen im Rahmen der einzelnen Vorkommen zu planen und durchzuführen. Die Auswirkungen der Vermischung verschiedener Vorkommen oder ihrer überregionalen Verfrachtung können auf der Grundlage dieser Untersuchung noch nicht abgeschätzt werden.

4.9.2 *Ulmus glabra*

Charakterisierung der genetischen Variation in den untersuchten Vorkommen

Untersucht wurden Stichproben aus 11 Vorkommen und neun Bundesländern, die insgesamt 566 Individuen umfassten (Tabelle 4.9.4). Das Vorkommen MV 1 wurde nicht untersucht, da in der Probe verschiedene Arten in so großen Anteilen vertreten waren, dass sie nicht mehr als Berg-Ulmen-Vorkommen gelten kann. In einigen Vorkommen gibt es aus verschiedenen Gründen eine Differenz zwischen der Gesamtzahl gelieferter Proben und den ausgewerteten Berg-Ulmen (Tabelle 4.9.4):

Insgesamt fünf Proben fehlten (SL Nr. 40, HE 1 Nr. 50, BB 3 Nr. 1, NI 2 Nr. 4 und Nr. 50).

Einige Proben, die aus Blütenknospen bestanden oder schon zu weit entwickelt waren, konnten aufgrund zu geringer Trennschärfe der Muster nicht vollständig ausgewertet werden. Das betrifft die Proben TH 2 Nr. 47, SH 1 Nr. 1 und 34 sowie aus dem Vorkommen NI 3 Nr. 22 bis 33 und 52 bis 57.

Im Vorkommen BB 3 wurden drei Individuen (Nr. 12, 19 und 20) als *U. laevis* identifiziert, und zwei Bäume (Nr. 10 und 13) als *U. minor*, die evtl. einem Klon angehören.

Im Vorkommen HE 1 wurden 5 Bäume (Nr. 5, 20, 21, 22, 23) gefunden, die vermutlich einen Klon repräsentieren und dessen Muster für keine der drei untersuchten Ulmen-Arten an allen Genorten typisch sind.

Tabelle 4.9.4: Anzahl von Multilocus-Genotypen in *U. glabra* Vorkommen

Vorkommen	SL	BB 3	SN 2	BW 2	BW 3	HE 1	NI 2	NI 3	SH 1	TH 2	gesamt
N _{gesamt}	50	50	50	52	52	50	50	57	55	50	516
N _{BUL}	49	44	50	52	52	44	48	39	53	49	480
N _{MLGT}	32	33	30	31	37	25	1	27	32	27	181
1x	24	26	20	20	29	13	0	19	21	20	
2x	5	4	5	7	4	8	0	5	5	4	
3x	0	2	3	2	2	2	0	2	3	0	
4x	1	1	0	0	1	1	0	1	2	0	
5x	1	0	1	0	1	1	0	0	1	2	
6x	1	0	1	2	0	0	0	0	0	0	
11x	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1*	
48x	0	0	0	0	0	0	1**	0	0	0	

* Im Vorkommen TH 2 kommt ein MLGT 11mal vor. Da die Träger dieses Typs aber keine fortlaufenden Proben-Nummern aufweisen, ist davon auszugehen, dass sie nicht unmittelbare Nachbarn sind. Dieser MLGT tritt noch in sechs anderen Vorkommen (z.T. ebenfalls an mehreren Individuen) auf, deshalb ist zu vermuten, dass es sich um häufige Genotypen an den untersuchten Loci handelt, die zufällig relativ oft diesen MLGT bilden, und Klonbildung in diesem Fall keine Rolle spielt.

** Im Vorkommen NI 2 wurde an allen analysierten Bäumen der gleiche MLGT nachgewiesen. In diesem Fall ist die Zugehörigkeit zu einem Klon die einzige logische Erklärung, zumal es sich um einen Typ handelt, der in keinem anderen der untersuchten Vorkommen auftritt.

Die Übersicht zur Verteilung der MLGT (Tabelle 4.9.4) zeigt, dass die meisten Bestände generativen Ursprungs sind. Mit Ausnahme des Vorkommens NI 2 weisen sie zwischen 25 und 37 verschiedene MLGT auf, von denen jeweils 13 bis 29 nur einmal im entsprechenden Vorkommen auftreten. Je 4 bis 8 MLGT kommen zweimal vor und ganz wenige öfter. Von diesem Verteilungsmuster gibt es zwei Abweichungen (TH 2 und NI 2).

Parameter der genetischen Variation

Von den sieben ausgewerteten Genorten variieren vier (AAT-A, PGM-A, PGM-B, PGI-B) in fast allen Vorkommen. Die größte Vielfalt weist der Locus PGM-B mit sieben verschiedenen Allelen auf, von denen vier bis sechs je Population (außer NI 2) nachgewiesen wurden. Bei den Dehydrogenasen MDH-B, 6-PGDH-A und 6-PGDH-B treten relativ wenige Varianten auf, in vielen Vorkommen sind sie auf ein Allel fixiert.

Tabelle 4.9.5 Genetische Vielfalt in *U. glabra* Vorkommen ($G_{(P)}$ - potenzielle genotypische Vielfalt; A/L-durchschnittliche Anzahl der Allele pro Locus; P-Anteil polymorpher Genorte)

Vorkommen	AAT-A	PGM-A	PGM-B	PGI-B	MDH-B	6-PGDH-A	6-PGDH-B	$G(P)$	A/L	P(%)
SL	4	2	4	4	4	1	1	30.000	2,9	71,43
BB 3	3	1	5	2	1	1	1	270	2,0	42,86
SN 2	4	3	4	3	1	1	1	3.600	2,4	57,14
BW 2	4	2	6	4	2	1	1	18.900	2,9	71,43
BW 3	3	3	5	4	3	2	1	97.200	3,0	85,71
HE 1	3	2	5	3	1	1	1	1.620	2,3	57,14
NI 2	1	2	1	2	1	1	1	9	1,3	28,57
NI 3	3	3	6	3	1	1	1	4.536	2,6	57,14
SH 1	2	2	4	3	2	1	2	4.860	2,3	85,71
TH 2	4	2	4	3	1	3	1	10.800	2,6	71,43

Die Parameter der genetischen Vielfalt zeigt Tabelle 4.9.5. Wenn man den „Klon NI 2“ ausklammert, schwanken die durchschnittlichen Anzahl der Allele je Locus von 2,0 bis 3,0 und $G(P)$ von 270 bis ca. 100.000. Die niedrigen Werte der potenziellen genotypischen Vielfalt sind durch die im Vergleich geringe Zahl ausgewerteter und variierender Loci begründet.

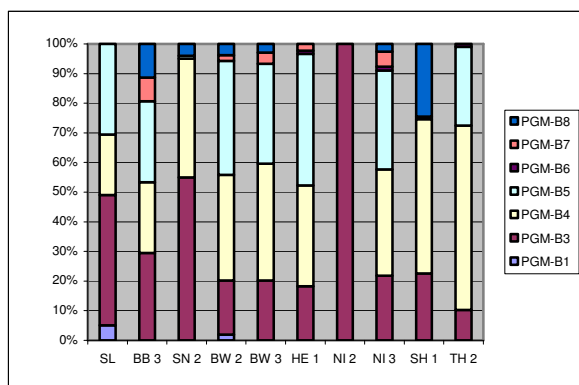


Abb. 4.9.10: Relative Allelhäufigkeit am Genort PGM-B

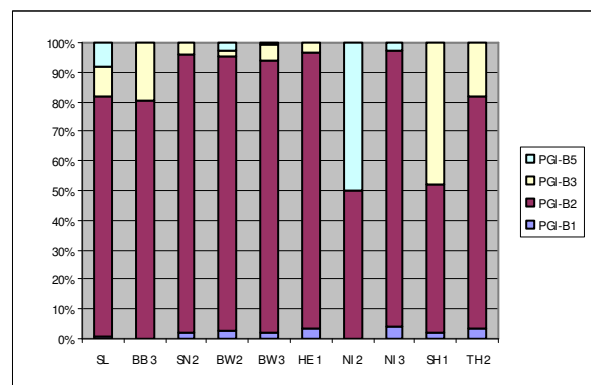


Abb. 4.9.11: Relative Allelhäufigkeiten am Genort PGI-B

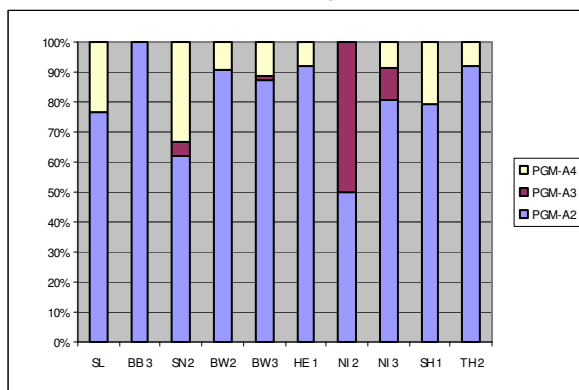


Abb. 4.9.12: Relative Allelhäufigkeit am Genort PGM-A

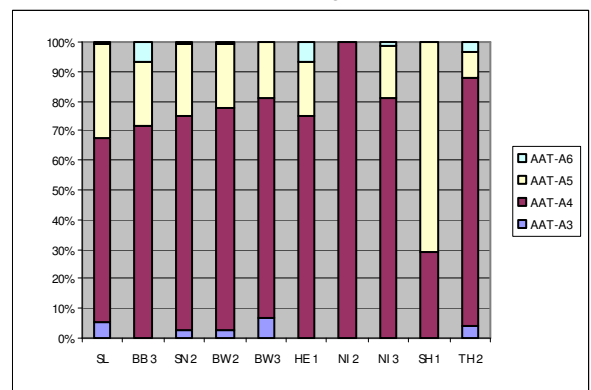


Abb. 4.9.13: Relative Allelhäufigkeiten am Genort AAT-A

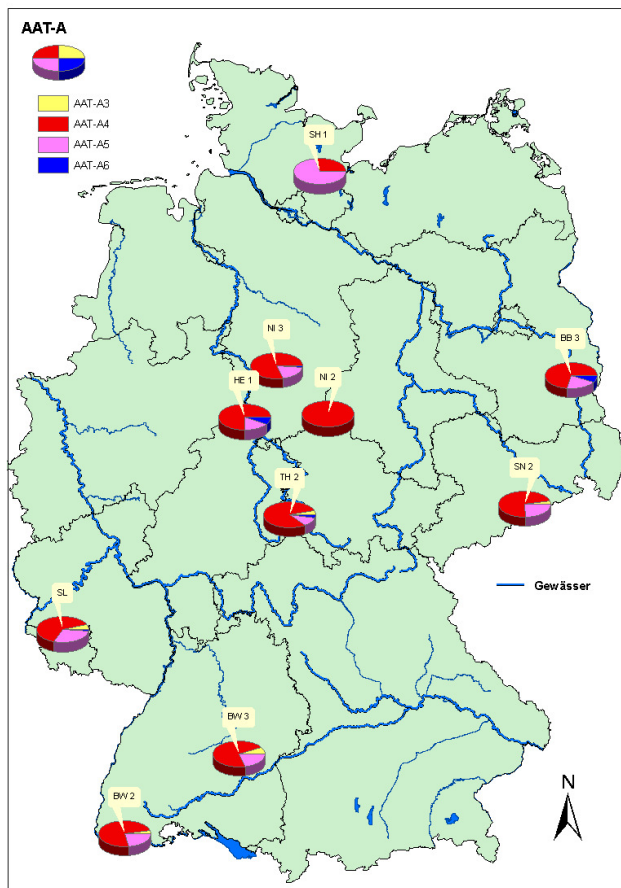


Abb. 4.9.14: Allelhäufigkeit an dem Locus AAT-A

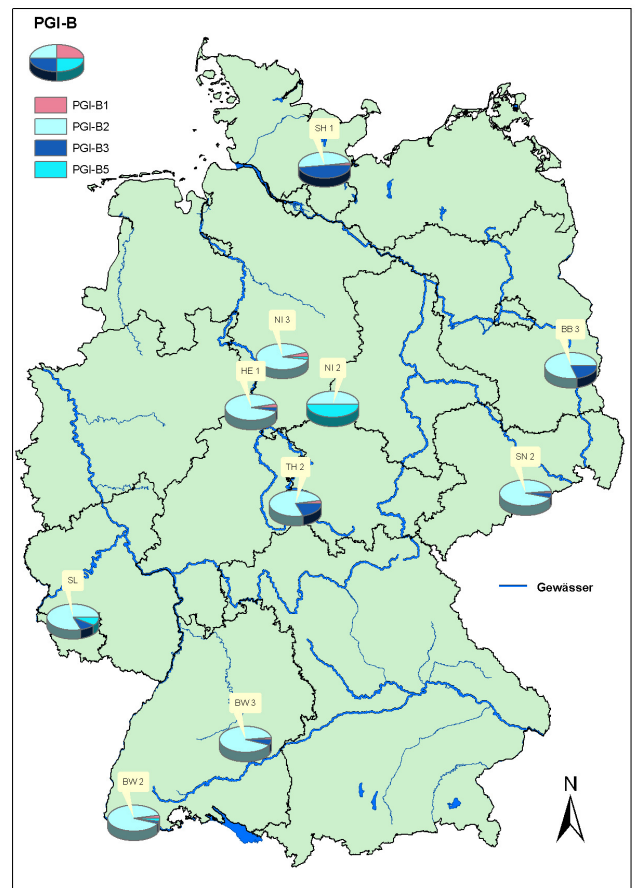


Abb. 4.9.15: Allelhäufigkeiten an dem Locus PGI-B

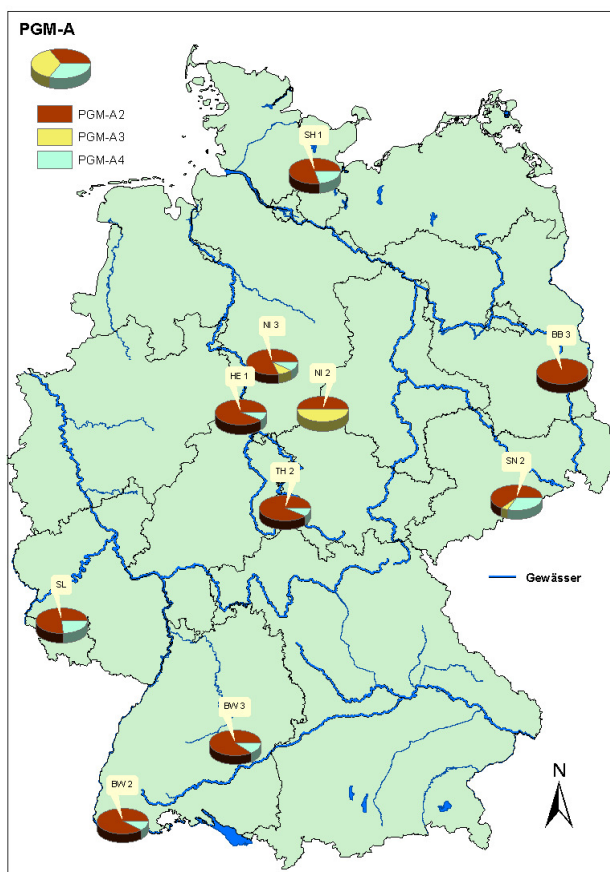


Abb. 4.9.16: Allelhäufigkeit an dem Locus PGM-A

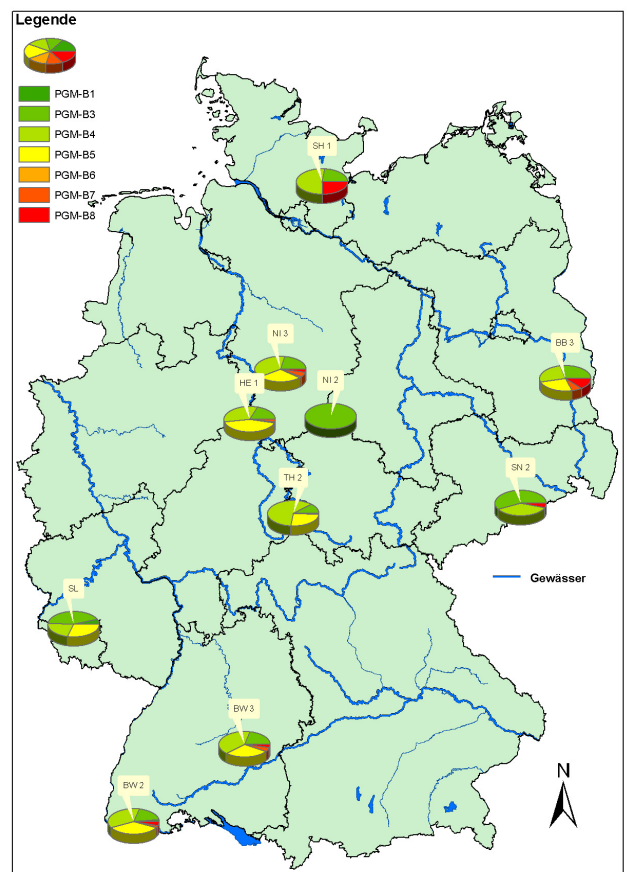


Abb. 4.9.17: Allelhäufigkeit an dem Locus PGM-B

Das Vorkommen NI 2 wird bei der Betrachtung der relativen Allelhäufigkeiten und der daraus ermittelten Parameter nicht berücksichtigt. An den anderen Vorkommen ergeben sich aus der Verteilung einiger seltener Allele Hinweise auf mögliche regionale Unterschiede in den genetischen Strukturen:

Am Genort PGM-B treten die Allele 3, 4 und 5 in nahezu allen Vorkommen, wenn auch in sehr unterschiedlichen Häufigkeiten, auf. Das Allel PGM-B1 kommt nur in den Populationen SL und BW 2 vor, das Allel B6 nur in den Vorkommen HE 1, NI 3 und TH 2. Das Allel B8 wurde in den Vorkommen BW 2, BW 3, NI 3 und SN 2 mit geringen Anteilen zwischen 2,6 und 4 % nachgewiesen, erreicht aber in BB 3 11,4 % und in SH 1 sogar fast 25 %.

Am Locus AAT-A tritt das Allel A3 in den Vorkommen SL, BW 2, BW 3, TH 2 und SN 2, also eher im südlichen Teil des Untersuchungsgebietes, mit Häufigkeiten von 2,9 bis 6,7 % auf, während es in den anderen Vorkommen nicht nachgewiesen wurde.

Für diese ungleichmäßige Verteilung seltener Allele könnten weitere Beispiele genannt werden. Die Anzahl der untersuchten Populationen und auch die Stichprobengrößen reichen aber nicht aus, um sicher nachzuweisen, ob geographisch korrelierte genetische Unterschiede an den untersuchten Genorten vorliegen.

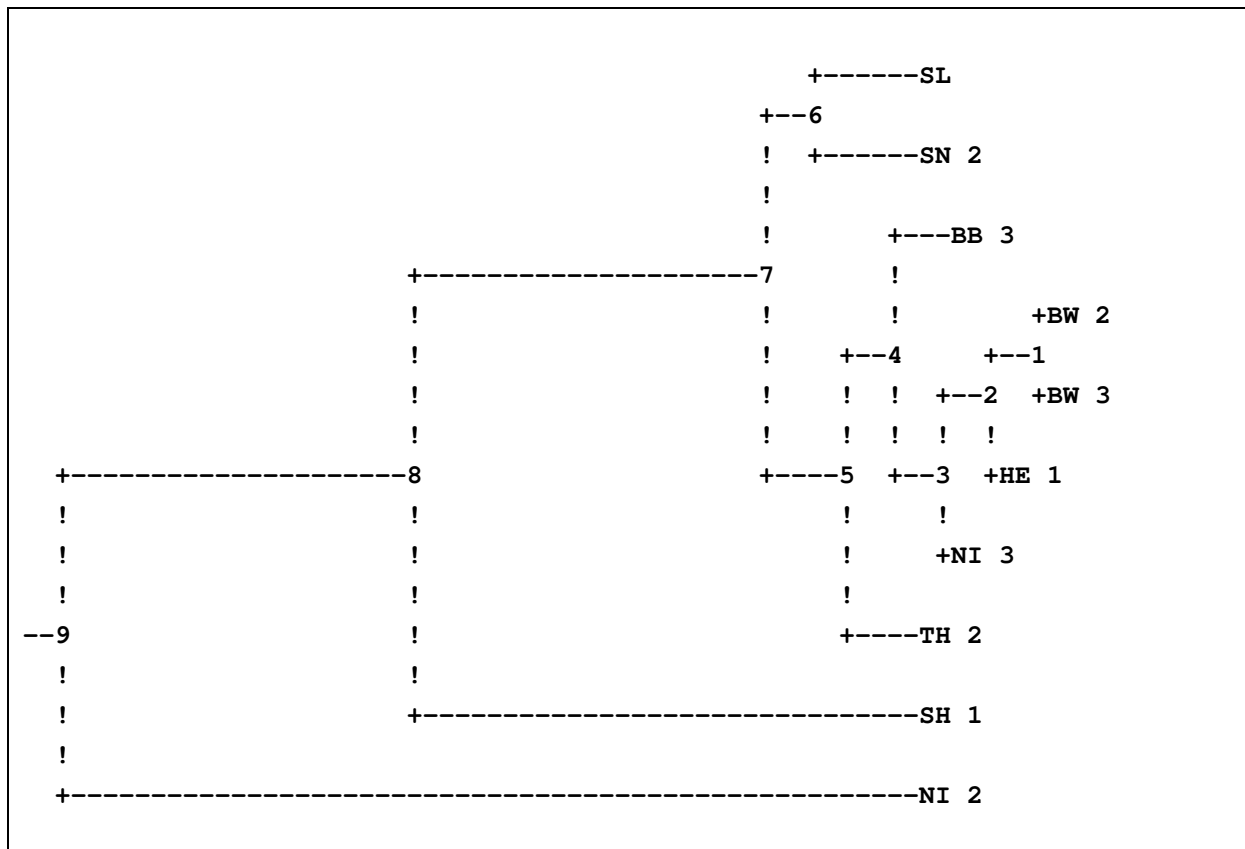


Abbildung 4.9.18: Dendrogramm der allelischen Abstände nach NEI (1972) über alle Loci und alle Vorkommen

Das Dendrogramm der genetischen Abstände über alle untersuchten Genorte und Vorkommen zeigt, dass die beiden Baden-Württemberger Vorkommen einander sehr ähnlich sind. Sie bilden mit relativ geringen Abständen ein Cluster mit HE 1, NI 3, BB 3 und TH 2. Die Vorkommen SL und SN 2 bilden mit etwas größerem Abstand eine eigene Gruppe. Das

Vorkommen SH 1 ist von den anderen genetisch weit entfernt und NI 2 steht ganz außerhalb.

Zusammenfassung der populationsgenetischen Struktur von *U. glabra*

Von den zehn untersuchten Vorkommen von *U. glabra* können neun aufgrund ihrer generativ geprägten genetischen Strukturen als genetische Ressourcen mit hoher Erhaltungswürdigkeit angesehen werden. Eine Ausnahme stellt das Vorkommen NI 2 dar: Alle untersuchten Proben weisen den gleichen MLGT auf und repräsentieren daher höchstwahrscheinlich einen einzigen Klon. Als Genressource ist dieses Vorkommen nicht geeignet.

Die relativ deutliche Differenzierung der Vorkommen basiert auf sehr großer Variation an wenigen Genorten. Viele seltene Allele, die zum Teil nur in bestimmten Regionen nachgewiesen wurden, deuten auf den möglichen geographischen Bezug der genetischen Variation hin. Es wird empfohlen, Maßnahmen vorkommensbezogen zu planen und durchzuführen. Die genetischen Strukturen der Vorkommen (z. B. das Auftreten spezifischer seltener Allele) können das Ergebnis genetischer Anpassung an spezifische Umwelt- und Standortbedingungen sein, dessen Beeinträchtigung oder Zerstörung durch die Vermischung verschiedener Vorkommen oder ihre überregionale Verfrachtung droht.

4.9.3 *Ulmus minor*

Von den 10 untersuchten Vorkommen gingen acht mit je 50 oder mehr Individuen in die Auswertung ein. Das Vorkommen Thüringen 1 kann aufgrund unvollständiger Ansprache der Enzymmuster nur mit Einschränkungen ausgewertet werden. In dem Vorkommen Sachsen-Anhalt 1 stellte sich bei der Analyse heraus, dass ein Teil der Individuen *U. laevis* war und sich die Stichprobe von *U. minor* somit entsprechend reduzierte. Ansonsten spielt die Mischung der Arten kaum eine Rolle. Von allen untersuchten Individuen wurden 445 Bäume aus neun Vorkommen bei der Auswertung berücksichtigt. Über alle analysierten Loci konnten diesen 125 Multilocus-Genotypen (MLGT) zugeordnet werden, die sich sehr ungleichmäßig auf die Vorkommen verteilen. Insgesamt kommen 70 von ihnen nur einmal vor. Es gibt nur 3 MLGT, die in zwei verschiedenen Vorkommen auftreten, und einen, der in drei Vorkommen nachgewiesen wurde.

Charakterisierung der genetischen Variation in den untersuchten Vorkommen

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

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

- **Brandenburg 1 (BB1) Revier Freienwalde**

Aus diesem Vorkommen wurden 50 Proben geliefert und untersucht. Von den 38 verschiedenen nachgewiesenen MLGT traten 32 nur je einmal auf, 3 Typen je zweimal, 2 je dreimal und ein Typ kommt sechsmal vor.

Der größte Teil der Probebäume scheint somit generativen Ursprungs zu sein. Die mehrfach auftretenden MLGT deuten (außer den Proben Nr. 3 und 23) auf vegetative Reproduktion hin.

Tabelle 4.9.6: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen BB 1

Anzahl Individuen je MLGT	Probe-Nr.
2	3, 23
2	34, 35
2	42, 45
3	24, 25, 26
3	27, 28, 29
6	37, 38, 39, 40, 41, 43

- **Brandenburg 2 (BB2) Revier Passow**

Alle 50 Probebäume wurden analysiert. Dieses Vorkommen deutet auf die Dominanz eines Klonen hin, da 47 Individuen einem MLGT zugeordnet wurden. An nur drei Bäumen treten andere Typen auf, und zwar ein Typ einmal (Nr. 1) und ein Typ zweimal (Nr. 5 und 40).

- **Thüringen 1 (TH1)**

Von diesem Vorkommen wurden 50 Individuen geliefert und untersucht. Die Enzyme trennten sehr schlecht auf und die Zymogramme bestanden aus blassen, unscharfen Banden. Auch nach mehrfachen Wiederholungen konnten von den meisten Proben nicht alle Genorte ausgewertet werden. Trotzdem können die Bäume mit einiger Wahrscheinlichkeit mindestens 12 MLGT zugeordnet werden, von denen vier nur einmal vorkommen (Nr. 1, 16, 21, 50).

Tabelle 4.9.7: Vermutliche Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen TH 1

Anzahl Individuen je MLGT	Probe-Nr.
2	43, 44
2	48, 49
3	35, 46, 47
4	9, 10, 11, 12
5	26, 29, 30, 31, 36
9	22, 23, 24, 25, 27, 28, 32, 33, 34
9	37, 38, 39, 40, 41, 42, 45, 51, (52?)
12	2, 3, 4, 5, (6?), 7, 14, 15, 17, 18, 19, 20

- **Sachsen 1 (SN1)**

An den 50 untersuchten Individuen wurden insgesamt 9 verschiedene MLGT nachgewiesen. Aus der Tatsache, dass drei Typen häufig vorkommen, lässt sich auf einen relativ großen Einfluss der vegetativen Ausbreitung schließen. Da aber sechs Typen jeweils nur ein-, zwei-

bzw. dreimal auftreten, ist ein Teil des Vorkommens wahrscheinlich aus generativer Reproduktion entstanden.

Tabelle 4.9.8: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen SN 1

Anzahl Individuen je MLGT	Probe-Nr.
2	23, 24
2	49, 50
3	9, 10, 11
3	39, 40, 41
7	42, 43, 44, 45, 46, 47, 48
14	25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38
17	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 21

- **Baden-Württemberg 1 (BW1)**

Von den 51 gelieferten Proben konnte ein Baum (Nr. 147-22) nicht vollständig ausgewertet werden, da er zum Teil sehr schwach anfärbte, zum Teil aber auch für Ulmen untypische Muster aufwies. An den anderen 50 Individuen wurden insgesamt 25 verschiedene MLGT nachgewiesen, von denen 15 nur je einmal auftreten. Die geringe Wiederholungsrate der MLGT lässt auf überwiegend generative Entstehung des Vorkommens schließen.

Tabelle 4.9.9: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen BW 1

Anzahl Individuen je MLGT	Probe-Nr.	Anzahl Individuen je MLGT	Probe-Nr.
2	2, 25	4	6, 7, 8, 9
2	13, 14	4	23, 24, 26, 27
2	44, 51	4	34, 35, 36, 37
3	28, 29, 30	5	39, 40, 41, 42, 43
3	46, 48, 49	6	16, 17, 18, 19, 20, 21

- **Rheinland-Pfalz 1 (RP 1) Bockenheim**

Von den 60 gelieferten Proben wurden 50 untersucht. Dabei wurden nur zwei MLGT gefunden, die zueinander sehr ähnlich sind. Lediglich am Genort PGM-A weisen sieben Proben (Nr. 33 bis 39) den heterozygoten Genotyp 34 auf, während alle 43 anderen Bäume homozygot 33 sind.

- **Rheinland-Pfalz 2 (RP2) Oppenheim**

Von diesem Vorkommen wurden alle 60 gelieferten Proben untersucht. Insgesamt wurden 28 verschiedene MLGT gefunden, von denen 15 je einmal vorkommen. 13 MLGT treten je 2 bis 7 mal auf.

Tabelle 4.9.10: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen RP 2

Anzahl Individuen je MLGT	Probe-Nr.	Anzahl Individuen je MLGT	Probe-Nr.
2	3, 4	3	38, 39, 40
2	13, 15	3	55, 56, 57
2	27, 30	4	10, 11, 12, 14
2	58, 59	5	47, 48, 49, 50, 51
3	5, 6, 7	6	41, 42, 43, 44, 45, 46
3	23, 24, 25	7	19, 21, 26, 28, 29, 32, 53
3	33, 34, 35		

- **Niedersachsen 1 (NI 1) Liebenburg**

Von 50 untersuchten Individuen weisen 46 einen MLGT auf, zwei weitere MLGT wurden an je zwei Bäumen (Nr. 21, 42 und Nr. 44, 45) nachgewiesen.

- **Sachsen-Anhalt 1 (ST 1) Osenburg**

Von 54 gelieferten Proben wurden 15 als *U. laevis* identifiziert (Nr. 1, 3, 7, 11, 14, 20, 22, 23, 34, 35, 36, 38, 41, 43, 44) und deshalb nicht analysiert. Weitere 4 Bäume (Nr. 13, 37, 39, 40) konnten nicht an allen Genorten zweifelsfrei angesprochen werden und wurden nicht in die weitere Auswertung einbezogen. An den verbliebenen 35 Individuen wurden 14 MLGT festgestellt, von denen 7 je einmal vorkommen.

Tabelle 4.9.11: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen ST 1

Anzahl Individuen je MLGT	Probe-Nr.
2	8, 19
2	12, 15
2	16, 54
2	17, 48
2	18, 52
7	2, 21, 46, 47, 49, 50, 51
11	4, 5, 10, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 32, 53

- **Sachsen-Anhalt 2 (ST 2) Klein Rosenburg**

Von 69 gelieferten Proben wurden 50 analysiert. Ein Baum (Nr. 4) wurde nicht berücksichtigt, da er an mehreren Genorten für die Feld-Ulmen untypische Genotypen aufwies. Die anderen 49 Proben weisen sieben verschiedene MLGT auf, von denen drei je einmal auftreten.

Tabelle 4.9.12: Verteilung der Multilocusgenotypen (MLGT) in dem Vorkommen ST 2

Anzahl Individuen je MLGT	Probe-Nr.
2	43, 44
3	20, 22, 34
15	1, 2, 3, 5, 38, 39, 40, 41, 42, 45, 46, 47, 48, 49, 50
26	6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 19, 21, 24, 25, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37

Parameter der genetischen Variation

Anhand der Parameter der genetischen Vielfalt (Tabelle 4.9.13) werden die großen Unterschiede zwischen den Vorkommen noch einmal sehr deutlich. Die Anzahl der Allele weist an einigen Genorten von Vorkommen zu Vorkommen hohe Schwankungen auf, am extremsten bei PGM-B und PGI-B. Nur an den Genorten PGM-A und MDH-A wurde in allen Vorkommen Variation festgestellt. Am Beispiel der Vorkommen BB 2 und RP 1 zeigt sich die Wirkung der vegetativen Vermehrung weniger Klone besonders drastisch in der potenziellen genetischen Vielfalt ($G_{(P)}$): aus der untersuchten Stichprobe heraus könnten in der nächsten Generation 81 bzw. 27 genetisch unterschiedliche Gameten gebildet werden, was im Vergleich zu den potentiellen Möglichkeiten in Populationen wie z. B. BB 1 (fast 2,5 Millionen) oder RP 2 (fast 900.000) verschwindend gering ist.

Tabelle 4.9.13: Genetische Vielfalt in den untersuchten Feld-Ulmen-Beständen ($G_{(P)}$ - potentielle genotypische Vielfalt; A/L- durchschnittliche Anzahl der Allele pro Locus; P- Anteil polymorpher Genorte)

Vorkom-men	N		AAT-B	PGM-A	PGM-B	PGI-B	ID H	MDH-A	6-PGDH-A	6-PGDH-B	$G_{(P)}$	A/L	P(%)
BW 1	50	3	3	3	3	3	3	2	2	1	419.904	2,6	88,9
BB 1	50	3	1	3	4	6	3	2	3	2	2.449.440	3,0	88,9
BB 2	50	1	1	2	2	2	1	2	1	1	81	1,4	44,4
SN 1	50	3	3	2	2	2	3	2	2	1	52.488	2,2	88,9
RP 1	50	2	1	2	1	1	1	2	1	1	27	1,3	33,3
RP 2	60	4	2	3	3	5	3	2	2	1	874.800	2,8	88,9
NI 1	50	2	2	2	2	2	2	2	1	1	2.187	1,8	77,8
ST 1	35	3	3	3	3	3	3	3	3	1	279.936	2,8	88,9
ST 2	50	4	1	2	3	4	2	2	1	1	16.200	2,2	66,7

Bei den aus wenigen Klonen bestehenden Vorkommen erscheint die Betrachtung weiterer genetischer Parameter nicht sinnvoll. Daher werden bei den folgenden Ausführungen die Vorkommen RP 1, BB 2 und NI 1 nicht berücksichtigt. Die Aussagekraft der Parameter wird aber auch bei den anderen Vorkommen durch die in unterschiedlichem Maße auftretende Klonierung beeinträchtigt, da bestimmte Allele und Genotypen immer überrepräsentiert sind.

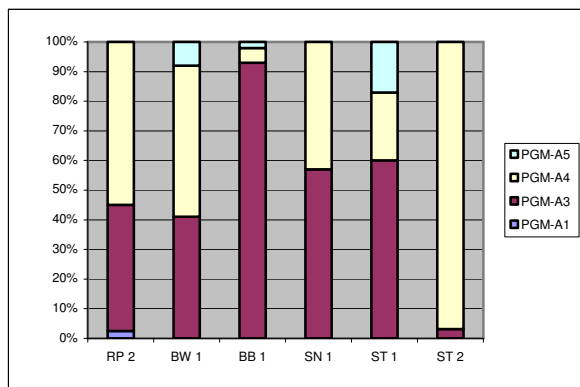


Abb. 4.9.19: Allelhäufigkeiten am Genort PGM-A

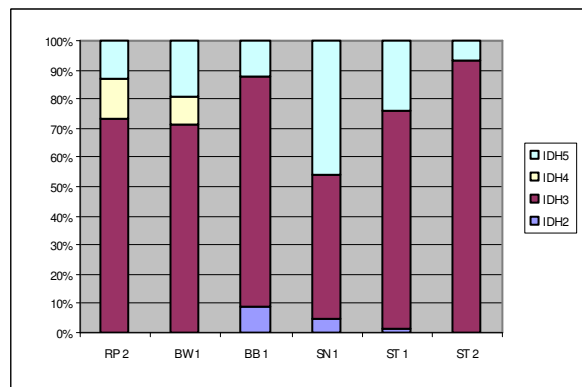


Abb. 4.9.20: Allelhäufigkeiten am Genort IDH

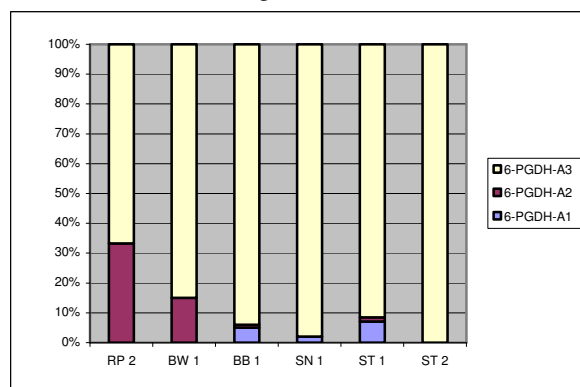


Abb.4.9.21: Allelhäufigkeit am Genort 6 PGDH-A

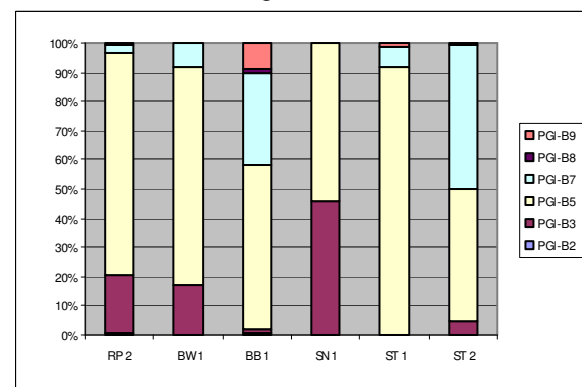


Abb. 4.9.22: Allelhäufigkeiten am Genort PGI-B

Als Beispiel sind die Allelhäufigkeiten an vier Genorten in den Abb. 4.9.19 - 4.9.22 dargestellt. Die relativ großen Unterschiede spiegeln sich auch im Dendrogramm der allelischen Abstände (Abb. 4.9.13) wider. Nur die beiden Vorkommen RP 2 und BW 1 gruppieren sich etwas enger, was den optischen Eindruck aus den Diagrammen (Abb. 4-9.19 - 4.9.22) bestätigt. Der sehr große Abstand des Vorkommens ST 2 ist mit hoher Wahrscheinlichkeit auf die ausgeprägten Klonstrukturen und die daraus resultierenden geringen Vielfaltswerte zurückzuführen.

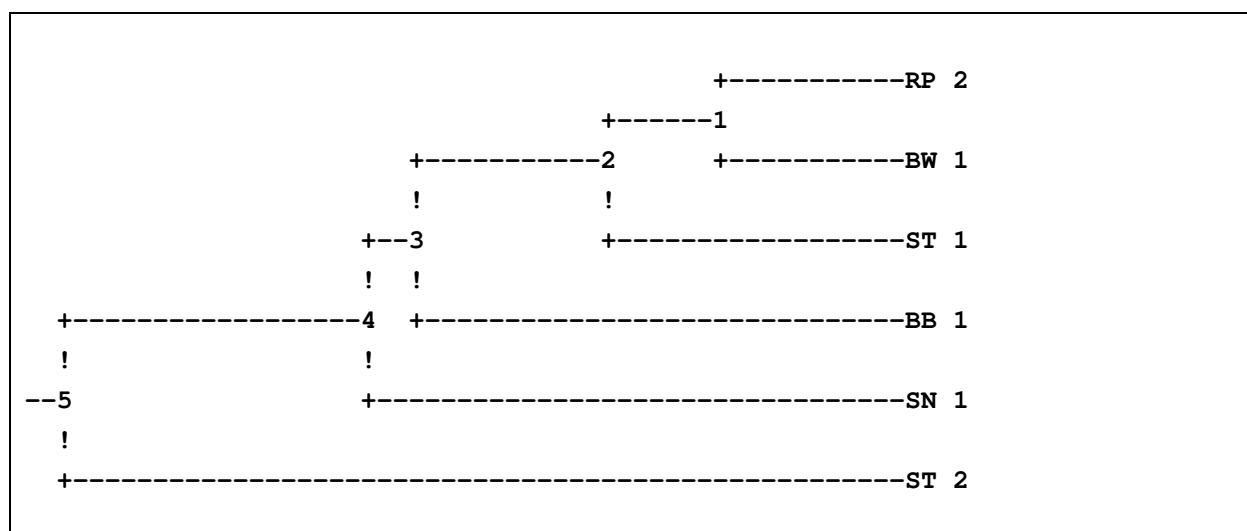


Abb. 4.9.23: Dendrogramm der allelischen Abstände von *U. minor* nach NEI (1972)

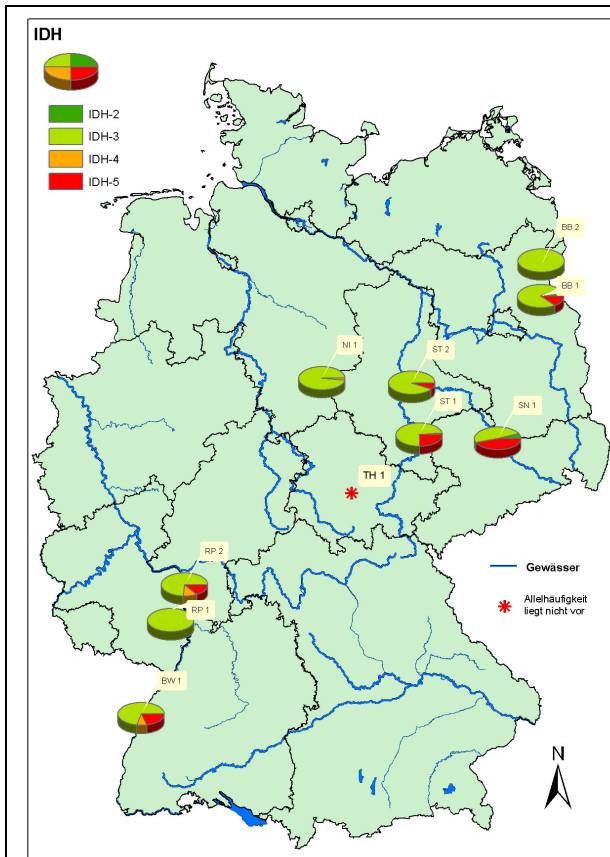


Abb. 4.9.24.: Allelhäufigkeit an dem Loci IDH

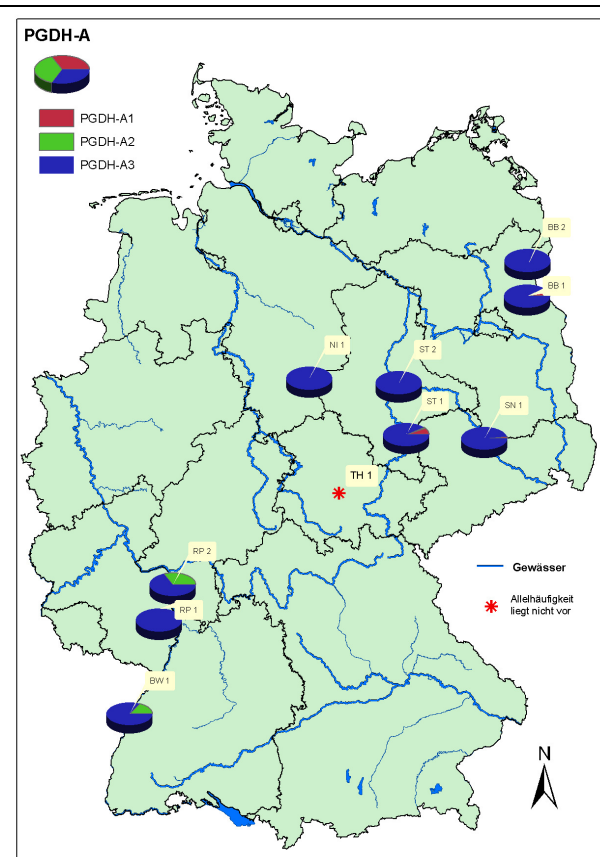


Abb. 4.9.25: Allelhäufigkeit an dem Locus PGHD-A

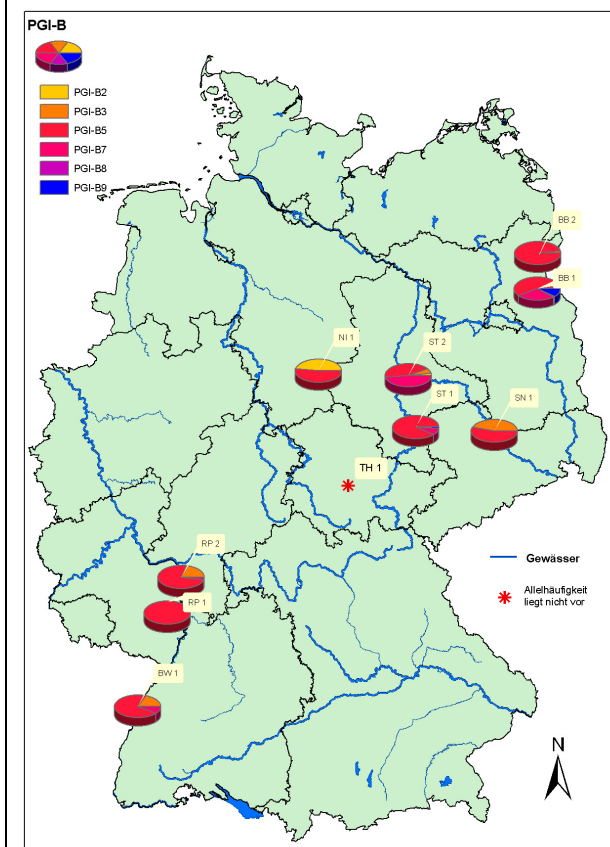


Abb. 4.9.26: Allelhäufigkeit an dem Locus PGI-B

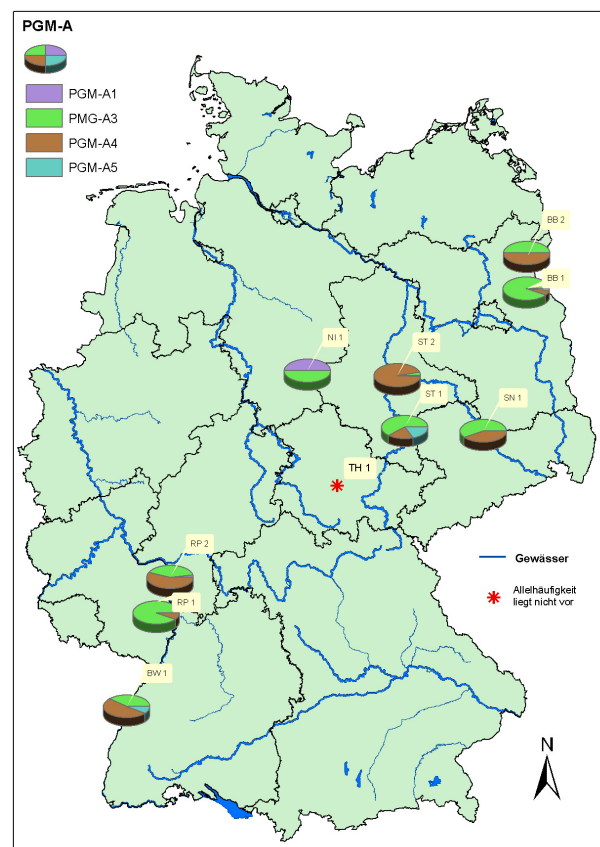


Abb. 4.9.27: Allelhäufigkeit an dem Locus PGM-A

Zusammenfassung der populationsgenetischen Struktur von *U. minor*

In den untersuchten Vorkommen von *U. minor* wurden sehr unterschiedliche genetische Strukturen nachgewiesen, die von generativ geprägten Populationen im engeren Sinne bis zu Klonfamilien mit einem dominanten Multilocus-Genotyp reichten. Dabei wurden an den verschiedenen Genorten bis zu sechs verschiedene Allele und 15 verschiedene Genotypen gefunden (PGI-B), die jedoch meistens nicht in allen Vorkommen auftreten.

Als genetische Ressourcen sind unter dem Kriterium der Erhaltungswürdigkeit, aufgrund der hohen Anzahl genetisch unterschiedlicher Typen, vor allem die Vorkommen RP 2, BW 1 und BB 1 von größter Bedeutung. Geeignet erscheinen bei Berücksichtigung der besonderen genetischen Strukturen auch die Vorkommen SN 1, ST 1 und TH 1. Aufgrund der ausgeprägten Klonstrukturen sind die Vorkommen BB 2, RP 1, ST 2 und NI 1 nicht für Generhaltungsmaßnahmen geeignet.

Die sehr starke Differenzierung der genetischen Variation, insbesondere das Auftreten unterschiedlicher Allele und Genotypen führt zu der Empfehlung, Maßnahmen auf Basis der einzelnen Vorkommen zu planen und durchzuführen. Die Auswirkungen der Vermischung verschiedener Vorkommen oder ihrer überregionalen Verfrachtung können auf der Grundlage dieser Untersuchung noch nicht abgeschätzt werden.

Vor der Durchführung von Generhaltungsmaßnahmen an anderen, bisher nicht untersuchten Vorkommen sind genetische Analysen dringend anzuraten.

4.9.4 Vergleich der drei Ulmen-Arten

Im Rahmen der methodischen Vorarbeiten wurde festgestellt, dass es relativ wenige Enzymsysteme gibt, die für Isoenzymanalysen an diesen Arten geeignet sind, indem sie reproduzierbare, klare und eindeutig interpretierbare Bandenmuster hervorbringen. Die Zusammensetzung der auswertbaren Genorte an diesen sechs Enzymsystemen (Tabelle 3.7.1) unterscheidet sich zwischen den Arten.

Außer morphologischen Unterschieden am Probenmaterial und der unterschiedlichen Konsistenz beim Homogenisieren (siehe Kap. 3.7) unterscheiden sich die Arten auch in den Enzymmustern (Anlage 4). Obwohl an vielen Genorten gemeinsame Allele auftreten, gibt es in der Regel so viele artspezifische Varianten, dass die Artzuordnung am Individuum möglich ist. In der gesamten Untersuchung sind keine Hinweise auf interspezifische Introgression gefunden worden.

Die meisten der untersuchten Vorkommen bestanden ausschließlich aus Individuen der angegebenen Art. Es gab wenige Vorkommen, in denen jeweils eine oder beide anderen Arten beigemischt waren. Als Mischvorkommen im engeren Sinne sind dabei die Vorkommen ST 1, MV 1 und MV 2 zu betrachten, in denen ein relativ großer Anteil Bäume jeweils einer anderen Art gefunden wurde. Mit geringem Anteil wurden Vertreter beider anderen Arten im Berg-Ulmen-Vorkommen BB 3 gefunden.

Die genetischen Strukturen der drei Arten unterscheiden sich gravierend voneinander. Die unterschiedliche genetische Vielfalt spiegelt sich ansatzweise in der Anzahl der Multilocus-Genotypen je Population und über alle Vorkommen (Tabelle 4.9.14) wieder.

Tabelle 4.9.14: Übersicht der untersuchten Ulmenarten

Baumart	<i>Ulmus laevis</i>	<i>Ulmus glabra</i>	<i>Ulmus minor</i>
Anzahl untersuchter Vorkommen	9	10	9
Anzahl untersuchter Individuen	440	480	445
Anzahl analysierter Genorte	11	7	11
Anzahl variierender Genorte	9	7	9
Anzahl MLGT je Vorkommen	14 41	1 37	2 38
Anzahl MLGT gesamt	233	181	125

Ein wichtiges Kriterium stellt aber auch die Verteilung dieser Varianten dar. Bei *U. laevis* treten neun Genorte mit meist zwei (selten einem, drei oder vier) Allelen je Vorkommen auf. Dagegen ist bei *U. minor* ein Genort fast monomorph und die anderen weisen sehr unterschiedliche Allelzahlen auf, die im Extremfall zwischen 1 und 6 schwanken. Ähnlich variiert *U. glabra*, bei der zwei Loci geringe Vielfalt aufweisen und fünf unterschiedliche und zum Teil sehr hohe Variation.

Ein weiterer Unterschied besteht in der Bedeutung vegetativer Regeneration. In allen Vorkommen von *U. minor* spielen Klone eine gewisse Rolle, die von der genetischen Übereinstimmung weniger Proben bis zur Einschränkung auf zwei MLGT reicht. In wenigen Vorkommen von *U. laevis* gibt es Fälle, wo die Zugehörigkeit mehrerer Bäume zu einem Klon wahrscheinlich ist, der überwiegende Teil aller untersuchten Individuen stammt aber sicher aus generativer Reproduktion. Auch bei *U. glabra* dominiert die generative Entstehung mit Ausnahme eines Vorkommens, das aus einem einzigen Klon besteht. Studien zur Bestandesgeschichte könnten Aufschluss über die Entstehung dieses seltenen Phänomens geben.

Schlussfolgerungen

- Die Ergebnisse machen deutlich, dass es sich bei den drei Ulmen-Arten um Species mit sehr unterschiedlichen genetischen Strukturen, Regenerations- und Anpassungsstrategien handelt, denen in entsprechenden Erhaltungskonzepten und –maßnahmen Rechnung zu tragen ist.
- Bei *U. laevis* und *U. glabra* hat dabei die Erhaltung von Populationen den Vorrang.
- Bei *U. minor* geht es um die Erhaltung von Klonkollektiven.
- Für alle drei Arten wird aufgrund der nachgewiesenen Unterschiede, die aber durch die relativ geringen Vorkommens- und Probenzahlen bisher nicht erklärbar sind, empfohlen, Erhaltungsmaßnahmen auf der Ebene von Einzelvorkommen zu planen und umzusetzen, um angepasste Strukturen nicht zu gefährden.
- Die großen Unterschiede der Vorkommen innerhalb und zwischen den Arten führen zu der Empfehlung, alle Generhaltungsmaßnahmen mit genetischen Analysen zu begleiten, um die Erhaltungswürdigkeit der Ressource zu prüfen (Beimischungen anderer Arten, Klonstrukturen, seltene Allele, genetische Variation) und ihr genetisches Potenzial möglichst effektiv zu nutzen.
- Isoenzymanalysen haben sich als kostengünstiges und schnelles Verfahren für genetische Inventuren bewährt. Bei der zukünftigen Planung von Projekten und Leistungen sollte darauf geachtet werden, dass für umfangreiche Probenahmen wenigstens zwei Winter zur Verfügung stehen. Damit können die Arbeiten zur

Probengewinnung besser der Witterung angepasst werden, der Analyseaufwand sinkt und die Qualität der Ergebnisse verbessert sich.

5 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Die Erfassung der drei Ulmen-Arten im Rahmen des Projektes ermöglicht zum ersten Mal einen Gesamtüberblick über die genetischen Ressourcen der Baumarten in Deutschland, welche nach einheitlichen Methoden und Kriterien erfasst und bewertet wurden. In einer Reihe von Bundesländern lagen zuvor nur wenige bis gar keine Daten über Ulmenvorkommen und deren Zustand vor. In Hessen wurde 1986 eine Umfrage an die staatlichen Forstämter und Privatforstverwaltungen durchgeführt (JANßEN 1993). In Niedersachsen wurden 1989 eine Liste von Vorkommen aus Forsteinrichtungsunterlagen, Naturschutzunterlagen und vorhandenen Kenntnissen erstellt, die im Anschluss vor Ort überprüft und ergänzt wurde (BRÖTJE & FELLEBERG 1993). Aktuelle veröffentlichte Erfassungen im größeren Umfang liegen aus vier Bundesländern vor. In Nordrhein-Westfalen fand eine erste Kartierung 1988/1989 statt, die in den Jahren 2004/2005 wiederholt wurde (SCHMITT 2005). Für Sachsen erfolgte durch MACKENTHUN (2000) eine landesweite Bestandessabschätzung auf der Basis von Probeflächen in ausgewählten Landschaftsräumen. In Hamburg wurden die Ulmen im Rahmen eines Ulmenprogramms durch Bürgerbefragungen erfasst und in das Baumkataster eingearbeitet (MACKENTHUN 2004). Für Schleswig-Holstein wurde kürzlich durch JANSSEN & HEWICKER (2006) eine aktuelle Verbreitungskarte von *U. laevis* veröffentlicht. Alle diese Erfassungen wurden nach unterschiedlichen Methoden durchgeführt, so dass die Ergebnisse nur bedingt vergleichbar sind oder sie liegen zeitlich so lange zurück, dass sie besonders im Hinblick auf das Ulmensterben nicht mehr aktuell sind.

Die Erfassungen geben einen Gesamtüberblick zur Situation der drei Ulmen-Arten in Deutschland mit Angaben zu Größe, Vitalität und Verjüngungspotential der Vorkommen.

Aus populationsgenetischer – und damit erhaltungsbiologischer - Sicht stand neben der zahlen- und flächenmäßigen Größe der Populationen, deren Vitalität, Altersstruktur, und Verjüngungspotenzial im Vordergrund der Untersuchungen. Die Darstellung der Eigentumsverhältnisse und der Schutzstatus ermöglichen Einschätzungen zur Durchführbarkeit von weiteren Schutzmaßnahmen.

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

Die Ergebnisse sind Grundlage für folgende Verwertungsaufgaben:

1. Gefährdungsabschätzung der Reliktvorkommen und Bestimmung der Erhaltungsdringlichkeit
2. Planung von sinnvollen und erfolgsorientierten *in-situ*- und *ex-situ*-Maßnahmen zur Erhaltung und Mehrung der Baumart
3. Planung eines repräsentativen, bundesweiten genetischen Monitorings für wenige Populationen
4. Nutzung der erarbeiteten Methoden (Kartieranleitung, Recherchequellen, Datenbank, Auswerteroutinen) sowie der entwickelten Informationsnetzwerke (Behörden,

Institutionen, Hochschulen, NGO's) für weitere Erfassungsprojekte für andere seltene oder gefährdete Baumarten (z. B. Wildobstarten)

5. Ableitung des Forschungsbedarfs für die Erhaltung der Baumart

Erfassungsdichte:

Nach Einschätzung der Kartierer für das von ihnen bearbeitete Gebiet und eigenen Einschätzungen wurden fast alle der größeren und bedeutenden Vorkommen sowie auch eine Vielzahl der kleinen Vorkommen erfasst. Durch weitere Erfassungen ließe sich das hier gezeigte Bild sicherlich verdichten und ergänzen aber nicht mehr in seiner Gesamtaussage verändern. In Bayern, dem flächenmäßig größtem Bundesland, ist die Erfassungsdichte schwieriger einzuschätzen (Kap. 3.5 und 7.2.6).

5.1 Bewertungen nach Erhaltungswürdigkeit, Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit

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

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

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

Ein ausgewiesenes Generhaltungsobjekt ist damit per se erhaltungswürdig, d. h. langfristig muss die Überlebensfähigkeit gesichert sein. Für denjenigen, der mit den Aufgaben der Erhaltung genetischer Ressourcen beauftragt ist, wird sich immer die Frage stellen, ob bzw. mit welchem Aufwand eine Population auch erhaltungsfähig ist. Die Überlebensfähigkeit ist abhängig von der Größe, Abundanz, Altersstruktur, Vitalität, Reproduktion und genetischen Variabilität der Population. Für die Ausweisung von Generhaltungswäldern sind die Bundesländer bzw. die von ihnen beauftragen Forstlichen Versuchsanstalten zuständig. Es war daher nicht Ziel des Projektes, Generhaltungsobjekte vorzuschlagen – dennoch können aus Bundessicht prädestinierte Regionen bzw. Vorkommen empfohlen werden.

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

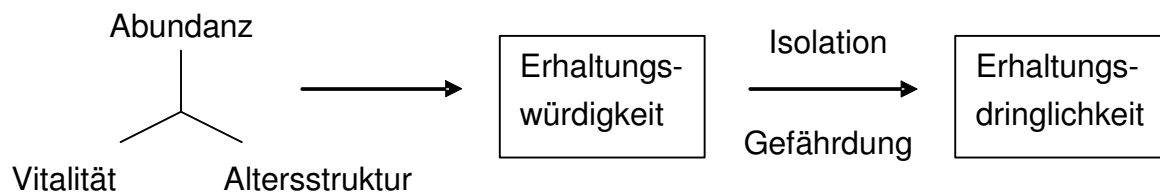


Abb. 5.1.1: Bewertungsparameter zur Auswahl des Grades der Erhaltungswürdigkeit sowie Erhaltensdringlichkeit

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

Das bundesweite Konzept zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen präferiert die Erhaltung *in-situ*, d. h. demnach sind vorrangig vitale, individuenreiche und mit einem entsprechenden Verjüngungsmuster ausgestattete Populationen geeignet, die sich ohne größere (*ex-situ*) Aufwendungen langfristig erhalten werden. Vor diesem Hintergrund sind die Anteile erhaltungswürdiger Bestände in fünf Bewertungsstufen dargestellt (Tabelle 5.1.1 und Abbildung 5.1.2), die die „*in-situ*-Erhaltungsfähigkeit“ dokumentiert.

Dabei fällt der insgesamt sehr geringe Anteil an als sehr gut oder gut bewerteten Vorkommen der drei Ulmen-Arten auf. Weiterhin auffällig ist die große Ähnlichkeit der Einstufung der Ulmen-Arten. Bei allen drei Arten ergibt die Addition der Prozentwerte der Stufen sehr gut, gut und geschwächt einen Prozentwert zwischen 21 und 19 %. Die Werte sind in diesen drei Stufen fast identisch, bei *U. laevis* geringfügig vitaler als bei den anderen beiden Arten. Der wesentliche Unterschied zwischen den Arten wird somit bei den Kategorien bedroht und absterbend deutlich. Bei *U. laevis* sind 11 % der Vorkommen in die Kategorie absterbend eingestuft, bei *U. glabra* 20 % und bei *U. minor* 23 %.

Tabelle 5.1.1: Anzahl der *in-situ* erhaltungsfähigen Vorkommen der 3 Ulmen-Arten bundesweit

Art	sehr gut	gut	geschwächt	bedroht	absterbend
<i>Ulmus laevis</i>	5 (1 %)	35 (4 %)	133 (16 %)	560 (68 %)	92 (11 %)
<i>Ulmus glabra</i>	5 (1 %)	29 (3 %)	164 (16 %)	620 (62 %)	200 (20 %)
<i>Ulmus minor</i>	2 (<1%)	12 (3 %)	75 (16 %)	267 (58 %)	106 (23 %)

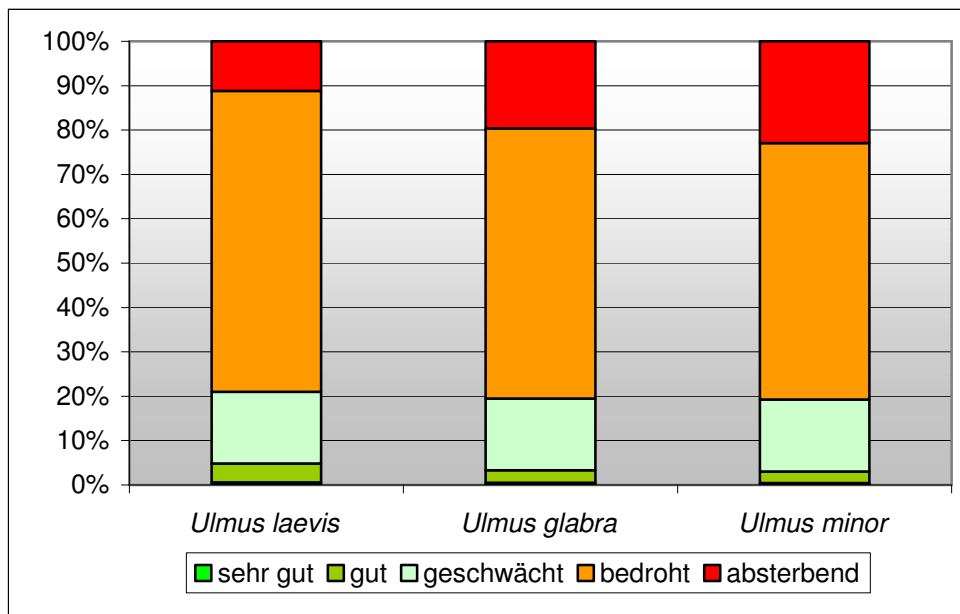


Abb. 5.1.2 Grad der *in-situ* Erhaltungsfähigkeit der 3 Ulmen-Arten bundesweit

Die wenigen *in-situ* erhaltungsfähigen Vorkommen der drei Ulmen-Arten – die von den Bundesländern auch als erhaltungswürdige Generhaltungsobjekte anerkannt sein sollten – zeigen die Notwendigkeit und Dringlichkeit von aktiven Maßnahmen zur Erhaltung von Ulmen. Per Definition sind erhaltungsdringliche Generhaltungsobjekte von einem besonders hohen Gefährdungsgrad betroffen bzw. deren Verlust führt zur genetischen Isolation anderer Generhaltungsobjekte der gleichen Population (fehlender „Trittstein“). Ob *biologisch* erhaltungsdringliche Populationen tatsächlich auch *administrativ* erhaltungsdringlich klassifiziert werden, hängt von einer Vielzahl von Faktoren ab (Prioritätensetzung zwischen naturschutzfachlichen und wirtschaftlichen Zielen, Ressourcen etc.), die an dieser Stelle nicht behandelt werden können.

Grundsätzlich muss in der „Generhaltung“ das Ziel bestehen, große Populationen zu erhalten oder zu schaffen. Die genetische Isolation vitaler Vorkommen sollte vermieden werden. Für die Planung von aufwendigen, aktiven – häufig *ex-situ*-Maßnahmen sollte daher der Grad der Isolation einer Population bestimmt werden. Grundsätzlich sind zwei Strategien für die Durchführung von Kunstverjüngungen zu überprüfen:

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

Für beide Strategien ist es wichtig, die „Genzentren“ der drei Ulmen-Arten in Deutschland länderübergreifend zu erkennen. Die Abbildungen 5.1.5-6; 5.1.9-10 und 5.1.13-14 zeigen derartige Verbreitungsschwerpunkte der Ulmen-Arten in Deutschland, basierend auf der räumlichen Dichte der Vorkommen. Anhand der Darstellung der *Kerneldichte* mittels GIS werden hier einerseits die Zentren von genetischen Ressourcen der Ulmen-Arten und andererseits isolierte Vorkommen erkennbar. Die Darstellung der Kerneldichte der

Populationen kann mit und ohne Berücksichtigung der Individuenzahl erfolgen. Beide Darstellungen sind für die Analyse der Erhaltungsdringlichkeit und die Planung künftiger Generhaltungsflächen sinnvoll. Bei der Darstellung der Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl werden Populationen insbesondere mit hoher Baumzahl, aber auch enger Nachbarschaft hervorgehoben. Somit werden räumlich dichte Populationen mit geringer Individuenzahl nicht als Genzentren ausgewiesen. Die Darstellung der Kerneldichte ohne die Berücksichtigung der Baumzahl zeigt dagegen den räumlichen Zusammenhang aller Vorkommen der Ulmen-Arten an.

5.1.1 *Ulmus laevis*

Die Abb. 5.1.3 und 5.1.4 stellen die räumliche Verteilung der Vorkommen nach ihrem Grad der *in-situ* Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen von *U. laevis* und deren Verteilung auf die Bundesländer dar. Es fällt erneut der hohe Anteil an geschwächten und absterbenden Generhaltungsobjekten auf. Besonders deutlich ist dies in Bayern und dem Saarland, wo der Anteil der als absterbend eingestuften Generhaltungsobjekte mehr als die Hälfte der Vorkommen ausmacht.

Mit Ausnahme von Brandenburg und Mecklenburg-Vorpommern sind Vorkommen, die als sehr gut oder gut eingestuft wurden, zumeist nur in der Nähe größerer Flussläufe zu finden. Dies gilt im Besonderen für den Süden und Westen von Deutschland.

Bundesländer, in denen der Anteil an Vorkommen mit der Einstufung sehr gut oder gut bei 5 % oder höher liegt, sind Rheinland-Pfalz, Sachsen, Brandenburg, Baden-Württemberg, Sachsen-Anhalt und Niedersachsen.

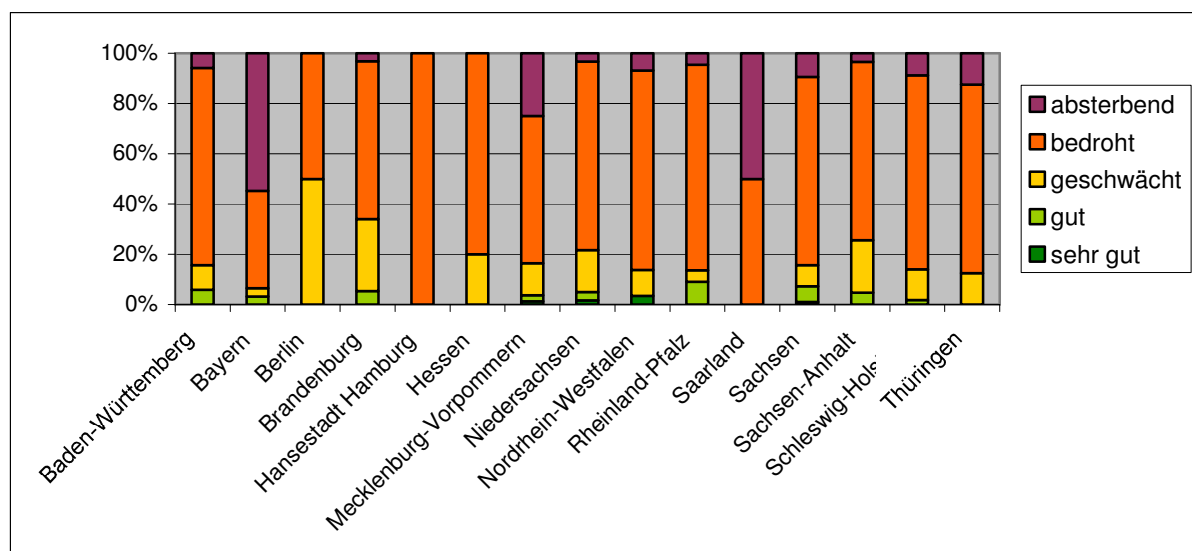


Abb. 5.1.3 : Grad der *in-situ* Erhaltungsfähigkeit von *Ulmus laevis* nach Bundesländern

Die Abb. 5.1.5 stellt die Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl der Vorkommen von *U. laevis* dar. Dadurch werden Populationen mit hoher Baumzahl und enger Nachbarschaft hervorgehoben. Diese s.g. Genzentren (Tabelle 5.1.2) sind von entscheidender Bedeutung bei der Auswahl der Schutzstrategie.

Mit einer Ausnahme befinden sich alle Genzentren im Nordosten bzw. Osten Deutschlands. Elbe und Saale begrenzen dieses Hauptverbreitungsgebiet, bestehend aus den Genzentren

Nordostdeutsches Genzentrum, Ostdeutsches Genzentrum und Mittleres Ostdeutsches Genzentrum, nach Westen hin ab. Jedes der drei Genzentren wird dabei in zwei Teilbereiche aufgeteilt. Das Nordostdeutsche Genzentrum teilt sich in die Teilbereiche West-Mecklenburg und Mittlere Elbe, das Ostdeutsche Genzentrum in Barnim- Märkisch Oderland und Märkische Schweiz, und das Mittlere Ostdeutsche Genzentrum in die Teilbereiche Elbe-Saale und Leipziger Tieflandbucht auf.

Das einzige Genzentrum mit hoher Individuenzahl westlich von Elbe und Saale befindet sich in der Nähe der Weser im Raum Göttingen im Zentrum von Deutschland. Im gesamten Süden und Westen von Deutschland befinden sich, sofern es überhaupt Vorkommen von *U. laevis* gibt, keinerlei zusammenhängende größere Populationen.

Tabelle 5.1.2: Genzentren mit hoher Anzahl an Bäumen von *Ulmus laevis*

Nr. aus Karte	Bezeichnung des Genzentrums	Nr. aus Karte	Teilbereich
1	Nordostdeutsches Genzentrum	1a	West-Mecklenburg
		1b	Mittlere Elbe
2	Ostdeutsches Genzentrum	2a	Barnim- Märkisch Oderland
		2b	Märkische Schweiz
3	Mittleres Ostdeutsches Genzentrum	3a	Elbe-Saale
		3b	Leipziger Tieflandbucht
4	Raum Göttingen		

Die Abb. 5.1.6 stellt anhand der Darstellung der Kerneldichte mit gleicher Wertung aller Vorkommen unabhängig der Baumzahl den räumlichen Zusammenhang zwischen den Vorkommen von *U. laevis* dar. Die Nummern bezeichnen zusammenhängende Genzentren und deren Teilbereiche, die in Tabelle 5.1.3 beschrieben sind. Die Bezeichnung der Genzentren bleibt zu den in Tabelle 5.1.2 genannten vier Genzentren identisch, lediglich die Mittlere Ostdeutsche Population wird durch einen dritten Teilbereich „Ost-Sachsen“ ergänzt. Im Südwesten von Deutschland entlang des Rheins wurde ein weiteres Genzentrum mit der Bezeichnung Oberrheingraben ausgewiesen.

Für *U. laevis* sind im Norden und Nordosten von Deutschland drei sehr große Genzentren zu erkennen, die sich von Schleswig-Holstein über Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg, Sachsen-Anhalt bis nach Sachsen erstrecken. Der optische Eindruck der Verbreitung von *U. laevis* aus Abb. 5.1.6 wird klar von diesen drei Genzentren dominiert. Dieses Hauptverbreitungsgebiet wird erneut von Elbe und Saale nach Westen hin begrenzt. In den übrigen Teilen von Deutschland sind lediglich versprengte kleinere Populationen zu finden. Die einzig weitere größere zusammenhängende Population befindet sich entlang des Rheins im Oberrheingraben.

Tabelle 5.1.3: Großflächig zusammenhängende Genzentren von *Ulmus laevis*

Nr. aus Karte	Bezeichnung des Genzentrums	Nr. aus Karte	Teilbereich
1	Nordostdeutsches Genzentrum	1a	West-Mecklenburg
		1b	Mittlere Elbe
2	Ostdeutsches Genzentrum	2a	Barnim-Märkisch Oderland
		2b	Märkische Schweiz
3	Mittlere Ostdeutsches Genzentrum	3a	Elbe-Saale
		3b	Leipziger Tieflandbucht
		3c	Ost Sachsen
4	Raum Göttingen		
5	Oberrhein Graben		

Die gezeigte Verbreitung von *U. laevis* ist sowohl durch die geografischen Hauptverbreitung dieser deutlich östlich orientierten Ulmen-Art geprägt als auch durch das Vorhandensein geeigneter Lebensräume wie Auwäldern oder Feuchtgebieten mit wechselndem Wasserständen. Die größten Vorkommen befinden sich in den glazial stark überformten Bereichen Nordostdeutschlands. Bedingt durch das Relief finden sich in diesen Wuchsgebieten viele Bereiche mit Binnenentwässerung und daraus resultierender Staunässe, welche das Vorkommen von *U. laevis* begünstigen.

Auffällig ist, dass *U. laevis* zu großen Teilen entlang der größeren Flüsse in Deutschland mit Ausnahme von Oder und Elbe fehlt. Dies zeigt deutlich die Hauptgefährdungsursache, die menschliche Inanspruchnahme und Umgestaltung des Lebensraumes. Diese besteht nicht nur im Ausbau, der Kanalisierung und Begradigung von Flussläufen und der Bebauung oder landwirtschaftlichen Nutzung der Aue, sondern auch aus der daraus resultierenden fehlenden Auendynamik. In Feuchtgebieten, an deren Rand sie in Nordostdeutschland sehr häufig zu finden ist, besteht eine Gefährdung durch landwirtschaftliche Meliorationsmaßnahmen, wie sie besonders in Ostdeutschland flächendeckend durchgeführt werden. Der Sinn und die Wirtschaftlichkeit dieser Maßnahme, deren Kosten über Steuereinnahmen gedeckt werden, werden seit vielen Jahren kritisch gesehen. Als Folge anhaltend sinkender Grundwasserpegel trocknen Feuchtgebiete aus und eine Verjüngung von *U. laevis* wird immer unwahrscheinlicher. Die Keimung kann nur auf unbedecktem Boden erfolgen, wie er nach Überflutungsereignissen oder Wasserspiegelschwankungen häufig entsteht. Die Flatter-Ulme hat sich als eher konkurrenzschwache Mischbaumart an diese Standorte angepasst. Sie kann stauende Nässe mit bewegtem Wasser bis zu 3 Monaten tolerieren, was viele auf staunässefreien Standorten konkurrenzstärkere Arten ausschaltet (MÜLLER-KROEHLING 2003; JANSSEN & HEWICKER 2006).

Die Feststellung von BRÖTJE & FELLEBERG (1993), dass *U. laevis* derzeit trotz ihres geringen Bestandes bundesweit als nicht gefährdet einzustufen ist, kann nicht bestätigt werden. In den drei gezeigten Genzentren im Hauptverbreitungsgebiet, in dem es noch sehr gute Bestände gibt, sollten die Situation der Baumart besonders im Hinblick auf die Naturverjüngung kritisch beobachtet werden. Hier sollten gezielt größere Bestände für den Aufbau eines Monitorings ausgewählt werden.

Zwischen den stark isolierten Vorkommen westlich von Elbe und Saale ist ein Genaustausch nicht mehr zu erwarten. COLLIN (2006) verweist auf das hohe Risiko von genetischer Drift bei stark isolierten Populationen von *U. laevis*.

Schutzmaßnahmen sollten hier am sinnvollsten durch großflächigen Habitatschutz stattfinden, um den oben genannten Einflüssen entgegen zu wirken. Da Maßnahmen von derartigem Umfang, so sinnvoll sie auch aus Naturschutzsicht sind und immer wieder postuliert werden, nicht mit der Begründung von Generhaltungsmaßnahmen allein durchsetzbar sein werden, gilt es bei der Auswahl von *in-situ* Vorkommen für die Generhaltung Vorkommen in strenge Schutzkategorien auszuwählen, wie z. B. den Natura 2000 Gebieten.

In jedem der in Tabelle 5.1.3 ausgewiesenen Teilbereiche der 5 Genzentren sollten geeignete Bestände für *in-situ* Maßnahmen ausgewählt werden. Diese Bestände müssen durch ein Monitoring überwacht werden. An den großen Flussläufen im Westen von Deutschland, besonders entlang des Rheins, sollte die Flatter-Ulme durch Auwald Initialisierungsmaßnahmen neu gepflanzt werden.

Deutschlandweite *Ex-situ* Maßnahmen zum Arterhalt von *U. laevis* erscheinen momentan nicht notwendig.

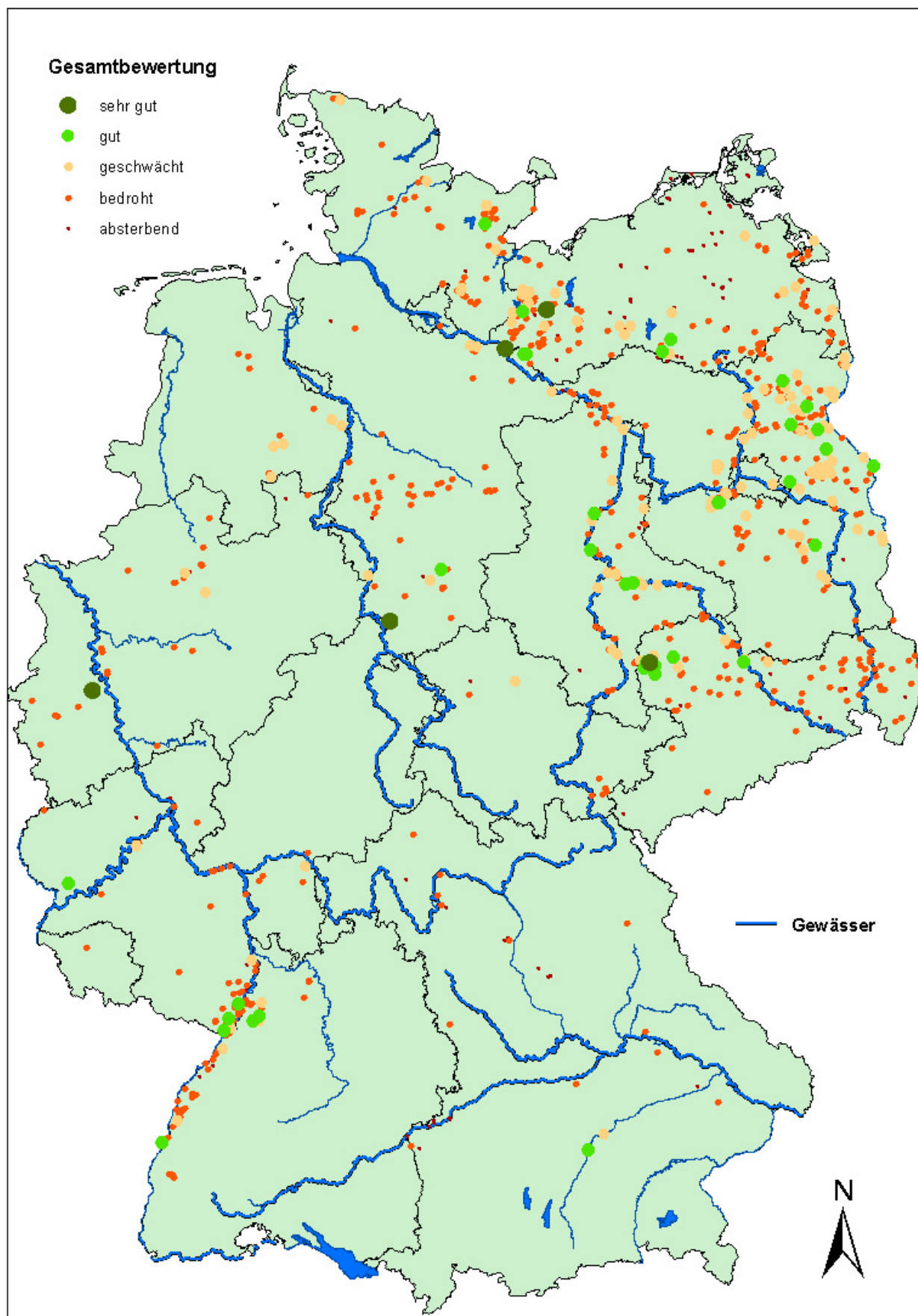


Abb. 5.1.4: *Ulmus laevis* Vorkommen klassifiziert nach dem Grad der *in-situ* Erhaltungsfähigkeit

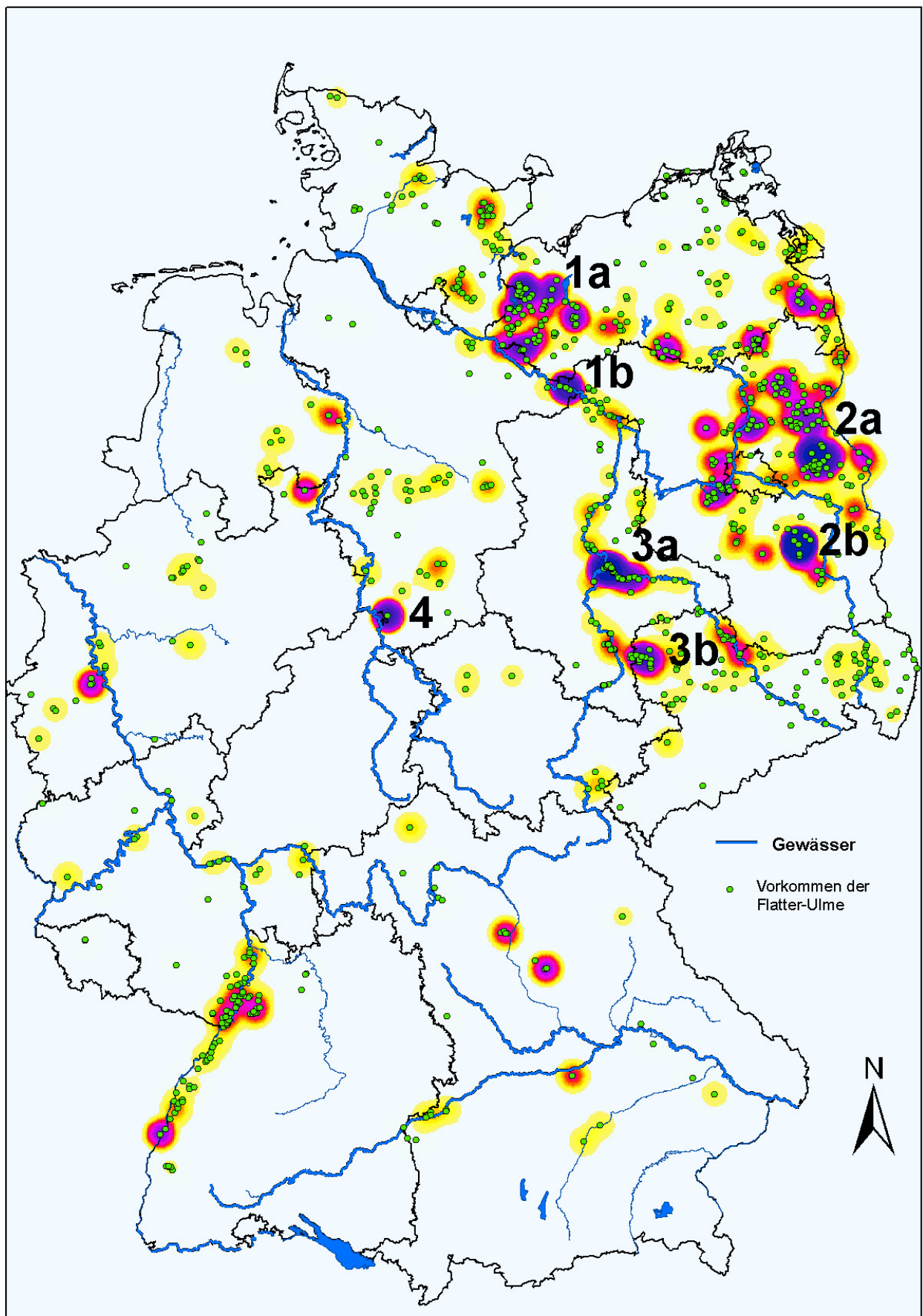


Abb. 5.1.5 : Darstellung der Kerneldichte von *Ulmus laevis* mit Berücksichtigung der Baumzahl

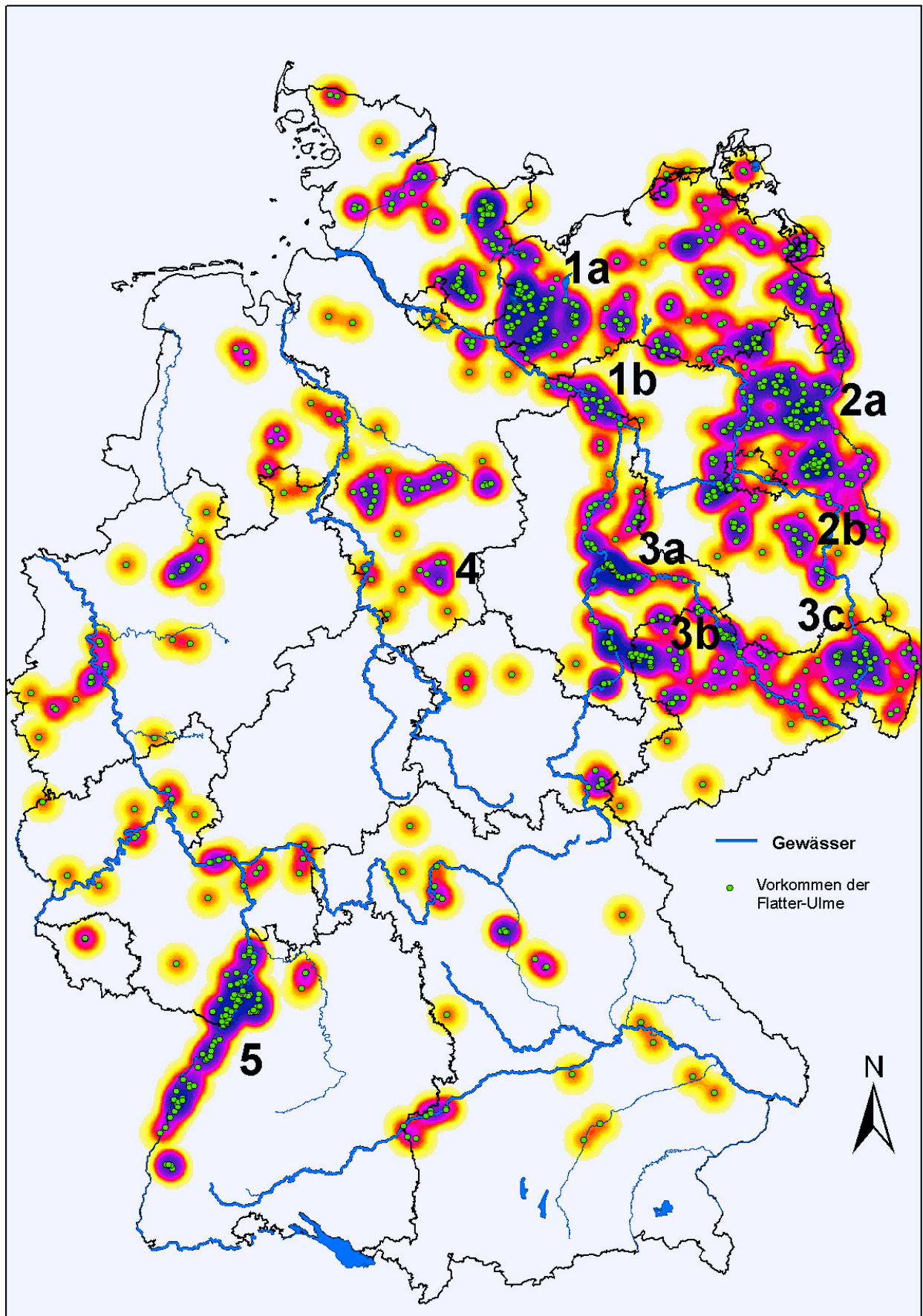


Abb. 5.1.6 : Darstellung der Kerneldichte von *Ulmus laevis* ohne Berücksichtigung der Baumzahl

5.1.2 *Ulmus glabra*

Die räumliche Verteilung der Vorkommen nach ihrem Grad der *in-situ* Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen ist in Abb. 5.1.7 und 5.1.8 dargestellt. Genobjekte, die mit einer hohen bis sehr hohen Erhaltungsfähigkeit haben nur einen geringen Anteil an den Gesamtorkommen.

Bei der Verteilung der Bewertungskategorien auf die einzelnen Bundesländer gibt es keine gravierenden Unterschiede, wenn man die Bundesländer mit nur geringen Vorkommen wie Hamburg nicht berücksichtigt (Abb. 5.1.7). Baden-Württemberg hat mit 8 % den höchsten Anteil an erhaltungsfähigen Vorkommen mit der Einstufung „sehr gut“ oder „gut“. Rheinland-Pfalz erreicht 6 % und Schleswig-Holstein und Mecklenburg-Vorpommern jeweils 5 %. Der Anteil der absterbenden Vorkommen ist im Saarland und in Bayern mit bis über 40 % sehr hoch.

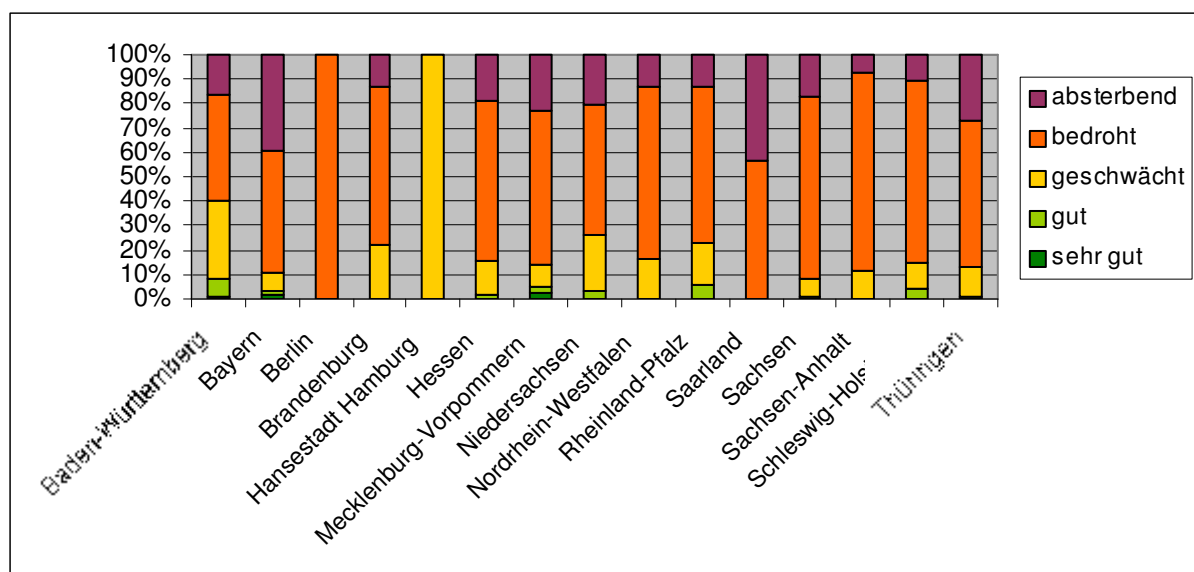


Abb. 5.1.7: *In-situ* Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen von *Ulmus glabra* in den Bundesländern

Die Abb. 5.1.9 stellt die Kerneldichte unter Berücksichtigung der Baumzahl der Vorkommen von *U. glabra* dar. Dadurch werden Populationen mit hoher Baumzahl und enger Nachbarschaft hervorgehoben. Die Nummern bezeichnen die Genzentren und deren Teilbereiche, die in Tabelle 5.1.4 beschrieben sind. Dabei wurden zwei Genzentren mit besonders hoher Baumzahl ausgewiesen. Zum einen das „Mitteldeutsche Genzentrum“ mit dem Zentrum im Süden von Niedersachsen und zum anderen das Süddeutsche Genzentrum mit zwei Teilbereichen. Der eine Teilbereich ist die Schwäbische Alb mit einer sehr hohen Dichte an baumzahlreichen Vorkommen und der andere der Teilbereich nördlich des Bodensees.

Tabelle 5.1.4: Genzentren mit hoher Anzahl an Bäumen von *Ulmus glabra*

Nr. aus Karte	Bezeichnung des Genzentrums	Nr. aus Karte	Teilbereich
1	Mitteldeutsches Genzentrum		
2	Süddeutsches Genzentrum	2a	Schwäbische Alb
		2b	Bodensee

Durch die Darstellung der Kerneldichte ohne Berücksichtigung der Baumzahl der Vorkommen in Abb. 5.1.10 wird der räumliche Zusammenhang zwischen den Vorkommen von *U. glabra* dargestellt. Die Nummern in Tabelle 5.1.5 bezeichnen die zusammenhängenden Genzentren und deren Teilbereiche unter Berücksichtigung der bereits beschriebenen Genzentren aus Tabelle 5.1.4.

Es sind bundesweit vier unterschiedlich große mehr oder weniger zusammenhängende Genzentren erkennbar, die sich jeweils in zwei bis vier Teilbereiche aufspalten.

Das „Mitteldeutsche Genzentrum“, das sich insgesamt über sechs Bundesländer in der Mitte von Deutschland erstreckt, wird in die drei Teilbereiche „Harz“, „Thüringer Wald“ und „Erzgebirge“ aufgeteilt. Zum „Süddeutschen Genzentrum“ kommt als dritter Teilbereich der Teilbereich „Schwarzwald“ hinzu. Weiterhin werden zwei neue Genzentren ausgewiesen: in den Bundesländern Rheinland-Pfalz und Saarland das „Südwestdeutsche Genzentrum“ mit den Teilbereichen „Eifel“ und „Saarland“, in Nordostdeutschland das „Nordostdeutsche Genzentrum“ mit den Teilbereichen „Schleswig-Holstein“, „Mecklenburg-Vorpommern“ und „Nordost Brandenburg“. Anhand Abb. 5.1.10 wird deutlich, dass der mit Abstand größte Teil der Vorkommen von *U. glabra* in größeren zusammenhängenden Populationen eingebunden ist.

Einzelne, stark isolierte Vorkommen liegen in Bereichen zwischen den Genzentren, die nicht zu den Hauptverbreitungsgebieten der Baumart zu zählen sind. Als Beispiele sind hier das Nordwestdeutsche Tiefland, der Norden von Sachsen-Anhalt sowie Süd-Brandenburg genannt. Diese Vorkommen können aus Sicht der Generhaltung nicht weiter berücksichtigt werden.

Tabelle 5.1.5: Großflächig zusammenhängende Genzentren von *Ulmus glabra*

Nr. aus Karte	Bezeichnung des Genzentrums	Nr. aus Karte	Teilbereich
1	Mitteldeutsches Genzentrum	1a	Harz
		1b	Thüringer Wald
		1c	Erzgebirge
2	Süddeutsches Genzentrum	2a	Schwäbische Alb
		2b	Bodensee
		2c	Schwarzwald
3	Südwestdeutsches Genzentrum	3a	Eifel
		3b	Saarland
4	Norddeutsches Genzentrum	4a	Schleswig -Holstein
		4b	Mecklenburg-Vorpommern
		4c	Nordost Brandenburg

Da die Hauptgefährdungsursache von *U. glabra* nach wie vor eindeutig das Ulmensterben ist und es dagegen noch keinerlei effektive auf großer Fläche anwendbaren Gegenmaßnahmen gibt, können hier auch keine einfachen Lösungsansätze formuliert werden. Infizierte Berg-Ulmen sterben ab und regenerieren sich nicht erneut aus Wurzelbrut. Allerdings verfügt *U. glabra* im Vergleich zu den anderen Ulmen-Arten über ein hohes Potenzial an gut keimfähigen Samen, so dass unter günstigen Bedingungen eine ausreichende Anzahl an jungen Bäumen zu finden ist, die noch nicht für Ulmensplintkäfer attraktiv sind (RÖHRING 1996, COLLIN 2006). In der Literatur gibt es nur wenige Angaben zu Schutzstrategien für *U.*

glabra. COLLIN (2006) allerdings empfiehlt zwei Handlungsstrategien: Zum einen die Entwicklung eines Monitoringssystem für Berg-Ulmen-Populationen in verschiedenen Regionen Europas, um die genetische Diversität in ihnen zu charakterisieren. Zum anderen fordert er vorsorgliche Schritte im Bestandesmanagement von Vorkommen, um die Blüte und Samenproduktion der Bäume sowie die Keimung der Samen und den Schutz der Naturverjüngung zu fördern.

Die erste geforderte Strategie wurde durch das hier beschriebene Projekt für Deutschland beispielhaft durchgeführt. Zur zweiten Strategie können aus den hier vorgestellten Ergebnissen anhand der in der Datenbank enthaltenen Bewertungskriterien die besten Bestände in jedem Genzentrum für *in-situ* Maßnahmen ausgewählt werden. Diese Bestände sollten durch gezielte Bestandesspflege aufgewertet werden.

Als Maßnahme wird daher die Auswahl von Generhaltungsbeständen in allen Teilbereichen der in Tabelle 5.1.5 aufgelisteten Genzentren empfohlen. In diesen Beständen soll die Berg-Ulme durch forstliche Maßnahmen gezielt gefördert werden, Jungpflanzen sollen wirkungsvoll gegen Verbiss geschützt werden. Beim Auftreten von Ulmensterben sollten die befallenen Bäume durch forstsanitäre Maßnahmen entfernt werden. Für ausgewählte Bestände ist ein Monitoring einzurichten.

U. glabra sollte auch in Zukunft standortgerecht in Wäldern künstlich verjüngt werden. Bei Pflanzungen sind kleine in den Bestand eingemischte Trupps sinnvoll. Es ist zu bedenken, dass der aus Sicht der genetischen Vielfalt geforderte Habitatverbund zum Zwecke des Genaustausches auch einen Habitatverbund für den Ulmensplintkäfer als Vektor des Ulmensterbens darstellt.

Aufgrund der Tatsache, dass es sich um eine windbestäubte Art mit großen Samenpotenzial handelt, ist *U. glabra* gut für *ex-situ* Erhaltungsmaßnahmen geeignet. Diese können in Bereichen notwendig werden, in denen Populationen zu verschwinden drohen und die genetische Ressource erhalten werden soll.

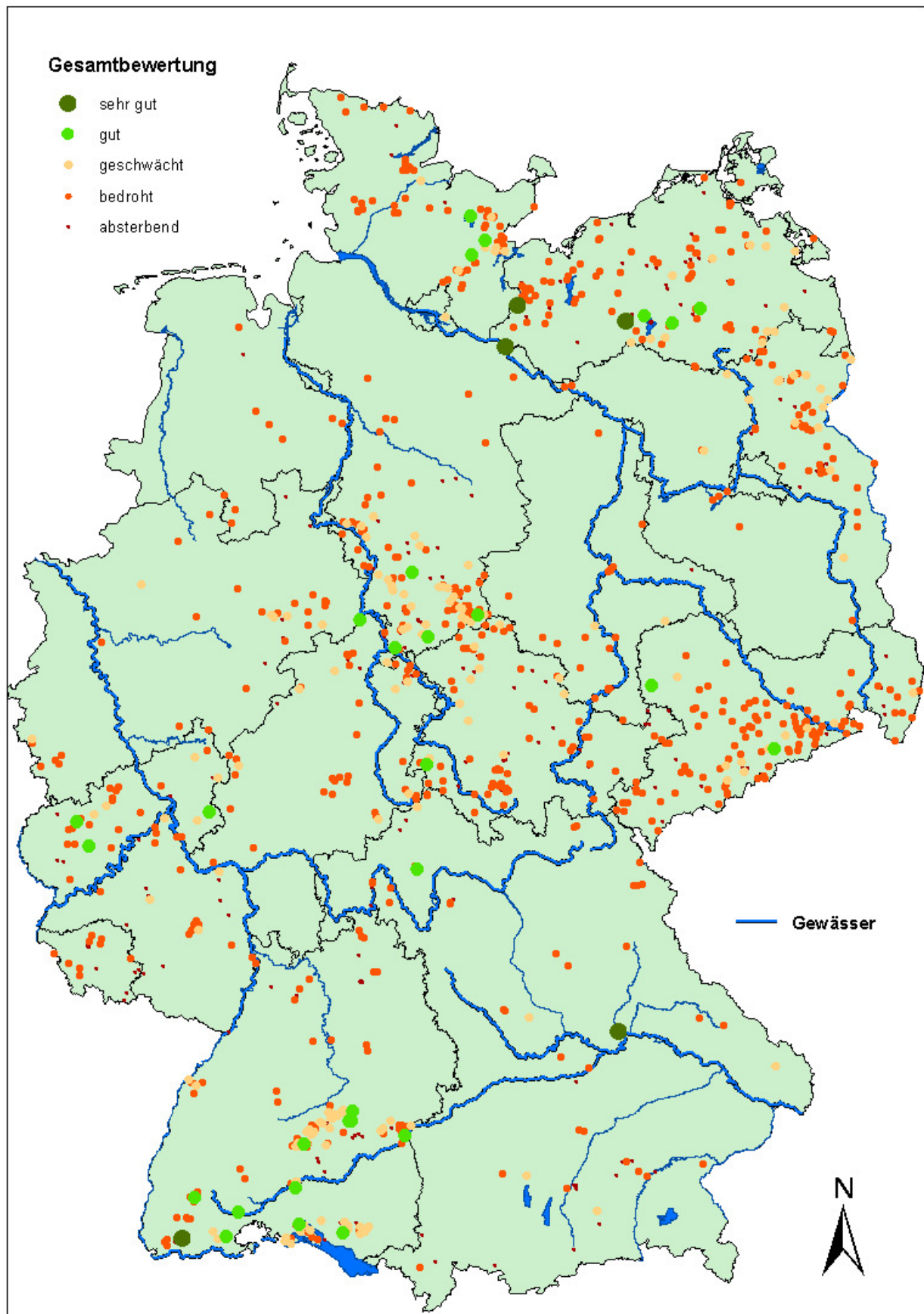


Abb. 5.1.8: *Ulmus glabra* Vorkommen klassifiziert nach dem Grad der *in-situ* Erhaltungsfähigkeit

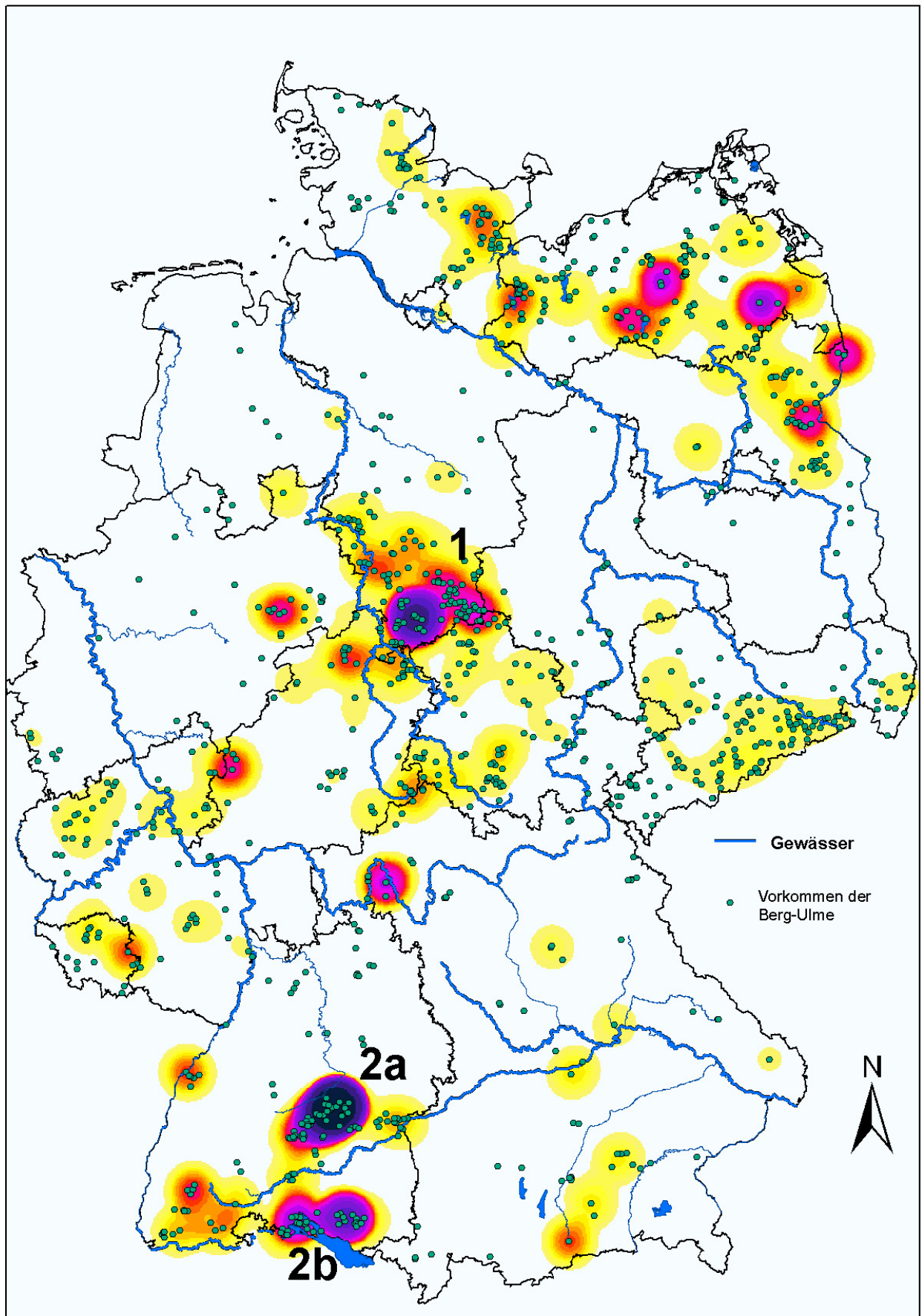


Abb. 5.1.9 : Darstellung der Kerneldichte von *Ulmus glabra* ohne Berücksichtigung der Baumzahl

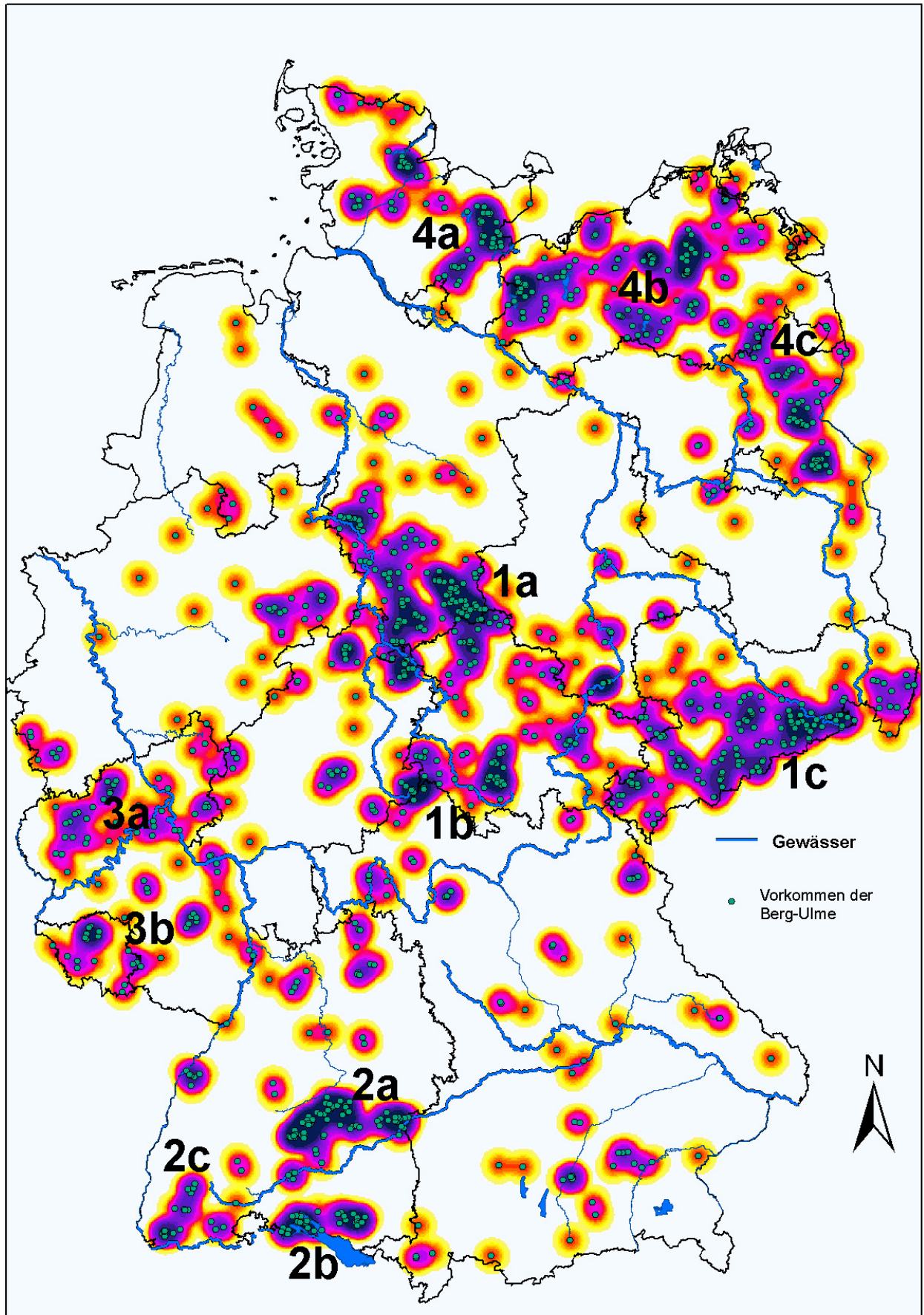


Abb. 5.1.10 : Darstellung der Kerneldichte von *Ulmus glabra* mit Berücksichtigung der Baumzahl

5.1.3 *Ulmus minor*

Bei der räumlichen Verteilung nach dem Grad der *in-situ* Erhaltungsfähigkeit der Vorkommen von ***U. minor*** (Abb.5.1.12) fällt auf, dass die Vorkommen, die als sehr gut oder gut eingestuft wurden, hauptsächlich in den Bereichen auftreten, in denen die Art ihre Verbreitungsschwerpunkte besitzt (Kap. 4.1.3 und Abb. 5.1.13 und 5.1.14). Die weit verstreuten Einzelvorkommen sind zumeist als bedroht oder absterbend eingestuft.

Da viele Bundesländer nur sehr kleine Vorkommen von *U. minor* aufweisen (Kap. 4.1.3), ist ihre Aussagekraft bei der in Abb. 5.1.12 dargestellten Verteilung der Bewertungen auf die Bundesländer gering. Dennoch sei erwähnt, dass Bayern mit 9 % den höchsten Anteil an mit sehr gut und gut bewerteten Vorkommen besitzt. Werte um bzw. über 5 % treten ansonsten nur noch in Baden-Württemberg und Sachsen auf.

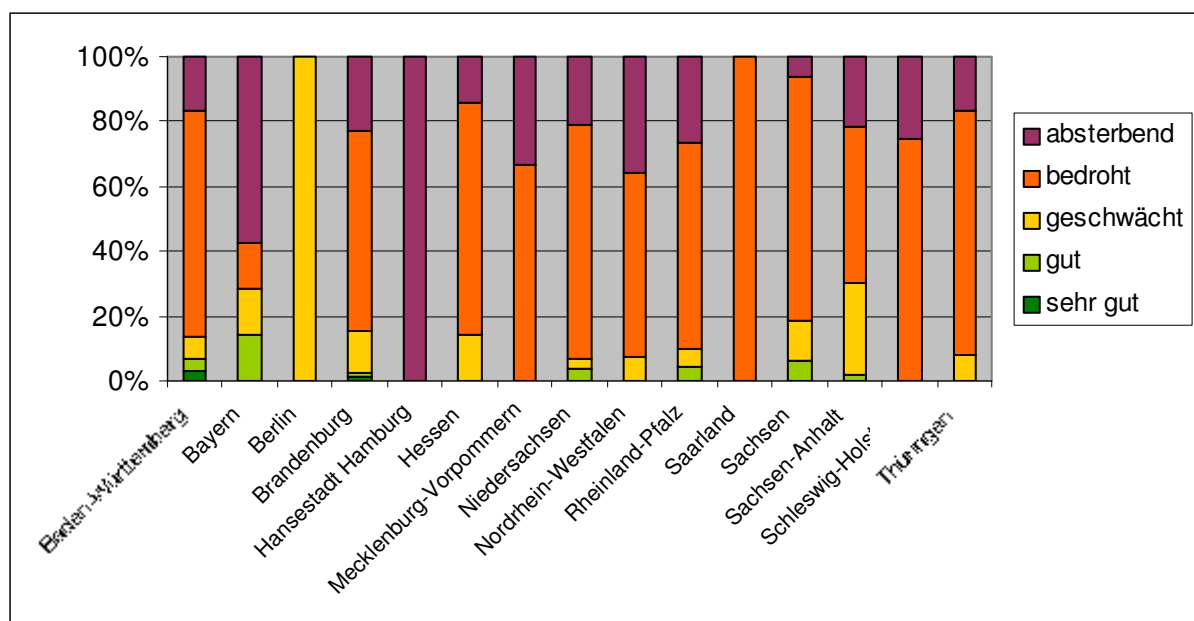


Abb. 5.1.11 : Grad der *in-situ* Erhaltungsfähigkeit von *Ulmus minor*

Die Abb. 5.1.13 stellt anhand der Darstellung der Kerneldichte mit Berücksichtigung der Baumzahl ein Genzentrum mit deutlich erhöhter Baumzahl von *U. minor* dar (Tabelle 5.1.6) Das Genzentrum an Elbe und Saale in Sachsen-Anhalt ist die einzige sehr individuenreiche Population in Deutschland. Sie besteht aus mehreren teilweise sehr zahlreichen Vorkommen.

Tabelle 5.1.6: Populationen mit hoher Anzahl an Bäumen von *Ulmus minor*

Nr. aus Karte	Bezeichnung des Genzentrums
1	Elbe-Saale

Die Abb. 5.1.14 stellt anhand der Darstellung der Kerneldichte mit gleicher Wertung aller Vorkommen unabhängig der Baumzahl den räumlichen Zusammenhang zwischen den Vorkommen von *U. minor* dar.

Neben zahlreichen kleineren versprengten Gruppen von Vorkommen, die zumeist stark isoliert liegen, zeichnen sich 3 größere Genzentren bundesweit ab. Das größte Genzentrum

liegt in der Elbe-Saale Region und erstreckt sich sehr weit entlang der beiden namengebenden Flussläufe und deren Umland. Als zweites das Nordost Brandenburgische Genzentrum mit mehreren kleineren Ausläufern. Und als drittes das Genzentrum Oberrheingraben, eine sehr große Population in Südwestdeutschland.

Alle drei Genzentren liegen in klimatisch begünstigten oder wärmeren Regionen Deutschlands.

Tabelle 5.1.7: Großflächig zusammenhängende Populationen von *Ulmus minor*

Nr. aus Karte	Bezeichnung des Genzentrums
1	Elbe-Saale
2	Nordost-Brandenburg
3	Oberrheingraben

U. minor ist die vom Ulmensterben am stärksten betroffene Ulmenart. Dieses ist ein nach wie vor ungelöstes Problem (Kap. 5.1.2). Im Unterschied zu *U. glabra* verfügt sie jedoch über die Eigenschaft, sich nach dem Absterben über Wurzelbrut neu zu regenerieren. Nach COLLIN (2006) sind die genetischen Ressourcen von *U. minor* trotz der starken Einbußen aufgrund des Ulmensterbens wahrscheinlich noch nicht so stark gefährdet, wie man auf dem Höhepunkt der Epidemie glaubte. Allerdings weisen die aus Wurzelbrut hervorgegangenen Bestände eine geringe bis gar keinen genetische Variation auf. Die Eigenschaft zur Regeneration bietet günstige Ansätze zur Vermehrung durch *ex-situ* Maßnahmen. Allerdings ist die Entnahme des genetischen Materials schwieriger aufgrund der Klonstrukturen.

COLLIN (2006) diskutiert die Anlage von s.g. pseudo-*in-situ* Pflanzungen. Dabei wird Pflanzenmaterial aus einer gesamten ökogeografischen Region gesammelt und ausgepflanzt. Nach dem Anwachsen kann der Bestand wie ein normaler Bestand behandelt werden. *U. minor* ist schon vor dem Auftreten des Ulmensterbens stark durch menschliche Aktivitäten verbreitet worden und war die damals am häufigsten in Europa gepflanzte Ulmenart. Die Anlage einer solchen Pflanzung wäre ähnlich zu bewerten. Bei der Gewinnung von Saatgut sollte darauf geachtet werden, dass die Feld-Ulme bevorzugt in klimatisch günstigen Region Samen ansetzt und sich in kühleren Klimaten hauptsächlich vegetativ vermehrt.

Konkret sollte sich die Generhaltung in Deutschland auf die drei ausgewiesenen Genzentren konzentrieren. Hier ist aus ausgewählten Beständen Genmaterial zur Vermehrung und Auspflanzung zu entnehmen. Die Bestände sollen darüber hinaus durch ein Monitoring überwacht werden, um die weitere Entwicklung des Ulmensterbens und die Auswirkungen auf die Populationsschwankungen von *U. minor* zu erforschen. Das Material sollte gemischt und an verschiedenen Stellen in kleinen bis mittelgroßen Beständen ausgepflanzt werden. Besonders günstig sind Bereiche, die mehr als 10 km von den nächsten bekannten Vorkommen entfernt liegen, um die Übertragung des Ulmensterbens durch den Ulmenssplitzkäfer zu vermeiden.

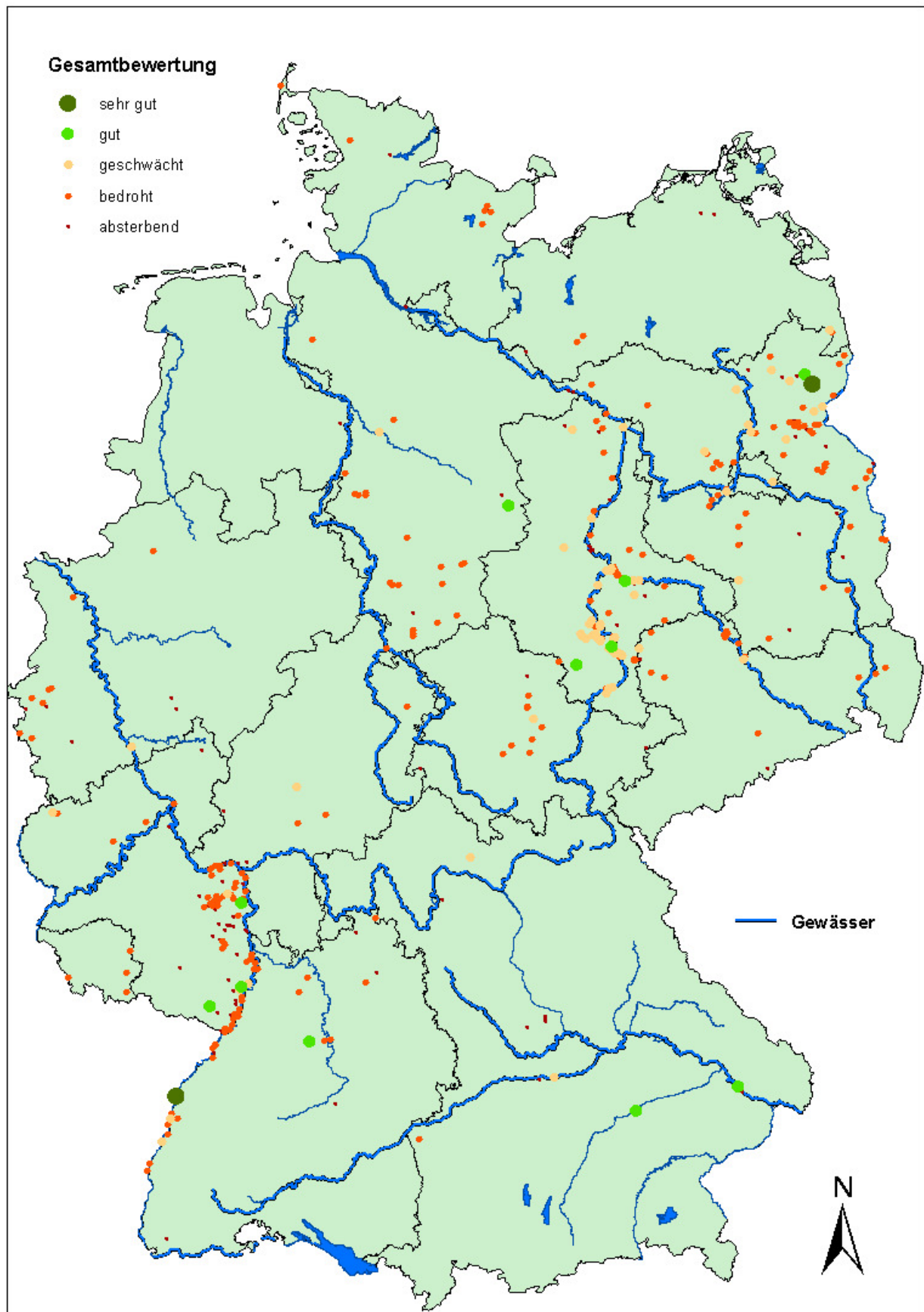


Abb. 5.1.12: Vorkommen von *Ulmus minor* klassifiziert nach dem Grad der *in-situ* Erhaltungsfähigkeit

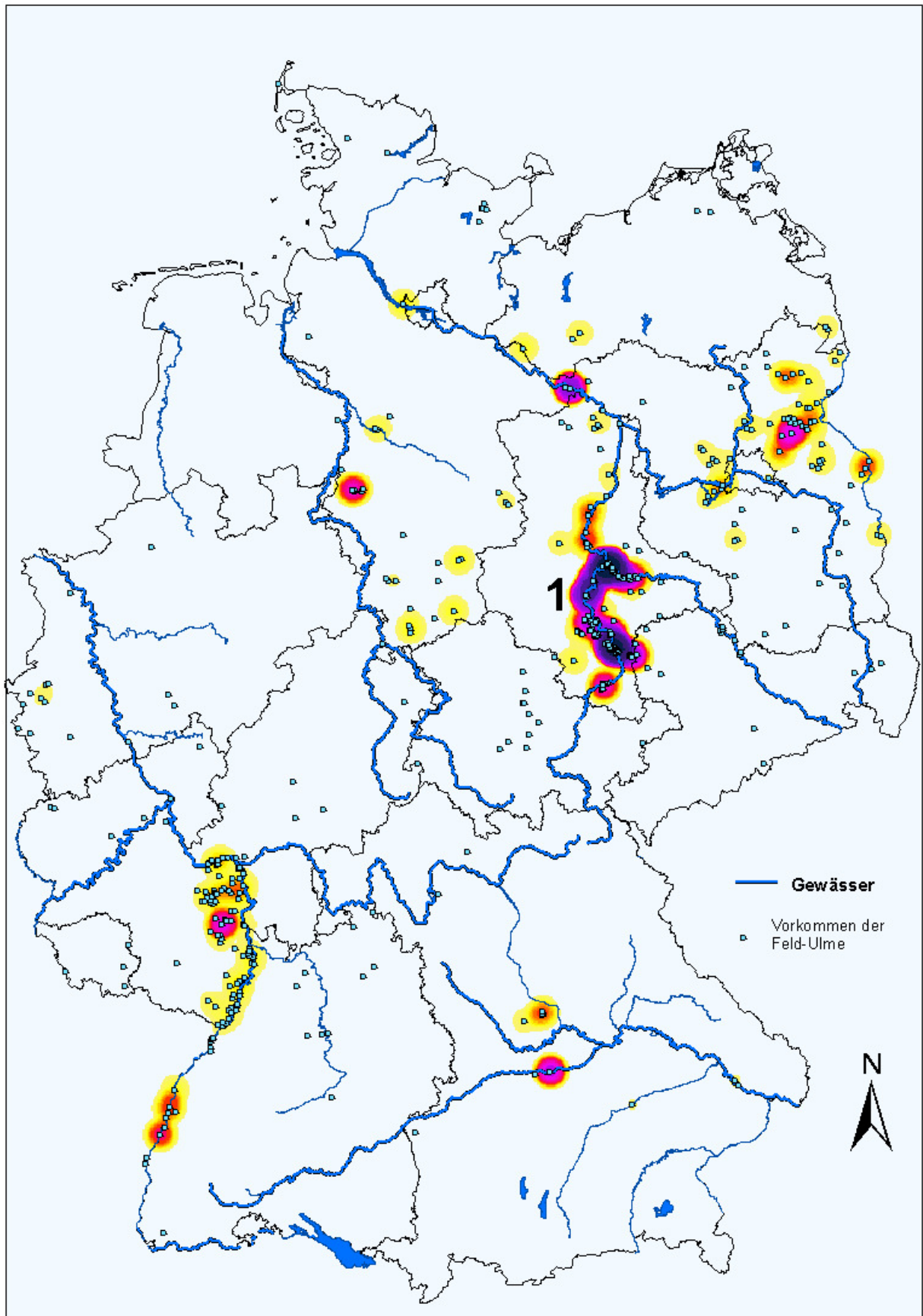


Abb. 5.1.13 : Darstellung der Kerneldichte von *Ulmus minor* mit Berücksichtigung der Baumzahl

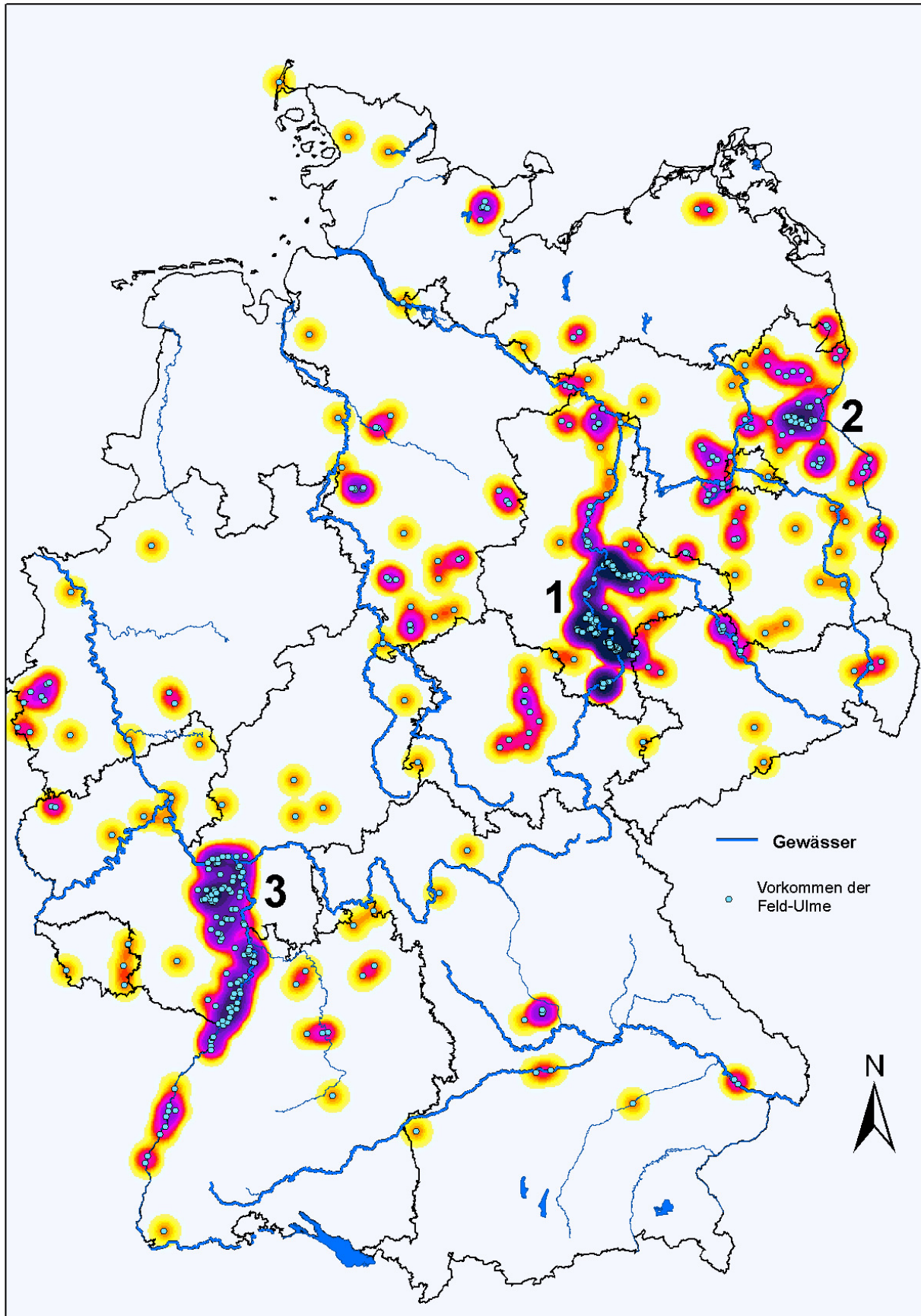


Abb. 5.1.14 : Darstellung der Kerneldichte von *Ulmus minor* ohne Berücksichtigung der Baumzahl

5.2 Empfehlungen von Erhaltungs- und Monitoringmaßnahmen

Im Kap. 5.1. wurden die Schwerpunkte künftiger Generhaltungsmaßnahmen für jede der drei Ulmen-Arten beschrieben.

Angesichts des hohen Gefährdungsgrades der drei Ulmen-Arten sollten alle Generhaltungsmaßnahmen, wie beschrieben, von Monitoringmaßnahmen zum Vitalitätszustand und zur Funktionsweise des genetischen Systems begleitet werden. Dies ist insbesondere von Bedeutung, da die Ulmen-Arten im Rasternetz der Forstlichen Umweltkontrolle (level 1) nur in sehr geringem Maß vorkommen, Vitalitätsverluste somit kaum bemerkt werden und Zeitreihen nicht existieren.

Zur Überwachung des genetischen Systems wurde im Auftrag der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen“ ein Konzept zum Genetischen Monitoring entwickelt. Ein entsprechender Handlungsleitfaden zur Umsetzung des Konzeptes wurde erarbeitet und wird im Herbst 2007 veröffentlicht. Die bisherigen Studien und Umsetzungsaktivitäten konzentrieren sich allerdings auf die Rot-Buche und die Vogel-Kirsche. Das Monitoringprogramm ist methodisch entsprechend anzupassen, wobei Parameter der Forstlichen Umweltkontrolle (Kronenverlichtung, Feinreisiganteil, Biotische Schaderreger) ebenso von Bedeutung sind, wie Indikatoren des genetischen Systems.

5.3 Schlussfolgerungen mit dem Ziel der Politikberatung

Die Erfassung der drei Ulmen-Arten im Rahmen des Projektes ermöglicht zum ersten Mal einen Gesamtüberblick über die genetischen Ressourcen der Baumart in Deutschland (s.o.). Erfassungsprojekte, die mit einheitlichen Methoden und nach abgestimmten Kriterien durchgeführt werden, erlauben eine weitaus sicherere Bewertung des Gefährdungspotenzials, als Kartierarbeiten in kleineren Einheiten (z. B. Bundesländer, Schutzgebiete). Handlungsempfehlungen für effiziente Erhaltungsarbeiten erreichen somit eine neue Qualität, die auch für europaweite Erhaltungsstrategien dringend erforderlich sind. Es ist daher zu empfehlen, auf der Grundlage der vorhandenen Erfahrungen derartige bundesweite Erhebungen auch für andere seltene Baumarten mit bundesweiter Verbreitung durchzuführen. Dies gilt insbesondere für die Wildobstarten und ggf. für einige Edellaubholzarten sowie die Eibe. Allerdings erwies sich der Kartierungszeitraum über eine Vegetationsperiode als zu gering.

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

Andere Erhebungen, wie z. B. die Biotopkartierung, die Bundeswaldinventur oder vegetationskundliche Erhebungen, erwiesen sich überwiegend als wenig brauchbar, wenn die Erhaltungsfähigkeit und die Erhaltungsdringlichkeit von Populationen seltener Arten bewertet werden soll. Angesichts des Aufwandes von Freilandkartierungen ist dies bedauerlich. Eine Berücksichtigung populationsbiologischer Parameter z. B. in der Biotopkartierung hätte die Recherche nach Verdachtsflächen wesentlich erleichtert.

Gleichzeitig zeigte sich die Notwendigkeit, spezielle Kartierungen wie in diesem Projekt durchzuführen. Das im Rahmen des Projektes entwickelte Methodenspektrum zur Erfassung, Auswertung und Datenhaltung ist mit geringfügigen Änderungen auch für andere Gehölzarten zu verwenden.

Insgesamt konnten für die drei Ulmen-Arten eine erstaunlich hohe Zahl an Vorkommen nachgewiesen werden. Demgegenüber steht aber nur eine geringe Zahl an langfristig überlebensfähigen Populationen. Bei *U. minor* und *U. glabra* ist der nach wie vor stark begrenzende Einfluss des Ulmensterbens deutlich erkennbar. Gegen das Ulmensterben sind bisher keine geeigneten praxistauglichen Gegenmaßnahmen bekannt. Bei *U. laevis* ist die natürliche Verjüngung teilweise eingeschränkt.

Um die weitere Entwicklung des Ulmensterbens auch in Zukunft dokumentieren zu können und eventuell wichtige genetische Ressourcen vor dem Aussterben zu bewahren, ist es unumgänglich, ausgewählte Bestände der drei Ulmenarten in verschiedenen Regionen von Deutschland durch ein Monitoring zu überwachen.

Um die Erhaltung der Ulmen-Arten in Zukunft zu sichern, sollten für die einzelnen Arten folgende Maßnahmen ergriffen werden:

Für ***U. laevis*** steht ein konsequenter Schutz der natürlichen Lebensräume an erster Stelle. Dies betrifft primär die Hartholzauen aller größeren Flussläufe sowie Feuchtgebiete mit periodisch schwankenden Wasserständen. Viele Populationen im Westen und Süden Deutschlands sind stark isoliert und ein genetischer Austausch findet nur noch bedingt statt. Hier sind zusätzlich Maßnahmen zur Auwaldinitialisierung notwendig.

U. glabra ist die am weitesten verbreitete Ulmen-Art in Deutschland. Es existieren mehrere große zusammenhängende Populationen die alle durch das Ulmensterben bedroht sind. In ausgewählten Beständen sollte eine gezielte Förderung der Baumart vorgenommen werden. Zusätzlich sind diese Bestände zu überwachen.

U. minor ist außerhalb von drei klimatisch begünstigten Hauptverbreitungsgebieten vielfach nur versprengte Populationen zu finden. Insgesamt sind alle Bestände sehr stark durch das Ulmensterben betroffen. Um die genetische Vielfalt zu erhalten, wird die Anlage b.z.w. Förderung von *in situ* Populationen empfohlen.

Für alle 3 Arten sind bei allen Maßnahmen Fragen der genetischen Qualität des Ausgangsmaterials besonders zu berücksichtigen (Größe der Ernteeinheiten, genetisch unterschiedliche Individuen). Die Begleitung von Erhaltungsmaßnahmen durch genetische Analysen ist daher unbedingt zu empfehlen.

Bei *U. glabra* und *U. minor* gilt es im Bezug auf den Habitatverbund zu bedenken, dass *in-situ* Maßnahmen zur Förderung des Genaustausches auch Verbreitungswege der Ulmensplintkäfer als Vektoren des Ulmensterbens begünstigen.

Maßnahmen des Naturschutzes und der Generhaltung müssen künftig besser aufeinander abgestimmt werden. Die Potenziale von entsprechenden Lebensraumtypen in FFH-Gebieten bieten hier bisher ungenutzte Möglichkeiten besonders für den Schutz von *U. laevis*. Solange der Ausbau und die Eindeichung der großen Flüsse voranschreiten, schwindet der Lebensraum besonders von *U. laevis* und auch *U. minor*. Generhaltungsmaßnahmen

werden nur dann langfristig erfolgreich sein, wenn sie auf optimalen Standorten durchgeführt werden.

Überhöhte Wildbestände wirken sich zusätzlich negativ auf die Naturverjüngung der Ulmen-Arten aus. Die Jagdstrategien sollten dementsprechend verändert werden.

Unter genetischen Gesichtspunkten können die derzeit verwendeten Marker die anstehenden Fragen nur bedingt lösen. Soweit hierzu die Möglichkeit besteht, sollten die bisher mit Isoenzymmarkern untersuchten Populationen ergänzend mit DNA-Markern untersucht werden. Hierzu sollte die Individuenzahl erhöht werden. Gleichfalls sind neue Marker zu entwickeln, die kostengünstig genetische Strukturen und Verwandtschaftsbeziehungen in Populationen sowie anpassungsrelevante Eigenschaften ermitteln.

6 Zusammenfassung

Die drei heimischen Ulmenarten *Ulmus laevis*, *Ulmus glabra* und *Ulmus minor* gelten in ihrem Bestand bundesweit als gefährdet. Diese Einschätzung beruht vorrangig auf den Auswirkungen des Ulmensterbens auf *U. glabra* und *U. minor* sowie auf dem großflächigen Habitatverlustes im Bereich der Hartholzauen und Feuchtgebiete für *U. laevis*. Vor Beginn des vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) in Auftrag gegebenen Projektes fehlten bundesweit genaue Angaben zur Lage und Populationsgröße von Vorkommen, sowie über deren Vitalitätszustand, Altersstruktur und genetischer Diversität.

Ziel des Projektes war es daher, die als genetische Ressourcen wertvollen Vorkommen der Ulmen-Arten nach einheitlichen Kriterien und Methoden bundesweit zu erfassen, zu charakterisieren und zu dokumentieren. Die erfassten Ressourcen sollten hinsichtlich ihrer Erhaltungswürdigkeit, *in-situ* Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungsdringlichkeit bewertet und kartografisch dargestellt werden.

Zur Umsetzung dieser Zielstellung wurden eine einheitliche Kartieranleitung, eine Datenbank sowie Auswerteroutinen entwickelt, die künftig auch für andere Baumarten genutzt werden können. Das Projekt wurde in drei Phasen bearbeitet. In der ersten Bearbeitungsphase wurde nach möglichen Ulmen-Vorkommen in verschiedenen Quellen der forstlichen Versuchsanstalten, Forstbetriebe, Naturschutzbehörden, Botanischen Vereine, der Bundeswaldinventur, Betriebsinventuren, Biotopkartierungen, Bundesforsten, Forstsaatgutstellen sowie bei Privatwaldbesitzern recherchiert. Am ergiebigsten erwiesen sich die Daten der Generhaltung der forstlichen Versuchsanstalten, welche bereits Ulmen-Vorkommen nach zumeist unterschiedlichen Kriterien erfasst hatten. Dem schloss sich in der zweiten Projektphase eine bundesweite Vor-Ort-Erfassung nach einheitlichen phänotypischen Kriterien an. Neben den räumlichen Lageparametern wurden u. a. die Anzahl der Bäume, die Durchmesserstruktur, die Begründungsart und die Vitalität erfasst und in eine eigens für die Anforderungen des Projektes erstellte Datenbank übertragen. Die dritte Phase war auf die Auswertung und Analyse der Daten sowie deren kartografische Darstellung ausgerichtet. Hierzu wurde durch Altersstrukturanalysen das Verjüngungspotenzial der Vorkommen ermittelt. Sich nicht natürlich verjüngende Populationen gelten grundsätzlich als gefährdet. Durch die Aggregation von Daten zur

Populationsgröße, Vitalität und Alterstruktur wurde die *in-situ* Erhaltungsfähigkeit und Erhaltungswürdigkeit abgeleitet. Unter Nutzung von Kernel-Dichteanalysen konnten mit Hilfe von Geografischen Informationssystemen die Verbreitungsschwerpunkte (Genzentren) der drei Ulmen-Arten in Deutschland sowie Regionen/Vorkommen mit dringendem Erhaltungsbedarf herausgearbeitet werden. Genetische Analysen mit Isoenzymmarkern an ausgewählten Populationen ermöglichten die Absicherung der taxonomischen Zuordnung sowie die erste Bewertung zur genetischen Vielfalt der Populationen.

Insgesamt wurden im Rahmen des Projektes bundesweit von *U. laevis* 137.691 Bäume in 825 Vorkommen nachgewiesen. Der Schwerpunkt der Verbreitung liegt eindeutig im Nordosten von Deutschland. Bei einer verhältnismäßig ausgeglichen Durchmesserstruktur mit leichtem Überhang zu höheren Durchmesserstufen verjüngen sich aktuell nur 60 % der Vorkommen natürlich.

Von *U. glabra* konnten 232.691 Bäume in 1017 Vorkommen erfasst werden. Die Hauptverbreitung liegt im Bereich der Mittelgebirge. Die meisten Vorkommen haben einen Überhang an jungen Bäumen, es gibt wenige Altbäume.

Von *U. minor* konnten 321.572 Bäume in 463 Vorkommen erfasst werden. Verbreitungsschwerpunkte liegen an der mittleren Elbe und der Saale sowie im Oberrheingraben. Altbäume sind sehr selten, die meisten Vorkommen haben sehr hohe Anteile an Naturverjüngung, die oft vegetativen Ursprungs ist.

Die Erhaltungsfähigkeit wurde nach einer eigens entwickelten Methodik bewertet. Dabei wurden die drei Ulmen-Arten fast identisch zu weniger als 5 % mit sehr gut oder gut, zu 16 % als geschwächt und zu ca. 80 % als bedroht oder absterbend eingestuft.

Neben der Charakterisierung und Bewertung der Vorkommen gibt der Projektbericht Empfehlungen zu weiteren Erhebungen, zu Maßnahmen zur Erhaltung sowie zum Monitoring und zu künftigen Forschungsschwerpunkten.

7 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen

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

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

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

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

In der Projektphase 2 erfolgte die Kartierung der Vorkommen bundesweit mit zahlreichen zuvor geschulten Kartierern auf Auftragsbasis über einen Zeitraum von acht Monaten. In Folgeprojekten muss die Kartierung auf zwei Vegetationsperioden ausgedehnt werden. Nachmeldungen verursachten in der 3. Phase der Auswertungen erhebliche Verzögerungen.

8 Literaturverzeichnis

- BRÖTJE & FELLEBERG (1993): Erste Erfahrungen mit der Ulmenerhaltung in Norddeutschland. In: KLEINSCHMIT, J., WEISGERBER, H. (Hrsg), 1993: Ist die Ulme noch zu retten? Forschungsberichte, Hessische forstl. Versuchsanstalt, Band 16: 7-16. S. 39-43
- COGOLLUNDO-AUGUTIN, M.A., AGUNDEZ D. & GIL L. 2000: Identification of native and hybrid elms in Spain using isozyme gene markers. *Heredity* 85:157-166.
- COLLIN E. (2006): European Elms (*Ulmus* ssp.) genetic resources and conservation strategy.
http://www.biodiversityinternational.org/Networks/Euforgen/Networks/Scattered_Broadleaves/NHStrategies/UlmusSppConsStrategy.htm (Ausdruck am 05.07.2007)
- GREGORIUS, H.-R.; DEGEN, B. (2007): Monitoring genetischer Ressourcen – Prinzipien und Methoden. In: BEGEMANN, F.; SCHRÖDER, S.; WENKEL, K.-O.; WEIGEL, H.-J. (Hrsg.) (2007): Monitoring und Indikatoren der Agrobiodiversität. Tagungsband, Schriftenreihe des Informations- und Koordinationszentrums für Biologische Vielfalt, Bd. 27, Bonn, 39-65.
- GEHLE, T. & KRABEL, D. (2002): Genetic Differentiation of Elm (*Ulmus minor* Mill., *Ulmus laevis* Pallas) in Mixed Stands from the Elbe Flood-plains. *FOREST GENETICS* 9(1):39-46
- GILLET, E.M. 2002: Genetic structures from electrophoresis data – GSED Version 1.1.i
Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der Universität Göttingen.
- JANSEN, A. (1993): Erfahrungen in einem Erhaltungs- und Zuchtungsprogramm mit Ulme in Hessen. In: KLEINSCHMIT, J., WEISGERBER, H. (Hrsg), 1993: Ist die Ulme noch zu retten? Forschungsberichte, Hessische forstl. Versuchsanstalt, Band 16: 7-16. S. 30 – 38
- JANSSEN, G.; HEWICKER, H.-A. (2006): Die Flatterulme (*Ulmus laevis* Pall.) in Schleswig-Holstein. *Drosera: Naturkundliche Mitteilungen aus Nordwestdeutschland* (1): S. 47-66
- MACKENTHUN, G., 2000: Die Gattung *Ulmus* in Sachsen. *Forstwissenschaftliche Beiträge Tharandt*, Heft 9. Ulmer, Stuttgart. 294 S.
- MACKENTHUN, G., 2004: Hamburg geht die Ulmenkrankheit nachhaltig an. *Schriftenreihe des Ulmenbüros 2004 / No 1*. S. 2
- MÜLLER-KROEHLING, S. 2003b: *Ulmus laevis* Pall. Flatterulme. In: Weisgerber, H. et al. (Hrsg.): *Enzyklopädie der Holzgewächse*. 33. Ergänzungslieferung, 13 S.
- HATTEMER, H. H., BERGMANN, F. & ZIEHE, M. 1993: Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwirtschaft. 2. Auflage. J. D. Sauerländer's Verlag. Frankfurt a.M., 492 S.
- MACHON, N., LEFRANC, M, BILGER, I., MAZER, S.J. & SARR, A. 1997: Allozyme variation in *Ulmus* species from France: analysis of differentiation. *Heredity* 78:12-20

NEI, M. 1972: Genetic distance between populations. Am Nat. 106:283-292

REMUS, F. 2005: Phänologische Untersuchungen an Bergulme (*Ulmus glabra* Huds.) und Feldulme (*Ulmus minor* Mill.) unter besonderer Berücksichtigung der Blüte und Erarbeitung der Grundlagen für gelenkte Kreuzungen. Diplomarbeit der TU Dresden, Fachrichtung Forstwissenschaften. 73 S.

RICHENS, R.H. & PEARCE, N.J. 1984: Isoperoxidase Variation in *Ulmus* L. Forestry, 57(1):75-84

RÖHRIG, E. 1996: Die Ulmen in Europa – Ökologie und epidemische Erkrankung: S. 179 - 199

SCHMITT, H. P. (2005): Erhaltungsmaßnahmen für die Ulmen in Nordrhein-Westfalen . In: LÖBF - Mitteilungen, 30,1, S. 20-23.

YEH, F.C.; YANG, R.; BOYLE, T. 1999: POPGENE Version 1.31. Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analyses